

République Algérienne Démocratique et Populaire

وزارة التعليم العالي و البحث العلمي

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

المدرسة الوطنية العليا للفلاحة

Ecole Nationale Supérieure Agronomique, El Harrach, Alger



THESE

En vue de l'obtention du diplôme de doctorat en Sciences Agronomiques

Sujet

**Régulation génétique de la fitness du mutant *sugary1* chez le maïs
(*Zea mays* L.).**

Présentée par: M. DJEMEL Abderahmane

Devant le jury composé de:

Président: M. ABDELGUERFI A. Professeur ENSA, Alger
Rapporteurs: M. KHELIFI L. Professeur ENSA, Alger
M. REVILLA P.T. HDR MBG, Espagne
Examineurs: Mme. KHALFALLAH N. Professeur UM, Constantine
Mme. MEKLIICHE L. Professeur ENSA, Alger
M. BOUZERZOUR H. Professeur UFA, Sétif

Soutenue le:

Remerciements

La présente étude n'aurait pas été possible sans le bienveillant soutien de certaines personnes. Je ne suis pas sûr de pouvoir utiliser les mots qui conviennent pour exprimer le rôle qu'elles ont joué à mes côtés pour en arriver là. Cependant, je voudrais les prier tous d'accueillir ici mes sentiments de gratitude qui viennent du fond de mon cœur, en acceptant mes remerciements.

Mes premiers remerciements vont d'abord à mes directeurs de thèse le professeur KHELIFI Lakhdar (Ecole Nationale Supérieure Agronomique, ENSA. Alger) et le docteur REVILLA Pedro (La Misión Biológica de Galicia, MBG. Espagne) pour avoir accepté de m'accueillir au sein de leurs laboratoires ainsi que pour avoir accepté de diriger la présente thèse. Je les remercie aussi pour avoir encouragé les échanges avec différents chercheurs et laboratoires, ainsi que pour avoir soutenu ma participation dans de nombreux travaux de recherches et congrès. Je les remercie pour m'avoir montré ce qu'est le monde de la recherche.

Je tiens à exprimer mes remerciements les plus sincères aux membres du jury, qui ont accepté d'évaluer mon travail de thèse et pour leur lecture de ce manuscrit: Monsieur ABDELGUERFI A., Professeur à l'ENSA (Alger) qui me fait l'honneur de présider le jury, Mme KHALFALLAH N. Professeur à Université Mentouri de Constantine, Mme MEKLICHE L. Professeur à l'ENSA (Alger) et M. BOUZERZOUR H. Professeur à l'Université Ferhat Abbas de (Sétif).

Mes plus vifs remerciements s'adressent à: Mme MALVAR Rosa Ana Professeur à la MBG (Espagne), Monsieur ORDAS Amando Professeur à la MBG (Espagne), monsieur ORDAS Bernardo et madame BUTRÓN Ana Docteurs à la MBG (Espagne) sans qui cette thèse ne serait pas ce qu'elle est. Je les remercie pour les nombreuses collaborations qu'ils ont

apportées, pour leur dynamisme et leur infatigable énergie, pour la compagnie au cours des longues journées du travail.

Je voudrais exprimer ma reconnaissance envers les amis et collègues de la Misión Biológica de Galicia qui m'ont apporté leur support moral et intellectuel tout au long de ma thèse. Un grand merci à Rogelio Santiago Carabelos, Víctor Manuel Rodríguez Graña, Cinta María Romay, German Sandoya, Ana Cao Caamaño, Jaime Barros Ríos, Fernando Samayoa, Karima Hadj Boussada, Mohamed Owis Ahmed Radi, Raquel Díaz Velasco, Ana María González Vázquez, Ana Isabel Carballeda Pardal, Delfina Beatriz Lago Núñez, Silvana Poceiro Fernández, Manuel Gómez Estévez, María Mercedes Martínez Cordo et Ana Alonso Pérez.

En fin, il y a une personne de très grande importance dans ma vie, qui m'accompagne et qui me soutient tout le temps par la force et l'énergie qui lui sont disponibles. Il s'agit de Mme. DJEMEL BENBELGACEM Fairouz, ma merveilleuse et splendide épouse, dont je ne pourrai mesurer l'apport dans l'accomplissement de cette thèse. Dans tout ce que j'ai pu souffrir et obtenir, elle a été l'autre moi. Je la remercie infiniment pour ses sacrifices et sa patience.

Dédicaces

*Cette thèse représente l'aboutissement
du soutien et des encouragements
que ma mère m'a prodigué tout au long
de ma scolarité*

A mon fils

التنظيم الوراثي لكفاءة طفرة *sugary1* في الذرة الشامية (*Zea mays* L.)

الملخص

كفاءة الطفرة الوراثية مهمة جدا في دراسة عملية التطور و التحسين الوراثي للنبات. وبشكل خاص في الطفرات ذات الأهمية الاقتصادية كما هو الحال في طفرة الذرة السكرية *sugary1* في جنس الذرة الشامية (*Zea mays* L.) أهداف الدراسة: ١- تقييم تراكيب وراثية مختلفة للذرة العادية على الطفرة *sugary1* وتقدير التأثيرات الجينية على كفاءة الطفرة *sugary1*. ٢- معرفة تأثير إدخال الطفرة *su1* في التنظيم الجيني على الصفات المحصولية وتحديد اهم العوامل المحددة لكفاءة الطفرة *su1* تحت الظروف الطبيعية. ٣- تحديد الجينات او المناطق الجينية التي تؤثر على التنظيم الوراثي و كفاءة الطفرة *su1*.

تمت دراسة هذه الأهداف في خمس دورات من التلقيح الذاتي داخل تصميمين منفصلين في الحقل. التصميم الأول ضم سلالتين مختلفتين وراثيا للذرة العادية (EP42 و A661), في حين ان التصميم الثاني ضم سلالتين متشابهتين وراثيا للذرة العادية (A619 و A632). الآباء والجيل الأول والثاني والهجين الرجعي تم تهجينهم مع P39 كآب مانح للجين *su1* و الإثني عشر هجين الناتجين تم تلقيحهم الذاتي لمدة خمس سنوات متتالية. علاوة على ذلك , تم اختبار التنظيم الجيني الخاص بطفرة *su1* في سلالتين (RILs) ناتجة عن التهجين بين سلالة الذرة الشامية العادية B73 مع سلالتين من الذرة السكرية P39 و II14h المنتميتين إلى رابطة الخرائط الوراثية (Nested Association Mapping) والتي تم عمل دراسة جينية لها من خلال 1106 معلم وراثي SNPs, في النهاية الجيل الثاني F₂ الناتج من التهجين بين A619 و P39 تم استعماله بعد توصيف وراثي من خلال 295 معلم وراثي SSRs لتحديد المواقع الجينية المسؤولة عن كفاءة الطفرة *su1*.

التنظيم الجيني لكفاءة الطفرة *su1* وآثاره الوراثية على الصفات المحصولية يعتمد بقوة على أنواع محددة من التفاعل بين الذرة السكرية و الذرة العادية و الظروف البيئية. لقد انخفض تكرار الطفرة *su1* خطيا عبر عملية الاخصاب الذاتي في كلا التصميمين. النتائج التي تم الحصول عليها تؤكد أن كفاءة طفرة *su1* تحت ظروف التحكم الوراثي، التأثير الوراثي راجع للمساهمات البسيطة للعديد من الجينات. علاوة على ذلك، أظهرت الكثير من الدراسات المختلفة أن كلا من الإنبات والقوة المبكرة للنبات هي الصفات الأكثر أهمية في تحديد كفاءة طفرة *su1*. ومع ذلك، في هذا البحث، كانت هناك بعض الصفات مثل ميعاد ظهور حريرة الكوز، ارتفاع النبات، طول الكوز لهم أهمية كبيرة على كفاءة طفرة *su1*. اكتشاف المناطق الجينية المسؤولة عن انتظام كفاءة الطفرة *su1* يتأثر بدرجة عالية بالتركيب الوراثي. تم اكتشاف ارتباط حول منطقة *su1* في RILs. علاوة على ذلك، تم اكتشاف ارتباط معنوي بين مناطق جينية بكفاءة الطفرة على الكروموسومات العشرة للذرة. تم تحديد مواقع جينية المؤثرة على العديد من الصفات المرتبطة بكفاءة الطفرة *su1* في الجيل الثاني في العديد من الكروموسومات لكن ذات تأثير

بسيط . تم تحديد مناطق جينية التي تتحكم في كل من الحيوية والخصوبة وهو دليل واضح على التأثير عديد المظاهر على كفاءة الطفرة.

يمكن استنتاج أن كفاءة الطفرة *su1* تعتمد على العديد من الجينات ذات التأثيرات البسيطة على العديد من الصفات المرتبطة بكفاءة الطفرة والتي يكون لها تأثير معنوي أو غير معنوي و الذي يعتمد على كلا من التركيب الوراثي والظروف المحيطة.

مفتاح الكلمات: التنظيم الوراثي ، كفاءة الطفرة، الذرة الشامية، *sugary1*، *Zea mays* L.

Régulation génétique de la fitness du mutant *sugary1* chez le maïs (*Zea mays* L.)

RESUME

La fitness d'un mutant est cruciale pour toute étude évolutive et génétique. C'est le cas des mutations d'importance économique comme le mutant *sugary1* (*su1*) chez le maïs (*Zea mays* L.). Les objectifs du présent travail sont: 1- Evaluer les effets de divers fonds génétiques du maïs normal sur la fitness de *su1* et estimer les effets génétiques contrôlant cette fitness, 2- Approfondir nos connaissances sur l'effet de l'introgession du *su1* sur la performance des caractères agronomiques et déterminer par la suite les plus limitant pour la fitness, et 3- Identifier des gènes ou régions génomiques affectants la régulation génétique de la viabilité du *su1*. Ces objectifs sont abordés en utilisant deux dispositifs basés sur les moyennes des générations autofécondés séparément durant cinq années successives sous conditions naturelles. Le premier dispositif est constitué de deux lignées pures provenant de deux fonds génétiques différents (EP42 et A661), alors que le deuxième dispositif est constitué de deux lignées pures représentant un fond génétique similaire (A619 et A632). Les parents (P_1 et P_2), F_1 s, F_2 s et les rétrocroisements ont été croisés avec la lignée P39 comme donneuse de l'allèle *su1*, et les 12 croisements produits ont été autofécondés cinq fois. La régulation génétique de la fitness du mutant *su1* a été étudiée en employant deux populations de lignées recombinantes (RILs) provenant du croisement entre la lignée B73 et deux lignées de maïs doux (P39 et II14h). Ces deux populations font patrie du panel Nested Association Mapping (NAM). Pour ces deux populations, une carte génétique saturée par 1106 marqueurs de type single nucleotide polymorphisms (SNP) a été utilisée. En outre, une population type F_2 dérivant du croisement entre la lignée A619 et la lignée P39 a été employée dans le but d'identifier les QTLs qui contrôlent la fitness du *su1*. Cette population a été caractérisée par 295 marqueurs de type microsatellite (SSR).

Le control génétique de la fitness de *su1* ainsi que ses effets lors de son introgression sur les caractères agronomiques sont fortement influencés par la nature du fond génétique et les conditions environnementales. La fréquence de l'allèle *su1* diminue tout au long des générations d'autofécondation dans les deux dispositifs. Nos résultats confirment que la viabilité du *su1* est sous contrôle génétique, avec des effets additifs significatifs dus probablement à la contribution de plusieurs gènes à effets mineurs. En effet, plusieurs travaux de recherches ont montré que la germination et la vigueur précoce représentent les deux plus importants caractères pour la viabilité du *su1*. Cependant, dans le présent travail, les caractères: stand, floraison femelle, hauteur de la plante et longueur de l'épi semblent avoir un rôle capital dans le contrôle de la fitness du *su1*. La détection des régions génomiques contrôlant la fitness de *su1* a été largement influencée par la nature du fond génétique. Un grand bloque de liaison a été détecté autour de locus *Su1* au niveau des deux populations RILs. En outre, plusieurs régions génomiques influençant la fitness ont été détectées tout au long du génome. Des QTLs à effets mineurs contrôlant plusieurs caractères à la fois ont été également détectés dans la population F₂. Certaines régions génomiques contrôlent en même temps la viabilité et la fertilité *via* des effets pleiotropiques.

En conclusion, nous suggérons que la fitness de *su1* dépend de plusieurs gènes à effets mineurs distribués tout au long du génome. Ces gènes qui sont fortement influencés par la nature du fond génétique et les conditions environnementales, contrôlent un certain nombre de caractères liés à la fitness du mutant *su1*.

Mots Clés: Régulation génétique, fitness, *sugary1*, maïs, *Zea mays* L.

Genetic regulation of the *sugary1* mutant fitness in maize

(*Zea mays* L.)

SUMMARY

The fitness of a mutant is crucial from both evolutionary studies and breeding. This is particularly so for economically important mutants, as the sweetcorn mutant *sugary1* (*su1*) in maize (*Zea mays* L.). Our objectives were 1- to evaluate the effect of diverse maize genetic backgrounds on *sugary1* fitness and to estimate the genetic effects on *sugary1* fitness, 2- to know the effect of the introgression of *su1* in the genetic regulation of agronomic performance and to determine the most limiting factors for *su1* fitness under natural conditions, and 3- to identify the genes or genomic regions affecting the genetic regulation of *su1* viability. These objectives were studied with five successive selfing cycles in two separated mean generation designs in the field conditions. The first design involved two unrelated inbreds (EP42 and A661), while the second design involved two inbreds with similar genetic backgrounds (A619 and A632) Parents, F₁s, F₂s, and backcrosses were crossed to P39 as the donor of *su1* and the 12 crosses were successively self-pollinated for 5 years. Moreover, the genetic regulation of *su1* mutant was examined in two recombinant inbred lines (RILs) released from crosses between the maize inbred B73 and two sweetcorn lines (P39 and II14h) belonging to the Nested Association Mapping (NAM) design that were genotyped with 1106 single nucleotide polymorphisms (SNPs). Finally, an F₂ population derived from the cross between A619 and P39 was characterized with 295 SSRs in order to identify QTLs for *su1* fitness.

The genetic regulation of *su1* fitness and its genic effects on agronomic traits are strongly dependent on specific sweet corn × field corn interaction and environmental conditions. The *su1* frequency decreased linearly across selfing generations in both designs. Our results confirm that the fitness of *su1* is under genetic control, with significant additive effects due to minor contributions of multiple genes. Moreover, various works showed that both emergence and early vigour are the most important traits determining *su1* viability.

However, in the present research, some traits such as stand, silking date, plant height and ear length were of great importance in *su1* fitness. The detection of genomic regions involved in *su1* fitness regulation is highly influenced by the genetic background. A large linkage block was detected around *su1* in the RILs. Furthermore, significant genomic regions associated with *su1* fitness were detected along the 10 maize chromosomes. Quantitative trait loci (QTLs) with effects in multiple traits related to *su1* fitness were detected in the F₂ in diverse chromosomes and with small weight. An important consideration is the presence of genomic regions that control both viability and fertility factors which is a clear evidence of pleiotropic effect on mutant fitness.

It can be concluded that *su1* fitness depends on many genes with small effects on a variety of fitness-related traits throughout the genome that are significant or not depending on both genetic background involved and environmental conditions.

Key words: Genetic regulation, fitness, *sugary1*, maize, *Zea mays* L.

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1. Types de pedigree et germplasm des lignées pures de maïs normal homozygotes pour <i>Su1</i> et du génotype de maïs doux P39 utilisé comme donneur de <i>su1</i>	10
Tableau 2. Fréquences de <i>su1</i> à travers cinq générations d'autofécondation entre la lignée P39 (<i>su1su1</i>) et six générations de base (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 , et BC_2) dérivées du croisement de deux lignées de maïs normal (EP42 x A661).....	14
Tableau 3. Fréquences de <i>su1</i> à travers cinq générations d'autofécondation des croisements entre la lignée P39 (<i>su1su1</i>) et six générations de base (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 , et BC_2) dérivées du croisement de deux lignées de maïs normal (A619 x A632).....	14
Tableau 4. Régressions significatives ($b \pm s.e.$) de la valeur sélective (s) sur la proportion du génotype défavorable dans six générations de base (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 , et BC_2) à travers cinq générations d'autofécondation issues des croisements entre la lignée P39 (<i>su1su1</i>) et deux paires de lignées pures de maïs normal.	15
Tableau 5. Analyses combinées de la variance des moyennes des générations, pour le premier dispositif (EP42 x A661) évalué à Alger (ENSA) et à Pontevedra en 2010 et 2011.....	23
Tableau 6. Analyses combinées de la variance des moyennes des générations pour les caractères performance de l'épi et poids de 100 grains évalués à Pontevedra en 2010 et 2011.	24
Tableau 7. Analyses combinées de la variance des moyennes des générations, pour le deuxième dispositif (A619 x A632) évalué à Alger (ENSA) et à Pontevedra en 2010 et 2011.	25
Tableau 8. Distorsion de ségrégation aux SNPs flanquants le locus <i>Sugary1</i> pour B73/génotypes alternatifs ($P < 0.05$) dans quatre populations RILs obtenues à partir de croisements entre la lignée B73 et quatre lignées diverses (LD)	32
Tableau 9. Nombre et fréquence des marqueurs moléculaires (SNPs) montrant une distorsion de ségrégation à travers tous les chromosomes dans deux populations de maïs (B73 x P39 et B73 x II14h).....	33
Tableau 10. Effets majeurs des loci significatifs affectant les caractères agronomiques de la population F_2 , et effet des différentes classes alléliques (moyenne $\pm s.e.$).....	36

LISTE DES FIGURES

Figure 1. Variation de la fréquence de *su1* à travers cinq générations d'autofécondations du croisement entre la lignée P39 (*su1su1*) et les six générations de base (P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁, et BC₂) dérivées de croisements de deux paires de lignées pures de maïs normal: (a) premier dispositif, (b) deuxième dispositif. 13

Figure 2. Distorsion de ségrégation dans les chromosomes de maïs. La ligne continue indique le log négatif de la valeur *P* du test de χ^2 pour la ségrégation des allèles de la lignée parentale P39 vs les allèles de la lignée parental B73. La ligne pointillée indique le log négatif de la valeur *P* du test de χ^2 pour la ségrégation des allèles de la lignée parentale II14h vs les allèles de la lignée parentale B73. Les flèches indiquent la position des régions génomiques révélant une distorsion de ségrégation significative..... 34

Figure 3. Régions génomiques localisées sur le chromosome 4 montrant une distorsion de ségrégation. La ligne continue indique le log négatif de la valeur *P* du test de χ^2 pour la ségrégation des allèles de la lignée parentale P39 vs les allèles de la lignée parentale B73. La ligne pointillée indique le log négatif de la valeur *P* du test de χ^2 pour la ségrégation des allèles de la lignée parentale II14h vs les allèles de la lignée parentale B73. 35

LISTE DES ABREVIATIONS

a:	Effet additif
aa:	Effet épistatique (additif x additif)
ad:	Effet épistatique (additif x dominance)
<i>b</i> :	Coefficient de régression
BC:	Backcross
BE:	Starch branching enzyme
BSA:	Bulk segregant analysis
cM:	Centimorgan
Chr:	Chromosome
d:	Effet de dominance
DBE:	Starch debranching enzyme
E:	Environnement
G:	Génération (parents (P ₁ et P ₂), F ₁ s, F ₂ s et les rétrocroisements)
Gpb:	Giga paires de base
log:	Logarithme
m:	Moyenne
MBG:	Misión Biológica de Galicia
ms:	Mean square (carrée moyen)
N°:	Nombre
NAM:	Nested Association Mapping
NIL:	Near Isogenic Line
ns:	Non significatif
P:	Valeur de probabilité
QTL:	Quantitative Trait Loci
<i>R</i> ² :	Coefficient de détermination
RIL:	Recombinant Inbred Line
S:	Selfing generation (cycle d'autofécondation)
<i>s</i> :	Valeur de sélection
SE:	Ecart-type
SNP:	Single Nucleotide Polymorphism

SS: Starch Synthetases enzyme
SSR: Single Sequence Repeat
vs: *versus*
WSP: Water Soluble Polysaccharide
 X^2 : Teste de Khi-deux

TABLE DES MATIERES

INTRODUCTION GENERALE	1
CHAPITRE I: SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE.....	3
CHAPITRE II: EFFETS GÉNÉTIQUES SUR LA FITNESS DU MUTANT <i>sugary1</i> DANS LE MAÏS DE TYPE SAUVAGE.....	9
INTRODUCTION	9
MATÉRIELS ET MÉTHODES	9
RESULTATS.....	12
DISCUSSION.....	16
CHAPITRE III: INFLUENCE DU LOCUS <i>SUGARY1</i> SUR LES EFFETS GÉNÉTIQUES DES TRAITS POLYGÉNIQUES	18
INTRODUCTION	18
MATÉRIELS ET MÉTHODES	18
RESULTATS.....	21
DISCUSSION.....	26
CHAPITRE IV: RÉGIONS GÉNOMIQUES AFFECTANT LA FITNESS DU MUTANT <i>sugary1</i> CHEZ LE MAÏS	29
INTRODUCTION	29
MATÉRIELS ET MÉTHODES	29
<i>Caractérisation des lignées recombinantes par les SNP (Single nucleotide polymorphism)</i>	<i>29</i>
<i>Caractérisation de la population F₂ par les marqueurs microsatellites (SSRs).....</i>	<i>30</i>
<i>Analyse des données.....</i>	<i>31</i>
RESULTATS.....	32
<i>Régions génomiques et distorsion de ségrégation contre <i>su1</i>.....</i>	<i>32</i>
<i>QTLs reliés à la viabilité du <i>su1</i>.....</i>	<i>35</i>
DISCUSSION.....	37
CONCLUSION GENERALE.....	40
REFERENCES	43
ANNEXES	50

INTRODUCTION GENERALE

Les mutations constituent un phénomène génétique fondamental dans l'évolution des espèces au cours du temps. La sélection naturelle dépend largement de la fitness (survie x fécondité) de la mutation. L'environnement et le fond génétique où la mutation se produit sont les deux facteurs majeurs limitant la stabilité d'une mutation et sa propagation (Revilla *et al.* 2000a, 2006a).

Grâce à sa grande diversité phénotypique et génotypique, le maïs (*Zea mays* L.) est l'une des plus importantes céréales d'un point de vue utilisation, notamment pour son amidon. Plusieurs mutants ayant une importance économique capitale ont été découverts au cours du siècle précédent. Ils sont à l'origine des changements chimiques, morphologiques, et physiologiques de l'amidon au niveau du grain. C'est le cas du mutant récurrent *sugary1* (*su1*) situé au niveau de chromosome 4, Bin 4.05 (James *et al.* 1995; Tracy *et al.* 2006) et qui est à l'origine du phénotype maïs doux standard ou sweet corn (*su1su1*).

Dans des programmes d'amélioration génétique, le maïs doux, contrairement au maïs conventionnel ou normal (*Su1Su1*), présente deux grandes limitations. D'une part, sa base génétique est très réduite, et d'autre part, les groupes hétérotiques ne sont pas bien définis. Pour pallier à ces problèmes, les améliorateurs ont tenté d'introduire le maïs normal dans les programmes d'amélioration afin de pouvoir élargir la base génétique de maïs doux (Haber 1954; Davis *et al.* 1988; Tracy 1994; Cartea *et al.* 1996a, b; Malvar *et al.* 1997a, b; Revilla *et al.* 1998, Revilla *et al.* 2000b). Cependant, les résultats de telles introductions ne sont pas toujours concluants. En effet, les nouvelles lignées de maïs doux produites sont parfois instables, et dans des cas extrêmes, des réversions partielles des grains de type maïs doux vers des grains de type maïs normal ont été observées sans connaître les bases génétiques d'une telle instabilité.

Dans ces programmes, les améliorateurs ont révélé que la viabilité et la stabilité de l'allèle *su1* dépend largement de la lignée parentale récurrente, de la lignée de maïs doux utilisée et de l'interaction entre les deux (Revilla *et al.* 2000a, 2006a). Les différences de viabilité de l'allèle *su1* en fonction du matériel donneur et récepteur engendrent un autre problème pratique pour les améliorateurs au moment de choisir la bonne combinaison. Actuellement, l'allèle *su1* est considéré comme étant un allèle létal ou semi-létal lorsqu'il est introduit dans certains fonds génétiques *Su1Su1*, où cet allèle ne peut se maintenir qu'à l'état hétérozygote (Tracy 1990a, b). La dépendance de la viabilité de la mutation *su1* des génotypes récurrents, donneurs et leurs interactions, suggère la possibilité que les différences de viabilité observées sont sous contrôle génétique.

D'après les travaux de recherches cités plus haut, nous avons constaté que la réduction de la viabilité et de la fitness en général n'est pas uniquement le résultat de la mutation elle-même, mais elles sont également sous le contrôle génétique d'autre(s) gène(s). Cependant, les informations actuellement disponibles sur les mécanismes génétiques et agronomiques contrôlant la dynamique des mutations, et particulièrement de la mutation *su1*, sont encore limitées. Ainsi, d'autres travaux de recherche doivent être réalisés pour approfondir les connaissances théoriques dans ce domaine. Pour ce faire, plusieurs questions ont été posées dans le présent travail: Pourquoi la dynamique des mutations change-elle en fonction du fond génétique? Quels sont les gènes ou les facteurs génétiques qui contrôlent la fitness de la mutation en question? Quels sont les effets génétiques de l'introgession de l'allèle *su1* sur le développement et le comportement de la plante tout au long de son cycle? Et enfin, quels sont les caractères agronomiques limitant pour la fitness du mutant *su1*? La présente étude tentera de répondre à l'ensemble de ces questions.

CHAPITRE I

SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE

Le maïs (*Zea mays* L. $2n=20$), présente une grande variabilité génétique, morphologique et physiologique; ce qui a favorisé sa culture autant dans les régions tropicales que dans les régions tempérées (Buckler *et al.* 2009; Ganal *et al.* 2011). La culture du maïs s'étend de la latitude 40° Sud, en Argentine et en Afrique du Sud jusqu'à la latitude 58° Nord au Canada. Par ailleurs, la culture de cette espèce culmine jusqu'à 3 000 mètres d'altitude dans les Andes (Buckler *et al.* 2009). La plasticité écologique du maïs se traduit par une grande variabilité qui se retrouve aussi au niveau des caractères morphologiques de l'épi (Vigouroux *et al.* 2008) et dans les caractéristiques biochimiques de l'albumen (endosperme) de la graine.

Actuellement, le maïs est l'une des plus importantes céréales du point de vue de son utilisation, et ce, grâce à sa grande diversité génétique. Par ailleurs, cette diversité révélée par les marqueurs moléculaires est approximativement 2 à 5 fois plus grande que celle des autres céréales domestiquées (Buckler *et al.* 2009). Avec un génome de presque 2.3 Gpb (Giga paires de base) (Hansey *et al.* 2012) et plus de 59 000 gènes connus à ce jours (Yan *et al.* 2009), les améliorateurs ont encore davantage de possibilités pour exploiter cette énorme diversité génétique (Flint-Garcia *et al.* 2005). Le maïs présente, en général, trois grands types d'usage: alimentation humaine, alimentation animale, et agro-industriel comme la production d'alcool et de biocarburants (Torney *et al.* 2007; Ganal *et al.* 2011).

L'amidon est la principale substance glucidique synthétisée par les végétaux supérieurs. Il constitue une source énergétique indispensable à l'alimentation des êtres vivants et il est à la base de plusieurs applications industrielles (James *et al.* 2003). Dans l'endosperme du maïs, l'amidon représente presque 73% du poids total du grain (Whitt *et al.* 2002). L'amidon est constitué de deux grandes composantes: l'amylopectine (75%) et l'amylose (25%).

La synthèse de l'amylopectine se fait par l'intervention de plusieurs isoformes de Starch Synthetases (SS), qui favorisent l'élongation des chaînes linéaires via des liaisons de types α -(1-4), et des Starch Branching enzymes (BE) qui catalysent les liaisons de types α -(1-6) (Schultz & Juvik 2004). En plus de SS et BE; Dinges *et al.* (2001), ont mis en évidence, grâce à des études génétiques et biochimiques, le rôle des enzymes de types Starch Debranching (DBE) dans la biosynthèse de l'amylopectine chez les céréales (Whitt *et al.* 2002). De nombreuses mutations ont été décrites dans la littérature comme responsables de la production de phytoglycogènes solubles dans l'eau (WSP) au lieu de l'amidon. L'accumulation des phytoglycogènes a été observée par Mouille *et al.* (1996), Nakamura *et al.* (1996), Zeeman *et al.* (1998) et Kubo *et al.* (1999) chez *Arabidopsis thaliana* et *Chlamydomonas*. Dans chaque espèce; l'accumulation des phytoglycogènes est corrélée avec une réduction de l'activité de l'enzyme DBE de type Isoamylase (Rahman *et al.* 1998; Mouille *et al.* 1996; Zeeman *et al.* 1998).

Chez le maïs, plusieurs mutants ont été découverts au cours du siècle précédent; ceux-ci ont une importance économique capitale car ils induisent des changements chimiques, morphologiques, et physiologiques au niveau de l'amidon. C'est le cas du mutant récurrent *sugary 1 (su1)* situé au niveau du chromosome 4, Bin 4.05 (James *et al.* 1995; Tracy *et al.* 2006), et qui est à l'origine du phénotype maïs doux standard ou sweet corn (homozygote *su1su1*). Le gène *su1* est responsable de l'accumulation des sucres solubles et de WSP, qui se traduit par une réduction des taux de production de l'amylopectine et donc de la richesse des grains en amidon (Dinges *et al.* 2001; James *et al.* 1995). L'allèle *sugary1*, contrairement à ce que laisserait penser son nom, n'augmente pas la quantité de sucres dans les grains, mais enrichit ceux-ci en polysaccharides solubles dans l'eau (WSP). Cette augmentation des quantités de WSP confère à l'endosperme homozygote *su1su1* une texture lisse et crémeuse (Marshall & Tracy 2003), caractéristique d'un maïs doux standard.

Contrairement aux autres gènes, la mutation *su1* a été parmi les premières mutations étudiées chez le maïs par Correns en 1901 (Tracy *et al.* 2006). Chez *Zea mays*, l'origine de la biodiversité du maïs doux a fait l'objet de nombreuses études. Galinat (1971) et Mangelsdorf (1974) ont mis en évidence, en utilisant des critères morphologiques, que l'allèle *su1* a été sélectionné en premier lieu dans les Andes Péruviennes et, par la suite, il a été introgressé dans le maïs local. Dans cette hypothèse, Mangelsdorf (1974), propose que la race péruvienne Chullpi serait à l'origine (l'ancêtre) de la race Maiz Dulce, originaire du Mexique. Le Maiz Dulce, à son tour, a été croisé avec le maïs type popcorn Reventador pour produire le Dulcillo del Noroeste au nord-ouest du Mexique. A partir de Dulcillo del Noroeste, l'allèle *su1* a été introduit dans les races du Northern Flint, l'ancêtre de tout le maïs doux actuels (Revilla & Tracy 1995b).

La base génétique du maïs doux utilisée actuellement dans les programmes d'amélioration est relativement étroite (Tracy 1994; Revilla & Tracy 1995a) comparée à celle du maïs normal. En général, la plupart des lignées de maïs doux proviennent de trois cultivars à pollinisation libre: Golden Bantam, Stowell's Evergreen et Country Gentleman (Tracy 1994). En outre, les groupes hétérotiques chez le maïs doux ne sont pas bien définis (Revilla & Tracy 1997; Revilla *et al.* 2006b). Les programmes d'amélioration ne sont donc pas fondés sur des groupes hétérotiques comme c'est le cas pour le maïs normal lorsqu'il s'agit d'obtenir de nouveaux hybrides commerciaux. De ce fait, l'élaboration et la création des groupes hétérotiques sont d'une grande importance pour améliorer les performances agronomiques et élargir le spectre d'adaptation du maïs doux. En outre, les sélectionneurs du maïs doux doivent être conscients des risques d'épuisement de l'effet d'hétérosis si les mêmes lignées sont recombinaisonnées à plusieurs reprises sans aucune introduction de nouvelles combinaisons génétiques (Revilla & Tracy 1997; Revilla *et al.* 2000b).

Pour pallier à ces problèmes, de nombreux travaux ont été réalisés en utilisant le maïs normal (*Su1Su1*) comme une possibilité pour élargir la base génétique du maïs doux aux Etats Unis d'Amérique (Haber 1954; Tracy 1994; Davis *et al.* 1988). Le développement de Stowell's Evergreen (croisement entre le Southern Dent Menomony et le maïs doux) et Golden Bantam (croisement entre le maïs de type Northern Flint et le maïs doux) sont les meilleurs exemples de la réussite de l'utilisation de tels maïs dans les programmes d'amélioration génétique (Tracy 1994; Revilla & Tracy 1997).

Selon Tracy (1994), la première population à pollinisation libre "Spanich Gold" a été créé en 1931 par Jones et Singleton via le croisement d'un maïs *Su1Su1* de type corné précoce "Cinquantino" d'origine espagnole et un certain nombre de variétés de maïs doux. Haber (1954) a utilisé les lignées de maïs de type Corn Belt Dent pour améliorer la vigueur et la résistance aux maladies du maïs doux en tenant compte des qualités de table du maïs doux lors de la sélection, à cause des effets négatifs de l'introduction du maïs normal. En utilisant le matériel Corn Belt Dent et le matériel tropical, Tracy (1994) a constaté que le maïs normal, augmente, non seulement, la vigueur et les performances des caractères liés au rendement (nombre d'épis, poids de l'épi, taille de l'épi), mais il améliore aussi les caractères liés à la qualité de table (apparence de l'épi et forme de l'épi). En outre, la vigueur précoce et la germination représentent les deux problèmes majeurs de l'adaptation du maïs doux aux côtes atlantiques de l'Europe, comme dans les régions à printemps froid et à courte saison de développement (Ordás *et al.* 1994). Les chercheurs du groupe de la Misión Biológica de Galicia, Pontevedra (Espagne), ont également utilisé le maïs *Su1Su1* (Cartea *et al.* 1996a, b; Malvar *et al.* 1997a, b; Revilla *et al.* 1998, Revilla *et al.* 2000b) pour augmenter la tolérance au froid, et, par conséquent, la capacité d'adaptation du maïs doux.

Par ailleurs, les améliorateurs du maïs ont toujours introduit l'allèle *su1* dans des lignées *Su1Su1* dans les programmes d'amélioration pour élargir la base génétique du maïs

doux. Cependant, malgré la réussite de quelques programmes d'amélioration cités plus haut, les résultats de l'utilisation du maïs *Su1Su1* sont parfois négatifs, car les nouvelles lignées produites peuvent parfois ne pas être viables; à cause de l'incorporation des quelques facteurs génétiques dans la nouvelle lignée de maïs doux produite (Tracy 1990a). La réussite de telles introductions dépend largement de la viabilité de l'allèle *su1* dans le nouveau fond génétique *Su1Su1* (Revilla *et al.* 2006a).

L'allèle *su1* est considéré comme étant un allèle léthal ou semi-léthal lorsqu'il est introduit dans certains fonds génétique *Su1Su1*; il ne peut être maintenu qu'à l'état hétérozygote (Tracy 1994). Revilla *et al.* (2000a, 2006a, 2010) ont constaté que la fitness de l'allèle *su1* dépend toujours des parents récepteurs de l'allèle et de l'interaction entre les deux fonds génétiques *su1su1* x *Su1Su1*. Cependant, les causes génétiques de telles variations dans la fitness de l'allèle *su1* en fonction des lignées *Su1Su1* utilisées comme parents récurrents sont moins connues. Plusieurs recherches ont été conduites pour mettre en évidence les différents mécanismes induisant la variation de la fitness de l'allèle *su1*. Martins & Da Silva (1998) ont révélé une sélection directionnelle contre l'allèle *su1* dans les croisements *su1su1* x *Su1Su1*. Revilla *et al.* (2000a) ont étudié la viabilité de l'allèle *su1* suite à des croisements entre les populations *su1* et les populations *Su1*. Ils ont constaté que la fréquence de l'allèle *su1* diminue tout au long des générations de recombinaison et que le croisement entre Corn Belt Dent *Su1* x Stowell's Evergreen *su1* était la combinaison la plus favorable pour le maintien de *su1*. Cependant, des recherches plus récentes ont révélé que la diminution de la fréquence de *su1* dépend beaucoup plus de l'interaction spécifique entre les lignées *su1su1* x *Su1Su1* que des groupes hétérotiques (Revilla *et al.* 2006a).

La sélection négative contre un mutant peut être engendrée par deux mécanismes: la réduction de la viabilité et la réduction de la fertilité (Falconer 1981). Suivant le cycle de développement de la plante; la sélection contre l'allèle *su1* commence premièrement au

niveau des caractères de viabilité (germination et vigueur précoce) (Ordás *et al.* 2010), ensuite au niveau des caractères liés à la fertilité (fécondation, formation de grain) (Cisneros-Lopez *et al.* 2010; Zhang *et al.* 2011). En effet, la viabilité de *su1* a été largement étudiée au niveau des premières phases de développement de la plante. La germination est considérée comme étant le premier facteur limitant pour le développement du maïs doux, la vigueur précoce étant le facteur limitant suivant (Martins & Da Silva 1998; Revilla *et al.* 2000a; Gad & Juvik 2002; Juvik *et al.* 2003; Revilla *et al.* 2006b). Cependant, peu de travaux ont été réalisés sur les phases de développement les plus avancées. Récemment, Revilla *et al.* (2010) ont comparé la performance des différentes plantes *su1* vs. *Su1* issues de croisements entre trois populations *Su1Su1* et trois populations *su1su1*; aucune différence significative n'a été observée entre les plantes au niveau du stand (pourcentage de plantes qui arrivent à l'état adulte), du nombre d'épis par plante et de leur rendement. Cependant, Revilla *et al.* (2000b) ont conclu que l'humidité du grain, la hauteur de la plante, la longueur de l'épi et le nombre de gains par épi pouvaient être considérés comme des caractères liés à la fitness de l'allèle *su1*.

La viabilité de l'allèle *su1* dépend largement de l'interaction entre les génotypes *su1su1* x *Su1Su1*. Par conséquent, le maïs doux ainsi que le maïs normal doivent être choisis avec beaucoup de soin afin de pouvoir réussir une conversion du maïs de type *Su1Su1* vers un maïs de type *su1su1*. Toutes les recherches citées auparavant suggèrent que la fitness de *su1* est sous control génétique (Revilla *et al.* 2006b). En outre, les chances qu'une mutation soit fixée dans une population dépendent largement du fond génétique où elle se trouve et leurs interactions qui se traduisent par des effets de type épistatique (Le Gac & Doebeli 2010). En effet, Butler (1977) a montré chez la tomate que la variation du taux de viabilité des mutations en fonction des fonds génétiques où elles se trouvent est probablement causée par leurs associations avec d'autres gènes.

CHAPITRE II

EFFETS GENETIQUES SUR LA FITNESS DU MUTANT *sugary1* DANS LE MAÏS DE TYPE SAUVAGE

INTRODUCTION

Chez le maïs de nombreuses mutations affectant la synthèse de l'amidon ont été découvertes. Elles ont une grande importance commerciale dans le monde. C'est le cas du mutant *sugary1* (*su1*) dont le gène est situé sur le chromosome 4 et qui est responsable de l'altération de la synthèse des amylopectines et l'accumulation des phytyglycogènes solubles dans l'eau. Au cours du temps; plusieurs programmes d'amélioration ont été menés pour élargir la base génétique d'un tel matériel en utilisant le maïs normal (*Su1Su1*). Cependant; les chercheurs ont observé que la viabilité et le maintien de la mutation dépendent largement du parent récurrent (*Su1Su1*) et son interaction avec le parent donneur de l'allèle *su1*. Actuellement, cette mutation est considérée comme létale ou semi-létale en fonction du fond génétique où elle est introduite. D'après tous ces travaux de recherches, nous suggérons que la fitness de l'allèle *su1* n'est pas le résultat de la mutation elle-même (faible quantité d'amidon), mais elle est également sous contrôle génétique, c'est-à-dire en interaction avec d'autres facteurs génétiques (encore méconnus) qui contrôlent les mécanismes de la dynamique de la mutation *su1*. L'objectif de la présente partie consiste à élucider les points suivants: (1) évaluation de l'effet de différents fonds génétiques sur la viabilité et la fitness de *su1*, (2) estimation des effets génétiques en relation avec le contrôle génétique de la fitness de *su1*.

MATERIELS ET METHODES

Pour répondre aux questions précédentes, quatre lignées pures du maïs normal (*Su1Su1*) ont été utilisées. Ces lignées ont été choisies par référence aux travaux du Revilla *et al.* (2006a), en se basant sur leurs effets contrastant sur la viabilité de *su1*. Les lignées A632 et EP42 ont été identifiées comme étant plus favorables pour la viabilité du *su1* que les lignées A619 et A661. Les fonds génétiques de ces lignées sont différents (Tableau 1).

Tableau 1. Types de pedigree et germplasm des lignées pures de maïs normal homozygotes pour *Su1* et du génotype de maïs doux P39 utilisé comme donneur de *su1*.

Génotype	Pedigree	Germplasm
Sweetcorn		
P39	Golden Bantam	Golden Bantam
Maïs normal		
EP42	Tomiño	Nord de l'Espagne
A619	(A171 × Oh43)Oh43	Lancaster
A632	(Mt42 × B14)B14 ³	Reid
A661	AS-A	Variété synthétique (U.S.A.)

Deux dispositifs basés sur les moyennes des générations ont été développés pour les analyses des effets génétiques (Mather & Jinks 1982). Le premier dispositif est constitué par deux lignées EP42 et A661 provenant de deux fonds génétiques différents, alors que le deuxième est constitué de deux lignées provenant d'un même fond génétique (Corn Belt): A619 et A632 (Tableau 1). Des croisements entre chaque paire de lignées ont été réalisés en 2001. Les matériels obtenus ont été autofécondés et retrocroisés pour obtenir les six générations de base: les deux parents (P_1 et P_2), F_1 , F_2 , BC_1 et BC_2 . Les 12 génotypes obtenus ont été par la suite croisés avec la lignée de maïs doux P39 comme donneuse de *su1*.

Tout le matériel obtenu après le croisement avec la lignée P39 a été autofécondé successivement durant cinq ans (2006, 2007, 2008, 2009 et 2010) à Pontevedra, Nord-Ouest de l'Espagne (42° 24', 8' 38'N, altitude 20 m), où la pluviométrie est de l'ordre de 1600 mm à 1700 mm. Plus de 100 plants de chacun des 12 génotypes ont été autofécondés expérimentalement récoltés et conservés en masse d'où un échantillon de 150 grains a été prélevé puis semé dans des blocs de 3 m de long, espacés de 0.80 m entre lignes et 0.20 cm entre plants.

La fréquence du mutant *su1* a été déterminée pour chaque génotype à partir de trois lots de semences à raison de 500 grains chacun. Pour la première génération d'autofécondation, la fréquence allélique q du mutant *su1* a été calculée comme étant la racine carrée de la fréquence des grains homozygotes *su1su1*. Alors que pour les autres générations, la fréquence a été calculée suivant l'équation ci-dessous:

$$q = \frac{[(N \times 2) + C \times (1500 - N)]}{3000}$$

Où:

N = le nombre des grains *su1su1* observés dans le total de 1500 grains,

C = représente la proportion des grains *su1su1* dans les grains hétérozygotes (2/5, 2/9, 2/17 et 2/33 pour la 2^{ème}, 3^{ème}, 4^{ème} et 5^{ème} autofécondation respectivement).

Des analyses de régressions (la fréquence du mutant *su1* par rapport au nombre de générations) ont été effectuées pour chaque génotype. Les coefficients de régression (b) ont été testés pour leurs homogénéités. Pour chaque génération, nous avons calculé le nombre de grains *su1su1* attendus pour estimer la fitness du *su1* en calculant une autre variable (s) qui est la valeur sélective (= la proportion des grains qui contribuent à la génération suivante) (Falconer 1981). Pour estimer l'effet du fond génétique sur la fitness, des analyses de régressions (valeur sélective par rapport à la proportion du parent défavorable) ont été effectuées.

Pour les analyses des moyennes des générations, les coefficients de régression ont été utilisés comme étant des estimateurs pour la viabilité de *su1*. Chaque dispositif a été analysé séparément. L'ajustement des moyennes aux modèles génétiques a été testé par le X^2 . Les modèles génétiques considérés sont les suivants: le modèle des effets moyens (m), le modèle additif ($m + a$), le modèle additif-dominance ($m + a + d$), le modèle additif-dominance avec

épistasie ($m + a + d + aa + ad$) (Mather & Jinks 1982; Kearsey & Pooni 1996). Les analyses ont été effectuées en utilisant l'outil statistique PROC IML (SAS 2005) suivant l'équation:

$$X = (C' \times W \times C)^{-1} \times (C' \times W \times Y)$$

Où:

Y = vecteur des moyennes,

C = matrice des coefficients,

W = matrice des valeurs de la pondération de la variance,

C' = transposant de la matrice C.

RESULTATS

Tout au long des générations, la fréquence du *su1* diminue d'une manière linéaire (Figure 1). Dans le premier dispositif, les fréquences ont été comprises entre 0,534 et 0,270, et entre 0,491 et 0,161 pour les lignées A661 et EP42 respectivement (Figure 1a, Tableau 2). La même tendance a été observée au niveau du deuxième dispositif. La fréquence du *su1* a été comprise entre 0,446 et 0,051 chez la lignée A619 et entre 0,504 et 0,171 chez la lignée A632 (Figure 1b, Tableau 3).

Les coefficients de régressions ont été négatifs dans les deux dispositifs. La diminution de la fréquence allélique chez la lignée EP42 a été très variable et instable en comparaison avec la lignée A661, alors que le comportement des deux lignées: A619 et A632 était stable d'une année à une autre.

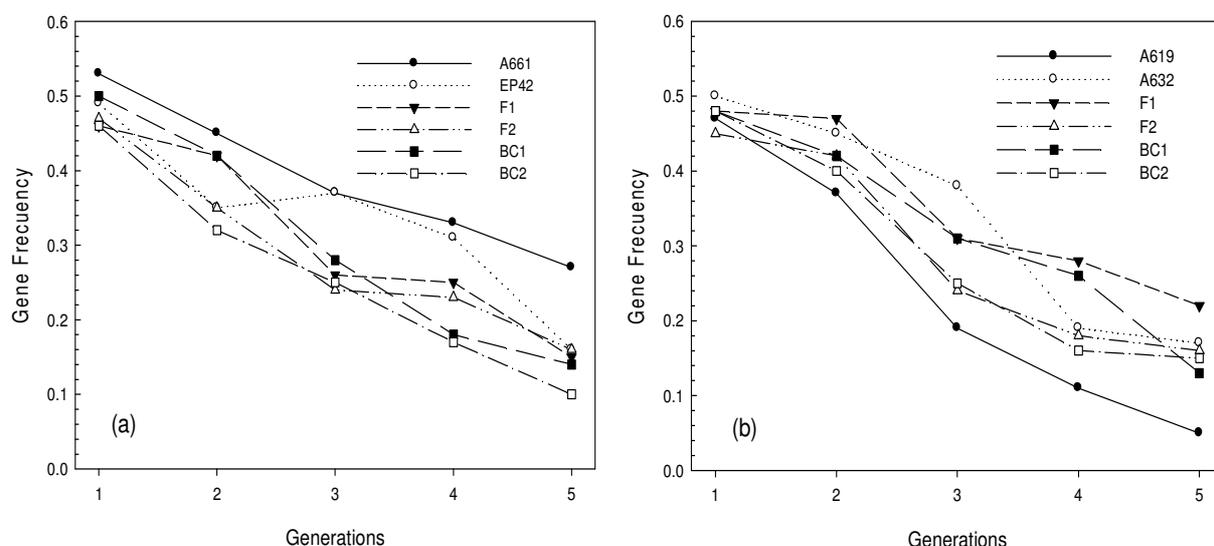


Figure 1. Variation de la fréquence de *su1* à travers cinq générations d'autofécondations du croisement entre la lignée P39 (*su1su1*) et les six générations de base (P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁, et BC₂) dérivées de croisements de deux paires de lignées pures de maïs normal: (a) premier dispositif, (b) deuxième dispositif.

Au niveau du dispositif (EP42 x A661), les coefficients de régression de chaque génération ne sont pas homogènes. En général, la viabilité du *su1* est plus grande dans le cas de la lignée A661 que dans le cas du rétrocroisement avec la lignée EP42 ($b = -0,065$ et $b = -0,097$ respectivement) (Tableau 2). Les coefficients de régression pour la lignée EP42, F₁, F₂ et le rétrocroisement de la lignée A661 sont homogènes. En plus, les coefficients de F₁ ($b = -0,078$) et F₂ ($b = -0,075$) sont plus grands que ceux des deux parents (Tableau 3).

Au niveau du dispositif (A619 x A632), les coefficients de régression sont homogènes. La diminution de la fréquence de l'allèle *su1* est similaire tout au long des générations. Tous les génotypes ont présenté une sélection négative contre *su1*. Le parent le plus défavorable pour le maintien du *su1* est A619 ($b = -0,109$).

Tableau 2. Fréquences de *su1* à travers cinq générations d'autofécondation entre la lignée P39 (*su1su1*) et six générations de base (P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁, et BC₂) dérivées du croisement de deux lignées de maïs normal (EP42 x A661).

Génération	A661	EP42	F ₁	F ₂	BC ₁	BC ₂
1	0,534	0,491	0,458	0,474	0,458	0,503
2	0,454	0,353	0,423	0,354	0,319	0,420
3	0,368	0,370	0,256	0,237	0,250	0,284
4	0,328	0,308	0,253	0,234	0,170	0,176
5	0,270	0,161	0,150	0,155	0,099	0,137
<i>b</i>	-0,065±0,004	-0,07±0,015	-0,08±0,011	-0,08±0,012	-0,09±0,007	-0,10±0,009
<i>R</i> ²	0,97	0,83	0,91	0,90	0,97	0,96
	(<i>P</i> < 0,001)	(<i>P</i> = 0,019)	(<i>P</i> < 0,01)	(<i>P</i> < 0,01)	(<i>P</i> < 0,001)	(<i>P</i> < 0,001)
<i>s</i>	0,130±0,0071	0,24±0,118	0,27±0,098	0,29±0,095	0,40±0,087	0,29±0,071

b : Coefficient de régression (*b* ± S.E.), *R*² : coefficient de détermination et *s* : valeur sélective (*s* ± S.E.).

Tableau 3. Fréquences de *su1* à travers cinq générations d'autofécondation des croisements entre la lignée P39 (*su1su1*) et six générations de base (P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁, et BC₂) dérivées du croisement de deux lignées de maïs normal (A619 x A632).

Génération	A619	A632	F ₁	F ₂	BC ₁	BC ₂
1	0,466	0,504	0,476	0,453	0,479	0,483
2	0,365	0,452	0,466	0,416	0,423	0,397
3	0,190	0,380	0,310	0,240	0,310	0,250
4	0,106	0,188	0,277	0,176	0,261	0,159
5	0,051	0,171	0,218	0,158	0,131	0,149
<i>b</i>	-0,109±0,011	-0,09±0,014	-0,07±0,011	-0,08±0,014	-0,09±0,007	-0,09±0,013
<i>R</i> ²	0,95	0,91	0,90	0,88	0,97	0,91
	(<i>P</i> < 0,01)	(<i>P</i> < 0,01)	(<i>P</i> < 0,01)	(<i>P</i> = 0,011)	(<i>P</i> < 0,001)	(<i>P</i> < 0,01)
<i>s</i>	0,519±0,113	0,21±0,104	0,19±0,071	0,29±0,081	0,28±0,083	0,29±0,096

b : Coefficient de régression (*b* ± S.E.), *R*² : coefficient de détermination et *s* : valeur sélective (*s* ± S.E.).

La valeur de sélection (s) est également utilisée pour estimer la fitness. La sélection contre l'allèle *su1* est présente dans les deux dispositifs. Le coefficient de sélection varie entre 0,130 et 0,397 dans le dispositif (EP42 x A661) et entre 0,193 et 0,519 dans le dispositif (A619 x A632). La lignée A661 ($s= 0,130$) est plus favorable que la lignée EP42 ($s= 0,235$), et la lignée A632 ($s= 0,213$) est plus favorable que la lignée A619 ($s= 0,519$) (Tableaux 2 et 3). En plus, la valeur de sélection a été largement affectée par la proportion du parent défavorable sur la fitness de *su1*, surtout au niveau de la 5^{ème} autofécondation (Tableau 4).

Tableau 4. Régressions significatives ($b \pm$ s.e.) de la valeur sélective (s) sur la proportion du génotype défavorable dans six générations de base (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1 , et BC_2) à travers cinq générations d'autofécondation issues des croisements entre la lignée P39 (*su1su1*) et deux paires de lignées pures de maïs normal.

Analyses	Paramètre	b	R^2 Ajusté
Combinée	s_1	0,17±0,068 ($P = 0,032$)	0,32
	s_2	0,24±0,118 ($P = 0,069$)	0,22
	s_5	0,53±0,106 ($P < 0,001$)	0,68
EP42 x A661	s_2	0,33±0,151 ($P = 0,095$)	0,43
	s_5	0,37±0,060 ($P < 0,001$)	0,88
A619 x A632	s_5	0,69±0,174 ($P = 0,016$)	0,75
	s (moyenne)	0,24±0,110 ($P = 0,094$)	0,43

Les analyses des moyennes des générations ont été utilisées pour estimer les effets génétiques contrôlant la viabilité du *su1* en utilisant les coefficients de régression. Vu que les coefficients de régression ont été homogènes dans le dispositif (A619 x A632), nous n'avons analysé que les données du dispositif (EP42 x A661). L'analyse a montré que le model additif est le plus adéquat ($m= -0,08\pm 0,004$ et $a= 0,013\pm 0,005$), avec une probabilité de $P= 0,149$.

DISCUSSION

Les résultats obtenus dans la présente étude, confirment que la viabilité de l'allèle *su1* est inférieure que celle du type normal (Martins & Da Silva 1998). La tendance à la diminution de la fréquence du mutant *su1* était comparable dans les deux dispositifs mais avec des intensités différentes. Ceci indique que la viabilité de l'allèle *su1* est fortement dépendante du fond génétique utilisé (Revilla *et al.* 2006a, 2010). Trois types de fonds génétiques ont été utilisés dans ce travail, A619 et A632 proviennent de la race Corn Belt, type Lancaster et Reid respectivement. La lignée A661, provient du Corn Belt mais elle est différente de Lancaster ou Reid. Alors que la lignée EP42, est une lignée cornée Européenne. La viabilité du mutant *su1* a été inférieure dans les fonds génétiques Lancaster et Reid que les autres. Cette observation confirme celle de Revilla *et al.* (2006a, 2010) selon laquelle la viabilité est influencée par des interactions spécifiques entre les lignées *su1su1* et les lignées *Su1Su1*.

La sélection contre *su1*, peut être engendrée par deux mécanismes: la réduction de la viabilité et la réduction de la fertilité (Falconer 1981). Suivant le cycle du développement de la plante; la sélection contre l'allèle *su1* commence premièrement au niveau des caractères de viabilité (germination et vigueur précoce) (Ordás *et al.* 2010), ensuite au niveau des caractères liés à la fertilité (fécondation et formation de grain) (Cisneros-Lopez *et al.* 2010; Zhang *et al.* 2011). Dans notre étude, les plantes de la première génération ont le phénotype normal (hétérozygote *Su1su1*), donc la sélection a commencé au moment de la fécondation. Cependant, la diminution de la fréquence au niveau de la première génération est trop réduite, ce qui indique que l'intensité de la sélection *via* la fertilité dans notre cas était faible. Après la première génération, la diminution de la fréquence est probablement due à des facteurs de viabilité. Le coefficient de sélection contre *su1* augmente au cours des générations. Ceci est probablement dû à l'augmentation du taux d'homozygotie.

Le dispositif (EP42 x A661) a été le seul utilisé pour estimer les effets génétiques. Les lignées A619 et A632 proviennent de la même origine, ce qui fait que la diversité génétique soit très réduite pour détecter des différences. Comme conclusion, la viabilité du *su1* est sous contrôle génétique, avec des effets additifs significatifs dus probablement à la contribution de plusieurs gènes à effets mineurs.

Dans notre travail, l'intensité de la sélection contre le mutant *su1* via la fertilité était faible par rapport à la sélection via les facteurs de viabilité. Les effets de la germination et de la vigueur précoce sur la viabilité du *su1* ont été largement étudiés dans la littérature. Cependant, quels sont les autres caractères de la sélection naturelle qui limiteraient la fitness de *su1*? Et, quel est l'effet de l'introgession du *su1* sur le déterminisme génétique de ces caractères? La réponse à ces questions sera donnée dans les chapitres suivants.

CHAPITRE III

INFLUENCE DU LOCUS *SUGARY1* SUR LES EFFETS GENETIQUES DES TRAITES POLYGENIQUES

INTRODUCTION

Plusieurs travaux de recherche sont conduits pour identifier les différents caractères agronomiques induisant la variation de la fitness de l'allèle *su1*. La viabilité de l'allèle *su1* est largement étudiée au niveau des premières phases du cycle de développement de la plante. La germination est considérée comme étant le premier facteur limitant pour le développement du maïs doux suivie par la vigueur précoce. Cependant, peu de travaux sont réalisés sur les phases de développement ultérieures. On sait actuellement que la viabilité de *su1* est sous contrôle génétique, et ce, en plus de la germination et de la vigueur précoce. L'objectif de la présente partie consiste à répondre aux questions suivantes: quels sont les caractères agronomiques susceptibles de limiter la fitness de l'allèle *su1* ? Et quels sont les effets de l'introgession d'une telle mutation (*su1*) sur le contrôle génétique de ces caractères agronomiques?

MATERIELS ET METHODES

Deux dispositifs basés sur des moyennes des générations sont développés pour les analyses des effets génétiques (Mather & Jinks 1982) (voir chapitre II, Tableau 1). Tout le matériel végétal est autofécondé en 2006, 2007, 2008 et 2009. Les 12 génotypes obtenus sont par la suite croisés avec la lignée de maïs doux P39 comme donneuse de l'allèle *su1*. Au total, 24 génotypes pour chaque dispositif sont produits. Pour chaque génotype, les grains ont été séparés en grains *su1su1* et *Su1Su1* pour une éventuelle évaluation au champ. Quarante-huit (48) génotypes au total ont été créés pour chaque dispositif (24 génotypes *su1su1* et 24 génotypes *Su1Su1*).

Les 96 géotypes, plus les 4 lignées pures de départ (EP42, A661, A619 et A632) sont évalués en 10 x 10 triple lattice. Les essais sont mis en place en 2010 et 2011 à Pontevedra région du Nord-Ouest de l'Espagne (42° 24'N, 8° 38'W, altitude 20 m pluviométrie de l'ordre de 1600 mm à 1700 mm) et en Algérie (Ecole nationale Supérieure Agronomique Alger: 36 ° 47 ' N, 2 ° 03' E, altitude 32 m, pluviométrie de l'ordre de 900 mm). Les grains sont semés dans des blocs de 3 m de long, espacés de 0.80 m et une distance entre plantes de l'ordre de 0.12 m, pour obtenir une densité de 75000 plantes/hectare.

Pour chaque dispositif, les données sur les caractères agronomiques suivants sont prises: la date de floraison mâle (de la date de semis jusqu'à 50% des plantes avec pollen), la date de floraison femelle (de la date de semis jusqu'à 50% des plantes avec soins), la hauteur de la plante (en cm, de la base de la plante jusqu'à la panicule), la performance de la plante adulte (une échelle de 1-9, 1= plante chétive, 9= plante vigoureuse), le stand (le pourcentage des plantes qui arrivent au stade adulte du développement), la longueur de l'épi (cm), le nombre de rangs de grains/épi, le poids de l'épi (Kg), le nombre d'épis, le nombre d'épis/plante, la performance de l'épi (une échelle de 1-9, en prenant en considération la forme et l'aspect de l'épi) et le poids de 100 grains (g).

L'analyse combinée de la variance est réalisée en utilisant les moyennes ajustées. Si l'efficience du lattice est inférieure à 105% (Cochran & Cox 1992), les données seront analysées comme dans les blocs aléatoires complets. La source de la variation est divisée en: effet environnement, effet traitement (nombre d'autofécondation, génération, gène et leurs interactions respectives) et effet environnement x traitement. L'analyse de la variance est effectuée en utilisant le logiciel de statistique SAS (SAS Institute, 2005).

Les moyennes ajustées sont par la suite utilisées pour réaliser les analyses des moyennes des générations. Les caractères montrant une différence entre générations (P_1 et P_2 ,

F₁, F₂, BC₁ et BC₂) sont utilisés dans l'analyse. Chaque dispositif (Pontevedra ou Alger) est analysé séparément. Les équations des moyennes des générations utilisées sont les suivantes:

$$P1 = m + a + aa,$$

$$P2 = m - a + aa,$$

$$F1 = m + \left(\frac{1}{2}\right)^n d,$$

$$F2 = m + \frac{1}{2} \left(\frac{1}{2}\right)^n d,$$

$$BC1 = m + \frac{1}{2} a + \frac{1}{2} \left(\frac{1}{2}\right)^n d + \left(\frac{1}{4}\right) aa + \frac{1}{4} \left(\frac{1}{2}\right)^n ad,$$

$$BC2 = m - \frac{1}{2} a + \frac{1}{2} \left(\frac{1}{2}\right)^n d + \left(\frac{1}{4}\right) aa - \frac{1}{4} \left(\frac{1}{2}\right)^n ad, \text{ où } n = \text{le nombre d'autofécondations.}$$

L'ajustement des moyennes aux modèles génétiques est testé par le X^2 . Les modèles génétiques considérés sont les suivants: le modèle des effets moyens (m), le modèle additif (m + a), le modèle additif-dominance (m + a + d), le modèle additif-dominance avec épistasie (m + a + d + aa + ad) (Mather & Jinks 1982; Kearsey & Pooni 1996). Les analyses sont effectuées en utilisant le logiciel de statistique PROC IML (SAS 2005) suivant l'équation:

$$X = (C' \times C)^{-1} \times (C' \times Y)$$

Où:

Y = le vecteur des moyennes,

C = la matrice des coefficients,

C' = transposant de la matrice C.

L'erreur standard de chaque effet génétique est donnée par la diagonal de la matrice variance-covariance $(C' \times C)^{-1}$. La signification de chaque effet génétique est testée suivant la méthode de Kearsey & Pooni (1996).

RESULTATS

Au niveau du dispositif (EP42 x A661), l'analyse de la variance a révélé des différences significatives entre les générations pour presque tous les caractères à l'exception de la date de floraison mâle et femelle, la performance de la plante adulte, le stand et la performance de l'épi (Tableaux 5 et 6). Cependant, l'interaction environnement x génération est significative pour les deux dates de floraisons. Dans le cas du deuxième dispositif (A619 x A632), des différences significatives entre générations sont observées à l'exception de la performance de la plante adulte, la performance de l'épi et le poids de 100 graines (Tableaux 6 et 7). Les différences entre gènes (*Su1* vs. *su1*) sont importantes pour les composantes du rendement (nombre d'épis/plante, longueur de l'épi et le nombre de rangs de grains/épi), le stand et la performance de la plante adulte. Pour les deux dispositifs, l'effet de l'environnement est très significatif. Les interactions environnement x traitement sont de type changement de rang que de magnitude, et les interactions avec le nombre d'autofécondations, générations et gènes sont les plus importantes. En général, au niveau des deux dispositifs, les interactions sont significatives pour la plus part des caractères liés à la croissance et la fitness (floraison, stand, poids de l'épi, nombre d'épis, performance de la plante adulte et le poids de 100 graines). L'estimation des effets génétiques est effectuée séparément pour chaque environnement et pour chaque autofécondation. Seuls les caractères montrant une différence significative entre générations ou environnement x générations sont employés dans les analyses. En général, la performance des plantes *Su1* est supérieure aux plantes *su1* (Annexe I, Tableaux 1 à 8). Les plantes *Su1* sont plus précoces que les plantes *su1*. Peu de différences sont observées pour la hauteur de la plante et la longueur de l'épi. En outre, les caractères stand, nombre d'épis et poids de 100 graines, performance des plantes *Su1* sont supérieurs à ceux des plantes *su1*.

Au niveau de dispositif (EP42 x A661), la valeur du χ^2 n'est pas significative pour les caractères: le poids d'épi, le nombre d'épis/plant et la longueur d'épi ; le model génétique

« m » s'ajuste ainsi aux données au niveau de tous les environnements. En plus des effets additifs et de dominances estimés, des effets épistatiques sont détectés (Annexe II, Tableaux 9 à 12). En outre, l'estimation des effets génétiques est largement affectée par le type de gène (*Su1* vs. *su1*) et l'environnement. Dans la plus part des cas, les données ne s'ajustent à aucun model génétique.

Pour le deuxième dispositif (A619 x A632), les données des caractères: performance de la plante adulte, poids de l'épi, nombre d'épis/plante, poids de 100 graines et performance de l'épi s'ajustent au model « m ». Comme dans le premier dispositif, la plus part des données s'ajustent ou non au model additif-dominance avec épistasie (Annexe II, Tableaux 13 à 16).

La variation de la signification des effets génétiques est largement influencée par l'environnement et le type de gènes en question. La floraison, la hauteur de plante et le nombre d'épis sont significatifs dans les deux dispositifs, alors que le poids de 100 grains est significatif uniquement dans le dispositif (EP42 x A661) et le stand, la longueur de l'épi et le nombre de rangs de gains/épi ne sont significatifs qu'au niveau du deuxième dispositif (A619 x A632). La hauteur des plantes et le nombre d'épis présentent des modèles génétiques compliqués et la plus part des paramètres génétiques estimés sont significatifs. Pour la floraison, et contrairement aux génotypes *su1*, la plus part des données des génotypes *Su1* s'ajustent au model génétique « m ».

Tableau 5. Analyses combinées de la variance des moyennes des générations, pour le premier dispositif (EP42 x A661) évalué à Alger (ENSA) et à Pontevedra en 2010 et 2011.

Source de variation	dl	Floraison mâle	Floraison femelle	Hauteur de la plante	Performance de la plante adulte	Stand	Poids d'épi	N° d'épis	Epis/plante	Longueur d'épi	N° de rangs/épi
Environnement (E)	2	1554,29***	3421,40***	33156,28***	11,52***	16977,26***	132,42***	12130,69***	17,69***	314,08***	2,59
<i>Traitements</i>											
Autofécondation (S) ¹	3	135,62	121,70	3573,54***	25,29***	178,39	30,65**	502,60	0,41***	98,01***	4,94*
Génération (G) ²	5	12,27	5,57	1179,73**	0,33	181,19	1,61*	262,62***	0,61***	7,62**	46,73***
Gène (<i>Su1vs.su1</i>)	1	4,73*	2,43	607,91	18,86***	17073,58***	90,61*	6466,77*	0,06	22,28**	57,71***
S x Gène	3	0,30	9,20	1913,66***	2,67	1589,21***	1,83*	307,23**	0,33**	2,79	3,55*
G x Gène	5	7,79	4,53	179,67	1,01	547,33***	0,56	144,38*	0,05	0,44	0,63
S x G	15	9,41	3,18	360,51	1,78*	172,41	0,78	116,75*	0,14	1,29	2,80**
S x G x Gène	15	14,09	5,83	333,35	0,62	180,99	0,38	78,30	0,16	1,87	1,26
<i>E x Traitements</i>											
E x S	6	95,48***	44,36***	334,82	0,36	154,23	1,90*	180,06**	0,08	1,91	0,76
E x G	10	32,95***	11,21*	419,69	0,47	70,68	0,43	37,51	0,11	1,60	1,58
E x Gène	2	3,95	12,80	380,55	1,04	161,83	3,66**	259,43*	0,04	0,47	3,87
E x S x Gène	6	6,13	1,38	248,92	1,11	101,54	0,39	50,82	0,04	2,50	1,42
E x G x Gène	10	11,47	5,02	311,26	0,50	169,40	0,60	55,80	0,05	0,54	0,65
E x S x G	30	30,64	5,92	161,74	0,81	101,11	0,45	41,63	0,14**	1,62	0,95
E x S x G x Gène	30	28,86	2,86	312,24	1,06	84,15	0,60	89,63	0,13**	1,35	0,99
Erreur	dl	533	533	533	551	533	533	549	569	567	567
	ms	3,30	5,06	283,43	1,05	107,99	0,68	62,57	0,07	2,09	1,33

*, ** et *** Effets significatifs aux seuils de probabilité : 0,05, 0,01 et 0,001 respectivement.

¹ Nombre de cycles d'autofécondation.

² Les six générations de base: P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁, et BC₂.

Tableau 6. Analyses combinées de la variance des moyennes des générations pour les caractères performance de l'épi et poids de 100 grains évalués à Pontevedra en 2010 et 2011.

Source de variation	dl	EP42 x A661		A619 x A632	
		Performance de l'épi	Poids de 100 grains	Performance de l'épi	Poids de 100 grains
Environnement (E)	1	31,08***	122,23	31,70***	2,68
Traitements					
Autofécondation (S) ¹	3	65,98***	133,00**	75,48***	120,29*
Génération (G) ²	5	2,02	109,49**	1,34	13,42
Gène (<i>Sulvs.sul</i>)	1	69,21***	1415,39***	68,65***	1545,68***
S x Gène	3	2,42	31,72	1,11	0,60
G x Gène	5	0,15	76,57	2,94*	10,99
S x G	15	1,23	72,37**	1,82	12,65
S x G x Gène	15	1,16	98,70*	1,68	12,00
E x Traitements					
E x S	3	0,94	62,42	0,89	2,04
E x G	5	1,81	73,30	2,30	11,54
E x Gène	1	0,44	22,82	0,03	6,30
E x S x Gène	3	0,29	45,35	0,53	3,19
E x G x Gène	5	0,35	72,29	0,59	6,54
E x S x G	15	1,27	50,17	1,03	6,49
E x S x G x Gène	15	0,77	63,01*	1,25	4,61
Erreur	dl	362	361	362	361
	ms	1,16	34,71	1,16	34,71

*, ** et *** Effet significatif aux seuils de probabilité de 0,05, 0,01 et 0,001 respectivement.

¹ Nombre de cycles d'autofécondation.

² Les six générations de base: P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁, et BC₂.

Tableau 7. Analyses combinées de la variance des moyennes des générations, pour le deuxième dispositif (A619 x A632) évalué à Alger (ENSA) et à Pontevedra en 2010 et 2011.

Source de variation	dl	Floraison mâle	Floraison femelle	Hauteur de la plante	Performance de la plante adulte	Stand	Poids d'épi	N° d'épis	Epis/plante	Longueur d'épi	N° de rangs/épi
Environnement (E)	2	824,99***	1076,72***	26299,24***	13,35***	14280,36***	232,27***	12106,51***	19,05***	398,86***	24,43***
<i>Traitements</i>											
Autofécondation (S) ¹	3	185,04	150,12	6991,20***	28,96***	2427,25***	57,27***	1225,49***	0,34**	96,88***	16,10***
Génération (G) ²	5	48,88**	12,35*	1696,03***	6,06	714,39***	7,58**	1371,65**	0,95***	12,64***	7,77***
Gène (<i>Sulvs.sul</i>)	1	45,42	117,69	176,72	6,08*	9651,76*	43,70	1495,44***	0,45*	159,14***	5,49*
S x Gène	3	4,80	8,23	475,11	0,84	726,17***	1,44	206,21*	0,06	2,10	2,52
G x Gène	5	2,88	12,03*	397,71	1,66	452,42***	2,51**	162,34*	0,10	5,85*	2,36
S x G	15	6,00*	9,04*	643,63**	1,99	123,79	0,72	48,04	0,03	6,38***	2,45
S x G x Gène	15	3,33	7,51	257,13	2,05	128,93	0,69	80,55	0,07	3,23	2,49
<i>E x Traitements</i>											
E x S	6	57,11***	51,63***	395,90	1,19	175,65	2,24**	24,21	0,13	3,41	0,59
E x G	10	7,65*	7,49	238,41	2,20*	94,43	2,09***	160,28**	0,12	3,76	1,54
E x Gène	2	18,91**	58,74***	53,71	2,43	351,59*	2,45*	79,55	0,07	4,05	1,02
E x S x Gène	6	2,43	3,32	432,00	0,64	223,73	1,04	94,79	0,02	0,65	0,47
E x G x Gène	10	4,03	6,90	354,92	0,47	76,62	0,64	42,67	0,05	2,40	4,16
E x S x G	30	4,39	5,21	267,49	1,68*	99,79	0,59	54,89	0,05	2,16	2,05
E x S x G x Gène	30	2,35	4,27	175,74	1,59*	103,59	0,96	76,97	0,08**	4,68	1,97
Erreur	dl	533	533	533	551	533	533	549	569	567	567
	ms	3,30	5,06	283,43	1,05	107,99	0,68	62,57	0,07	2,09	1,33

*, ** et *** Effets significatifs aux seuils de probabilité de 0,05, 0,01 et 0,001 respectivement.

¹ Nombre de cycles d'autofécondation.

² Les six générations de base: P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁, et BC₂.

DISCUSSION

Pour les deux dispositifs, les différences entre les plantes *Sul* et *sul* pour les dates de floraisons sont réduites. Ces résultats confirment ceux observés par Revilla *et al.* (2010) et qui suggèrent que la contribution des dates de floraisons mâle et femelle à la performance des plantes est minime. Les différences pour la hauteur des plantes et la longueur de l'épi sont faibles, contrairement aux résultats de Revilla *et al.* (2000b). Cependant, pour les caractères: stand et les composantes de rendements; la performance des plates *Sul* est beaucoup plus importante que celles des plantes *sul*. Ces résultats sont en adéquation avec ceux observés par Tracy (1990b) et Revilla *et al.* (2010) et qui confirment que les plantes *sul* sont moins performantes que les plantes *Sul*.

Les différences entre générations pour les caractères: performance de la plante adulte et performance de l'épi ne sont pas significatives. Cependant, les différences entre générations pour les caractères poids de l'épi et épi/plante sont significatives mais les données s'ajustent au model génétique « m ». Ces résultats, suggèrent que ces caractères sont moins importants pour la fitness de *sul*.

Les effets des interactions avec l'environnement sont très importants, raison pour laquelle les données sont analysées séparément. Les estimations des effets génétiques sont largement influencées par l'environnement et le caractère en question. Dans plusieurs cas, les données ne s'ajustent pas au model additif-dominance avec épistasie, ce qui suggère que le contrôle génétique de ces caractères est beaucoup plus complexe et que d'autres paramètres génétiques semblent nécessaires pour une bonne estimation. L'effet de l'introgession du *sul* sur le contrôle génétique des caractères dépend de l'environnement. C'est le cas, par exemple, du caractère poids de 100 graines (Annexe II, Tableaux 9 à 12). Les models génétiques des caractères hauteur de la plante et le nombre d'épis s'ajustent au model additif-dominance avec

épistasie, ce contrôle génétique des deux caractères est observé dans les trois environnements et au niveau des deux dispositifs. Par contre, le caractère stand, est significatif uniquement dans le dispositif A619 x A632, ce qui suggère que le contrôle génétique de ce caractère dépend du fond génétique. Pour interpréter l'effet de l'introgression de l'allèle *su1* sur le contrôle génétique des caractères agronomiques, on se base sur les résultats de la dernière génération d'autofécondation parce que les interactions entre les deux fonds génétiques sont probablement moins significatives à cause du taux élevé d'homozygotie. Pour la hauteur des plantes, la magnitude des effets additifs est plus faible dans les génotypes *su1* que dans les génotypes *Su1* (dispositif EP42 x A661). Les estimations et la magnitude des effets dominance, additif x additif ainsi que les effets additif x dominance changent en dépendant du type de gène (*Su1* vs. *su1*). La même tendance est observée pour le caractère stand (dispositif A619 x A632). Pour la longueur de l'épi, les effets génétiques sont significatifs uniquement dans la présence de l'allèle du parent sauvage. Ces résultats sont en adéquation avec les résultats de Revilla *et al.* (2000b), qui affirment que la hauteur de la plante et la longueur de l'épi peuvent être considérés comme étant des traits liés à la fitness de *su1*. En outre, pour la date de floraison femelle, le locus *Su1* a un grand effet sur la magnitude et le type de paramètres génétiques. Ordás *et al.* (2010) ont montré que la date de floraison est le seul caractère affecté lorsque les plantes *su1* sont converties en plantes *sh2*.

En général, la fitness de *su1* est largement influencée par l'environnement et l'interaction maïs doux x maïs normal. Les travaux précédents ont montré que la germination et la vigueur précoce sont les deux facteurs limitant la fitness de l'allèle *su1*. Cependant, d'après la présente étude, nous concluons que les caractères: stand, floraison femelle, hauteur de la plante et longueur de l'épi ont une importance capitale dans le contrôle de la fitness de la mutation.

La fitness de *suI* est donc sous contrôle génétique. Plusieurs caractères semblent ainsi avoir un rôle important dans la sélection contre cette mutation (*suI*). Cependant, aucun travail de recherche n'est effectué jusqu'à présent pour identifier les gènes ou les facteurs génétiques responsables d'une telle variation dans la dynamique de la mutation et le contrôle des caractères cités précédemment. Afin de pouvoir approfondir nos connaissances sur cette problématique, une série d'expériences basées sur les marqueurs moléculaires a été réalisée, l'objectif est de tenter de répondre à cette question en s'intéressant plus particulièrement aux régions génomiques susceptibles d'affecter la fitness du mutant *suI*. La réponse à cette question sera donnée dans le chapitre suivant.

CHAPITRE IV

REGIONS GENOMIQUES AFFECTANT LA FITNESS DU MUTANT *sugary1* CHEZ LE MAÏS

INTRODUCTION

Récemment, la *Drosophila* a été utilisée comme un modèle génétique pour étudier les différents mécanismes qui contrôlent le comportement d'une mutation au sein d'une population. Les chercheurs ont constaté que le maintien d'une mutation dépend spécifiquement du fond génétique traduit par des effets épistatiques d'une part, et des facteurs environnementaux d'autre part. Chez le maïs, une étude moléculaire a montré que le comportement des mutants est influencé par la composition des séquences nucléotidiques flanquant la mutation. Ainsi, dans le but de connaître les bases génétiques des variations phénotypiques observées chez le maïs, 25 lignées sont utilisées pour créer 25 populations RILs (Recombinant Inbred Lines), dont deux populations RILs (ayant comme parents deux lignées de maïs doux: P39 et I14h). Les chercheurs ont observé une forte distorsion de la ségrégation sur le chromosome 4, spécialement contre l'allèle *su1*. En outre, Djemel *et al.* (2011) ont montré que la viabilité de *su1* est sous contrôle génétique, avec des effets additifs significatifs dus probablement à un certain nombre de gènes à effet mineurs.

L'objectif de la présente partie consiste à: 1) déterminer la taille minimale des régions génomiques flanquant la mutation, 2) déterminer les régions génomiques qui montrent une distorsion de ségrégation contre l'allèle *su1*, et 3) identifier les gènes affectant la viabilité de *su1*.

MATERIELS ET METHODES

Caractérisation des lignées recombinantes par les SNP (Single nucleotide polymorphism)

Dans le but d'identifier les gènes et/ou les régions génomiques qui contrôlent la distorsion de ségrégation contre l'allèle *su1*, deux populations RILs provenant du croisement entre la lignée

B73 (population type Stiff Stalk Synthetic) et deux lignées de maïs doux P39 (Golden Bantam) et II14h (Stowell's Evergreen), ainsi qu'une carte génétique sont utilisés. En plus, deux autres populations RILs provenant du croisement entre la lignée B73 et deux lignées de maïs normal Oh43 et Tx303 sont utilisées comme témoins (www.panzea.org). Ces quatre populations font partie du panel NAM (Nested Association Mapping).

La carte génétique de la NAM est constituée de 1106 SNPs (McMullen *et al.* 2009). Vu que le locus *Su1* n'a pas été génotypé dans cette carte, la carte génétique de la lignée B73 (Référence Genome v2, www.maizesequence.org) est utilisée pour estimer la position exacte du locus *Su1* dans la carte NAM. Le locus *Su1* est situé entre la position 53.7 cM et la position 55.2 cM dans le chromosome 4, il est entouré par les deux marqueurs PZA01751.2 et PZA00445.22. Les lignées recombinantes sont classées par la suite en deux groupes (lignées de type B73 et lignées type P39 ou II14h) en fonction des deux allèles flanquants le locus cible. Si ces deux allèles sont de type B73, donc les lignées seront classées comme maïs normal (*Su1*) et si les deux allèles sont de type P39 ou II14h, les lignées seront classées comme maïs doux (*su1*).

Caractérisation de la population F₂ par les marqueurs microsatellites (SSRs)

Pour une identification des gènes contrôlant la viabilité de la mutation, une population F₂ (A619 x P39) a été utilisée. Cette population a été choisie à cause de l'effet négatif de la lignée A619 sur la fitness du *su1* (voir Djemel *et al.* 2011). L'autofécondation de la F₁ (A619 x P39) a été effectuée en 2006, et 600 grains de cette population F₂ ont été semés en 2009 dans des blocs de 3 m de long, espacés de 0,80 m avec une distance entre plantes de l'ordre de 0,21 m, pour obtenir une densité de 60 000 plantes/hectare. La population F₂ a été autofécondée, et un total de 488 plantes a été récolté, dont 175 plantes hétérozygotes. Toutes les analyses sont réalisées sur les plantes hétérozygotes. Les données sur les caractères

suiuants sont prises: vigueur précoce (une échelle de 1 à 9, 1= faible et 9= vigoureuse), quantité de chlorophylle dans les feuilles (mesurée aux stades végétatif et adulte de la plante en utilisant l'appareil CCM-200; Opti-Sciences, Tyngsboro, Massachusetts, USA), longueur de l'épi (mm), poids de l'épi (g), nombre de grains de *Su1Su1* et *su1su1* observés et type de grains (une échelle visuel de 1= denté à 4= corné).

En outre, pour chaque plante, 25 grains *Su1Su1* et 25 grains *su1su1* sont mises en germination dans des boites de Pétri. La proportion des grains ayant germé (avec racines et coléoptiles) est notée pour chaque génotype. Le coefficient de sélection contre l'allèle *su1* est calculé comme étant le rapport de la proportion des grains *su1su1* germés sur la proportion des grains *Su1Su1* germés :

$$\text{coefficient de selection} = \frac{\% \text{ grains germés } su1su1}{\% \text{ grains germés } Su1Su1}$$

Analyse des données

Avec les RILs, si la sélection naturelle est absente, le rapport *su1* : *Su1* attendu est de 1:1. Ainsi, le nombre de lignées RILs de type maïs doux attendues est comparé au nombre de lignées observées en utilisant le teste (X^2) ($P < 0.05$). La taille des fragments génomiques flanquants le locus *Su1* est définie en cM. En outre, pour mettre en évidence l'existence des régions génomiques engendrant une distorsion de ségrégation contre l'allèle *su1*, les lignées recombinantes sont classées en deux groupes (lignées de type normal et lignées de type doux) en fonction des deux allèles flanquants le locus cible. Au sein de chaque groupe, le nombre de lignées possédant les allèles B73 est comparé au nombre de lignées possédant les allèles de la lignée P39 ou Il14h en utilisant le teste (X^2) au seuil $P < 0,05$ et à une probabilité corrigé en fonction du critère de Bonferroni ($P < 0,05/N$; N= nombre du marqueur SNP).

Pour la population F₂, le nombre des grains *su1su1* est comparé au nombre des grains *Su1Su1* en utilisant le teste (X^2) ($P < 0,01$). Les marqueurs SSRs associés à la viabilité de *su1* sont détectés par la méthode BSA « *bulk segregant analysis* ». Un total de 90 SSRs s'est révélé polymorphe entre les deux parents. Ces marqueurs sont utilisés pour génotyper les plantes qui présentent une faible fréquence de l'allèle *su1*. Les marqueurs qui sont significativement associés avec la faible fréquence de *su1* sont utilisés par la suite pour génotyper toute la population. Le logiciel PROC GLM (SAS Institute 2008) est utilisé pour toutes les analyses.

RESULTATS

Régions génomiques et distorsion de ségrégation contre su1

Dans les deux populations RILs, une forte distorsion de ségrégation a été observée contre l'allèle *su1* (Tableau 8). Dans les deux autres populations de référence (B73 x Oh43 et B73 x Tx303), aucune distorsion n'a été révélée. En plus, aucune différence significative dans la taille des fragments génomiques flquant le locus *Su1* n'est détectée entre les populations (Annexe III, Tableau 17).

Tableau 8. Distorsion de ségrégation aux SNPs flanquants le locus *Sugary1* pour B73/génotypes alternatifs ($P < 0.05$) dans quatre populations RILs obtenues à partir de croisements entre la lignée B73 et quatre lignées diverses (LD).

Population	Nombre total*	N°. observé homozygotes		N°. excepté homozygotes	valeur χ^2
		B73	DL parent		
B73 × P39 †	155	107	48	77.5	22.45
B73 × II14h †	157	132	25	78.5	72.92
B73 × Oh43 ‡	175	83	92	87.5	0.46 (ns)
B73 × Tx303 ‡	171	74	97	85.5	3.09 (ns)

* RIL avec données manquantes sont éliminées.

† : Lignée pure type Sweetcorn, ‡ : Lignée pure de maïs normal, ns : significatif à $P < 0.05$

En utilisant la probabilité corrigée par le critère de Bonferroni, seuls les SNPs situés sur le chromosome 4 sont détectés (Annexe III, Tableau 18). Cependant, lorsqu'on applique la probabilité de $P < 0,05$, 10% et 7% des marqueurs en dehors du chromosome 4 sont observés dans la population B73 x P39 et dans la population B73 x II14h respectivement (Tableau 9). Les régions chromosomiques chez chacune des populations RILs (produits à partir de P39 ou de II14h), montrant une distorsion de ségrégation ne sont pas les mêmes. Elles varient en fonction de la population étudiée; les chromosomes 1, 2, 3, 5, 6, 9, et 10 dans le cas de B73 x P39, et les chromosomes 1, 3, 6, 7, et 8 dans B73 x II14h (Figure 2). Dans les deux populations, le maximum de distorsion est observé sur le chromosome 4 (Figure 3). La longueur du groupe de liaison est plus grande chez II14h que P39 (de 19.4 à 90.7 cM et de 97.9 à 112.5 cM chez II14h, et de 21.3 à 97.9 cM chez P39). Seules deux régions génomiques bins 6.07 et bins 6.08 sont communes aux deux populations.

Tableau 9. Nombre et fréquence des marqueurs moléculaires (*SNPs*) montrant une distorsion de ségrégation à travers tous les chromosomes dans deux populations de maïs (B73 x P39 et B73 x II14h).

Chromosome	Nombre de marqueur	Pourcentage de distorsion	
		B73 x P39	B73 x II14h
1	175	51 (39,14%)	35 (20%)
2	127	0	0
3	131	20 (15,26%)	41 (31,29%)
4	110	94 (85,45%)	69 (62,72%)
5	138	3 (2,17%)	67 (48, 55%)
6	78	4 (5,12%)	0
7	78	43 (55,12%)	21 (26,92%)
8	106	12 (11,32%)	16 (15,09%)
9	85	33 (38,82%)	5 (5,88%)
10	78	1 (1,28%)	3 (3,84%)

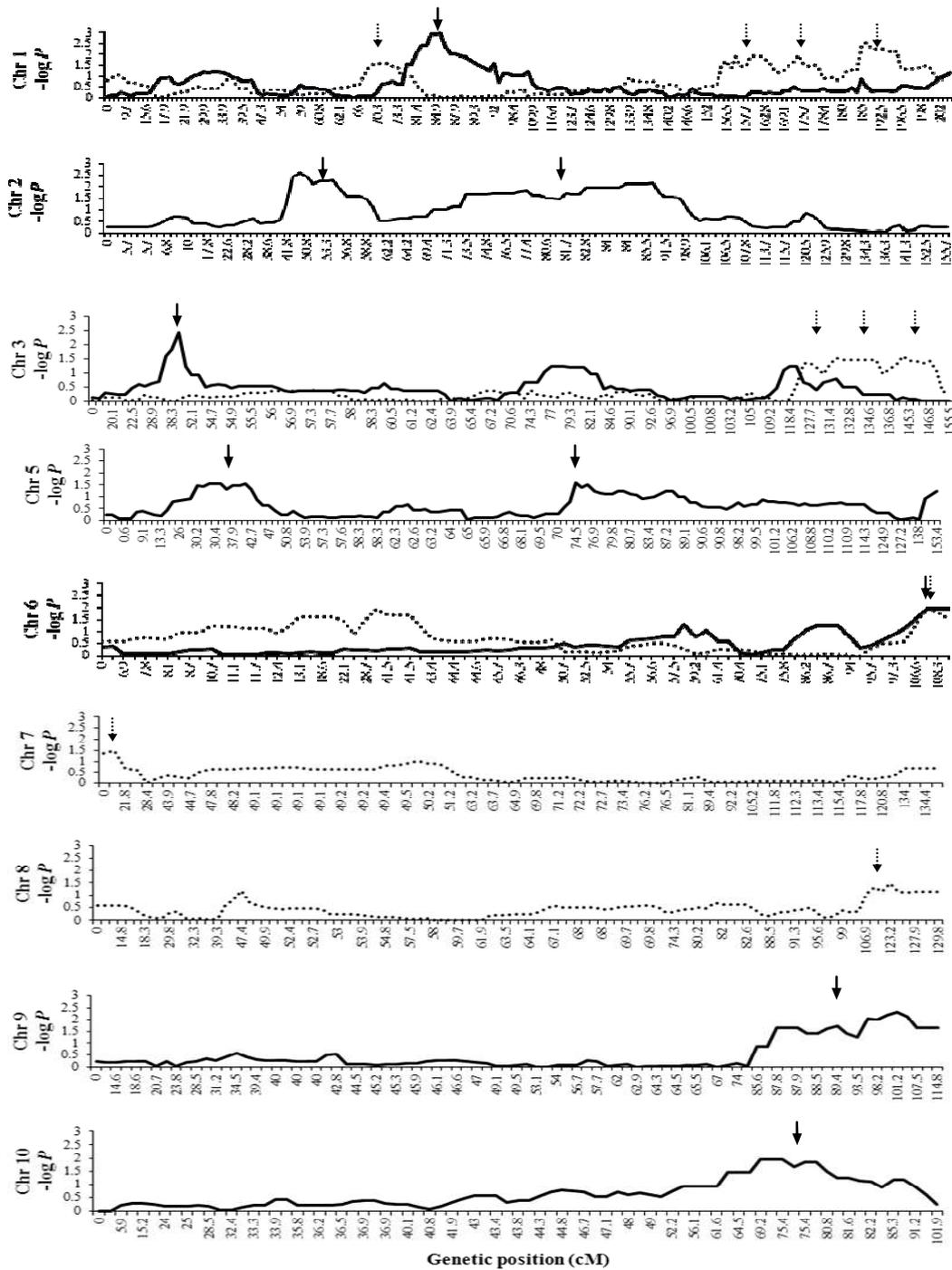


Figure 2. Distorsion de ségrégation dans les chromosomes de maïs. La ligne continue indique le log négatif de la valeur P du test de χ^2 pour la ségrégation des allèles de la lignée parentale P39 vs les allèles de la lignée parental B73. La ligne pointillée indique le log négatif de la valeur P du test de χ^2 pour la ségrégation des allèles de la lignée parentale II14h vs les allèles de la lignée parentale B73. Les flèches indiquent la position des régions génomiques révélant une distorsion de ségrégation significative.

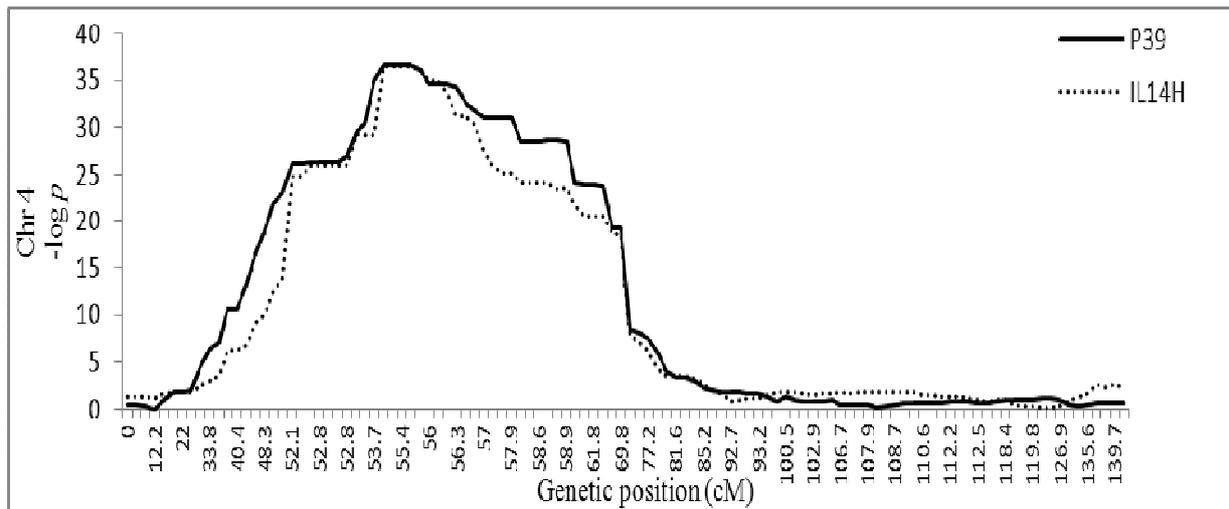


Figure 3. Régions génomiques localisées sur le chromosome 4 montrant une distorsion de ségrégation. La ligne continue indique le log négatif de la valeur P du test de χ^2 pour la ségrégation des allèles de la lignée parentale P39 vs les allèles de la lignée parentale B73. La ligne pointillée indique le log négatif de la valeur P du test de χ^2 pour la ségrégation des allèles de la lignée parentale II14h vs les allèles de la lignée parentale B73.

QTLs reliés à la viabilité du *su1*

Seuls huit marqueurs SSRs sont détectés comme étant significativement associés avec la faible fréquence de l'allèle *su1*: *phi 090* (bin 2.08), *umc 1746* (bin 3.01), *umc 2259* (bin 3.03), *phi 029* (bin 3.04), *umc 1102* (bin 3.05), *umc 1221* (bin 5.04), *phi 081* (bin 6.05) and *umc 1309* (bin 8.05) avec les fréquences respectives de 0,37, 0,30, 0,31, 0,31, 0,28, 0,31, 0,33 et 0,25 de l'allèle de la lignée P39. Ces marqueurs sont par la suite utilisés pour génotyper toute la population. Cette analyse a révélé des associations entre les marqueurs et des caractères comme la vigueur précoce, la longueur d'épi, le nombre de grains *su1su1*, le type de grain et le nombre de grains avec racines et coléoptiles. Chacun de ces marqueurs explique une faible proportion de variabilité (R^2 entre 0,040 et 0,102) (Tableau 10).

Cependant, cinq marqueurs présentent une association positive avec les caractères évalués (Tableau 10): le nombre de grains *su1su1* (*umc 1221*, $R^2 = 0,048$), la longueur d'épi (*phi 081*, $R^2 = 0,042$), le poids d'épi (*phi 029*, $R^2 = 0,042$), le type de grain (*umc 2259*, *phi 029* et *umc 1221*, $R^2=0,054$, $R^2= 0,102$ et $R^2= 0.059$, respectivement), la vigueur précoce (*phi*

029 et *umc 1221*, $R^2 = 0,040$ et $R^2 = 0,045$, respectivement), la proportion des grains *su1su1* avec racines (*umc 1221*, $R^2 = 0,056$) et la proportion des grains *Su1Su1* avec coléoptiles (*umc 1309* et *phi 081*, $R^2 = 0,079$ et $R^2 = 0,065$, respectivement). En outre, les marqueurs: *umc 1221*, *phi 029* et *phi 081* sont positivement associés avec presque tous les caractères. Les deux marqueurs *umc 1221* ($R^2 = 0,057$) et *phi 081* ($R^2 = 0,051$) sont également associés avec le coefficient de sélection qui est largement affecté par la contribution de l'allèle de la lignée A619 (0,71 vs. 0,89 et 0,38 vs. 1,10 pour les racines et coléoptiles respectivement).

Tableau 10. Effets majeurs des loci significatifs affectant les caractères agronomiques de la population F₂, et effet des différentes classes alléliques (moyenne ± s.e.).

Traits	Marqueur	Bin*	Valeur P	R ²	Effet des classes alléliques		
					P39	Hét†	A619
Nombre de grains <i>su1</i> observé	<i>umc 1221</i>	5.04	0,025	0,048	69,5±3,2	79,5±3,2	58,1±3,2
Longueur de l'épi (mm)	<i>phi 081</i>	6.05	0,039	0,042	154,8±2,4	152,7±2,4	167,0±2,4
Poids d'épi (g)	<i>phi 029</i>	3.04	0,039	0,042	89,3±3,3	108,8±3,3	98,8±3,3
Type de grain (échelle de 1= denté à 4= corné)	<i>umc 2259</i>	3.03	0,017	0,054	2,4±0,1	2,0±0,1	1,9±0,1
	<i>phi 029</i>	3.04	<0,001	0,102	2,5±0,1	1,9±0,1	2,0±0,1
	<i>umc 1221</i>	5.04	0,011	0,059	2,4±0,1	1,9±0,1	2,11±0,1
Vigueur précoce (échelle de 1= faible to 9= fort)	<i>phi 029</i>	3.04	0,045	0,040	5,0±0,1	4,9±0,1	4,6±0,1
	<i>umc 1221</i>	5.04	0,033	0,045	4,7±0,1	5,0±0,1	4,6±0,1
Grains <i>su1</i> avec racines (échelle 0-1)	<i>umc 1221</i>	5.04	0,034	0,056	0,81±0,02	0,76±0,02	0,63±0,02
Grains <i>Su1</i> avec coléoptiles (échelle 0-1)	<i>umc 1309</i>	8.05	0,017	0,079	0,42±0,03	0,42±0,03	0,60±0,03
	<i>phi 081</i>	6.05	0,019	0,065	0,38±0,03	0,46±0,03	0,60±0,03
Coefficient de sélection de croissance des racines‡	<i>umc 1221</i>	5.04	0,033	0,057	0,89±0,03	0,86±0,03	0,71±0,03
Coefficient de sélection de croissance des coléoptiles‡	<i>phi 081</i>	6.05	0,045	0,051	1,10±0,11	0,53±0,11	0,38±0,11

* Position sur le chromosome ; † Classe des Hétérozygotes, ‡ Ratio des grains *su1/Su1*.

DISCUSSION

Au niveau des populations RILs (B73 x P39 et B73 x Il14h), une sélection naturelle est mise en place contre l'allèle *su1*. Ce phénomène a déjà été signalé par McMullen *et al.* (2009). Sur les autres populations de référence utilisées (B73 x Oh43 et B73 x Tx303), aucune distorsion de ségrégation n'a été observée. Ces résultats confirment que l'effet de la sélection est dû uniquement à l'allèle *su1*. En outre, la réduction dans le nombre de descendants est plus forte dans la population B73 x Il14h que dans la population B73 x P39. Ces résultats confirment l'hypothèse selon laquelle la viabilité de l'allèle *su1* est étroitement liée aux interactions spécifiques entre maïs doux et maïs normal (Revilla *et al.* 2000a, 2006a, 2010).

A l'échelle du génome, aucune différence significative entre le comportement de la mutation et la taille des fragments flanquants le locus n'a été détecté. Cela pourrait être expliqué par un faible taux de recombinaison causé par le déséquilibre de liaisons dans cette région du chromosome 4 (Galinat 1978; Lu *et al.* 2002). La plus grande distorsion de ségrégation est observée sur le chromosome 4. Le locus *su1* est situé dans la région bin 4.05, selon McMullen *et al.* (2009) et Lu *et al.* (2002), cette région du génome est sous une forte pression de sélection avec un faible taux de recombinaison ce qui augmente la taille du bloque de déséquilibre de liaison.

Les travaux de Lu *et al.* (2002) ont montré 18 régions génomiques portant des distorsions de ségrégation. Dans le présent travail, plusieurs SNPs situés en dehors du chromosome 4, ont montré une distorsion de ségrégation dans les deux groupes de lignées (lignées maïs normal et lignées maïs doux). En outre, nous avons observé que la tendance de la distorsion a été vers la lignée B73 dans le groupe des lignées maïs normal, et vers les lignées P39 ou Il14h dans le groupe des lignées maïs doux. Eichten *et al.* (2011) ont créé une population NIL (Near Isogenic Line) à partir des lignées B73 et Mo17. Les 150 lignées

produites sont séparées en deux groupes: 100 lignées avec B73 comme parent récurrent, et 50 lignées avec Mo17 comme parent récurrent. Ces auteurs ont détecté plusieurs régions où la tendance à la distorsion est orientée vers B73 ou Mo17. Ces auteurs expliquent ce phénomène par le fait qu'il y a certains allèles qui soient indispensables pour certaines loci afin d'augmenter la fitness. Ces résultats appuient notre suggestion selon laquelle les allèles provenant des lignées maïs doux sont nécessaires pour garantir la viabilité de *su1*. Par ailleurs, les régions génomiques montrant une distorsion de ségrégation sont détectées sur les 10 chromosomes, cette détection dépend largement du type de population. Ces résultats renforcent notre hypothèse de départ stipulant que la viabilité de la mutation *su1* dépend des interactions spécifiques entre maïs doux et maïs normal (Revilla *et al.* 2006a). La viabilité de *su1* est sous contrôle génétique, ceci serait dû à la contribution de plusieurs gènes à effets mineurs (Djemel *et al.* 2011). Nos résultats confirment cette hypothèse et nous incitent à suggérer que ces gènes affectent plusieurs caractères liés à la fitness.

Pour vérifier cette nouvelle hypothèse, la méthode « *bulk segregant analyses* » a été employée pour détecter des QTLs (Quantitative Trait Loci) dans une population F₂. Dans cette partie du travail, nous avons utilisé uniquement des plantes *Su1su1*, et la fréquence de *su1* est calculée après la fécondation. Ceci indique que la sélection contre la mutation serait due à des facteurs de fertilité. Le marqueur *umc 1221*, ($R^2 = 0.048$) situé sur le chromosome 5 est fortement associé avec le nombre de grains *su1su1*, la vigueur précoce et la proportion des grains *su1su1* avec racines. En outre, l'effet de l'allèle du parent P39 est positif sur tous ces caractères. Cette région génomique (bins 5.04) est détectée dans la population RIL B73 x P39. Les deux régions génomiques: bins 6.07/ 6.08 qui sont en commun entre les deux populations RILs, ainsi que le bin 5.04, sont des régions qui présentent un grand effet sur le rendement (Graham *et al.* 1997; Schaeffer *et al.* 2006; Mc Mullen *et al.* 2009; Schön *et al.* 2010). Ces

régions génomiques peuvent être considérées comme régions candidates susceptibles d'héberger les gènes qui contrôlent la fitness de *su1*. En outre, certaines régions génomiques contrôlent au même temps les facteurs de fertilité et les facteurs de viabilité. Cela montre que ces deux mécanismes de sélection naturelle ont probablement le même déterminisme génétique.

Les régions génomiques détectées dans les deux populations RILs peuvent être candidates pour une recherche plus approfondie des potentiels QTLs. Cependant, les associations marqueurs-caractères détectées par les marqueurs SSRs étaient faibles. Alors que l'utilisation des marqueurs de type SNPs, a révélé des déséquilibres de liaisons sur tout le génome. La combinaison des deux types de marqueurs dans les travaux de recherches ultérieurs sera utile pour une bonne résolution et détection des QTLs.

En conclusion, la fitness de l'allèle *su1* dépendrait de plusieurs gènes à effets mineurs distribués sur tout le génome et contrôlent ainsi un certain nombre de caractères liés à la fitness. Cependant, la détection de ces gènes est fortement influencée par le fond génétique qui leur est associé ainsi que les conditions environnementales.

CONCLUSION GENERALE

L'objectif général de la présente étude était de fournir des informations supplémentaires pour approfondir les connaissances sur les facteurs génétiques contrôlant la fitness de la mutation *su1* chez le maïs doux dans des conditions environnementales naturelles variables. Pour ce faire, nous nous sommes appuyés sur quatre lignées pures de maïs normal: EP42, A661, A632 et A619, et une lignée pure de maïs doux P39 comme parent donneur de l'allèle *su1*. Nous avons étudié l'effet du fond génétique des quatre lignées de maïs normal sur la viabilité de *su1* grâce à deux dispositifs basés sur les moyennes des générations; EP42 x A661 et A619 x A632. A partir de chaque dispositif, les six génotypes de base: P₁, P₂, F₁, F₂, BC₁ et BC₂ ont été produits. Chacun de ces génotypes a été croisé par la suite avec la lignée pure P39 comme donneuse de l'allèle *su1*. Tout le matériel végétal produit a ensuite été autofécondé cinq fois.

Pour répondre à l'objectif global de ce travail, trois questions majeures ont été abordées:

1. La viabilité de l'allèle *su1* est-elle sous contrôle génétique ?
2. Quels sont les effets génétiques de l'introgession de l'allèle *su1* sur le développement et le comportement de la plante tout au long de son cycle de développement? Et quels sont les caractères agronomiques limitant pour la fitness de l'allèle *su1* ?
3. Quels sont les gènes ou les facteurs génétiques qui contrôlent la fitness de la mutation en question ?

✚ Dans la première partie du travail, nous avons évalué l'effet des différents fonds génétiques sur la viabilité et la fitness de l'allèle *su1* dans des conditions naturelles. 60 génotypes provenant des deux dispositifs des moyennes des générations ont été étudiés. Les conclusions suivantes ont été dégagées:

- La fréquence de l'allèle *su1* diminue tout au long des générations d'autofécondation à cause de la sélection naturelle.

➤ La viabilité ou la fitness de l'allèle *su1* dépend des génotypes récepteurs de l'allèle et de l'environnement.

➤ La viabilité de *su1* est sous contrôle génétique, avec des effets additifs significatifs dus probablement à la contribution de plusieurs gènes à effets mineurs.

✚ Dans la seconde partie, nous avons abordé la question des caractères agronomiques critiques pour la viabilité de la mutation et des effets de l'introgession de l'allèle *su1* sur le contrôle génétique de ces caractères agronomiques. Des essais agronomiques ont été mis en place en Algérie (Ecole nationale Supérieure Agronomique, Alger) et en Espagne (Misión Biológica de Galicia, Pontevedra) en vue de répondre à cette question. En plus de la germination et la vigueur précoce considérés comme étant les deux facteurs limitant la fitness de *su1*; d'autres effets ont été mis en évidence:

➤ Effets de l'introgession de l'allèle *su1* *versus* allèle sauvage *Su1* sont largement affectés par le fond génétique et l'environnement. En outre, l'introgession de l'allèle *su1* engendre une altération du contrôle génétique de certains caractères.

➤ Les caractères: stand, floraison femelle, hauteur de la plante et longueur de l'épi semblent avoir un rôle capital dans le contrôle de la viabilité de l'allèle *su1*, alors que l'importance de chaque caractère est fortement influencée par le type de fond génétique.

✚ Dans le troisième chapitre, nous avons entrepris une étude des bases génétiques qui contrôlent la viabilité de la mutation *su1* afin de pouvoir déterminer les gènes ou régions génomiques responsables de la diminution de la fitness d'une telle mutation. Une telle étude demande des outils génétiques performants vu la complexité du génome du maïs ainsi que la dépendance de la viabilité de la mutation du fond génétique. Pour pallier à ces problèmes ; deux populations de lignées recombinantes 'RILs' (B73 x P39 et B73 x II14h), et une carte génétique saturée par 1106 marqueurs type SNP ont été utilisés. Pour réaliser cette partie de

l'étude, nous avons choisi la population (A619 x P39) F₂ présentant une forte diminution de la fréquence de l'allèle *su1*. Les résultats obtenus permettent de conclure que:

- Au niveau des deux populations RILs, nous avons noté une grande distorsion de ségrégation au niveau de chromosome 4, probablement due à une forte sélection contre l'allèle *su1*.
- Des régions génomiques localisées au niveau des chromosomes 1 et 6, qui engendrent une forte sélection contre l'allèle *su1* ont été détectées dans les deux populations RILs. Alors que, les régions génomiques détectées au niveau des chromosomes 7 et 8 sont observées uniquement dans la population B73 x II14h, et celles localisées au niveau des chromosomes 2, 5, 9 et 10 sont observées uniquement dans la population B73 x P39. Ces résultats renforcent notre hypothèse selon laquelle la viabilité de la mutation *su1* dépend des interactions spécifiques entre maïs doux et maïs normal.
- Deux régions au niveau de chromosome 6 (bins 6.07 et bins 6.08) ont été identifiées parallèlement dans les deux populations. En outre, chez la population A619 x P39 ; le marqueur *umc1221* localisé au niveau de chromosome 5 (bins 5.04) a été significativement associé avec le nombre de grains observés, la vigueur précoce et la proportion des grains *su1su1* avec des racines. Cette région a été également détectée dans la population B73 x P39, où elle engendre une distorsion de ségrégation contre l'allèle *su1*. Cette région génomique ainsi que les régions bins 6.07 et bins 6.08 ont été largement étudiées dans d'autres travaux pour leurs effets sur le rendement.
- La présence des régions génomiques qui contrôlent en même temps la viabilité (vigueur précoce) et la fertilité (nombre de grains) *via* des effets pleiotropiques, ce qui indique une forte relation entre ces deux facteurs de la sélection naturelle.

REFERENCES

1. ALONSO FERRO, R. C., MALVAR, R. A., REVILLA, P., ORDÁS, A., CASTRO, P. & MORENO-GONZALEZ, J. (2008). Genetics of quality and agronomics traits in hard endosperm maize. *Journal of Agricultural Science, Cambridge* **146**, 551-560.
2. BADU-APRAKU, B., OYEKUNLE, M., OBENG-ANTWI, K., OSUMAN, A. S., ADO, S.G., COULIBAY, N., YALLOU, C. G., ABDULAI, M., BOAKYEWAA, G. A. & DIDJEIRA, A. (2012). Performance of extra-early maize cultivars based on GGE biplot and AMMI analysis. *Journal of Agricultural Science, Cambridge* **150**, 475–486.
3. BUCKLER, E.S., HOLLAND, J.B., BRADBURY, P.J., ACHARYA, C., BROWN, P., Browne, C., ERSOZ, E., FLINT-GARCIA, S., GARCIA, A., GLAUBITZ, J.C., GOODMAN, M.M., HARJES, C., GUILL, K., KROON, D.E., LARSSON, S., LEPAK, N.K., LI, H., MITCHELL, S.E., PRESSOIR, G., PEIFFER, J.A., OROPEZA ROSAS, M., ROCHEFORD, T.R., ROMAY, M.C., ROMERO, S., SALVO, S., VILLEDA, H.S., da SILVA, H.S., SUN, Q., TIAN, F., UPADYAYULA, N., WARE, D., YATES, H., YU, J., ZHANG, Z., KRESOVICH, S. & MCMULLEN, M.D. (2009). The Genetic Architecture of Maize Flowering Time. *Science* **325**, 714-718.
4. BUTLER, J. (1977). Viability estimates for sixty tomato mutants. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* **19**, 31-38.
5. BUTRÓN, A., TARRÍO, R., REVILLA, P., MALVAR, R. A. & ORDÁS, A. (2003). Molecular evaluation of two methods for developing maize synthetic varieties. *Molecular Breeding* **12**, 329-333.
6. CARTEA, M. E., MALVAR, R. A., REVILLA, P. & ORDÁS, A. (1996a). Identification of field corn populations to improve sweet corn for Atlantic European conditions. *Crop Science* **36**, 1506-1512.
7. CARTEA, M. E., MALVAR, R. A., REVILLA, P. & ORDÁS, A. (1996b). Improvement of early vigor and adaptation of sweet corn to the European Atlantic coast with open-pollinated field corn populations. *Maydica* **41**, 119-125.
8. CECCARELLI, S., GRANDO, S., MAATOUGUI, M., MICHAEL, M., SLASH, M., HAGHPARAST, R., RAHMANIAN, A., TAHERI, A., AL-YASSIN, A., BENBELKACEM, A., LABDI, M., MIMOUN, H. & NACHIT, M. (2010). Plant breeding and climate changes. *Journal of Agricultural Science, Cambridge* **148**, 627-637.
9. CISNEROS-LOPEZ, M. E., MENDOZA-ONOFRE, L. E., ZAVALETA-MANCERA, H. A., GONZALEZ-HERNANDEZ, V. A., MORA-AGUILERA, G., CORDOVA-TELLEZ, L. & HERNANDEZ-MARTINEZ, M. (2010). Pollen-pistil interaction, pistil histology and seed production in A × B grain sorghum crosses under chilling field temperatures. *Journal of Agricultural Science, Cambridge* **148**, 73-82.
10. CLEGG, M. T., KAHLER, A. L. & ALLARD, R. W. (1978). Estimation of life cycle components of selection in an experimental plant population. *Genetics* **89**, 765-792.

11. COCHRAN, W.C. & COX, G.M. (1992). *Experimental designs*. 2nd edn. John Wiley and Sons, Inc. New York.
12. DAVIS, D.W., BREWBAKER, J.L. & KAUKIS, K. (1988). Registration of NE-HY-13A and NE- HY-13B complementary populations of *sugary* maize germplasm. *Crop Science* **28**, 381-388.
13. DINGES, J.R., COLLEONI, C., MYERS, A.M. & JAMES, M.G. (2001). Molecular structure of three mutations at the maize *sugary1* locus and their allele specific phenotypic effects. *Plant Physiology* **125**, 1406-1418.
14. DJEMEL, A., ORDÁS, B., KHELIFI, L., ORDÁS, A. & REVILLA, P. (2011). Genetic effects on fitness of the mutant *sugary1* in wild-type maize. *Journal of Agricultural Science, Cambridge* **150**, 487–496.
15. EICHTEN, S. R., FOERSTER, J. M., DE LEON, N., KAI, Y., YEH, C. T., LIU, S., JEDDELOH, J. A., SCHNABLE, P. S., KAEPPLE, S. M. & SPRINGER, N. M. (2011). B73-Mo17 near-isogenic lines demonstrate dispersed structural variation in maize. *Plant Physiology* **156**, 1679-1690.
16. FALCONER, D. S. (1981). *Introduction to Quantitative Genetics*. 2nd ed. New York: Longman Inc.
17. FLINT-GARCIA S.A, THUILLET, A.C, YU, J., PRESSOIR, G., ROMERO, S.M., MITCHELL, S.E., DOEBLEY, J., KRESOVICH, S., GOODMAN, M.M. & BUCKLER, E.S. (2005) Maize association population: a high-resolution platform for quantitative trait locus dissection. *Plant Journal* **44**, 1054-1064.
18. GAD, G. Y. & JUVIK, J. A. (2002). Enhancement of seedling emergence in sweet corn by marker-assisted backcrossing of beneficial QTL. *Crop Science* **42**, 96-104.
19. GALINAT, W.C. (1971). *The evolution of sweet corn*. Bull. 591. Massachusetts Agric. Exp. Stn., Amherst.
20. GALINAT, W. C. (1978). The inheritance of some traits essential to maize and teosinte. In *Maize Breeding and Genetics* (Ed. D. B. Walden), pp. 93-111. New York: Wiley.
21. GANAL, M.W., DURSTEWITZ, G., POLLEY, A., BERARD, A., BUCKLER, E. S., CHARCOSSET, A., CLARKE, J.D., GRANER, E.M., HANSEN, M., JOETS, J., LE PASLIER, M.C., MCMULLEN, M.D., MONTALENT, P., ROSE, M., SCHON, C.C., SUN, Q., WALTER, H., MARTIN, O.C. & FALQUE, M. (2011). A Large Maize (*Zea mays* L.) SNP Genotyping Array: Development and Germplasm Genotyping, and Genetic Mapping to Compare with the B73 Reference Genome. *PLoS ONE*. **6**, e28334.
22. GARCIA-DORADO, A., MONEDERO, J. L. & LOPEZ FANJUL, C. (1998). The mutation rate and the distribution of mutational effects of viability and fitness in *Drosophila melanogaster*. *Genetica* **102-103**, 255-265.

23. GRAHAM, G. I., WOLFF, D. W. & STUBERT, C. W. (1997). Characterization of a yield quantitative trait locus on chromosome five of maize by fine mapping. *Crop Science* **37**, 1601-1610.
24. HABER, E. S. (1954). Dent, flint, flour, and waxy maize for the improvement of sweet corn inbreds. *Proceeding of the American Society of Horticultural Science* **46**, 293-294.
25. HANSEY, C.N., VAILLANCOURT, B., SEKHON, R.S., DE LEON, N., KAEPLER, S.M. & ROBIN BUELL, C. (2012). Maize (*Zea mays* L.) Genome Diversity as Revealed by RNA-Sequencing. *PLoS ONE* **7**, e33071.
26. JAMES, M. G., ROBERTSON, D. S. & MYERS, A. M. (1995). Characterization of the maize gene *Sugary1*, a determinant of starch composition in kernels. *Plant Cell* **7**, 417-429.
27. JAMES, M. G., DENYER, K. & MYERS, A. M. (2003). Starch synthesis in the cereal endosperm. *Current Opinion in Plant Biology* **6**, 215-222.
28. JUVIK, J. A., YOUSEF, G. G., HAN, T. H., TADMOR, Y., AZANZA, F., TRACY, W. F., BARZUR, A. & ROCHEFORD, T. R. (2003). QTL influencing kernel chemical composition and seedling stand establishment in sweet corn with the shrunken2 and sugary enhancer1 endosperm mutations. *Journal of American Society for Horticultural Science* **128**, 864-875.
29. KEARSEY, J. M. & POONI, H. S. (1996). *Genetical Analysis of Quantitative Traits*. UK: Chapman & Hall.
30. KEIGHTLEY, P. D. & HILL, W. G. (1990). Variation maintained in quantitative traits with mutation-selection balance: pleiotropic side effects on fitness traits. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* **242**, 95-100.
31. KUBO, A., FUJITA, N., HARADA, K., MATSUDA, T., SATOH, H. & NAKAMURA, Y. (1999). The starch-debranching enzymes isoamylase and pullulanase are both involved in amylopectin biosynthesis in rice endosperm. *Plant Physiology* **121**, 399-409.
32. LE GAC, M. & DOEBELI, M. (2010). Epistasis and frequency dependence influence the fitness of an adaptative mutation in a diversifying lineage. *Molecular Ecology* **19**, 2430-2438.
33. LIU, Y. G. & WHITTIER, R. F. (1994). Rapid preparation of megabase plant DNA from nuclei in agarose plugs and microbeads. *Nucleic Acids Research* **22**, 2168-2169.
34. LU, H., ROMERO-SEVERSON, J. & BERNARDO, R. (2002). Chromosomal regions associated with segregation distortion in maize. *Theoretical and Applied Genetics* **105**, 622-628.
35. MAGWIRE, M. M., YAMAMOTO, A., CARBONE, M. A., ROSHINA, N. V., SYMONENKO, A. V., PASYUKOVA, E. G., MOROZOVA, T. V. & MACKAY, T. F.

- C. (2010). Quantitative and molecular genetic analyses of mutations increasing drosophila life span. *PLoS Genetics* **6**, e1001037.
36. MALVAR, R. A., CARTEA, M. E., REVILLA, P. & ORDÁS A. (1997a). Identification of field corn inbreds adapted to Europe to improve agronomic performance of sweet corn hybrids. *Crop Science* **37**, 1134-1141.
 37. MALVAR, R. A., REVILLA, P., CARTEA, M. E. & ORDÁS, A. (1997b). Field corn inbreds to improve sweet corn hybrids for early vigor and adaptation to European conditions. *Maydica* **42**, 247-255.
 38. MANGELSDORF, P.C. (1974). *Corn: Its origin, evolution, and improvement*. Belknap/Harvard Univ. Press, Cambridge, MA.
 39. MARSHALL, S.W. & TRACY, W.F. (2003). p. 537–569. In P.E. Ramstad and P. White (ed.) *Corn chemistry and technology*. 2nd ed. Am. Assoc. of Cereal Chemists, Minneapolis, MN.
 40. MARTINS, M. E. Q. P. & Da SILVA, W. J. (1998). Genic and genotypic frequencies of endosperm mutants in maize populations under natural selection. *Journal of Heredity* **89**, 516-524.
 41. MATHER, K. & JINKS, J. L. (1971). *Biometrical Genetics. The Study of Continuous Variation*. 2nd edn. New York: Cornell University Press.
 42. MATHER, K. & JINKS, J. L. (1982). *Biometrical Genetics*. 3rd edn., New York: Chapman & Hall.
 43. MC MULLEN, M.D., KRESOVICH, S., VILLEDIA, H.S., BRADBURY, P., LI, H., SUN, Q., FLINT-GARCIA, S., THORNSBERRY, J., ACHARYA. C., BOTTOMS, C., BROWN, P., BROWNE, C., ELLER, M., GUILL, K., HARJES, C., KROON, D., LEPAK, N., MITCHELL, S.E., PETERSON, B., PRESSOIR, G., ROMERO, S., ROSAS, M.O., SALVO, S., YATES, H., HANSON, M., JONES, E., SMITH, S., GLAUBITZ, J.C., GOODMAN, M., WARE, D., HOLLAND, J.B. & BUCKLER, E.S.(2009). Genetic Properties of the Maize Nested Association Mapping Population. *Science* **325**, 737-740.
 44. MORTON, B. R., BI, I. V., MCMULLEN, M. D. & GAUT, B. S. (2006). Variation in mutation dynamics across the maize genome as a function of regional and flanking base composition. *Genetics* **172**, 569-577.
 45. MOUILLE, G., MADDELEIN, M.L., LIBESSART, N., TALAGA, P., DECQ, A., DELRUE, B. & BALL, S. (1996). Preamylopectin processing: a mandatory step for starch biosynthesis in plants. *Plant Cell* **8**, 1353-1366.
 46. NAKAMURA, Y., UMEMOTO, T., TAKAHATA, Y., KOMAE, K., AMANO, E. & SATOH, H. (1996). Changes in structure of starch and enzyme activities affected by sugary mutations in developing rice endosperm: possible role of starch debranching enzyme (R-enzyme) in amylopectin biosynthesis. *Physiology Plant* **97**, 491-498.

47. ORDÁS, A., REVILLA, P., MALVAR, R.A. & CARTEA, M.E. (1994). Development of sweet corn hybrids adapted to the environmental conditions of the northwest of Spain. *Maydica* **39**, 171-175.
48. ORDÁS, B., RODRÍGUEZ, V. M., ROMAY, M. C., MALVAR, R. A., ORDÁS, A. & REVILLA, P. (2010). Adaptation of super-sweet maize to cold conditions: mutant x genotype interaction. *Journal of Agricultural Science, Cambridge* **148**, 401-405.
49. QUARRIE, S. A., LAZIC-JANCIC, V., KOVACEVIC, D., STEED, A. & PEKIC, S. (1999). Bulk segregant analysis with molecular markers and its use for improving drought resistance in maize. *Journal of Experimental Botany* **50**, 1299-1306.
50. RAHMAN, A., WONG, K. S., JANE, J., MYERS, A. M. & JAMES, M. G. (1998). Characterization of *Su1* isoamylase, a determinant of storage starch structure in maize. *Plant Physiology* **117**, 425-435.
51. RAYMOND, B., WRIGHT, D. J. & BONSALE, M. B. (2011). Effects of host plant and genetic background on the fitness costs of resistance to *Bacillus thuringiensis*. *Heredity* **106**, 281-288.
52. REBOURG, C., CHASTANET, M., GOUESNARD, B., WELCKER, C., DUBREUIL, P. & CHARCOSSET, A. (2003). Maize introduction into Europe: the history reviewed in the light of molecular data. *Theoretical and Applied Genetics* **106**, 895-903.
53. REVILLA, P., MALVAR, R. A., CARTEA, M. E. & ORDÁS, A. (1998). Identifying open-pollinated populations of field corn as sources of cold tolerance for improving sweet corn. *Euphytica* **101**, 239-247.
54. REVILLA, P., MALVAR, R. A., ABUIN, M. C., ORDÁS, B., SOENGAS, P. & ORDÁS, A. (2000a). Genetic background effect on germination of *su1* maize and viability of the *su1* allele. *Maydica* **45**, 109-111.
55. REVILLA, P., VELASCO P., VALES M.I., MALVAR R.A., & ORDÁS A. (2000b). Cultivar heterosis between sweet and Spanish corn. *Journal of American Society for Horticultural Science* **125**, 684-688.
56. REVILLA, P., MALVAR, R. A., ORDÁS, B., RODRÍGUEZ, V. M. & ORDÁS, A. (2010). Genotypic effects on field performance of maize plants carrying the allele *sugary1*. *Plant Breeding* **129**, 92-95.
57. REVILLA, P., MALVAR, R. A., RODRIGUEZ, V. M., BUTRÓN, A., ORDÁS, B. & ORDÁS, A. (2006a). Variation of *sugary1* and *shrunk2* gene frequency in different maize genetic backgrounds. *Plant Breeding* **125**, 478-481.
58. REVILLA, P., RODRÍGUEZ, V. M., MALVAR, R. A., BUTRÓN, A. & ORDÁS, A. (2006b). Comparison among sweet corn heterotic patterns. *Journal of American Society for Horticultural Science* **131**, 388-392.

59. REVILLA, P. & TRACY, W.F. (1995a). Morphological characterization and classification of open pollinated sweet corn cultivars. *Journal of American Society for Horticultural Science*. **120**, 112-118.
60. REVILLA, P. & TRACY, W.F. (1995b). Isozyme variation and phylogenetic relationships among open-pollinated sweet corn cultivars. *Crop Science* **35**, 219-227.
61. REVILLA, P. & TRACY, W. F. (1997). Heterotic patterns among open-pollinated sweet corn cultivars. *Journal of American Society for Horticultural Science* **122**, 319-324.
62. SAS INSTITUTE (2005). *The SAS System*. Version 9. Cary, North Carolina, USA: SAS Inst.
63. SAS INSTITUTE (2008). *The SAS System*. Version 9. Cary, North Carolina, USA: SAS Inst.
64. SCHAEFFER, M., BYRNE, P. & COE, JR E. H. (2006). Consensus quantitative trait maps in maize: A database strategy. *Maydica* **51**, 357-367.
65. SCHÖN, C. C., DHILLON, B. S., UTZ, H. F. & MELCHINGER, A. E. (2010). High congruency of QTL positions for heterosis of grain yield in three crosses of maize. *Theoretical and Applied Genetics* **120**, 321–332.
66. SCHULTZ, J. A. & JUVIK, J. A. (2004). Current models for starch synthesis and the sugary enhancer1 (*se1*) mutation in *Zea mays*. *Plant Physiology and Biochemistry*. **42**, 457-464.
67. STEEL, R. D. G., TORRIE, J. H. & DICKEY, D. A. (1997). *Principles and Procedures in Statistics: a Biometrical Approach*, 3rd edn. New York: McGraw Hill.
68. TORNEY, F., MOELLER, L., SCARPA, A. & WANG, K. (2007). Genetic engineering approaches to improve bioethanol production from maize. *Current Opinion in Biotechnology*, **18**, 193-199.
69. TRACY, W.F. (1990a). Potential of field corn germplasm for the improvement of sweet corn. *Crop Science*. **30**, 1041-1045.
70. TRACY, W.F. (1990b). Potential contribution of five exotic maize populations to sweet corn improvement. *Crop Science*. **30**, 918-923.
71. TRACY, W.F. (1994). *Sweet corn*. In: A.R. Hallauer (Ed.), *Specialty Types of Maize*, pp. 147–187. CRC, Boca Raton, Florida, USA.
72. TRACY, W.F. (2001). *Sweet corn*. In: *Specialty corns*. Edn. A. R. Hallauer. Boca Raton, FL: CRC Press. pp. 155-199.
73. TRACY, W. F., WHITT, S. R. & BUCKLER, E. S. (2006). Recurrent mutation and genome evolution, example of *sugary1* and the origin of sweet maize. *Crop Science* **46**, S49-S54.

74. VIGOUROUX, Y., GLAUBITZ, J.C., MATSUOKA, Y., GOODMAN, M.M., SANCHEZ J.G. & DOEBLEY, J. (2008). Population structure and genetic diversity of new world maize races assessed by DNA microsatellites. *American Journal of Botany* **95**, 1240-1253.
75. WANG, D., SHI, J., CARLSON, S. R., CREGAN, P. B., WARD, R. W. & DIERS, B. W. (2003). A low-cost, high-throughput polyacrylamide gel electrophoresis system for genotyping with microsatellite DNA markers. *Crop Science* **43**, 1828-1832.
76. WHITT, S., WILSON, L.M., TENAILLON, M., GAUT, B.S. & BUCKLER, E. (2002). Genetic diversity and selection in the maize starch pathway. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. **99**, 12 959-12 962.
77. YAMAMOTO, A., ANHOLT, R. R. H. & MACKAY, T. F. C. (2009). Epistatic interactions attenuate mutations affecting startle behaviour in *Drosophila melanogaster*. *Genetics Research* **91**, 373-382.
78. YAN, J., SHAH, T., WARBURTON, M.L., BUCKLER, E.S., MCMULLEN, M.D. & CROUCH, J. (2009) Genetic Characterization and Linkage Disequilibrium Estimation of a Global Maize Collection Using SNP Markers. *PLoS ONE* **4**, e8451.
79. YU, J., HOLLAND, J. B., MC MULLEN, M. D. & BUCKLER, E. S. (2008). Genetic design and statistical power of nested association mapping in maize. *Genetics* **178**, 539-551.
80. ZEEMAN, S.C., UMEMOTO, T., LUE, W.L., AU-YEUNG, P., MARTIN, C., SMITH, A.M. & CHEN, J. (1998). A mutant of *Arabidopsis* lacking a chloroplastic isoamylase accumulates both starch and phyto glycogen. *Plant Cell* **10**, 1699-1711.
81. ZHANG, K., LI, Y. & LIAN, L. (2011). Pollen-mediated transgene flow in maize grown in the Huang-Huai-Hai region in China. *Journal of Agricultural Science, Cambridge* **149**, 205-216.

ANNEXES

Annexe I

Tableau 1. Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la première autofécondation du premier dispositif EP42 x A661 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Floraison mâle (j)	P ₁	82,80±1,140	84,32±1,140	75,94±0,712	75,37±0,712	73,00±1,225	75,33±1,225
	P ₂	86,72±1,140	81,99±1,140	74,85±0,712	75,94±0,712	72,00±1,225	72,00±1,225
	F ₁	82,66±1,140	85,38±1,140	75,06±0,712	75,37±0,712	71,67±1,225	72,00±1,225
	F ₂	81,97±1,140	83,32±1,140	75,69±0,712	76,67±0,712	72,00±1,225	73,33±1,225
	BC ₁	83,68±1,140	81,54±1,140	74,99±0,712	76,69±0,712	73,67±1,225	75,00±1,225
	BC ₂	82,19±1,140	82,21±1,140	76,08±0,712	76,39±0,712	72,00±1,225	73,00±1,225
Floraison femelle (j)	P ₁	89,43±1,659	87,19±1,659	75,92±0,754	75,99±0,754	75,33±1,319	75,67±1,319
	P ₂	88,04±1,659	85,59±1,659	75,60±0,754	76,17±0,754	73,67±1,319	74,67±1,319
	F ₁	85,36±1,659	87,77±1,659	75,54±0,754	75,75±0,754	74,67±1,319	75,00±1,319
	F ₂	84,98±1,659	85,43±1,659	77,71±0,754	78,03±0,754	74,00±1,319	74,33±1,319
	BC ₁	86,00±1,659	89,41±1,659	75,75±0,754	77,50±0,754	75,00±1,319	77,00±1,319
	BC ₂	87,40±1,659	85,71±1,659	76,54±0,754	77,69±0,754	75,67±1,319	75,33±1,319
Hauteur de la plante (cm)	P ₁	155,53±10,785	173,27±10,785	194,16±7,599	197,90±7,599	160,33±10,483	154,67±10,483
	P ₂	162,33±10,785	162,87±10,785	193,10±7,599	188,87±7,599	150,67±10,483	176,67±10,483
	F ₁	173,00±10,785	176,65±10,785	187,98±7,599	185,72±7,599	152,67±10,483	158,67±10,483
	F ₂	145,47±10,785	176,07±10,785	181,93±7,599	194,78±7,599	146,67±10,483	154,33±10,483
	BC ₁	173,67±10,785	183,93±10,785	177,83±7,599	176,96±7,599	138,00±10,483	169,00±10,483
	BC ₂	149,80±10,785	161,20±10,785	181,30±7,599	191,53±7,599	139,67±10,483	165,33±10,483
Stand (%)	P ₁	62,24±7,579	51,05±7,579	59,20±5,148	51,30±5,148	48,67±4,911	36,67±4,911
	P ₂	53,68±7,579	37,07±7,579	75,60±5,148	50,40±5,148	54,67±4,911	43,33±4,911
	F ₁	41,17±7,579	55,04±7,579	70,50±5,148	60,80±5,148	51,33±4,911	36,67±4,911
	F ₂	54,37±7,579	46,41±7,579	59,90±5,148	60,60±5,148	48,00±4,911	30,67±4,911
	BC ₁	54,43±7,579	38,35±7,579	66,90±5,148	49,40±5,148	46,67±4,911	32,00±4,911
	BC ₂	47,59±7,579	42,16±7,579	59,90±5,148	53,80±5,148	46,67±4,911	32,67±4,911

Tableau 1 (Cont.). Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la première autofécondation du premier dispositif EP42 x A661 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° d'épis	P ₁	23,50±5,074	17,81±5,074	37,70±4,072	47,10±4,072	41,67±4,512	35,67±4,512
	P ₂	27,22±5,074	19,91±5,074	43,50±4,072	32,80±4,072	32,33±4,512	29,33±4,512
	F ₁	18,14±5,074	17,57±5,074	44,40±4,072	40,30±4,072	45,33±4,512	29,33±4,512
	F ₂	28,08±5,074	31,88±5,074	45,30±4,072	37,00±4,072	33,00±4,512	26,67±4,512
	BC ₁	30,95±5,074	23,76±5,074	47,40±4,072	39,70±4,072	40,67±4,512	34,33±4,512
	BC ₂	22,83±5,074	19,00±5,074	34,30±4,072	40,70±4,072	41,67±4,512	26,67±4,512
N° de rangs/épi	P ₁	12,37±0,806	12,25±0,806	12,90±0,581	12,10±0,581	12,27±0,590	11,73±0,590
	P ₂	14,64±0,806	14,95±0,806	15,20±0,581	15,00±0,581	15,87±0,590	14,27±0,590
	F ₁	13,60±0,806	13,02±0,806	14,30±0,581	14,30±0,581	13,47±0,590	14,13±0,590
	F ₂	14,49±0,806	13,67±0,806	13,70±0,581	13,70±0,581	13,73±0,590	13,87±0,590
	BC ₁	13,29±0,806	13,42±0,806	13,30±0,581	13,20±0,581	13,20±0,590	12,67±0,590
	BC ₂	13,69±0,806	14,16±0,806	14,60±0,581	14,80±0,581	15,07±0,590	14,40±0,590
Poids de 100 grains (g)	P ₁			25,61±1,498	23,64±1,498	27,13±4,563	17,23±4,563
	P ₂			22,90±1,498	19,62±1,498	24,80±4,563	19,47±4,563
	F ₁			25,34±1,498	20,03±1,498	27,27±4,563	20,20±4,563
	F ₂			29,02±1,498	21,13±1,498	27,13±4,563	22,63±4,563
	BC ₁			23,13±1,498	20,69±1,498	27,27±4,563	22,73±4,563
	BC ₂			22,40±1,498	19,72±1,498	22,70±4,563	19,53±4,563

Tableau 2. Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la deuxième autofécondation du premier dispositif EP42 x A661 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Floraison mâle (j)	P ₁	81,88±1,140	82,90±1,140	77,99±0,712	79,13±0,712	74,33±1,225	77,00±1,225
	P ₂	85,84±1,140	82,18±1,140	76,57±0,712	77,06±0,712	73,67±1,225	75,67±1,225
	F ₁	85,19±1,140	84,27±1,140	76,52±0,712	76,57±0,712	74,33±1,225	73,67±1,225
	F ₂	85,21±1,140	83,71±1,140	77,18±0,712	77,17±0,712	75,33±1,225	74,67±1,225
	BC ₁	82,86±1,140	82,86±1,140	76,36±0,712	77,86±0,712	75,33±1,225	76,00±1,225
	BC ₂	83,37±1,140	83,26±1,140	74,50±0,712	78,67±0,712	74,00±1,225	75,00±1,225
Floraison femelle (j)	P ₁	83,48±1,659	86,56±1,659	78,90±0,754	79,46±0,754	76,00±1,319	78,67±1,319
	P ₂	87,75±1,659	85,95±1,659	77,37±0,754	78,55±0,754	76,00±1,319	77,00±1,319
	F ₁	87,01±1,659	86,45±1,659	77,33±0,754	78,13±0,754	76,33±1,319	76,00±1,319
	F ₂	86,74±1,659	86,18±1,659	77,47±0,754	78,48±0,754	76,67±1,319	76,33±1,319
	BC ₁	84,66±1,659	86,20±1,659	77,66±0,754	78,69±0,754	77,33±1,319	77,33±1,319
	BC ₂	85,13±1,659	83,59±1,659	75,61±0,754	80,31±0,754	77,00±1,319	77,33±1,319
Hauteur de la plante (cm)	P ₁	162,20±10,785	160,67±10,785	187,36±7,599	197,28±7,599	158,33±10,483	146,67±10,483
	P ₂	157,27±10,785	138,33±10,785	173,46±7,599	156,69±7,599	136,67±10,483	143,33±10,483
	F ₁	154,40±10,785	144,47±10,785	184,18±7,599	170,02±7,599	139,00±10,483	144,00±10,483
	F ₂	159,73±10,785	177,73±10,785	173,55±7,599	184,32±7,599	159,33±10,483	145,67±10,483
	BC ₁	165,67±10,785	171,40±10,785	187,78±7,599	176,01±7,599	167,33±10,483	129,83±10,483
	BC ₂	156,13±10,785	140,13±10,785	175,81±7,599	168,96±7,599	140,33±10,483	121,33±10,483
Stand (%)	P ₁	58,65±7,579	29,75±7,579	66,43±5,148	47,91±5,148	50,00±4,911	32,67±4,911
	P ₂	73,17±7,579	36,62±7,579	74,09±5,148	49,19±5,148	48,67±4,911	29,33±4,911
	F ₁	56,85±7,579	44,41±7,579	62,01±5,148	56,70±5,148	36,67±4,911	30,67±4,911
	F ₂	54,97±7,579	46,83±7,579	70,72±5,148	64,14±5,148	47,33±4,911	24,67±4,911
	BC ₁	62,81±7,579	33,01±7,579	75,77±5,148	50,24±5,148	56,00±4,911	14,67±4,911
	BC ₂	69,80±7,579	13,80±7,579	75,14±5,148	43,00±5,148	56,00±4,911	20,00±4,911

Tableau 2 (Cont.). Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la deuxième autofécondation du premier dispositif EP42 x A661 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>Sul</i>
N° d'épis	P ₁	35,94±5,074	16,32±5,074	46,31±4,072	36,91±4,072	36,33±4,512	25,00±4,512
	P ₂	23,22±5,074	15,44±5,074	43,96±4,072	34,39±4,072	31,67±4,512	22,00±4,512
	F ₁	27,33±5,074	14,98±5,074	46,27±4,072	37,07±4,072	33,67±4,512	24,67±4,512
	F ₂	30,33±5,074	22,00±5,074	53,08±4,072	47,71±4,072	41,00±4,512	21,67±4,512
	BC ₁	21,22±5,074	11,46±5,074	39,74±4,072	37,35±4,072	38,33±4,512	12,33±4,512
	BC ₂	21,58±5,074	8,52±5,074	45,80±4,072	26,80±4,072	36,00±4,512	14,00±4,512
N° de rangs/épi	P ₁	12,91±0,806	11,92±0,806	13,73±0,581	13,3±0,581	12,27±0,590	12,33±0,590
	P ₂	14,91±0,806	13,08±0,806	14,93±0,581	14,3±0,581	14,67±0,590	14,27±0,590
	F ₁	13,30±0,806	12,40±0,806	14,13±0,581	12,1±0,581	14,00±0,590	13,20±0,590
	F ₂	14,43±0,806	13,66±0,806	12,93±0,581	12,9±0,581	14,40±0,590	11,60±0,590
	BC ₁	12,69±0,806	12,04±0,806	13,73±0,581	14,0±0,581	14,00±0,590	12,27±0,590
	BC ₂	14,30±0,806	14,16±0,806	14,13±0,581	13,7±0,581	13,87±0,590	14,13±0,590
Poids de 100 grains (g)	P ₁			24,41±1,498	20,71±1,498	27,07±4,563	16,23±4,563
	P ₂			23,41±1,498	16,61±1,498	23,73±4,563	17,10±4,563
	F ₁			23,40±1,498	22,05±1,498	23,30±4,563	19,80±4,563
	F ₂			26,71±1,498	17,80±1,498	25,07±4,563	19,37±4,563
	BC ₁			24,06±1,498	16,76±1,498	25,23±4,563	17,47±4,563
	BC ₂			22,40±1,498	17,55±1,498	26,40±4,563	18,05±4,563

Tableau 3. Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la troisième autofécondation du premier dispositif EP42 x A661 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Floraison mâle (j)	P ₁	82,82±1,140	84,81±1,140	77,49±0,712	77,40±0,712	77,00±1,225	77,33±1,225
	P ₂	81,43±1,140	83,20±1,140	78,24±0,712	79,16±0,712	77,00±1,225	75,33±1,225
	F ₁	85,26±1,140	83,18±1,140	78,04±0,712	78,39±0,712	75,00±1,225	74,67±1,225
	F ₂	83,13±1,140	82,67±1,140	79,06±0,712	78,13±0,712	76,33±1,225	75,67±1,225
	BC ₁	82,71±1,140	85,04±1,140	78,76±0,712	79,54±0,712	77,33±1,225	78,67±1,225
	BC ₂	83,56±1,140	81,86±1,140	79,01±0,712	80,13±0,712	75,67±1,225	78,00±1,225
Floraison femelle (j)	P ₁	89,38±1,659	89,32±1,659	78,57±0,754	78,60±0,754	78,33±1,319	79,67±1,319
	P ₂	84,88±1,659	84,67±1,659	78,95±0,754	79,68±0,754	78,33±1,319	78,00±1,319
	F ₁	86,74±1,659	85,53±1,659	78,96±0,754	77,58±0,754	78,33±1,319	78,00±1,319
	F ₂	84,68±1,659	86,08±1,659	79,54±0,754	78,92±0,754	78,00±1,319	78,67±1,319
	BC ₁	84,90±1,659	83,45±1,659	81,17±0,754	81,85±0,754	79,00±1,319	78,67±1,319
	BC ₂	86,76±1,659	85,92±1,659	79,39±0,754	81,00±0,754	76,33±1,319	78,67±1,319
Hauteur de la plante (cm)	P ₁	157,47±10,785	158,53±10,785	190,91±7,599	186,14±7,599	160,33±10,483	144,67±10,483
	P ₂	155,00±10,785	144,87±10,785	154,20±7,599	169,70±7,599	138,67±10,483	137,33±10,483
	F ₁	162,80±10,785	172,33±10,785	178,85±7,599	164,62±7,599	161,67±10,483	152,33±10,483
	F ₂	141,53±10,785	156,53±10,785	192,42±7,599	165,10±7,599	157,67±10,483	133,33±10,483
	BC ₁	171,13±10,785	159,33±10,785	173,45±7,599	177,46±7,599	148,33±10,483	143,33±10,483
	BC ₂	169,93±10,785	151,50±10,785	168,59±7,599	167,76±7,599	142,33±10,483	132,67±10,483
Stand (%)	P ₁	55,66±7,579	41,54±7,579	60,02±5,148	59,10±5,148	35,33±4,911	28,67±4,911
	P ₂	51,27±7,579	49,22±7,579	49,86±5,148	57,70±5,148	38,67±4,911	22,67±4,911
	F ₁	51,45±7,579	59,98±7,579	70,37±5,148	63,90±5,148	44,67±4,911	50,00±4,911
	F ₂	45,59±7,579	43,13±7,579	62,97±5,148	56,30±5,148	48,67±4,911	28,67±4,911
	BC ₁	55,53±7,579	53,85±7,579	54,91±5,148	49,40±5,148	52,00±4,911	38,00±4,911
	BC ₂	56,11±7,579	32,02±7,579	60,32±5,148	56,00±5,148	40,67±4,911	29,33±4,911

Tableau 3 (Cont.). Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la troisième autofécondation du premier dispositif EP42 x A661 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° d'épis	P ₁	20,08±5,074	25,22±5,074	43,14±4,072	46,10±4,072	41,00±4,512	23,67±4,512
	P ₂	15,85±5,074	17,88±5,074	32,28±4,072	30,30±4,072	23,33±4,512	19,00±4,512
	F ₁	17,41±5,074	19,84±5,074	42,05±4,072	36,80±4,072	29,00±4,512	39,33±4,512
	F ₂	17,02±5,074	18,89±5,074	40,73±4,072	35,70±4,072	45,33±4,512	22,33±4,512
	BC ₁	26,60±5,074	10,68±5,074	40,42±4,072	32,10±4,072	43,33±4,512	17,00±4,512
	BC ₂	25,67±5,074	10,31±5,074	32,11±4,072	32,30±4,072	30,00±4,512	26,33±4,512
N° de rangs/épi	P ₁	13,08±0,806	12,19±0,806	12,00±0,581	11,20±0,581	12,00±0,590	11,20±0,590
	P ₂	14,26±0,806	14,96±0,806	14,53±0,581	15,30±0,581	14,80±0,590	14,40±0,590
	F ₁	15,11±0,806	12,68±0,806	14,27±0,581	13,50±0,581	14,27±0,590	12,80±0,590
	F ₂	12,47±0,806	13,69±0,806	13,87±0,581	12,50±0,581	13,47±0,590	12,27±0,590
	BC ₁	13,31±0,806	11,57±0,806	13,47±0,581	12,30±0,581	13,20±0,590	10,73±0,590
	BC ₂	14,11±0,806	13,35±0,806	14,07±0,581	13,90±0,581	13,87±0,590	12,40±0,590
Poids de 100 grains (g)	P ₁			24,08±1,498	17,22±1,498	24,80±4,563	18,43±4,563
	P ₂			22,22±1,498	16,76±1,498	23,97±4,563	15,00±4,563
	F ₁			22,97±1,498	17,62±1,498	26,07±4,563	18,67±4,563
	F ₂			24,87±1,498	18,85±1,498	24,23±4,563	18,80±4,563
	BC ₁			22,99±1,498	17,26±1,498	27,70±4,563	19,20±4,563
	BC ₂			22,23±1,498	16,89±1,498	21,50±4,563	22,37±4,563

Tableau 4. Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *su1* obtenues à partir de la quatrième autofécondation du premier dispositif EP42 x A661 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>su1</i>	<i>Sul</i>	<i>su1</i>	<i>Sul</i>	<i>su1</i>
Floraison mâle (j)	P ₁	83,72±1,140	85,01±1,140	78,89±0,712	78,90±0,712	77,67±1,225	77,00±1,225
	P ₂	83,29±1,140	82,59±1,140	77,97±0,712	79,70±0,712	76,33±1,225	77,00±1,225
	F ₁	81,73±1,140	82,15±1,140	79,24±0,712	77,95±0,712	76,33±1,225	76,33±1,225
	F ₂	82,99±1,140	82,99±1,140	79,92±0,712	80,85±0,712	77,67±1,225	77,00±1,225
	BC ₁	82,38±1,140	82,37±1,140	78,96±0,712	80,19±0,712	78,33±1,225	79,67±1,225
	BC ₂	81,39±1,140	82,52±1,140	80,32±0,712	79,94±0,712	77,00±1,225	76,67±1,225
Floraison femelle (j)	P ₁	86,76±1,659	86,77±1,659	80,31±0,754	77,80±0,754	78,67±1,319	78,33±1,319
	P ₂	87,45±1,659	89,00±1,659	78,85±0,754	80,88±0,754	78,33±1,319	78,33±1,319
	F ₁	89,49±1,659	82,74±1,659	80,46±0,754	77,73±0,754	78,67±1,319	78,33±1,319
	F ₂	86,17±1,659	87,11±1,659	80,30±0,754	81,41±0,754	78,33±1,319	78,00±1,319
	BC ₁	85,73±1,659	83,69±1,659	80,49±0,754	81,56±0,754	80,33±1,319	80,33±1,319
	BC ₂	88,50±1,659	84,32±1,659	81,63±0,754	81,86±0,754	78,67±1,319	79,33±1,319
Hauteur de la plante (cm)	P ₁	170,80±10,785	150,00±10,785	177,63±7,599	174,37±7,599	148,00±10,483	136,33±10,483
	P ₂	150,47±10,785	170,47±10,785	164,69±7,599	166,01±7,599	138,00±10,483	133,67±10,483
	F ₁	130,80±10,785	174,40±10,785	169,80±7,599	175,51±7,599	155,67±10,483	130,00±10,483
	F ₂	163,40±10,785	145,67±10,785	172,41±7,599	157,98±7,599	153,33±10,483	142,33±10,483
	BC ₁	179,33±10,785	160,33±10,785	158,27±7,599	169,12±7,599	146,33±10,483	137,00±10,483
	BC ₂	172,63±10,785	150,70±10,785	178,87±7,599	159,18±7,599	151,33±10,483	123,00±10,483
Stand (%)	P ₁	58,26±7,579	33,28±7,579	67,00±5,148	43,66±5,148	28,67±4,911	22,00±4,911
	P ₂	55,37±7,579	53,31±7,579	60,50±5,148	53,38±5,148	45,33±4,911	32,67±4,911
	F ₁	39,13±7,579	51,43±7,579	64,10±5,148	55,19±5,148	42,67±4,911	34,00±4,911
	F ₂	54,73±7,579	39,28±7,579	63,30±5,148	51,71±5,148	34,67±4,911	28,67±4,911
	BC ₁	52,93±7,579	44,05±7,579	62,40±5,148	57,02±5,148	38,67±4,911	29,33±4,911
	BC ₂	54,74±7,579	43,20±7,579	65,10±5,148	65,27±5,148	46,00±4,911	26,00±4,911

Tableau 4 (Cont.). Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la quatrième autofécondation du premier dispositif EP42 x A661 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° d'épis	P ₁	29,05±5,074	17,54±5,074	47,30±4,072	31,53±4,072	25,00±4,512	22,33±4,512
	P ₂	26,32±5,074	14,93±5,074	40,30±4,072	34,67±4,072	28,67±4,512	18,67±4,512
	F ₁	16,02±5,074	30,02±5,074	38,50±4,072	36,24±4,072	31,00±4,512	22,33±4,512
	F ₂	23,19±5,074	15,98±5,074	43,70±4,072	32,36±4,072	27,33±4,512	19,67±4,512
	BC ₁	26,52±5,074	11,35±5,074	39,90±4,072	32,64±4,072	27,67±4,512	25,33±4,512
	BC ₂	26,81±5,074	17,55±5,074	49,30±4,072	33,79±4,072	34,00±4,512	19,67±4,512
	Poids de 100 grains (g)	P ₁			25,31±1,498	21,72±1,498	24,73±4,563
P ₂				21,29±1,498	17,06±1,498	19,07±4,563	18,43±4,563
F ₁				23,82±1,498	16,65±1,498	22,30±4,563	18,23±4,563
F ₂				23,65±1,498	17,07±1,498	24,63±4,563	18,20±4,563
BC ₁				22,00±1,498	18,06±1,498	22,80±4,563	18,63±4,563
BC ₂				22,92±1,498	19,75±1,498	20,00±4,563	18,70±4,563

Tableau 5. Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la première autofécondation du deuxième dispositif A619 x A632 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Floraison mâle (j)	P ₁	82,31±1,140	82,09±1,140	75,40±0,712	75,95±0,712	73,00±1,225	74,00±1,225
	P ₂	82,95±1,140	84,21±1,140	78,06±0,712	79,15±0,712	77,00±1,225	78,33±1,225
	F ₁	84,94±1,140	83,40±1,140	77,69±0,712	78,73±0,712	77,33±1,225	77,67±1,225
	F ₂	83,89±1,140	83,44±1,140	77,44±0,712	77,64±0,712	74,33±1,225	76,33±1,225
	BC ₁	81,49±1,140	82,55±1,140	77,16±0,712	77,64±0,712	73,33±1,225	77,33±1,225
	BC ₂	84,24±1,140	83,76±1,140	77,62±0,712	77,78±0,712	76,33±1,225	77,67±1,225
	Floraison femelle (j)	P ₁	85,15±1,659	87,53±1,659	77,11±0,754	78,14±0,754	77,33±1,319
P ₂		84,28±1,659	85,60±1,659	79,44±0,754	79,46±0,754	79,33±1,319	80,00±1,319
F ₁		87,64±1,659	85,46±1,659	78,35±0,754	80,20±0,754	79,33±1,319	79,33±1,319
F ₂		87,32±1,659	86,33±1,659	78,22±0,754	79,61±0,754	79,33±1,319	78,00±1,319
BC ₁		85,15±1,659	85,01±1,659	78,29±0,754	79,35±0,754	78,33±1,319	82,00±1,319
BC ₂		87,80±1,659	86,80±1,659	78,45±0,754	79,01±0,754	79,00±1,319	79,00±1,319
Hauteur de la plante (cm)		P ₁	171,80±10,785	181,07±10,785	186,61±7,599	193,17±7,599	152,00±10,483
	P ₂	185,93±10,785	166,47±10,785	197,88±7,599	206,21±7,599	165,67±10,483	162,33±10,483
	F ₁	162,00±10,785	169,80±10,785	175,92±7,599	202,48±7,599	162,00±10,483	150,67±10,483
	F ₂	163,20±10,785	177,67±10,785	199,58±7,599	202,38±7,599	164,33±10,483	168,67±10,483
	BC ₁	187,67±10,785	172,13±10,785	191,96±7,599	195,50±7,599	159,33±10,483	153,67±10,483
	BC ₂	186,20±10,785	160,80±10,785	189,36±7,599	201,37±7,599	165,67±10,483	173,67±10,483
	Stand (%)	P ₁	65,35±7,579	53,47±7,579	69,79±5,148	59,98±5,148	57,33±4,911
P ₂		68,21±7,579	55,74±7,579	74,38±5,148	58,65±5,148	61,33±4,911	46,67±4,911
F ₁		56,96±7,579	54,08±7,579	72,08±5,148	62,45±5,148	52,67±4,911	31,33±4,911
F ₂		70,95±7,579	54,86±7,579	72,75±5,148	61,98±5,148	54,00±4,911	48,00±4,911
BC ₁		70,37±7,579	47,74±7,579	74,02±5,148	58,97±5,148	56,00±4,911	38,00±4,911
BC ₂		60,69±7,579	33,44±7,579	68,09±5,148	65,63±5,148	54,67±4,911	47,33±4,911

Tableau 5 (Cont.). Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la première autofécondation du deuxième dispositif A619 x A632 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° d'épis	P ₁	20,45±5,074	23,48±5,074	42,70±4,072	40,04±4,072	32,67±4,512	26,00±4,512
	P ₂	38,82±5,074	26,02±5,074	44,44±4,072	46,67±4,072	49,67±4,512	42,00±4,512
	F ₁	25,26±5,074	21,44±5,074	43,52±4,072	40,18±4,072	42,67±4,512	26,00±4,512
	F ₂	31,99±5,074	25,69±5,074	43,29±4,072	40,73±4,072	41,00±4,512	35,33±4,512
	BC ₁	23,07±5,074	23,36±5,074	36,21±4,072	35,70±4,072	41,00±4,512	25,33±4,512
	BC ₂	23,68±5,074	24,02±5,074	42,77±4,072	48,61±4,072	39,67±4,512	38,33±4,512
Longueur d'épi (cm)	P ₁	16,13±1,084	15,99±1,084	19,33±0,664	17,13±0,664	15,87±0,696	14,63±0,696
	P ₂	14,81±1,084	13,36±1,084	17,93±0,664	18,13±0,664	14,93±0,696	15,23±0,696
	F ₁	12,69±1,084	13,63±1,084	16,03±0,664	16,37±0,664	16,53±0,696	13,20±0,696
	F ₂	14,62±1,084	14,75±1,084	19,50±0,664	17,50±0,664	15,47±0,696	16,00±0,696
	BC ₁	16,61±1,084	16,31±1,084	21,10±0,664	18,53±0,664	16,13±0,696	14,93±0,696
	BC ₂	14,50±1,084	12,76±1,084	19,40±0,664	17,10±0,664	14,63±0,696	15,33±0,696
Poids de 100 grains (g)	P ₁			25,94±1,498	18,91±1,498	26,83±4,563	21,47±4,563
	P ₂			24,88±1,498	22,04±1,498	28,20±4,563	21,13±4,563
	F ₁			22,87±1,498	21,59±1,498	27,17±4,563	21,47±4,563
	F ₂			24,36±1,498	18,71±1,498	23,73±4,563	21,47±4,563
	BC ₁			30,10±1,498	20,26±1,498	25,97±4,563	18,73±4,563
	BC ₂			26,32±1,498	24,11±1,498	23,47±4,563	21,17±4,563

Tableau 6. Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la deuxième autofécondation du deuxième dispositif A619 x A632 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Floraison mâle (j)	P ₁	83,09±1,140	83,26±1,140	78,56±0,712	80,96±0,712	78,33±1,225	77,33±1,225
	P ₂	86,20±1,140	81,74±1,140	79,89±0,712	80,77±0,712	78,67±1,225	79,67±1,225
	F ₁	83,19±1,140	83,92±1,140	78,93±0,712	80,01±0,712	78,00±1,225	80,00±1,225
	F ₂	81,79±1,140	84,22±1,140	78,79±0,712	79,24±0,712	78,00±1,225	80,67±1,225
	BC ₁	84,75±1,140	84,82±1,140	78,99±0,712	79,77±0,712	78,00±1,225	78,00±1,225
	BC ₂	83,62±1,140	82,71±1,140	80,56±0,712	80,52±0,712	80,33±1,225	78,00±1,225
Floraison femelle (j)	P ₁	85,23±1,659	85,75±1,659	80,64±0,754	82,84±0,754	83,00±1,319	84,67±1,319
	P ₂	87,90±1,659	83,78±1,659	81,14±0,754	82,43±0,754	79,00±1,319	81,67±1,319
	F ₁	86,28±1,659	84,99±1,659	79,98±0,754	81,75±0,754	78,67±1,319	82,33±1,319
	F ₂	87,34±1,659	86,75±1,659	79,99±0,754	80,46±0,754	78,67±1,319	81,67±1,319
	BC ₁	85,01±1,659	87,40±1,659	79,02±0,754	80,91±0,754	79,67±1,319	81,67±1,319
	BC ₂	86,07±1,659	83,95±1,659	82,27±0,754	81,63±0,754	81,67±1,319	81,67±1,319
Hauteur de la plante (cm)	P ₁	148,33±10,785	155,60±10,785	166,14±7,599	156,76±7,599	146,33±10,483	151,67±10,483
	P ₂	157,00±10,785	175,60±10,785	185,62±7,599	194,07±7,599	166,33±10,483	164,33±10,483
	F ₁	170,67±10,785	179,73±10,785	183,70±7,599	189,15±7,599	171,00±10,483	154,67±10,483
	F ₂	151,93±10,785	183,07±10,785	176,75±7,599	187,82±7,599	156,67±10,483	161,33±10,483
	BC ₁	164,20±10,785	169,07±10,785	182,89±7,599	178,68±7,599	143,67±10,483	147,33±10,483
	BC ₂	184,47±10,785	175,73±10,785	188,99±7,599	185,73±7,599	155,00±10,483	185,00±10,483
Stand (%)	P ₁	42,12±7,579	36,75±7,579	66,28±5,148	40,32±5,148	39,33±4,911	4,67±4,911
	P ₂	54,65±7,579	55,55±7,579	69,81±5,148	63,78±5,148	52,00±4,911	42,00±4,911
	F ₁	63,45±7,579	31,93±7,579	67,39±5,148	39,78±5,148	38,67±4,911	40,67±4,911
	F ₂	39,61±7,579	42,70±7,579	48,82±5,148	50,54±5,148	42,00±4,911	39,33±4,911
	BC ₁	61,14±7,579	31,37±7,579	67,77±5,148	42,86±5,148	47,33±4,911	28,67±4,911
	BC ₂	53,75±7,579	36,56±7,579	57,98±5,148	43,80±5,148	42,67±4,911	37,33±4,911

Tableau 6 (Cont.). Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la deuxième autofécondation du deuxième dispositif A619 x A632 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° d'épis	P ₁	20,02±5,074	17,97±5,074	32,84±4,072	28,28±4,072	26,00±4,512	3,00±4,512
	P ₂	26,71±5,074	24,64±5,074	51,45±4,072	47,40±4,072	46,33±4,512	33,00±4,512
	F ₁	20,36±5,074	10,77±5,074	45,22±4,072	27,12±4,072	30,00±4,512	31,00±4,512
	F ₂	12,78±5,074	15,53±5,074	32,36±4,072	35,57±4,072	33,00±4,512	32,00±4,512
	BC ₁	23,22±5,074	9,35±5,074	39,43±4,072	22,62±4,072	28,00±4,512	21,33±4,512
	BC ₂	19,07±5,074	24,14±5,074	39,97±4,072	35,09±4,072	33,00±4,512	29,67±4,512
Poids de 100 grains (g)	P ₁			26,00±1,498	18,77±1,498	25,07±4,563	22,60±4,563
	P ₂			23,28±1,498	20,05±1,498	26,97±4,563	21,53±4,563
	F ₁			24,13±1,498	20,59±1,498	23,13±4,563	20,50±4,563
	F ₂			22,96±1,498	18,98±1,498	23,27±4,563	18,97±4,563
	BC ₁			23,04±1,498	17,70±1,498	23,83±4,563	18,80±4,563
	BC ₂			26,28±1,498	20,46±1,498	26,10±4,563	19,83±4,563

Tableau 7. Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la troisième autofécondation du deuxième dispositif A619 x A632 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Floraison mâle (j)	P ₁	82,39±1,140	81,04±1,140	79,00±0,712	79,99±0,712	77,33±1,225	77,00±1,225
	P ₂	83,19±1,140	82,96±1,140	81,22±0,712	81,92±0,712	80,00±1,225	80,00±1,225
	F ₁	83,97±1,140	83,71±1,140	80,21±0,712	83,58±0,712	79,33±1,225	81,00±1,225
	F ₂	83,80±1,140	82,76±1,140	79,44±0,712	81,36±0,712	77,67±1,225	78,00±1,225
	BC ₁	84,36±1,140	83,25±1,140	79,54±0,712	79,79±0,712	78,67±1,225	78,00±1,225
	BC ₂	81,90±1,140	82,64±1,140	79,61±0,712	79,09±0,712	77,67±1,225	79,00±1,225
Floraison femelle (j)	P ₁	86,67±1,659	82,81±1,659	79,71±0,754	81,61±0,754	78,33±1,319	83,33±1,319
	P ₂	89,95±1,659	84,90±1,659	81,91±0,754	83,50±0,754	80,33±1,319	81,00±1,319
	F ₁	87,00±1,659	88,11±1,659	81,27±0,754	85,09±0,754	80,00±1,319	86,33±1,319
	F ₂	85,44±1,659	87,95±1,659	80,99±0,754	82,82±0,754	79,00±1,319	80,67±1,319
	BC ₁	85,02±1,659	86,37±1,659	81,99±0,754	81,65±0,754	81,33±1,319	82,00±1,319
	BC ₂	84,03±1,659	83,41±1,659	81,44±0,754	79,97±0,754	80,33±1,319	80,67±1,319
Hauteur de la plante (cm)	P ₁	171,80±10,785	171,87±10,785	164,10±7,599	162,64±7,599	143,00±10,483	138,33±10,483
	P ₂	171,13±10,785	157,60±10,785	180,42±7,599	181,20±7,599	154,33±10,483	155,33±10,483
	F ₁	171,20±10,785	171,33±10,785	173,75±7,599	159,89±7,599	145,33±10,483	157,67±10,483
	F ₂	154,67±10,785	169,87±10,785	168,93±7,599	176,12±7,599	147,00±10,483	140,67±10,483
	BC ₁	147,67±10,785	169,20±10,785	189,71±7,599	184,23±7,599	145,67±10,483	152,67±10,483
	BC ₂	148,33±10,785	166,60±10,785	169,26±7,599	169,32±7,599	134,00±10,483	152,33±10,483
Stand (%)	P ₁	57,96±7,579	42,70±7,579	77,20±5,148	45,11±5,148	38,67±4,911	36,00±4,911
	P ₂	50,56±7,579	62,32±7,579	66,29±5,148	59,15±5,148	48,00±4,911	52,67±4,911
	F ₁	55,99±7,579	51,92±7,579	64,92±5,148	58,57±5,148	52,00±4,911	43,33±4,911
	F ₂	50,58±7,579	57,78±7,579	69,75±5,148	61,40±5,148	39,33±4,911	48,67±4,911
	BC ₁	51,00±7,579	58,39±7,579	65,58±5,148	52,53±5,148	44,00±4,911	41,33±4,911
	BC ₂	45,09±7,579	50,78±7,579	64,36±5,148	57,63±5,148	34,67±4,911	42,67±4,911

Tableau 7 (Cont.). Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la troisième autofécondation du deuxième dispositif A619 x A632 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° d'épis	P ₁	26,93±5,074	14,49±5,074	39,65±4,072	28,17±4,072	21,00±4,512	20,33±4,512
	P ₂	20,20±5,074	29,59±5,074	50,34±4,072	38,87±4,072	42,33±4,512	44,33±4,512
	F ₁	15,59±5,074	14,65±5,074	42,13±4,072	36,30±4,072	39,00±4,512	29,00±4,512
	F ₂	19,12±5,074	21,65±5,074	38,90±4,072	47,85±4,072	29,33±4,512	42,00±4,512
	BC ₁	18,60±5,074	17,44±5,074	35,98±4,072	35,43±4,072	26,67±4,512	28,67±4,512
	BC ₂	18,73±5,074	26,41±5,074	38,88±4,072	40,39±4,072	24,67±4,512	36,33±4,512
Longueur d'épi (cm)	P ₁	16,96±1,084	12,81±1,084	19,53±0,664	15,80±0,664	15,97±0,696	12,27±0,696
	P ₂	13,23±1,084	14,12±1,084	15,03±0,664	14,23±0,664	13,30±0,696	13,43±0,696
	F ₁	12,77±1,084	11,65±1,084	16,87±0,664	15,70±0,664	13,67±0,696	13,13±0,696
	F ₂	15,56±1,084	12,33±1,084	16,27±0,664	14,70±0,664	14,37±0,696	13,99±0,696
	BC ₁	14,54±1,084	12,74±1,084	17,50±0,664	14,53±0,664	14,03±0,696	12,23±0,696
	BC ₂	10,99±1,084	14,12±1,084	15,87±0,664	15,20±0,664	12,83±0,696	12,47±0,696
Poids de 100 grains (g)	P ₁			25,25±1,498	17,52±1,498	25,40±4,563	18,03±4,563
	P ₂			23,70±1,498	18,61±1,498	25,10±4,563	20,93±4,563
	F ₁			23,06±1,498	20,13±1,498	24,60±4,563	19,20±4,563
	F ₂			23,17±1,498	16,51±1,498	23,07±4,563	19,27±4,563
	BC ₁			25,84±1,498	19,01±1,498	21,90±4,563	20,63±4,563
	BC ₂			22,78±1,498	19,48±1,498	18,47±4,563	18,63±4,563

Tableau 8. Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la quatrième autofécondation du deuxième dispositif A619 x A632 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Floraison mâle (j)	P ₁	82,16±1,140	82,26±1,140	79,11±0,712	82,77±0,712	78,33±1,225	80,00±1,225
	P ₂	83,38±1,140	82,13±1,140	83,74±0,712	87,17±0,712	79,33±1,225	82,00±1,225
	F ₁	83,28±1,140	81,86±1,140	86,27±0,712	86,41±0,712	82,00±1,225	85,00±1,225
	F ₂	83,26±1,140	83,79±1,140	81,11±0,712	82,50±0,712	79,00±1,225	82,67±1,225
	BC ₁	82,76±1,140	84,57±1,140	81,73±0,712	81,50±0,712	78,00±1,225	80,33±1,225
	BC ₂	82,64±1,140	84,22±1,140	81,35±0,712	79,75±0,712	80,33±1,225	80,67±1,225
Floraison femelle (j)	P ₁	87,04±1,659	87,20±1,659	81,96±0,754	85,54±0,754	79,67±1,319	85,67±1,319
	P ₂	85,37±1,659	85,82±1,659	83,38±0,754	88,53±0,754	79,67±1,319	85,33±1,319
	F ₁	86,44±1,659	84,34±1,659	86,22±0,754	87,54±0,754	83,00±1,319	85,00±1,319
	F ₂	85,12±1,659	87,56±1,659	82,10±0,754	84,14±0,754	81,33±1,319	84,67±1,319
	BC ₁	85,40±1,659	85,00±1,659	82,51±0,754	82,83±0,754	80,67±1,319	84,67±1,319
	BC ₂	84,69±1,659	86,80±1,659	84,24±0,754	81,46±0,754	81,33±1,319	81,00±1,319
Hauteur de la plante (cm)	P ₁	146,27±10,785	150,93±10,785	177,69±7,599	153,24±7,599	137,00±10,483	139,67±10,483
	P ₂	180,33±10,785	172,80±10,785	179,24±7,599	190,30±7,599	155,67±10,483	157,00±10,483
	F ₁	130,87±10,785	140,40±10,785	174,54±7,599	162,10±7,599	132,33±10,483	143,67±10,483
	F ₂	179,27±10,785	180,67±10,785	167,37±7,599	174,99±7,599	133,67±10,483	158,67±10,483
	BC ₁	172,07±10,785	151,47±10,785	180,78±7,599	161,00±7,599	153,33±10,483	135,00±10,483
	BC ₂	170,13±10,785	132,93±10,785	170,33±7,599	157,65±7,599	154,67±10,483	152,67±10,483
Stand (%)	P ₁	42,95±7,579	41,46±7,579	70,57±5,148	48,77±5,148	43,33±4,911	25,33±4,911
	P ₂	60,66±7,579	54,64±7,579	70,93±5,148	66,43±5,148	42,67±4,911	29,33±4,911
	F ₁	45,16±7,579	40,47±7,579	70,04±5,148	60,11±5,148	38,00±4,911	40,00±4,911
	F ₂	59,27±7,579	60,64±7,579	69,91±5,148	53,51±5,148	42,67±4,911	31,33±4,911
	BC ₁	58,91±7,579	59,02±7,579	70,76±5,148	49,78±5,148	44,00±4,911	35,33±4,911
	BC ₂	47,60±7,579	51,70±7,579	65,67±5,148	62,52±5,148	38,00±4,911	34,00±4,911

Tableau 8 (Cont.). Moyennes des générations et les écarts-types des plantes *Sul* et *sul* obtenues à partir de la quatrième autofécondation du deuxième dispositif A619 x A632 à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Génération	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° d'épis	P ₁	10,66±5,074	14,25±5,074	34,86±4,072	22,68±4,072	24,33±4,512	17,33±4,512
	P ₂	20,56±5,074	26,78±5,074	45,54±4,072	38,34±4,072	39,67±4,512	21,33±4,512
	F ₁	11,47±5,074	8,82±5,074	43,71±4,072	37,04±4,072	27,33±4,512	36,00±4,512
	F ₂	23,58±5,074	19,32±5,074	38,44±4,072	32,54±4,072	34,33±4,512	21,33±4,512
	BC ₁	21,40±5,074	16,66±5,074	34,48±4,072	29,78±4,072	32,00±4,512	26,33±4,512
	BC ₂	22,53±5,074	9,87±5,074	43,07±4,072	39,71±4,072	27,33±4,512	30,67±4,512
Longueur d'épi (cm)	P ₁	10,53±1,084	11,71±1,084	17,20±0,664	14,43±0,664	15,20±0,696	12,57±0,696
	P ₂	13,63±1,084	11,32±1,084	15,87±0,664	14,00±0,664	13,20±0,696	10,77±0,696
	F ₁	10,83±1,084	11,46±1,084	17,07±0,664	14,23±0,664	13,10±0,696	13,60±0,696
	F ₂	13,14±1,084	12,33±1,084	17,47±0,664	14,47±0,664	13,93±0,696	12,63±0,696
	BC ₁	15,24±1,084	12,49±1,084	16,57±0,664	16,73±0,664	14,37±0,696	12,23±0,696
	BC ₂	14,72±1,084	9,73±1,084	16,77±0,664	16,20±0,664	13,36±0,696	14,40±0,696
N° de rangs/épi	P ₁	9,69±0,806	13,84±0,806	16,00±0,581	13,47±0,581	14,93±0,590	13,60±0,590
	P ₂	14,76±0,806	13,27±0,806	13,20±0,581	13,87±0,581	14,80±0,590	12,93±0,590
	F ₁	11,51±0,806	12,83±0,806	13,20±0,581	13,47±0,581	13,73±0,590	13,60±0,590
	F ₂	13,70±0,806	14,28±0,806	13,93±0,581	15,33±0,581	14,67±0,590	13,87±0,590
	BC ₁	14,58±0,806	13,76±0,806	15,33±0,581	12,93±0,581	14,00±0,590	12,80±0,590
	BC ₂	15,27±0,806	13,06±0,806	15,47±0,581	16,40±0,581	12,33±0,590	15,47±0,590
Poids de 100 grains (g)	P ₁			21,14±1,498	15,57±1,498	21,67±4,563	15,33±4,563
	P ₂			22,48±1,498	18,23±1,498	20,80±4,563	16,20±4,563
	F ₁			25,08±1,498	18,10±1,498	24,27±4,563	18,83±4,563
	F ₂			22,42±1,498	15,88±1,498	23,73±4,563	16,43±4,563
	BC ₁			21,17±1,498	21,14±1,498	22,07±4,563	21,27±4,563
	BC ₂			23,71±1,498	19,31±1,498	22,67±4,563	20,97±4,563

Annexe II

Tableau 9. Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du premier cycle d'autofécondation au niveau du premier dispositif (EP42 × A661) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Floraison mâle (j)	m	84,37±0,407***	79,55±2,080***	75,43±0,407	76,07±0,407	72,39±0,407	73,44±0,407
	a	-1,27±0,632*	0,79±0,632				
	d	-4,97±2,374*	10,51±5,550				
	aa		3,31±2,242				
	$X^2(dI^{\dagger})$	7,05 (3) ns	5,69 (2) ns	1,41 (5) ns	1,84 (5) ns	2,98 (5) ns	10,35 (5) ns
Floraison femelle (j)	m	88,41±0,407***	86,85±0,407***	76,17±0,407	67,85±0,407	74,72±0,407	75,33±0,407
	a	0,27±0,632	1,38±0,632*				
	d	-7,4±2,374**					
	$X^2(dI)$	4,92 (3) ns	7,65 (5) ns	3,46 (5) ns	4,93 (5) ns	2,97 (5) ns	4,44 (5) ns

Tableau 9 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du premier cycle d'autofécondation au niveau du premier dispositif (EP42 \times A661) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Hauteur de la plante (cm)	m	123,28±2,080***	174,20±2,080***	169,83±2,080***	196,79±2,080***	130,41±2,080***	157,91±2,080***
	a	-3,4±0,707***	5,20±0,707***	0,53±0,707	4,51±0,707***	4,83±0,707***	-11±0,707***
	d	102,98±5,50***	4,27±5,50	32,26±5,50***	-26,85±5,50***	37,68±5,50***	6,71±5,50
	aa	36,53±2,242***	-6,19±2,242**	22,78±2,242***	-4,58±2,242***	23,38±2,242***	9,07±2,242***
	ad	109,08±6,324***	70,12±6,324***	-16±6,324***	-76,34±6,324***	-26,00±6,324***	58,68±6,324***
	X^2 (dl)	42,90 (1) ***	3,21 (1) ns	54,84 (1) ***	74,36 (1) ***	158,09 (1) ***	94,19 (1) ***
N° d'épis	m	39,77±2,080***	42,93±2,080***	43,48±2,080***	35,15±2,080***	24,30±2,080***	25,52±2,080***
	a	-1,86±0,707***	-1,05±0,707***	-2,90±0,707***	7,15±0,707***	4,67±0,707***	3,17±0,707***
	d	-42,10±5,50***	-52,89±5,50***	0,01±5,50	11,25±5,50*	44,47±5,50***	8,61±5,50
	aa	-14,12±2,242***	-24,61±2,242***	-3,34±2,242***	5,03±2,242*	13,30±2,242***	7,22±2,242**
	ad	39,92±6,324***	23,24±6,324***	64±6,324***	-32,60±6,324***	-22,68±6,324***	17,96±6,324**
	X^2 (dl)	4,62 (1) *	15,96 (1) ***	11,07 (1) ***	3,25 (1) ns	19,80 (1) ***	3,45 (1) ns

Tableau 9 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du premier cycle d'autofécondation au niveau du premier dispositif (EP42 × A661) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Poids de 100 graines (g)	m	-	-	29,01±2,080***	20,80±0,407***	25,31±2,080***	25,21±2,080***
	a	-	-	1,35±0,707***	1,80±0,632**	1,16±0,707***	-1,12±0,707
	d	-	-	-9,8±5,50***		2,79±5,50***	-9,93±5,50
	aa	-	-	-5,37±2,242***		0,37±2,242	-6,84±2,242**
	ad	-	-	-2,5±6,324		13,62±6,324***	17,28±6,324**
	X^2 (dl)	-	-	20,35 (1) ***	3,22 (5) ns	4,22 (1) *	0,03 (1) ns

ns, *, ** et ***, non significatif, et significatif à des niveaux de probabilité de 0,05, 0,01, et 0,001, respectivement. † degré de liberté.

Tableau 10. Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Su1* et *su1*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du deuxième cycle d'autofécondation au niveau du premier dispositif (EP42 × A661) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Su1</i>	<i>su1</i>	<i>Su1</i>	<i>su1</i>	<i>Su1</i>	<i>su1</i>
Floraison mâle (j)	m	84,05±0,407***	83,19±0,407	76,52±0,407	77,47±0,407	74,49±0,407	75,33±0,407
	a	-1,68±0,632**					
	X^2 (dl †)	5,33 (4) ns	7,87 (5) ns	6,70 (5) ns	4,96 (5) ns	2,37 (5) ns	6,65 (5) ns
Floraison femelle (j)	m	85,79±0,407***	85,82±0,407	77,39±0,407	78,93±0,407	76,55±0,407	77,11±0,407
	a	-1,80±0,632**					
	X^2 (dl)	5,15 (4) ns	6,22 (5) ns	5,53 (5) ns	3,22 (5) ns	1,47 (5) ns	4,38 (5) ns
Hauteur de la plante (cm)	m	167,28±2,080***	205,13±2,080***	166,36±2,080***	192,90±2,080***	181,91±2,080***	130,00±2,080***
	a	2,46±0,707***	11,17±0,707***	6,95±0,707***	20,29±0,707***	10,83±0,707***	1,67±0,707
	d	-48,56±11,101***	-250,45±11,101***	75,86±11,101***	-99,16±11,101***	-168,66±11,101***	32,87±11,101
	aa	-7,17±2,242***	-56,60±2,242***	14,62±2,242***	-16,87±2,242***	-34,04±2,242***	12,10±2,242***
	ad	56,6±12,649***	160,8±12,649***	40,16±12,649***	-105,96±12,649***	129,36±2,242***	54,64±2,242**
	X^2 (dl)	7,40 (1) **	51,49 (1) ***	17,77 (1) ***	48,94 (1) ***	7,64 (1) ***	450,89 (1) ***

Tableau 10 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du deuxième cycle d'autofécondation au niveau du premier dispositif (EP42 \times A661) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° d'épis	m	26,22±2,080***	21,26±2,080***	53,97±2,080***	49,46±2,080***	48,10±2,080***	10,03±2,080***
	a	3,36±0,707***	0,44±0,707	1,15±0,707**	1,25±0,707*	2,33±0,707**	1,50±0,707**
	d	-5,05±11,101	-35,47±11,101***	-38,6±11,101***	-61,24±11,101***	-58,04±11,101***	47,02±11,101***
	aa	2,17±2,242	-6,67±2,242***	-9,81±2,242***	-15,28±2,242***	-14,14±2,242***	12,02±2,242***
	ad	-53,76±12,649***	20,00±12,649*	-58,00±12,649***	74,80±12,649***		-25,36±12,649**
	X^2 (dl)	75,80 (1) ***	90,23 (1) ***	51,96 (1) ***	117,57 (1) ***	0,07 (2) ns	111,80 (1) ***
Poids de 100 graines (g)	m	-	-	24,06±0,407	11,84±2,080***	25,13±0,407	-34,94±2,080***
	a	-	-		2,05±0,707***		-0,43±0,707
	d	-	-		38,55±11,101***		378,22±11,101***
	aa	-	-		6,53±2,242***		49,85±2,242***
	ad	-	-		-22,72±12,649***		-1,16±12,649
	X^2 (dl)	-	-	10,75 (5) ns	4,38 (1) *	10,69 (5) ns	167,09 (1) ***

ns, *, ** et ***, non significatif, et significatif à des niveaux de probabilité de 0,05, 0,01, et 0,001, respectivement. † degré de liberté.

Tableau 11. Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *suI*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du troisième cycle d'autofécondation au niveau du premier dispositif (EP42 × A661) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>suI</i>	<i>Sul</i>	<i>suI</i>	<i>Sul</i>	<i>suI</i>
Floraison mâle (j)	m	83,15±0,407	83,46±0,407	78,43±0,407	78,79±0,407	76,38±0,407	79,11±2,080
	a						1,00±0,707
	d						-29,03±22,204
	aa						-2,37±2,242
	ad						-5,28±25,298
	X^2 (dl [†])		7,86 (5) ns	7,64 (5) ns	1,91 (5) ns	5,02 (5) ns	4,08 (5) ns
Floraison femelle (j)	m	82,63±2,080***	85,30±2,080***	79,43±0,407	82,73±2,080***	78,05±0,407	78,61±0,407
	a	2,25±0,707**	2,32±0,707**		-0,54±0,707**		
	d	32,86±22,204	-1,75±22,204		-34,64±22,204***		
	aa	4,49±2,242*	1,46±2,242		-3,18±2,242***		
	ad	-65,70±25,298*	-76,72±25,298**		22,24±25,298***		
	X^2 (dl)		0,001 (1) ns	2,61 (1) ns	4,23 (5) ns	9,19 (1) **	4,09 (5) ns

Tableau 11 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du troisième cycle d'autofécondation au niveau du premier dispositif (EP42 × A661) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Hauteur de la plante (cm)	m	137,97±2,080***	137,30±2,080***	194,43±2,080***	169,51±2,080***	143,65±2,080***	112,55±2,080***
	a	1,23±0,707	6,83±0,707***	18,35±0,707***	8,22±0,707***	10,83±0,707***	3,67±0,707***
	d	246,11±22,204***	271,08±22,204***	-155,71±22,204***	-28,65±22,204***	117,25±22,204***	313,46±22,204***
	aa	21,21±2,242***	13,82±2,242***	-23,81±2,242***	9,06±2,242***	4,17±2,242*	28,14±2,242***
	ad	-0,16±25,298	16,00±25,298***	-216,16±25,298***	23,68±25,298*	-77,09±25,298***	111,84±25,298***
	X^2 (dl)	474,47 (1) ***	17,63 (1) ***	201,57 (1) ***	23,20 (1) ***	151,26 (1) ***	4,72 (1) *
N° d'épis	m	24,41±2,080***	9,67±2,080***	35,70±2,080***	30,68±2,080***	60,52±2,080***	1,18±2,080
	a	2,11±0,707***	3,67±0,707***	5,40±0,707***	7,90±0,707***	8,83±0,707***	2,33±0,707***
	d	-35,11±22,204*	59,27±22,204***	41,49±22,204***	38,45±22,204***	-255,25±22,204***	294,12±22,204***
	aa	-5,14±2,242**	10,49±2,242***	1,39±2,242	6,85±2,242***	-28,55±2,242**	19,46±2,242***
	ad	-19,01±25,298	-52,80±25,298**	46,46±25,298***	-129,60±25,298***	71,51±25,298**	-186,64±25,298***
	X^2 (dl)	91,28 (1) ***	102,45 (1) ***	19,35 (1) ***	22,94 (1) ***	1,97 (1) ns	25,80 (1) ***

Tableau 11 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du troisième cycle d'autofécondation au niveau du premier dispositif (EP42 \times A661) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Poids de 100 graines (g)	m	-	-	23,22±0,407	17,43±0,407	22,27±2,080***	21,18±2,080***
	a	-	-			0,41±0,707	1,71±0,707***
	d	-	-			30,05±22,204	-14,11±22,204**
	aa	-	-			2,09±2,242	-4,09±2,242***
	ad	-	-			92,60±25,298***	-78,16±25,298***
	X^2 (dl)	-	-	5,55 (5) ns	2,86 (5) ns	0,01 (1) ns	7,63 (1) **

ns, *, ** et ***, non significatif, et significatif à des niveaux de probabilité de 0,05, 0,01, et 0,001, respectivement. [†] degré de liberté.

Tableau 12. Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Su1* et *su1*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du quatrième cycle d'autofécondation au niveau du premier dispositif (EP42 × A661) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Su1</i>	<i>su1</i>	<i>Su1</i>	<i>su1</i>	<i>Su1</i>	<i>su1</i>
Floraison femelle (j)	m	87,35±0,407	87,78±0,641***	80,34±0,407	86,63±2,080***	78,83±0,407	78,77±0,407
	a		-1,01±0,632ns		-1,29±0,632*		
	d		-83,85±19,01***		-134,23±44,40**		
	aa				-7,07±2,242**		
	X^2 (dl [†])	10,27 (5) ns	6,64 (3) ns	3,92 (5) ns	4,19 (2) ns	2,82 (5) ns	3,92 (5) ns
Hauteur de la plante (cm)	m	215,04±2,080***	116,07±2,080***	172,46±2,080***	139,32±2,080***	148,76±2,080***	148,06±2,080***
	a	10,16±0,707***	-10,23±0,707***	6,47±0,707***	4,18±0,707***	5,00±0,707***	1,33±0,707**
	d	-1246,30±44,40***	928,64±44,40***	-56,26±44,40***	572,95±44,40***	98,60±44,40***	-324,25±44,40***
	aa	-51,23±2,242***	44,02±2,242***	-1,73±2,242**	30,67±2,242***	-6,13±2,242***	-14,16±2,242***
	ad	-110,28±50,59***	635,68±50,59***	-866,24±50,59***	184,32±50,59***	-320,00±50,59***	405,44±50,59***
	X^2 (dl)	3298,04 (1) ***	1,12 (1) ns	9,79 (1) **	1,89 (1) ns	7,42 (1) **	65,16 (1) ***

Tableau 12 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du quatrième cycle d'autofécondation au niveau du premier dispositif (EP42 × A661) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° d'épis	m	34,04±2,080***	-2,59±2,080**	50,83±2,080***	33,53±0,407***	26,07±2,080***	18,75±2,080***
	a	1,36±0,707***	1,30±0,707***	3,50±0,707***	-1,52±0,632**	-1,83±0,707***	1,83±0,707***
	d	-268,72±44,40***	467,67±44,40***	-187,02±44,40***		91,73±44,40***	66,56±44,40***
	aa	-5,74±2,242**	18,07±2,242***	-6,71±2,242***		1,16±2,242*	2,04±2,242***
	ad	-52,96±50,59**	-240,16±50,59***	-412,8±50,59***		-143,84±50,59***	122,56±50,59***
	X^2 (dl)	20,35 (1) ***	30,87 (1) ***	5,60 (1) **	9,35 (4) ns	8,71 (1) **	4,54 (1) *
Poids de 100 graines (g)	m	-	-	23,16±0,407	18,69±2,080***	22,25±0,407***	18,39±0,407
	a	-	-		2,33±0,707**	2,82±0,632***	
	d	-	-		-26,33±44,40		
	aa	-	-		0,89±2,242		
	ad	-	-		-128,64±50,59*		
	X^2 (dl)	-	-	10,19 (5) ns	2,19 (1) ns	7,35 (4) ns	0,25 (5) ns

ns, *, ** et ***, non significatif, et significatif à des niveaux de probabilité de 0,05, 0,01, et 0,001, respectivement. † degré de liberté.

Tableau 13. Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *su1*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du premier cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 \times A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>su1</i>	<i>Sul</i>	<i>su1</i>	<i>Sul</i>	<i>su1</i>
Floraison mâle (j)	m	83,30±0,407	83,24±0,407	77,22±0,407	77,81±0,407	75,22±0,407***	76,88±0,407***
	a					-2,20±0,632***	-1,80±0,632**
	X^2 (dl [†])	8,28 (5) ns	3,08 (5) ns	4,45 (5) ns	6,16 (5) ns	6,04 (4) ns	4,05 (4) ns
Floraison femelle (j)	m	84,91±0,641***	86,12±0,407	78,31±0,407	79,29±0,407	78,77±0,407	79,55±0,407
	a	-0,18±0,632					
	d	6,25±2,374**					
	X^2 (dl)	4,75 (3) ns	4,43 (5) ns	2,72 (5) ns	2,36 (5) ns	3,26 (5) ns	9,26 (5) ns
Hauteur de la plante (cm)	m	182,28±2,080***	178,19±2,080***	222,19±2,080***	199,34±2,080***	166,77±2,080***	189,07±2,080***
	a	-7,06±0,707***	7,30±0,707***	-5,63±0,707***	-6,52±0,707***	-6,73±0,632***	-6,50±0,707***
	d	-28,64±5,550**	-21,68±5,550*	-93,25±5,550***	4,30±5,550**	-9,46±5,550	-75,21±5,550***
	aa	-0,43±2,242	-5,64±2,242	-30,12±2,242***	-0,14±2,242	-7,91±2,242***	-32,84±2,242***
	ad	34,14±6,324***	16,12±6,324	32,94±6,324***	2,60±6,324		-54,00±6,324***
	X^2 (dl)	479,62 (1) ***	566,94 (1) ***	1,62 (1) ns	12,88 (1) ***	0,11 (2) ns	8,70 (1) **

Tableau 13 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du premier cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 × A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Stand (%)	m	84,15±2,080***	43,18±2,080***	72,25±2,080***	62,24±2,080***	58,93±0,641***	65,03±2,080***
	a	-1,43±0,707*	-1,13±0,707	-2,30±0,707***	0,65±0,707	-1,33±0,632*	-5,00±0,707***
	d	-54,91±5,550***	13,48±5,550*	-1,14±5,550	1,00±5,550	-14,10±2,374***	-67,17±5,550***
	aa	-17,50±2,242***	9,34±2,242***	-0,36±2,242	-2,77±2,242		-23,30±2,242***
	ad	44,44±6,324***	61,74±6,324***	32,80±6,324***	-29,00±6,324***		-17,32±6,324**
	X^2 (dl)	0,90 ns	232,66 ***	1,50 ns	0,89 ns	7,36 ns	0,20 ns
N° d'épis	m	33,08±2,080***	29,31±2,080***	39,62±2,080***	42,01±2,080***	38,33±2,080***	43,91±2,080***
	a	-9,18±0,707***	-1,14±0,632	-0,85±0,707***	-3,35±0,707***	-8,50±0,707***	-8,00±0,707***
	d	-19,40±5,550***	-16,16±5,550**	5,43±5,550***	-3,08±5,550	8,01±5,550	-36,33±5,550***
	aa	-4,38±2,242***	-4,66±2,242*	3,34±2,242***	1,47±2,242	2,67±2,242	-10,04±2,242***
	ad	34,30±6,324***		-23,00±6,324***	-38,20±6,324***	39,32±6,324***	-20,00±6,324**
	X^2 (dl)	47,76 (1) ***	0,73 (2) ns	12,79 (1) ***	0,97 (1) ns	1,50 (1) ns	0,82 (1) ns

Tableau 13 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Su1* et *su1*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du premier cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 × A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Su1</i>	<i>su1</i>	<i>Su1</i>	<i>su1</i>	<i>Su1</i>	<i>su1</i>
Longueur d'épi (cm)	m	14,89±0,407	14,96±0,407	24,64±2,080***	17,45±0,407	15,59±0,407	14,88±0,407
	a			0,90±0,632			
	d			-16,19±5,550**			
	aa			-5,77±2,242*			
	X^2 (dl)	9,54 (5) ns	9,39 (5) ns	4,38 (2) ns	3,03 (5) ns	2,62 (5) ns	4,46 (5) ns

ns, *, ** et ***, non significatif, et significatif à des niveaux de probabilité de 0,05, 0,01, et 0,001, respectivement. † degré de liberté.

Tableau 14. Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Su1* et *su1*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du deuxième cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 \times A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Su1</i>	<i>su1</i>	<i>Su1</i>	<i>su1</i>	<i>Su1</i>	<i>su1</i>
Floraison mâle (j)	m	83,77±0,407***	38,44±0,407	79,28±0,407	80,21±0,407	78,55±0,407	78,94±0,407
	a	-1,01±0,632					
	X^2 (dl [†])	9,01 (4) ns	6,19 (5) ns	2,97 (5) ns	2,14 (5) ns	4,13 (5) ns	9,00 (5) ns
Floraison femelle (j)	m	86,30±0,407	85,43±0,407	80,50±0,407	81,67±0,407	79,93±2,080***	82,28±0,407
	a					2,00±0,707**	
	d					-3,36±11,101	
	aa					1,28±2,242	
	ad					-32,00±12,649*	
	X^2 (dl)	6,50 (5) ns	10,84 (5) ns	6,28 (5) ns	3,99 (5) ns	2,38 (1) ns	7,20 (5) ns

Tableau 14 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du deuxième cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 \times A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Hauteur de la plante (cm)	m	148,77±2,080***	181,55±2,080***	176,61±2,080***	183,96±2,080***	132,71±2,080***	174,50±2,080***
	a	-4,33±0,707***	-10,00±0,707***	-9,74±0,707***	-18,65±0,707***	-10,00±0,707***	-6,33±0,707***
	d	108,35±11,101***	-13,76±11,101**	37,41±11,101***	17,38±11,101***	140,31±11,101***	-70,66±11,101***
	aa	6,48±2,242*	-16,76±2,242***	0,39±2,242	-8,96±2,242***	22,01±2,242***	-15,42±2,242***
	ad	-127,48±12,649***	26,72±12,649***	29,12±12,649***	92,84±12,649***	-10,64±12,649	-250,72±12,649***
	X^2 (dl)	364,34 (1) ***	35,41 (1) ***	69,72 (1) ***	9,60 (1) **	139,07 (1) ***	63,72 (1) ***
Stand (%)	m	24,37±2,080***	47,33±2,080***	34,32±2,080***	56,87±2,080***	47,92±2,080***	35,62±2,080***
	a	-6,26±0,707***	-9,40±0,707***	-175±0,707***	-11,75±0,707***	-6,33±0,707***	-18,66±0,707***
	d	167,77±11,101***	-69,79±11,101***	137,8±11,101***	-74,07±11,101***	-33,55±11,101***	17,04±11,101***
	aa	25,44±2,242***	-2,20±2,242*	34,41±2,242***	-5,48±2,242***	-1,85±2,242***	-12,68±2,242***
	ad	109,24±12,649***	33,60±12,649***	92,40±12,649***	86,80±12,649***	87,96±12,649***	80,04±12,649***
	X^2 (dl)	111,12 (1) ***	56,48 (1) ***	25,14 (1) ***	28,43 (1) ***	10,08 (1) **	8,42 (1) **

Tableau 14 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du deuxième cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 \times A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° d'épis	m	8,59±2,080***	21,44±2,080***	21,07±2,080***	39,48±2,080***	33,74±2,080***	30,55±2,080***
	a	-3,34±0,707***	-3,33±0,707***	-9,35±0,707***	-9,55±0,707***	-10,16±0,707***	-15,00±0,707***
	d	51,57±11,101***	-40,35±11,101***	98,45±11,101***	-55,70±11,101***	-17,97±11,101***	-1,48±11,101
	aa	15,33±2,242***	0,30±2,242	21,31±2,242***	-2,40±2,242*	2,04±2,242***	-12,96±2,242***
	ad	59,96±12,649***	-91,64±12,649***	70,00±12,649***	-23,60±12,649***	41,32±12,649***	53,28±12,649***
	X^2 (dl)	17,31 (1) ***	1,62 (1) ns	3,34 (1) ns	31,68 (1) ***	7,65 (1) **	8,96 (1) **

ns, *, ** et ***, non significatif, et significatif à des niveaux de probabilité de 0,05, 0,01, et 0,001, respectivement. † degré de liberté.

Tableau 15. Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du troisième cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 \times A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Floraison mâle (j)	m	83,26±0,407	82,72±0,407	79,83±0,407	77,03±2,080***	78,44±0,407	78,83±0,407
	a				-0,96±0,707***		
	d				46,71±22,204***		
	aa				3,56±2,242***		
	ad				26,71±25,298***		
	X^2 (dl [†])	4,63 (5) ns	4,14 (5) ns	3,05 (5) ns	6,68 (1) **	5,96 (5) ns	10,83 (5) ns
Floraison femelle (j)	m	82,08±2,080***	85,94±2,080***	81,21±0,407	78,32±2,080***	79,88±0,407	74,01±2,080***
	a	-1,64±0,707***	-1,04±0,707**		-0,94±0,707***		1,19±0,632
	d	34,49±22,204***	12,34±22,204		48,16±22,204***		95,87±22,209***
	aa	5,92±2,242***	-2,40±2,242		3,86±2,242***		7,98±2,244***
	ad	42,13±25,298***	64,09±25,298***		42,07±25,298***		
	X^2 (dl)	4,84 (1) *	53,95 (1) ***	3,45 (5) ns	7,47 (1) **	5,96 (5) ns	1,50 (2) ns

Tableau 15 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du troisième cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 \times A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Hauteur de la plante (cm)	m	124,83±2,080***	167,47±2,080***	171,65±2,080***	197,46±2,080***	142,32±2,080***	129,01±2,080***
	a	0,33±0,707	7,13±0,707***	-8,16±0,707***	-9,28±0,707***	-5,66±0,707***	-8,50±0,707***
	d	335,23±22,204***	28,31±22,204	36,99±22,204*	-286,89±22,204***	7,03±22,204	243,59±22,204***
	aa	44,40±2,242***	-2,89±2,242	1,86±2,242	-24,69±2,242***	5,28±2,242***	18,17±2,242***
	ad	-15,38±25,298	-72,51±25,298***	457,81±25,298***	386,58±25,298***	277,37±25,298***	141,82±25,298***
	X^2 (dl)	266,66 (1) ***	1,30 (1) ns	85,98 (1) ***	39,36 (1) ***	60,82 (1) ***	43,87 (1) ***
Stand (%)	m	40,90±2,080***	63,27±2,080***	71,10±2,080***	61,24±2,080***	22,96±2,080***	50,24±2,080***
	a	3,70±0,707***	-9,81±0,707***	5,45±0,707***	-7,05±0,707***	-4,66±0,707***	-8,33±0,707***
	d	109,23±22,204***	-91,83±22,204***	-59,27±22,204***	-29,08±22,204***	222,38±22,204***	-65,42±22,204***
	aa	12,64±2,242***	-10,82±2,242***	0,04±2,242	-9,58±2,242***	19,75±2,242***	-6,53±2,242***
	ad	35,53±25,298***	178,57±25,298***	-68,09±25,298***	31,15±25,298***	224,27±25,298***	111,81±25,298***
	X^2 (dl)	27,41 (1) ***	0,20 (1) ns	19,64 (1) ***	12,87 (1) ***	20,54 (1) ***	21,42 (1) ***

Tableau 15 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du troisième cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 \times A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° d'épis	m	23,29±0,641***	30,36±2,080***	32,35±2,080***	56,39±2,080***	13,74±2,080***	51,61±2,080***
	a	2,66±0,632***	-7,83±0,632***	-5,30±0,707***	-5,39±0,707***	-10,66±0,707***	-12,00±0,707***
	d	-65,93±9,504***	-121,08±22,209***	69,00±22,204***	-169,09±22,204***	186,14±22,204***	-189,98±22,204***
	aa		-8,03±2,244***	12,08±2,242***	-23,36±2,242***	16,92±2,242***	-19,84±2,242***
	ad			38,51±25,298***	5,32±25,298	202,93±25,298***	69,13±25,298***
	X^2 (dl)	5,85 (3) ns	5,18 (2) ns	17,13 (1) ***	14,28 (1) ***	52,59 (1) ***	17,40 (1) ***
Longueur d'épi (cm)	m	15,01±0,641***	12,96±0,407	16,85±0,407***	15,01±0,407	14,02±0,407	12,92±0,407
	a	2,20±0,632***		2,12±0,632***			
	d	-19,27±9,504*					
	X^2 (dl)	6,44 (3) ns	4,88 (5) ns	0,92 (4) ns	2,06 (5) ns	5,98 (5) ns	2,55 (5) ns

ns, *, ** et ***, non significatif, et significatif à des niveaux de probabilité de 0,05, 0,01, et 0,001, respectivement. † degré de liberté.

Tableau 16. Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du quatrième cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 \times A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
Floraison mâle (j)	m	82,91±0,407	83,13±0,407	75,11±2,080***	75,50±2,080***	79,49±0,407	80,37±0,641***
	a			-1,77±0,632**	-2,20±0,707***		-0,86±0,632
	d			174,02±44,408***	158,02±44,408***		53,96±19,010**
	aa			6,17±2,242**	8,95±2,242***		
	ad				126,40±50,596***		
	X^2 (dl [†])	1,14 (5) ns	7,03 (5) ns	3,94 (2) ns	14,27 (1) ***	10,83 (5) ns	7,77 (5) ns
Floraison femelle (j)	m	85,67±0,407	86,12±0,407	82,14±0,641***	77,56±2,080***	80,94±0,407	82,45±2,080***
	a			-0,91±0,632	-1,49±0,707***		0,17±0,707
	d			48,35±19,010*	142,63±44,408***		30,70±44,408***
	aa				8,93±2,242***		2,73±2,242***
	ad				91,68±50,596***		112,00±50,596***
	X^2 (dl)	3,91 (5) ns	8,22 (5) ns	4,65 (3) ns	15,09 (1) ***	7,84 (5) ns	5,35 (1)*

Tableau 16 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *su1*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du quatrième cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 \times A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>su1</i>	<i>Sul</i>	<i>su1</i>	<i>Sul</i>	<i>su1</i>
Hauteur de la plante (cm)	m	234,41±2,080***	199,87±2,080***	163,41±2,080***	177,53±2,080***	150,56±2,080***	166,11±2,080***
	a	-17,03±0,707***	-10,93±0,707***	-0,77±0,707***	-18,53±0,707***	-9,33±0,707***	-8,66±0,707***
	d	-1623,91±44,408***	-1063,91±44,408***	195,12±44,408***	-302,13±44,408***	-208,79±44,408***	-399,39±44,408***
	aa	-70,23±2,242***	-41,51±2,242***	15,58±2,242***	-7,48±2,242***	-1,63±2,242***	-19,03±2,242***
	ad	607,04±50,596***	943,20±50,596***	359,20±50,596***	700,16±50,596***	255,84±50,596***	-288,16±50,596***
	X^2 (dl)	74,43* (1) **	665,70 (1) ***	15,52 (1) ***	160,51 (1) ***	362,91 (1) ***	85,65 (1) ***
Stand (%)	m	72,82±2,080***	83,39±2,080***	68,12±2,080***	46,87±2,080***	46,82±2,080***	24,58±2,080***
	a	-8,85±0,707***	-6,59±0,707***	-0,15±0,707	-8,80±0,707***	0,33±0,707	-2,00±0,707***
	d	-445,62±44,408***	-673,03±44,408***	21,09±44,408	211,43±44,408***	-143,89±44,408**	256,88±44,408***
	aa	-21,11±2,242***	-34,91±2,242***	2,34±2,242	10,71±2,242***	-3,90±2,242	3,06±2,242***
	ad	645,28±50,596***	445,12±50,596***	168,00±50,596**	-124,80±50,596*	181,44±50,596***	106,56±50,596***
	X^2 (dl)	0,46 (1) ns	10,02 (1) **	4,45 (1) ns	0,005 (1) ns	0,40 (1) ns	5,57 (1) *

Tableau 16 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *su1*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du quatrième cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 × A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>su1</i>	<i>Sul</i>	<i>su1</i>	<i>Sul</i>	<i>su1</i>
N° d'épis	m	38,71±2,080***	26,50±2,080***	31,87±2,080***	30,58±0,641***	39,25±2,080***	10,21±2,080***
	a	-4,95±0,707***	-6,26±0,707***	-5,30±0,707***	-8,22±0,632***	-7,67±0,707***	-2,00±0,707***
	d	-419,80±44,408***	-300,64±44,408***	182,63±44,408***	105,41±19,010***	-201,88±44,408***	431,49±44,408***
	aa	-22,60±2,242***	-6,54±2,242***	8,11±2,242***		-7,60±2,242***	4,70±2,242***
	ad	122,24±50,596***	417,76±50,596***	-105,60±50,596*		394,88±50,596***	-74,88±50,596*
	X^2 (dl)	13,74 (1) ***	16,49 (1) ***	2,40 (1) ns	5,08 (3) ns	6,44 (1) *	72,41 (1) ***
Longueur d'épi (cm)	m	17,83±2,080***	11,50±0,407	16,85±0,407	15,00±0,407	13,86±0,407	12,70±0,407
	a	-1,55±0,707***					
	d	-99,35±44,408***					
	aa	-5,35±2,242***					
	ad	66,24±50,596***					
	X^2 (dl)	8,51 (1) **	4,85 (5) ns	1,60 (5) ns	6,63 (5) ns	3,32 (5) ns	7,66 (5) ns

Tableau 16 (Cont.). Estimation des effets génétiques: effet moyenne (m), additif (a), de dominance (d) et épistatiques (aa et ad) des plantes *Sul* et *sul*, et test de χ^2 sur les analyses des moyennes des générations du quatrième cycle d'autofécondation au niveau du deuxième dispositif (A619 × A632) à Alger (ENSA), Pontevedra en 2010 (MBG10) et à Pontevedra en 2011 (MBG11).

Traits	Effet génétique	ENSA		MBG10		MBG11	
		<i>Sul</i>	<i>Sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>	<i>Sul</i>	<i>sul</i>
N° de rangs/ épi	m	17,79±2,080***	13,50±0,407	14,15±0,407	14,25±0,407	14,07±0,407	13,71±0,407
	a	-2,53±0,707***					
	d	-90,38±44,408***					
	aa	-5,25±2,242***					
	ad	59,04±50,596***					
	X^2 (dl)	5,43 (1) *	1,50 (5) ns	7,57 (5) ns	8,90 (5) ns	4,78 (5) ns	4,58 (5) ns

ns, *, ** et ***, non significatif, et significatif à des niveaux de probabilité de 0,05, 0,01, et 0,001, respectivement. † degré de liberté.

Annexe III

Tableau 17. Intervalle des régions génomiques flanquants le locus *Su1*^a et position de la région génomique critique qui co-ségrège avec le locus *Su1*.

Population	Intervalle position (bp ^c)		Intervalle position (cM ^d)		Longueur totale ^b		La taille de la zone critique qui co-ségrège avec le locus <i>Su1</i>			
	Début	Fin	Début	Fin	bp	cM	Gauche (bp)	Droite (bp)	Gauche (cM)	Droite (cM)
B73 x P39										
RILs <i>Su1Su1</i>										
Maximum	3895352	245123514	0,1	141,1	Chr. ^e	141,1	33290165	195409499	53,7	85,9
Minimum	35769506	63722896	53,4	55,4	27953390	2	1416011	14008881	0,3	0,2
RILs <i>su1su1</i>										
Maximum	3895352	245123514	0,1	141,1	Chr.	141,1	33290165	195409499	53,7	85,9
Minimum	29031200	76122802	49,4	56,3	47091602	6,9	8154317	26408787	4,3	1,1
B73 x I14h										
RILs <i>Su1Su1</i>										
Maximum	3895352	245123514	0,1	141,1	Chr.	141,1	33290165	195409499	53,7	85,9
Minimum	35769506	63722896	53,4	55,4	27953390	2	1416011	14008881	0,3	0,2
RILs <i>su1su1</i>										
Maximum	3895352	245123514	0,1	141,1	Chr.	141,1	33290165	195409499	53,7	85,9
Minimum	35769506	79358903	53,4	56,5	43589397	3,1	1416011	29644888	0,3	1,3

^a Le locus *Su1* est situé entre la position 53.7 cM et la position 55.2cM sur la carte génétique de la NAM.

^b Le locus *Su1* locus est inclus dans l'intervalle. ^c Pair de base, ^d Centimorgan et ^e Chromosome entier.

Tableau 18. Marqueurs SNPs montrant une distorsion de ségrégation dans les populations (B73 x P39) et (B73 x Il14h) pour les allèles parentaux P39* et Il14h* vs l'allèle parental de la lignée B73, valeur du χ^2 et position génétique (cM) de chaque marqueur.

Population					
B73 × P39			B73 × Il14h		
Marqueurs	Valeur χ^2 †	cM‡	Marqueurs	Valeur χ^2	cM
PZA02138.1	26.0	33.8	PZA02385.6	25.3	39.2
PZA01122.1	28.7	33.9	PHM8527.2	25.3	40.4
PZA02385.6	45.0	39.2	PZA00139.4	27.1	43.9
PHM8527.2	45.0	40.4	PZA01422.3	37.7	47.7
PZA00139.4	56.1	43.9	PZA03048.18	42.7	48.3
PZA01422.3	71.4	47.7	PZA02457.1	58.9	49.4
PZA03048.18	83.0	48.3	PZA02002.1	53.0	49.4
PZA02457.1	101.7	49.4	PHM15427.11	109.4	52.1
PZA02002.1	95.9	49.4	PZA02705.1	109.4	52.1
PHM15427.11	115.5	52.1	PZA03247.1	129.7	52.8
PZA02705.1	115.5	52.1	PZA01106.3	114.7	52.8
PZA03247.1	130.8	52.8	PHM13623.14	114.7	52.8
PZA00541.1	119.3	52.8	PZA01713.4	114.7	52.8
PZA01106.3	116.3	52.8	PHM5572.19	114.7	52.8
PHM13623.14	116.3	52.8	PZA00541.1	114.7	52.8
PZA01713.4	116.3	52.8	PZA03385.1	129.0	53.4
PHM5572.19	116.3	52.8	PZA01751.2	129.0	53.7
PZA03385.1	134.5	53.4	PZA01759.1	162.0	55.4
PZA01751.2	155.0	53.7	PHM14055.6	162.0	55.4

Tableau 18 (Cont.). Marqueurs SNPs montrant une distorsion de ségrégation dans les populations (B73 x P39) et (B73 x Il14h) pour les allèles parentaux P39* et Il14h* vs l'allèle parental de la lignée B73, valeur du χ^2 et position génétique (cM) de chaque marqueur.

Population					
B73 × P39			B73 × Il14h		
Marqueurs	Valeur χ^2 †	cM‡	Marqueurs	Valeur χ^2	cM
PZA01759.1	163.0	55.4	PZA00726.8/10	162.0	55.4
PHM14055.6	163.0	55.4	PHM1307.11	162.0	55.4
PZA00726.8/10	163.0	55.4	bt2.7/4	161.0	55.8
PHM1307.11	163.0	55.4	PZA03254.1	155.4	56.0
bt2.7/4	161.0	55.8	PZA03587.1	155.4	56.0
PZA03254.1	154.1	56.0	PZA03597.1	149.3	56.1
PZA03587.1	154.1	56.0	PZA03270.2	138.1	56.3
PZA03597.1	154.1	56.1	PZA00218.1	138.1	56.4
PZA03270.2	152.2	56.3	PZA02767.1	134.0	56.5
PZA00218.1	144.5	56.4	PZA03564.1	120.8	57.0
PZA02767.1	140.5	56.5	PZA03203.2	114.6	57.4
PZA03564.1	137.5	57.0	PZA00104.1	110.4	57.7
PZA03203.2	137.5	57.4	PZA03231.1	110.4	57.9
PZA00104.1	137.5	57.7	PZB00093.7	106.4	58.3
PZA03231.1	137.5	57.9	PZA03409.1	105.6	58.6
PZB00093.7	126.3	58.3	PZA00704.1	105.6	58.6
PZA03409.1	126.3	58.6	fea2.3	105.6	58.8
PZA00704.1	126.3	58.6	PZA02027.1	102.6	58.8
fea2.3	127.2	58.8	PZA03459.1	103.8	58.9

Tableau 18 (Cont.). Marqueurs SNPs montrant une distorsion de ségrégation dans les populations (B73 x P39) et (B73 x Il14h) pour les allèles parentaux P39* et Il14h* vs l'allèle parental de la lignée B73, valeur du χ^2 et position génétique (cM) de chaque marqueur.

Population					
B73 × P39			B73 × Il14h		
Marqueurs	Valeur χ^2 †	cM‡	Marqueurs	Valeur χ^2	cM
PZA02027.1	127.2	58.8	PZA02147.1	95.0	60.6
PZA03459.1	126.3	58.9	PZA03152.3	89.5	61.8
PZA02147.1	105.9	60.6	PZA02982.7	89.5	61.8
PZA03152.3	105.0	61.8	PZA02992.15	89.5	62.0
PZA02982.7	105.0	61.8	PZA00057.2	80.4	65.9
PZA02992.15	104.2	62.0	PZA01926.1	80.4	69.8
PZA00057.2	83.8	65.9	PZA03116.1	31.9	75.3
PZA01926.1	83.8	69.8	PZA00453.2	29.0	76.2
PZA03116.1	34.7	75.3	PZA01289.1	24.4	77.2
PZA00453.2	33.1	76.2			
PZA01289.1	30.6	77.2			
PHM3155.14	23.3	78.4			

* Le locus *Su1* est situé entre la position 53.7 cM et la position 55.2cM sur la carte génétique de la NAM.

† Valeur χ^2 avec dl = 1 et la valeur *P* ajusté par la méthode de Bonferroni.

‡ Position sur la carte génétique de la NAM (cM)