



HAL
open science

Utilisation d'un modèle de culture pour évaluer le comportement des géotypes: Pertinence de l'utilisation d'Azodyn pour analyser la variabilité du rendement et de la teneur en protéines du blé tendre

Aude Barbottin

► To cite this version:

Aude Barbottin. Utilisation d'un modèle de culture pour évaluer le comportement des géotypes: Pertinence de l'utilisation d'Azodyn pour analyser la variabilité du rendement et de la teneur en protéines du blé tendre. Life Sciences [q-bio]. INAPG (AgroParisTech), 2004. English. NNT: . pastel-00001262

HAL Id: pastel-00001262

<https://pastel.hal.science/pastel-00001262>

Submitted on 19 Jul 2005

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



INSTITUT NATIONAL AGRONOMIQUE PARIS-GRIGNON



Ecole Doctorale ABIES

UMR d'Agronomie INRA de Grignon

THÈSE

pour l'obtention du titre de Docteur de l'Institut National Agronomique Paris-Grignon,

Discipline : Agronomie

présentée et soutenue publiquement par

Aude Barbottin

le 23 mars 2004

Utilisation d'un modèle de culture pour évaluer le
comportement des géotypes :
Pertinence de l'utilisation d'Azodyn pour analyser la
variabilité du rendement et de la teneur en protéines du
blé tendre

Jury :

Thierry Doré

R.Habib

G.Charmet

A.Ourry

D.Wallach

A.Boue

M.H.Jeuffroy

Professeur à l' INA-PG

Directeur de Recherches INRA

Directeur de Recherches INRA

Professeur à l'Université de Caen

Directeur de Recherches INRA

Semences de France

Directeur de Recherches INRA

Président

Rapporteur

Rapporteur

Examineur

Examineur

Examineur

Directeur de thèse

Remerciements

L'exercice des remerciements est sans doute le plus délicat car il est difficile de résumer en quelques mots ces trois ans qui viennent de passer. Je tiens à remercier chaleureusement toutes les personnes qui ont contribué à l'aboutissement de cette thèse. Tous de près ou de loin, vous avez permis que cette belle aventure se passe dans la joie et la bonne humeur.

Tout d'abord merci à Marie-Hélène Jeuffroy, qui durant ces trois ans aura été mon directeur de thèse. Merci de ta patience, de ta rigueur scientifique et surtout de ta gentillesse et de ta bonne humeur quotidienne, même dans ces derniers instants de rédaction, toujours trop précipités. Merci également à André Boue, qui m'a encadrée tout au long de ces trois années. Vous m'avez fait découvrir ce monde passionnant et ô combien complexe des systèmes que j'essayerai de garder en mémoire. Merci également pour la découverte des profils, je ne pourrai plus à présent chausser mes bottes sans penser à ces leçons d'agronomie appliquée.

Merci également aux membres de mon comité de pilotage, de m'avoir orientée à travers le délicat problème des variétés, des modèles et de l'interaction génotype – milieu. Merci à Claire Baril, Maryse Brancourt, François Gastal, Thierry Doré, Jean-Marc Meynard, Christophe Lecomte, Philippe Gate et Phillippe Lonnet. Merci à Christophe également pour sa patience et sa disponibilité lors de la mise en œuvre, sur les essais, de l'outil de diagnostic agronomique qu'il a mis au point.

Je voudrais remercier tout particulièrement les expérimentateurs du réseau, sans qui cette thèse ne serait pas. Merci à Paul Bataillon (INRA de Toulouse), Jean-Yves Morlais (INRA Rennes), Stéphane Gilles (INRA du Moulon), Pierre Bérard (INRA de Clermont-Ferrand), Denis Béghin (INRA de Mons) et merci ici encore à Christophe pour les expérimentations de Dijon. Merci de votre gentillesse et de votre disponibilité durant les deux années expérimentales et lors de ma venue sur vos essais. Sans vous, ce travail ne serait pas. Merci aussi particulièrement à Marcel Méausoone (station expérimentale de SERASEM), pour les essais de Lille. Merci de votre gentillesse et de votre bonne humeur. Chaque passage à Lille était pour moi un plaisir. Merci également à votre équipe qui nous a beaucoup aidés sur les essais. Je voudrais aussi remercier Jacques Troizier et son équipe pour les essais de Grignon où il a fallu faire cohabiter autant de variétés et de fertilisations azotées, sans oublier toute l'équipe technique du laboratoire pour les prélèvements et les dépouillements. Merci Béatrice, Gilles, Véronique, Christine S., Dominique et Richard.

Je tiens à présent à remercier tous ceux qui ont fait de cette thèse une joie quotidienne. Merci Christine pour les nombreux moments passés dans ton bureau ou au café. J'y ai trouvé une épaule compatissante pour mes déboires de thésarde. Merci à Jean-François pour nos nombreuses discussions et les « Ricola », merci aussi pour ton coup de main statistique et informatique. Merci également à David Makowski. Je te dois une bonne partie de cette thèse, nos nombreuses discussions de modélisation et tes fréquents coups de mains ont permis l'aboutissement de ce travail, mais tu sais bien qu'il est « complexe de faire simple ». Merci aux « Frédériques » (Frédérique Angevin et Frédéric Ferré) pour nos longues marches digestives et les mille questions botaniques qu'elles ont soulevées. Merci à Geneviève Baudran, qui a aussi fait partie de ces marches. Merci de votre gentillesse au cours des deux années passées dans le « vieux bâtiment » et, de votre calme face à mes lacunes « orthographe »...

Merci aux autres membres du laboratoire qui, de près ou de loin, ont fait passer trop vite ces trois années. Merci à Joëlle, Muriel, Laurence, Jean-Noël, Chantal (merci pour ta relecture), Patrick (pour ce joyeux séminaire espagnol), Catherine et Stéphanie. Merci également aux autres thésards du laboratoire, Agnès, Olivier, Sabah et Xinyuan et surtout Aurélie qui a partagé mon bureau ces derniers temps (merci aussi pour ta relecture).

Je tiens également à remercier les stagiaires qui m'ont aidée au cours de ces deux années de manips. Merci Marie-Célie, Sébastien, Guillaume et Nadia, pour votre aide et votre bonne humeur.

Merci enfin à mes parents sans qui ce travail n'aurait pas été possible et à Guillaume, qui m'a soutenue et supportée pendant ces trois années de thèse. Cette thèse est à présent finie aussi grâce à toi.

TABLE DES MATIERES

CHAPITRE 1 : INTRODUCTION GENERALE	- 4 -
CHAPITRE 2 : POSITION DU PROBLEME	- 8 -
1. Outils actuels d'analyse du comportement variétal	- 8 -
1.1. L'expérimentation variétale, base de l'analyse des géotypes	- 8 -
1.2. Outils biométriques d'analyse de l'interaction géotype environnement (IGE)	- 9 -
1.2.1. Les méthodes descriptives	- 10 -
1.2.2. Les modèles de régression	- 11 -
• Les modèles de régression simples	- 11 -
• Les modèles de régression factorielle et modèles multiplicatifs	- 12 -
Les modèles de régression factorielle	- 12 -
Les modèles multiplicatifs	- 13 -
• Utilisation des modèles statistique pour l'analyse du comportement variétal	- 13 -
1.3. Outils de diagnostic agronomique	- 14 -
1.4. Les modèles de culture et l'analyse du comportement variétal	- 15 -
2. Les modèles de culture : structure, concepts et formalismes	- 16 -
2.1. Structure générale des modèles de culture	- 16 -
2.2. Concepts et formalismes	- 17 -
2.2.1. Le développement	- 17 -
2.2.2. La croissance	- 17 -
• Production de biomasse à l'échelle du couvert	- 17 -
• Répartition de la biomasse produite entre organes	- 18 -
• L'azote dans la plante	- 18 -
2.2.3. L'élaboration dynamique du rendement et de la qualité	- 19 -
• Elaboration du rendement	- 19 -
• Elaboration de la qualité	- 20 -
2.2.4. Effet des contraintes environnementales sur le fonctionnement de la culture	- 21 -
• La prise en compte du stress hydrique dans les modèles de culture	- 21 -
Estimation d'un indice de stress	- 21 -
Effets de la contrainte hydrique	- 22 -
• La contrainte azotée dans les modèles de culture	- 22 -
Estimation d'un indice de stress	- 22 -
Effets d'une contrainte azotée	- 23 -
3. Problématique	- 24 -
CHAPITRE 3 : MATERIEL ET METHODES	- 30 -
4. Description du modèle Azodyn	- 30 -
4.1. Les variables d'entrée et de sortie du modèle	- 30 -
4.2. Description du module « sol »	- 31 -
4.3. Description du module « plante »	- 33 -
4.3.1. Accumulation de matière sèche et d'azote dans la culture entre sortie-hiver et floraison	- 33 -
4.3.2. Effets de la température et de l'azote sur les fonctions de croissance et l'élaboration du rendement	- 34 -
• Effet des carences azotées sur la croissance et le nombre de grains	- 35 -
• Effet de la température sur la croissance	- 36 -
4.3.3. Accumulation de carbone et d'azote dans les grains	- 36 -
• Offre et demande en matière sèche des grains	- 36 -
• Offre et demande en azote des grains	- 38 -
• Accumulation de matière sèche et d'azote dans la culture entre floraison et récolte	- 39 -

5. Expérimentations réalisées	- 42 -
5.1. Les géotypes	- 42 -
5.2. Essais de Grignon	- 44 -
5.2.1. Traitements expérimentaux	- 44 -
5.2.2. Mesures réalisées sur la culture	- 45 -
5.2.3. Prélèvements de sol	- 46 -
5.3. Réseau expérimental multilocal	- 47 -
5.3.1. Stations expérimentales	- 47 -
5.3.2. Les traitements expérimentaux	- 49 -
5.3.3. Suivi de la culture	- 50 -
5.4. Outils informatiques	- 52 -
CHAPITRE 4 : RESULTATS	- 53 -
6. Analyse du réseau d'essais et identification des facteurs environnementaux de la stabilité	- 54 -
6.1. Importance de l'IGE sur le réseau d'essais	- 54 -
6.2. Identification des facteurs environnementaux à l'origine de l'IGE	- 59 -
6.2.1. Application de la démarche du diagnostic au réseau d'essais	- 61 -
• Choix et caractéristiques des géotypes révélateurs	- 61 -
• Définition des indicateurs environnementaux	- 63 -
• Pertes de rendement observées sur le réseau expérimental	- 65 -
• Identification des variables explicatives des pertes de rendement sur l'ensemble des environnements	- 65 -
• Identification des principaux facteurs limitants dans chaque environnement	- 70 -
• Quelques remarques	- 73 -
6.3. Niveaux de stabilité des différents géotypes expérimentés	- 77 -
6.4. Implications pour l'évaluation du modèle Azodyn	- 79 -
7. Prise en compte de la variabilité génotypique dans le modèle Azodyn	- 81 -
7.1. Identification des paramètres génotypiques d'Azodyn	- 81 -
7.1.1. Premier tri des paramètres génotypiques	- 82 -
7.2. Recherche d'une variabilité génotypique sur les paramètres des fonctions de remobilisation et d'absorption d'azote	- 85 -
7.2.1. Recherche de l'effet du géotype sur l'efficacité de remobilisation	- 85 -
Choix d'une fonction représentative de la dynamique d'absorption	- 101 -
Analyse de l'effet du géotype sur la vitesse maximum d'accumulation.	- 102 -
Discussion	- 105 -
7.2.2. Estimation des valeurs des paramètres retenus pour chaque géotype	- 105 -
7.2.3. Estimation des valeurs génotypiques des paramètres liés au poids moyen d'un grain	- 106 -
• Principe de la méthode	- 106 -
• Estimation des PMG _x , RDT _x et nombre de grains seuil pour les 14 géotypes	- 109 -
7.2.4. Estimation des valeurs génotypiques des paramètres liés au nombre de grains	- 110 -
7.2.5. Estimation des valeurs génotypiques des variables d'entrées	- 112 -
7.3. Discussion	- 115 -
8. Analyse de sensibilité du modèle Azodyn aux paramètres et aux variables d'entrée génotypiques	- 117 -
8.1. Matériel et Méthodes	- 117 -
8.1.1. Méthodes d'analyse de sensibilité utilisées	- 117 -
8.1.2. Conditions de simulation et gamme de variation des paramètres et variables	- 119 -
• Gamme de variation des valeurs de paramètres et de variables	- 119 -
• Site pédoclimatiques	- 119 -
• Variables étudiées	- 120 -
8.2. Résultats	- 120 -
8.2.1. Facteurs influençant le rendement et la teneur en protéines.	- 120 -
8.2.2. Facteurs influençant les variables intermédiaires	- 121 -

8.2.3.	Cohérence de l'effet des facteurs sur les variables d'intérêt et les variables intermédiaires	- 124 -
8.2.4.	Identification des paramètres génotypiques auxquels le modèle est sensible	- 124 -
8.2.5.	Influence de la gamme explorée	- 125 -
8.2.6.	Influence de la gamme de variation des facteurs explorée sur les résultats de l'analyse de sensibilité	- 125 -
8.2.7.	Effets principaux et interactions	- 126 -
8.2.8.	Facteurs d'adaptation aux environnements	- 127 -
8.3.	Discussion - conclusion	- 133 -
8.3.1.	Identification des facteurs d'adaptation	- 133 -
8.3.2.	Influence des environnement considérés sur l'analyse de sensibilité	- 134 -
8.3.3.	Intérêt d'une approche factorielle dans l'analyse de sensibilité	- 134 -
9.	Evaluation du modèle	- 138 -
9.1.	Méthodes d'évaluation	- 139 -
9.1.1.	Critère d'évaluation général	- 140 -
9.1.2.	Comparaison des performances du modèle à un modèle de référence : qualité prédictive avec et sans paramétrage variétal.	- 140 -
9.1.3.	Biais et Variance : décomposition de la MSE	- 141 -
9.1.4.	Classement des variétés	- 142 -
9.2.	Application à Azodyn	- 143 -
9.2.1.	Base de données considérée	- 143 -
9.2.2.	Evaluation générale du modèle et intérêt du paramétrage variétal	- 143 -
•	Evaluation générale	- 143 -
9.2.3.	Intérêt du paramétrage variétal	- 150 -
9.3.	Utilisation du modèle pour prévoir le classement des géotypes dans chaque environnement	- 154 -
9.3.1.	Comparaison des classements observés et simulés	- 154 -
9.3.2.	Comparaison des distributions observées et simulées des fréquences de présence de chaque géotype par classe	- 155 -
9.4.	Discussion	- 157 -
	CHAPITRE V : DISCUSSION GENERALE ET CONCLUSION	- 162 -
10.	Discussion générale	- 162 -
11.	Conclusion	- 166 -
	REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES	- 168 -

CHAPITRE 1 : Introduction générale

CHAPITRE 1 : INTRODUCTION GENERALE

En grande culture, le contexte général de la production agricole en Europe a évolué au cours des dernières années. Après avoir suivi avec succès une politique d'accroissement de la production, les pouvoirs publics et les organismes des différentes filières agricoles se sont interrogés sur le bien fondé d'une telle voie de développement. Cette réorientation des systèmes de culture vers une politique générale de durabilité, de «bonnes pratiques agricoles», de «respect de l'environnement», est d'autant plus complexe que sur le plan économique, les marchés de masse restent dominants. Les agriculteurs tentent d'y répondre en maximisant la production par hectare, sans avoir réellement intégré la très forte baisse des prix des produits agricoles, qui devrait les pousser à désintensifier leurs pratiques.

A l'autre extrémité de la filière, les exigences en matière de qualité des produits ne font qu'accroître la complexité du système dans son ensemble : les marchés de niche se diversifient et des exigences spécifiques sur différents critères de qualité et différents modes de production se développent.

Dans le cas de la filière blé, les critères de qualité, imposés par les transformateurs, sont aujourd'hui de plus en plus souvent pris en compte dans les négociations commerciales, depuis les acheteurs de matières premières jusqu'aux producteurs, en passant par les organismes de collecte. Outre la qualité réglementaire (obligation pour un blé d'être exempt de défauts majeurs) et la qualité sanitaire, les autres acceptations de la qualité d'un blé portent sur l'usage du produit (Habib *et al.*, 1997).

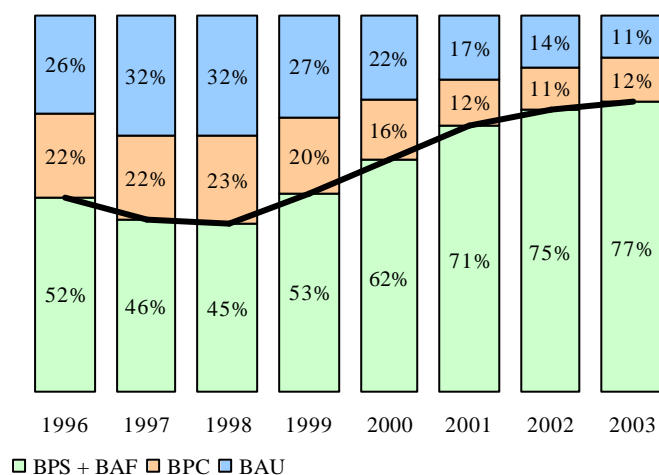
La qualité technologique du blé recouvre de nombreux critères qui dépendent de l'utilisation qui est faite des lots. Les principaux débouchés sont : l'alimentation humaine (panification artisanale, biscuiterie, panification industrielle), l'alimentation animale (élevages porcins, bovin et avicole), l'export ou l'amidonnerie (de la Borde, 2000; Noël, 2003; Roussel, 2001). Soixante pourcent de la production française est utilisée pour l'alimentation humaine, soit en meunerie (15%), soit par l'exportation des farines et des grains (45%). Cette utilisation majoritaire a conduit l'industrie meunière française à définir un ensemble de critères, issus d'un test à l'alvéographe de Chopin, caractérisant l'aptitude à la panification. Il s'agit de la force boulangère de la pâte, de son extensibilité et de sa ténacité. Pour tenir compte davantage des critères utilisés à l'étranger, l'ONIC¹ a proposé, en 1999, une nouvelle grille de classification des blés, basée sur trois indices qualitatifs : la teneur en protéines (TP), la force boulangère (W) et l'indice de chute de Hagberg (Hg) (**tableau 1**). Parmi tous ces indices qualitatifs, la teneur en protéines des grains est un facteur assez bien corrélé à différents critères utilisés en meunerie (W, Hg). Etant donné la rapidité et la facilité d'accès de la teneur en protéines des grains aux différents intervenants de la filière blé, depuis le développement des outils d'analyse dans le proche infrarouge, cet indice est souvent privilégié pour rendre compte de la qualité des lots de blé.

Tableau 1: Grille expérimentale des blés français. L'indice W représente la force boulangère de la pâte, c'est-à-dire les caractéristiques d'élasticité et de ténacité de la pâte. L'indice de chute de Hagberg (Hg), caractérise le démarrage des processus de germination à l'intérieur du grain (d'après Martin, 2000).

Classe	Taux de protéines (%)	Force Boulangère (W)	Indice de chute de Hagberg (s)
E	> 12	= 250	= 220
1	11 à 12,5	160 à 250	= 220
2	10,5 à 11	Selon classification contractuelle	= 180
3A	< 10,5	Non spécifié	Non spécifié
3B		Idem	
+ définie par un PS < à 74 kg/hl			

¹ ONIC : Office National Interprofessionnel des Céréales.

Les faibles teneurs en protéines observées à l'échelle nationale entre 1995 et 1998 (ONIC²) ont conduit l'ensemble de la filière à préconiser une utilisation plus intensive des variétés de qualité, ce qui s'est traduit, sur les cinq dernières années, par une augmentation croissante des surfaces emblavées en blés de haute qualité meunière (type blés panifiables supérieurs : BPS et blés améliorants : BAF) (**figure 1**). Parmi les dix premières variétés cultivées en France, qui représentent 70% des surfaces emblavées (**figure 2**), sept sont des BPS, dont les cinq premières (54% des surfaces). Compte tenu de la diversité génétique disponible, et de sa caractérisation en fonction des débouchés potentiels, le marché du blé français semble donc *a priori* particulièrement adapté aux exigences de qualité des différents utilisateurs des lots de blé. Cependant, plusieurs facteurs interviennent sur la valeur du couple rendement – protéines et la variété est un des principaux facteurs déterminants de la variabilité de la teneur en protéines observée entre lots de blé. Mais, pour une variété donnée, la qualité peut varier en fonction de l'environnement, c'est-à-dire du climat, du type de sol et de la conduite culturale, notamment de la fertilisation azotée. Enfin, il existe une forte interaction entre la variété et l'environnement : certaines variétés présentent une faible variabilité de la teneur en protéines et du rendement entre environnements, alors que d'autres, à l'inverse, ont des valeurs de rendement et de teneurs en protéines beaucoup plus variables. Finalement, certaines variétés sont bien adaptées à de nombreux environnements alors que d'autres sont particulièrement adaptées à des environnements spécifiques.



■ BPS + BAF ■ BPC ■ BAU

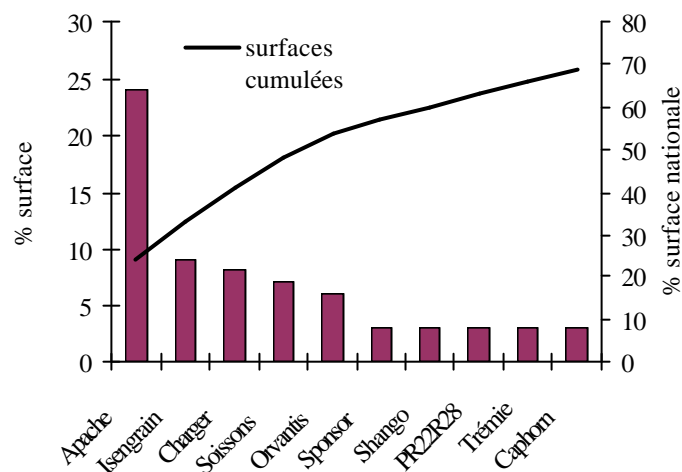


Figure 1 : Pourcentage des surface emblavées dans chacune des différentes classes de blé (BAF : blé améliorant ou de force, BAU : blé autres usages, BPC : blé panifiable courant, BPS : blé panifiable supérieur) (ONIC, 2001; ONIC, 2002; ONIC, 2003)

Figure 2 : Pourcentage de la surface nationale utilisée par les dix premières variétés de blé et cumul des surfaces utilisées par ces variétés pour la campagne 2003 (ONIC, 2001; ONIC, 2002; ONIC, 2003)

L'adaptation regroupe en fait deux notions distinctes : l'adaptation générale, qui représente la capacité que possède un génotype à valoriser des conditions de milieux variées, et l'adaptation spécifique, qui représente la capacité d'un génotype à valoriser des conditions particulières (Gallais, 1992a; Gallais, 1992b). Les génotypes adaptés à une large gamme de milieux sont particulièrement intéressants, mais ils présentent généralement des performances plus faibles que celles des génotypes adaptés à des environnements plus spécifiques. A l'opposé, si l'adaptation spécifique peut apparaître comme un frein au développement d'une variété/lignée, car son créneau de développement est limité à un ensemble d'environnements réduit, ces génotypes ont toutes les chances d'être préférables aux autres dans ce type de conditions, du fait de leurs niveaux de performance plus élevés.

² ONIC : Office National Interprofessionnel des Céréales.

Les causes de l'adaptation plus ou moins bonne d'une variété à un type d'environnement se trouvent dans le patrimoine génétique de chaque génotype. Pour le rendement, les facteurs de régularité tels que la résistance aux maladies, à la verse, ou au froid ont permis l'émergence de génotypes dont les niveaux de rendement sont plus stables que ceux des variétés ne présentant pas ces caractéristiques (Trottet et Doussinault, 2002). En revanche, les facteurs de régularité permettant de caractériser l'adaptation des génotypes à l'environnement pour les critères de qualité (teneur en protéines, W, indice de Hagberg, ...) ne sont pas connus.

Cette adaptation des variétés est en partie prise en compte, lors de l'inscription des variétés, par la ségrégation du réseau d'inscription en deux zones, Nord et Sud, compte tenu de leurs caractéristiques de précocité. Cependant, le contexte économique récent du marché du blé, caractérisé par une dégradation du rapport de prix entre blé et intrants et par une pression importante de la société contre l'usage intensif des produits phytosanitaires et des engrais accroît la fréquence d'apparition des facteurs limitant la production (Meynard et Jeuffroy, 2002). Ces situations augmentent l'intérêt de rechercher des variétés bien adaptées aux conditions de production. Ainsi, dans le cadre d'une étude récente sur l'intérêt économique de conduites à bas niveaux d'intrants, il a été démontré que, selon que le contexte de prix du blé était plutôt favorable ou défavorable, les couples variété x itinéraire technique permettant de maximiser la marge brute étaient très différents (Félix *et al.*, 2002; Félix *et al.*, 2003; Loyce *et al.*, 2001). Quand le prix du blé est élevé, les variétés productives et peu résistantes aux maladies, associées à des itinéraires techniques intensifs, sont les plus intéressantes, tandis qu'en situation de prix faible du blé, les conduites à bas niveau d'intrants deviennent plus intéressantes économiquement, à condition qu'elles soient associées à des variétés rustiques, c'est-à-dire à la fois productives et multirésistantes. La variété est donc un élément constitutif important du système de culture.

L'évolution des composantes du rendement et des gains de rendement s'est faite beaucoup plus rapidement par le passé que maintenant. L'étude des différences essentielles entre variétés modernes et anciennes a montré que les principaux progrès ont porté sur les indices de récolte (HI : harvest index) et sur le nombre de grains (Donmez *et al.*, 2001; Trottet et Doussinault, 2002). Le succès de la création variétale dépend de la capacité des lignées en sélection et des variétés inscrites à briser les relations négatives entre les différents traits qualitatifs et quantitatifs. Mais si les variétés issues de la sélection végétale répondent à ces critères, en relation avec des systèmes d'agriculture intensifs, aujourd'hui la prise en compte de la qualité, de l'impact de l'agriculture sur l'environnement et les différentes mesures agri-environnementales, conduisent à une réflexion sur une nouvelle gestion des variétés (Meynard et Jeuffroy, 2002). Un changement, quel qu'il soit dans une des composantes environnementales du blé devient alors une opportunité pour la sélection à modifier les types génotypiques, afin de créer des cultivars mieux adaptés aux nouvelles conditions (Austin, 1999). L'évolution des variétés et des itinéraires techniques ne s'est pas faite indépendamment : les variétés se sont adaptées aux techniques et, réciproquement, les techniques ont évolué car elles ont trouvé des variétés capables de les valoriser. Ajuster au mieux le choix d'une variété à un environnement donné (environnement comprend ici le site pédoclimatique et la conduite culturale) ne remet pas en cause les objectifs poursuivis par la sélection, liés aux marchés et à l'économie, mais permet de réfléchir de manière plus approfondie au cadre dans lequel les variétés sont sélectionnées et développées. Pour améliorer le rendement et la qualité, et donc accroître les chances d'atteindre le débouché visé, il faut de plus en plus optimiser le triptyque « variété-itinéraire technique-pédoclimat ».

L'évolution des pratiques agricoles vers des systèmes moins intensifs nécessite d'évaluer rapidement la capacité des nouvelles variétés à valoriser ces systèmes pour des conditions pédoclimatiques et agronomiques variées. Comme l'a montré Fargue (2002) sur l'exemple des flux de gènes, l'évaluation de nouveaux types variétaux qui seraient favorables à la limitation des flux de gènes ne peut être analysée que dans le cadre des systèmes de culture dans lesquels ces types variétaux seraient cultivés. Cette

évaluation des variétés est en pratique réalisée au cours des processus de création (sélection), d'inscription, de développement et d'utilisation des variétés. Il s'agit alors d'identifier pour ces différentes étapes des outils et des critères pertinents pour guider les différents utilisateurs dans le choix d'une variété pour un environnement donné.

L'objectif de la thèse présentée ici est d'analyser la possibilité d'utiliser un modèle de culture pour analyser et prévoir le comportement variétal, dans une gamme d'environnements variés, pour des variétés existantes ou à créer. Nous nous sommes interrogés sur les adaptations nécessaires de ces outils pour prendre en compte le comportement variétal et nous avons proposé des pistes d'évaluation de la capacité de tels outils à choisir la variété la mieux adaptée aux conditions du milieu considéré.

CHAPITRE 2 : Position du problème

CHAPITRE 2 : POSITION DU PROBLEME

Ce chapitre est organisé en trois sections :

- Un panorama rapide des outils d'analyse du comportement variétal, éprouvés et en cours de développement ;
- une présentation des principaux concepts et formalismes développés dans les modèles de culture disponibles ;
- et enfin, une description des principaux problèmes posés par les modèles de culture dans le cadre de l'analyse du comportement variétal ainsi que la démarche de notre travail.

1. Outils actuels d'analyse du comportement variétal

L'analyse du comportement des génotypes en fonction des caractéristiques du milieu est depuis longtemps un sujet de préoccupation important. Généralement, l'agronome cherche à adapter les techniques culturales aux variétés et, réciproquement, le sélectionneur cherche à adapter la variété aux techniques culturales. De nombreux traits phénotypiques, comme le rendement ou la teneur en protéines des grains, sont variables d'un environnement à un autre pour un génotype donné. Ces variations sont la résultante de trois facteurs : le génotype, l'environnement au sens large, avec des facteurs assez contrôlés comme les techniques culturales et des facteurs incontrôlés, comme les conditions climatiques, et, comme il n'y a que très rarement additivité des effets, les interactions entre le génotype et l'environnement. Ces interactions sont illustrées par la variation des différences entre génotypes d'un environnement à l'autre.

Au cours de ce chapitre, nous évoquerons les notions de stabilité et d'interaction génotype \times environnement (IGE³). Il est donc nécessaire de définir ce que signifient ces deux notions proches l'une de l'autre. La stabilité est une notion plus large que la notion d'interaction : elle caractérise l'importance des fluctuations d'un caractère observé (par exemple le rendement), pour un même génotype cultivé dans différents milieux. Plus un génotype est stable, moindre est sa variation phénotypique (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997). L'IGE représente la variation quantitative et qualitative, entre divers environnements, des différences entre génotypes. L'interaction perturbe en fait l'association que l'on peut faire entre valeur phénotypique et valeur génotypique d'un caractère (Kempton et Fox, 1997). C'est l'IGE qui permet d'expliquer que certains génotypes soient plus performants que d'autres pour un type d'environnement donné.

Nous présenterons ci-après différents outils qui visent à estimer, identifier et analyser les différences d'adaptation entre génotypes.

1.1. L'expérimentation variétale, base de l'analyse des génotypes

L'expérimentation variétale est, sans aucun doute, la méthode la plus utilisée au sein de la filière blé pour acquérir de la connaissance sur les variétés (Lecomte, *Com. Pers.*). Ses objectifs sont très nombreux au regard des acteurs de la filière (Lecomte, 2004, thèse en cours). Néanmoins, il apparaît clairement que l'objectif principal de ces essais est d'évaluer les performances (principalement rendement et teneur en protéines des grains) de différents génotypes dans des conditions variables. L'expérimentation s'appuie donc sur des essais variétaux (regroupant plusieurs génotypes ou variétés), multilocaux, très généralement pluriannuels et multitraitements. Une grande diversité de situations de culture et/ou d'itinéraires techniques est généralement recherchée dans le but de couvrir les types d'environnements que peuvent

³ IGE : Interaction Génotype \times Environnement

potentiellement rencontrer les génotypes une fois mis en culture. Suivant la stratégie envisagée (recherche de l'adaptation générale ou spécifique), on retiendra les génotypes les plus performants sur l'ensemble des milieux (adaptation générale) ou sur certains milieux en particulier (recherche de l'adaptation spécifique), individuellement ou par comparaison à des génotypes témoins.

Cette méthode, bien que lourde à mettre en place, est la plus couramment utilisée en sélection et par beaucoup d'acteurs de la filière (organismes multiplicateurs, organismes de développement, ANMF⁴, GEVES⁵, etc.). Si elle permet de juger un grand nombre de génotypes à la fois, sa principale limite est la faible capacité matérielle qu'ont généralement les responsables de ces essais à acquérir une connaissance précise de chaque génotype dans chaque situation, en dehors des variables suivies habituellement (précocité, résistance aux maladies, rendement et qualité). L'appréciation des causes de variation des performances entre milieux et génotypes est rarement recherchée. Elle est alors souvent issue de la connaissance *a priori* du matériel génétique utilisé (expertise du sélectionneur ou de l'expérimentateur).

1.2. Outils biométriques d'analyse de l'interaction génotype environnement (IGE)

L'information issue de l'expérimentation variétale est potentiellement riche. Des approches biométriques ont largement été développées dans le passé pour tenter de synthétiser cette information en dissociant les effets du génotype, du milieu et de l'interaction génotype × milieu au travers des modèles statistiques (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997).

Ces outils sont tous fondés sur une décomposition statistique des performances des génotypes dans différents environnements, du type modèle d'analyse de variance à deux facteurs avec interaction, ce qui peut s'exprimer par :

$$E[Y_{ge}] = \mu + \alpha_g + \beta_e + \alpha\beta_{ge} \quad [1]$$

où $E[Y_{ge}]$ représente l'espérance de la performance du génotype g dans l'environnement e ; μ représente la moyenne générale des performances estimée sur l'ensemble des environnements ; α_g : l'effet principal du génotype ; β_e : l'effet principal de l'environnement et $\alpha\beta_{ge}$: l'interaction entre le génotype et l'environnement (IGE⁶).

On distingue deux types d'IGE, illustrés sur la **figure 3** : les interactions quantitatives, si les classements des génotypes entre les différents lieux sont conservés mais que l'écart entre les génotypes est modifié ; qualitatives lorsqu'il existe des inversions de classement (Baril, 1992b; Foucteau, 2001). Les effets principaux du génotype (G) et de l'environnement E représentent les effets moyens du génotype et du milieu considéré par rapport à la moyenne générale, alors que le terme d'interaction du modèle représente la variabilité des performances du génotype avec le milieu qui n'est pas prise en compte dans l'effet principal G.

⁴ ANMF : Association Nationale de la Meunerie Française

⁵ GEVES : Groupe d'Etude et de contrôle des Variétés et des Semences

⁶ IGE : Interaction Génotype × Environnement

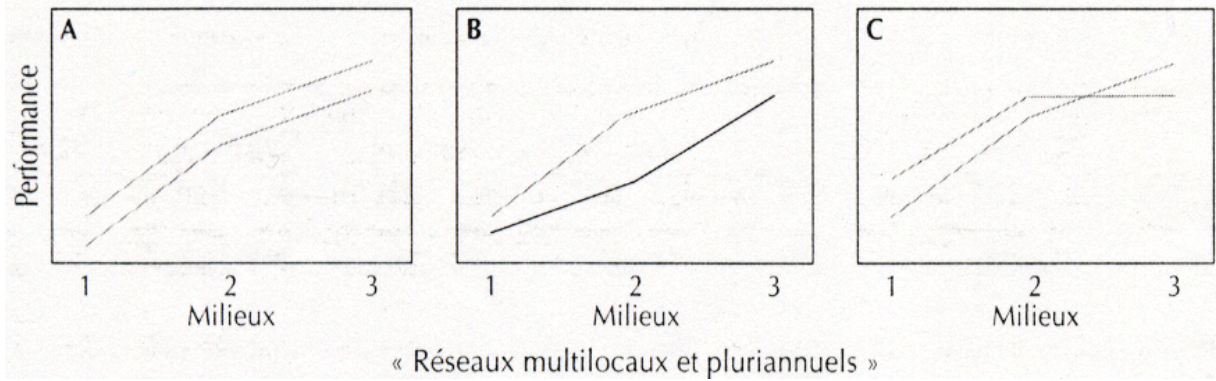


Figure 3 : Représentation schématique des réponses observées sur des réseaux multilocaux pour deux génotypes : a) courbe de réponse sans interaction (les courbes sont parallèles), b) interactions quantitatives (les écarts entre génotypes ne sont pas constants d'un environnement à l'autre) et c) interactions qualitatives (les classements des génotypes ne sont pas identiques d'un environnement à l'autre), d'après Brancourt (2000).

Le modèle d'analyse de variance permet d'identifier l'interaction, mais il ne permet pas de quantifier, pour chaque génotype, son influence dans les variations des performances, ni d'isoler les facteurs à l'origine de ces variations. Différentes méthodes, fondées sur des analyses de variance dérivées de la régression, tentent de modéliser plus précisément l'interaction. Elles permettent de décrire le comportement individuel d'un génotype sur un ensemble d'environnements. L'interaction génotype \times environnement est alors appréhendée à travers des statistiques descriptives (coefficient de régression, variance) et/ou des modèles de régression.

1.2.1. Les méthodes descriptives

La variance environnementale (Sg^2) (Becker, 1981; Lin *et al.*, 1986; Piepho, 1998) est une mesure de la variabilité intrinsèque du génotype sur un ensemble d'environnements. L'écart à la valeur moyenne des performances du génotype, compte tenu du nombre de milieux sur lequel il est testé, représente une mesure de sa stabilité. La variance environnementale est estimée par :

$$Sg^2 = \sum_{e=1}^E (Y_{ge} - Y_{g.})^2 / (E - 1) \quad [2]$$

où Y_{ge} représente la performance du génotype g dans l'environnement e , $Y_{g.}$ la performance moyenne du génotype g sur l'ensemble des environnements et E le nombre d'environnements considérés.

De façon similaire, l'écovalence variétale (Becker, 1981; Becker et Léon, 1988) est une mesure de la stabilité relative du génotype. Il s'agit de la contribution du génotype g à la somme totale des carrés des écarts de l'interaction. La stabilité du génotype n'est plus jugée dans l'absolu, mais relativement à celle des autres génotypes testés avec lui. L'écovalence variétale (Wg^2) est estimée par :

$$Wg^2 = \sum_{e=1}^E (Y_{ge} - Y_{g.} - Y_{.e} + Y_{..})^2 \quad [3]$$

où Y_{ge} représente la performance du génotype g dans l'environnement e ; $Y_{..}$ la performance moyenne de l'ensemble des génotypes sur l'ensemble des environnements ; $Y_{.e}$ la performance moyenne observée sur l'environnement e et $Y_{g.}$ la performance moyenne du génotype g . E représente le nombre total d'environnements considérés.

Ces critères étant basés sur la variance, plus leur valeur est élevée, plus les performances du génotype considéré sont instables. Parmi les méthodes les plus simples de mesure de l'interaction, les statistiques

descriptives apportent sans doute l'information la plus synthétique sur l'adaptation du génotype aux environnements.

1.2.2. Les modèles de régression

Pour décomposer les termes d'interaction, c'est-à-dire réduire la part d'incertitude liée à l'IGE⁷, différentes méthodes de régression ont été développées. Quelle que soit la méthode de régression considérée, les résultats sont fortement influencés par la qualité d'ajustement du modèle de régression aux données (R^2 du modèle) et par la part de l'interaction qu'il explique.

- Les modèles de régression simples

Parmi les modèles de régression, la régression conjointe est l'une des techniques les plus employées. Il s'agit de décomposer la résiduelle du modèle additif, c'est à dire du modèle ne prenant en compte que les effets principaux du génotype et du milieu, en réalisant une régression linéaire sur un index environnemental, très généralement estimé à partir de l'effet principal de l'environnement (\hat{b}_e) (**figure 4**) (Finlay et Wilkinson, 1963) :

$$E[Y_{ge}] = \mu + \alpha_g + \beta_e + \rho_g \hat{b}_e \quad [4]$$

où $E[Y_{ge}]$ représente l'espérance de la performance du génotype g dans l'environnement e ; μ représente la moyenne générale ; α_g , l'effet principal du génotype ; β_e l'effet principal de l'environnement et ρ_g le coefficient de régression du génotype g sur l'ensemble des environnements considérés.

Le paramètre ρ_g représente la sensibilité différentielle du génotype g à l'environnement. Les génotypes peuvent être comparés entre eux sur ce critère (Eberhart et Russel, 1966) et classés en plusieurs catégories, comparativement au génotype « moyen » ($\rho_g = 0$), suivant la valeur de leur coefficient : les génotypes valorisant bien les milieux favorables ($\rho_g > 0$), les génotypes bien adaptés aux milieux défavorables ($\rho_g < 0$) et les génotypes plus ou moins bien adaptés à l'ensemble des milieux ($\rho_g \approx 0$) (Finlay et Wilkinson, 1963).

De façon similaire, l'effet principal du génotype peut être introduit comme covariable, ce qui permet d'estimer des pentes environnementales.

Des modèles de régression plus élaborés permettent de décomposer ce terme de régression en un ensemble de covariables liées au génotype et à l'environnement. Ils permettent de caractériser l'adaptation spécifique des génotypes, c'est-à-dire les causes de l'adaptation au milieu. Il s'agit des modèles de régression factorielle et des modèles multiplicatifs en général (Denis, 1980; Denis et Vincourt, 1982)

⁷ IGE : Interaction Génotype × Environnement

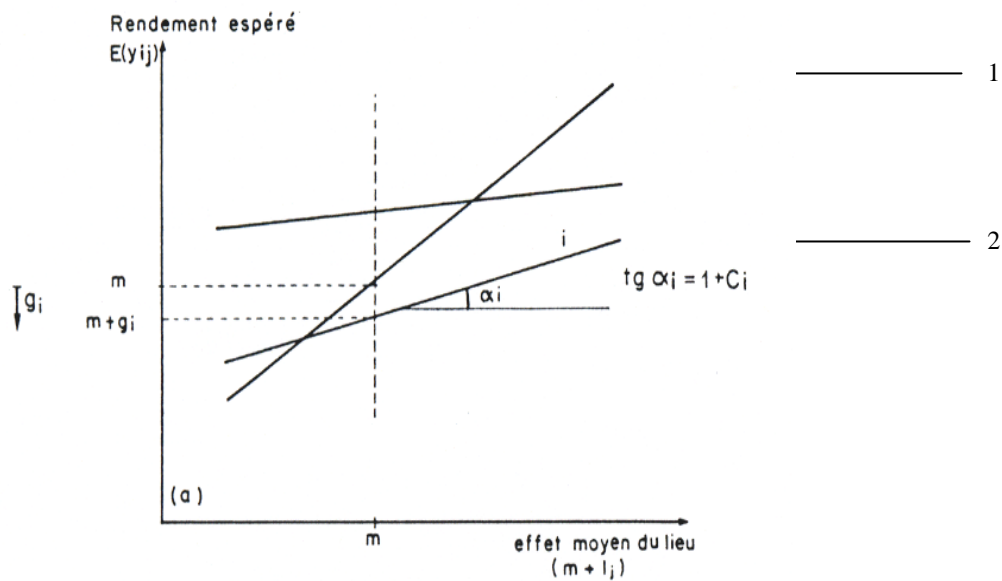


Figure 4 : Représentation de la régression conjointe pour un génotype g sur un ensemble d'environnements d'après Denis et Vincourt (1982). $E(Y_{ij})$ représente l'espérance du rendement ; m la valeur moyenne du rendement dans le milieu j ; $m + g_i$ la valeur du rendement du génotype i dans le milieu j . Les droites de régression sont représentées pour le génotype moyen (droite 1) de coefficient de régression de 1 et pour le génotype i (droite 2). Le coefficient $1 + C_i$ représente le coefficient de régression des rendements espérés du génotype g sur l'effet moyen du milieu.

• Les modèles de régression factorielle et modèles multiplicatifs

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

Les méthodes multiparamétriques, en revanche, permettent soit une modélisation de l'interaction seule, soit une modélisation simultanée des effets d'interaction et des effets principaux du génotype et de l'environnement (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997). On distingue les modèles de régression factorielle, les modèles multiplicatifs, les modèles de régression multiple ainsi que de nombreux autres (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997). Nous ne présenterons ici que les deux principaux types de modèles rencontrés dans la littérature : les modèles de régression factorielle et les modèles multiplicatifs.

Les modèles de régression factorielle

Les modèles de régression factorielle sont un peu plus complexes que le modèle de régression conjointe. Les génotypes y sont également caractérisés par des coefficients de régression, mais ces régressions s'effectuent sur plusieurs index simultanément (Denis, 1980; Denis et Vincourt, 1982). Les covariables qui définissent ces index environnementaux sont issues des mesures réalisées sur les différents environnements et les différents génotypes. Le modèle de réponse du génotype g dans l'environnement e prend alors la forme :

$$E[Y_{ge}] = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_{hk} X_{he} \cdot \eta_{hk} \cdot Z_{kg} + \sum_h \rho_{gh} X_{he} + \sum_k \rho_{ek} Z_{kg} \quad [5]$$

où $E[Y_{ge}]$ représente l'espérance de la performance du génotype g dans l'environnement e ; μ représente la moyenne générale ; α_g l'effet principal du génotype ; β_e l'effet principal de l'environnement et ρ_{gh} le coefficient de régression du génotype g pour les H covariables X de l'environnement e ; η_{ek} les

paramètres de régression de l'environnement e pour les K covariables Z du génotype g et θ_{hk} correspond au coefficient des croisements de covariables qui ne dépendent ni de l'environnement, ni du génotype.

Les covariables génotypiques représentent les origines génétiques de l'interaction, tandis que les covariables relatives au milieu représentent les facteurs du milieu responsables des différences d'adaptation, comme par exemple les facteurs limitants du rendement identifiés à l'aide des génotypes révélateurs (Brancourt-Hulmel et Lecomte, 1994). Chaque mesure dont on dispose peut faire l'objet d'une covariable et seules sont retenues comme covariables celles qui expliquent la plus grande part de l'interaction. Comme dans le cas de la régression conjointe, le signe des coefficients renseigne sur l'adaptation des génotypes, par comparaison au génotype « moyen ». Les génotypes bien adaptés auront des coefficients positifs, les génotypes mal adaptés auront des coefficients négatifs (Denis, 1980; Denis et Vincourt, 1982).

Les modèles multiplicatifs

Le modèle multiplicatif permet également de décomposer l'interaction comme une somme de produits entre des valeurs caractérisant les génotypes et des valeurs caractérisant les milieux (van Eeuwijk, 1995). Dans le cas complet, l'estimation du modèle d'interaction multiplicative revient à ajuster le modèle additif, puis à effectuer la décomposition des résidus en valeurs singulières. Cette technique est également utilisée dans les analyses en composantes principales (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997). L'avantage des modèles multiplicatifs est qu'ils permettent d'expliquer une forte part de l'interaction avec un nombre réduit de variables. Le modèle multiplicatif s'écrit :

$$E[Y_{ge}] = \mu + \alpha g + \beta e + \lambda_1 \gamma_{g1} \delta_{e1} + \lambda_2 \gamma_{g2} \delta_{e2} + \dots \quad [6]$$

où μ représente la moyenne générale ; αg l'effet principal du génotype ; βe l'effet principal de l'environnement ; λ_1 la valeur singulière caractérisant la part de l'interaction expliquée par le terme 1 ; γ_{g1} les scores associés aux génotypes précisant les contrastes mis en cause dans le terme 1 et δ_{e1} les scores associés aux environnements précisant les contrastes mis en cause dans le terme 1. λ_2 , γ_{g2} et δ_{e2} sont respectivement associés au terme 2, etc.

Une des principales particularités de ces termes, qui sont une généralisation des variables des modèles factoriels, est qu'ils sont hypothétiques et représentent une combinaison de facteurs (comme dans le cas d'une analyse en composantes principales).

- Utilisation des modèles statistiques pour l'analyse du comportement variétal

Parmi l'ensemble des modèles et des mesures de l'IGE⁸, seuls les modèles intégrant des variables explicatives caractérisant le milieu et/ou le génotype apportent une interprétation « biologique » de l'interaction, à l'aide de caractéristiques spécifiques des génotypes (sensibilité aux maladies, précocité...) et des environnements (fortes températures, maladies, déficit hydrique...). L'interprétation des facteurs de variation du comportement variétal dépend alors de la validité agronomique des variables identifiées comme explicatives de l'interaction.

Des exemples de l'utilisation des différents types de modèle dans le cadre de l'étude des interactions génotype \times environnement existent pour de nombreuses espèces, et portent principalement sur le rendement. Sur le blé, Brancourt et Lecomte (1994) ont ainsi montré, par régression factorielle, que les interactions génotype \times environnement étaient principalement dues aux facteurs influençant le rendement pendant la période de remplissage des grains et relativement peu aux facteurs influençant la phase levée-floraison. Un travail similaire sur le blé, mais réalisé pour des conditions environnementales différentes, a mis en évidence l'importance du poids de mille grains dans l'explication des variations de rendement

⁸ IGE : Interaction Génotype \times Environnement

(Baril, 1992a). Sur maïs, Epinat-Le Signor *et al.* (2001) ont montré que la précocité des variétés de maïs, en relation avec le déficit hydrique, permettait d'expliquer une part importante de l'interaction. Ce type de démarche analytique des IGE⁹ pour le rendement a également été mené sur soja (Rao *et al.*, 2002), tournesol (Foucteau *et al.*, 2001), ray-grass (Charmet *et al.*, 1993), pomme de terre (Baril *et al.*, 1995) et pour de nombreuses autres cultures.

La caractérisation des critères d'adaptabilité pour des variables relatives à la qualité des récoltes reste relativement peu fréquente dans la littérature. Une des raisons est que la qualité est généralement multicritère, représentée par de nombreuses variables. Pour le blé, dans le cadre d'une étude des critères de qualité biscuitière et boulangère, Basset *et al.* (1989) ont montré, par analyse de variance (mesure des interactions) et régression conjointe, que l'on pouvait caractériser les génotypes pour leur stabilité, sur des critères qualitatifs relatifs à la farine de blé, dont la teneur en protéines. De façon similaire, Robert et Denis (1996) ont montré qu'en combinant les modèles additifs, de régression conjointe et les modèles biadditifs, on pouvait identifier des groupes génotypiques sur quatre critères de l'alvéographe de Chopin.

L'information apportée par les outils biométriques est proportionnelle à leur degré de complexité. Suivant que l'on s'intéresse à l'adaptation générale ou à l'adaptation spécifique, voire aux causes de l'adaptation, les modèles utilisés sont différents. Ils permettent d'identifier les différences d'adaptation entre génotypes et de les expliciter en décomposant l'interaction génotype \times environnement (cas des modèles de régression factorielle et des modèles multiplicatifs). Cependant, une des principales limites de l'analyse des interactions par les modèles biométriques est que la fréquence d'observation de ces interactions est très variable, ainsi que leur niveau d'intensité (part de l'interaction dans le modèle d'analyse de variance). Les valeurs d'adaptabilité obtenues par régression présentent une faible répétitivité entre essais et entre groupes de génotypes : un génotype stable dans un groupe de génotypes donné peut être instable pour un groupe différent (Fox *et al.*, 1985). La portée des résultats observés dans une expérimentation est donc peu généralisable à des conditions expérimentales différentes, ce qui rend difficile la prévision du comportement d'un génotype dans un environnement nouveau.

1.3. Outils de diagnostic agronomique

Très généralement, sur des essais multi-environnementaux, l'effet des facteurs de l'environnement sur la variation d'un caractère phénotypique est plus important que l'effet du génotype. Un des principaux problèmes qui se pose dans l'analyse de l'interaction génotype \times environnement est de caractériser les facteurs du milieu, ou plus précisément les variables du milieu, qui sont à l'origine des différences de performances observées entre génotypes.

Plusieurs démarches sont possibles pour caractériser les environnements, la plus couramment mise en œuvre est sans doute celle du diagnostic agronomique (Doré *et al.*, 1997). Il vise à mettre en évidence la ou les origines du dysfonctionnement de la culture par la confrontation entre l'état du milieu et l'état des capteurs de la culture, et ce pour différentes périodes au cours du cycle. La caractérisation du milieu passe par des mesures qui peuvent être parfois lourdes à réaliser, ce qui rend une telle démarche difficile dans le cadre d'un programme de sélection.

Une démarche similaire à celle du diagnostic agronomique à l'échelle de la parcelle consiste à caractériser les environnements à l'aide de « génotypes révélateurs ». Les génotypes révélateurs sont des génotypes dont on connaît *a priori* l'adaptation à certains facteurs du milieu (comme le gel ou les maladies), et pour lesquels on dispose de valeurs de référence (valeurs seuil ou potentielles) vis à vis du fonctionnement, qui est très généralement appréhendé par l'intermédiaire du rendement ou de ses composantes. Les observations qui peuvent être faites sur la culture se limitent alors à ces seuls génotypes, choisis

⁹ IGE : Interaction Génotype \times Environnement

judicieusement afin de couvrir la gamme des précocités observées dans les essais (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999; Desclaux *et al.*, 2000). Un génotype peut donc être adapté à un milieu ou un ensemble de milieux, soit parce qu'il n'a pas rencontré le facteur limitant qui caractérise ce(s) milieu(x) (différence de précocité entre génotypes), soit parce qu'il est résistant au facteur commun à ces milieux (maladies foliaires par exemple). Un des principaux avantages de cette méthode est que les observations se limitent à un petit nombre de génotypes (en général deux ou trois), pour caractériser un environnement dans lequel peuvent être implantés une dizaine à une cinquantaine de génotypes. Une illustration de cette démarche est présentée dans la suite de ce document, ainsi que les limites de cette approche de l'environnement (chapitre 4 section 1).

1.4. Modèles de culture et analyse du comportement variétal

L'utilisation des modèles de culture dans le cadre de l'analyse de l'effet des caractéristiques variétales sur le produit du système de culture, c'est-à-dire sur la production et la qualité, est une des pistes de travail proposées par certains modélisateurs et biométriciens afin d'analyser les facteurs d'adaptabilité pour le rendement ou pour toute autre composante d'intérêt (Saulescu et Kronstad, 1995 ; Shorter *et al.*, 1991). Cependant, peu d'études se sont explicitement penché sur la question. Il s'agit dans la majorité des cas d'une approche parallèle, soit par analyse de sensibilité, soit par analyse des sorties du modèle, sans réelle hiérarchisation des facteurs. Ainsi, Asseng *et al* (2002a) dans le cas du blé tendre d'hiver ont montré l'effet de la variation de quatre caractères génotypiques pris individuellement ou en commun sur le rendement d'une culture de blé, pour trois types d'environnement (très productif, moyennement productif et faiblement productif). L'effet de ces caractères génotypiques sur le rendement était en relation directe avec l'environnement étudié, reproduisant en cela l'effet des interactions génotype \times environnement. Hammer et Vanderlip (1989) ont étudié l'effet de caractères physiologiques (efficacité d'utilisation du rayonnement en fonction de la température et vitesse de développement) par l'intermédiaire de quatre génotypes hypothétiques représentatifs des différents types génotypiques de sorgho cultivés. Enfin, l'effet des caractères génotypiques peut être appréhendé dans son ensemble par la comparaison des performances simulées des génotypes aux performances mesurées (classement des génotypes entre environnements) et par la mesure de variables biométriques caractéristiques de l'analyse des IGE¹⁰ (Mavromatis *et al.*, 2001) telles que les pentes de régression conjointe à partir des variables simulées par les modèles.

Les modèles de culture ne s'intéressent pas directement aux interactions génotype \times environnement. En fait, ils intègrent dans leur formalisme ces interactions, en prenant en compte les différences génotypiques au travers des caractères spécifiques, et permettent d'analyser l'effet de ces caractéristiques sur des variables comme le rendement ou la teneur en protéines pour des environnements variés (Austin, 1985 ; Smith et Gooding, 1999). Les premiers exemples de l'utilisation des modèles de culture dans la compréhension des facteurs d'adaptation des génotypes aux milieux sont tout à fait encourageants et satisfaisants. Cependant, il existe quelques contraintes inhérentes à l'utilisation des modèles de culture dans l'analyse du comportement des génotypes, ces contraintes étant directement liées aux formalismes et à la structure des modèles de culture utilisés.

¹⁰ IGE : Interaction Génotype \times Environnement

2. Les modèles de culture : structure, concepts et formalismes

Depuis les premiers essais de modélisation (de Wit, 1965 ; *cité* par Bonhomme, 1997), les modèles de culture se sont largement développés, offrant un outil de réflexion innovant sur les relations entre les cultures et leur environnement. L'intérêt de ces modèles est qu'ils donnent une représentation quantitative et, pour la plupart, dynamique, de l'action combinée des différents facteurs environnementaux sur le fonctionnement d'ensemble de la culture.

Les modèles de culture représentent le fonctionnement du système Sol-Plante dans son environnement physique et technique. Ils visent à estimer des grandeurs agronomiques telles que le rendement, la date de récolte, la consommation en eau, en azote, ou l'impact environnemental de techniques culturales sur le système (lixiviation des nitrates par exemple). Ces grandeurs agronomiques sont estimées à partir de calculs de flux de matière ou d'information entre les différents compartiments du système.

La complexité des relations existant dans le système Sol-Plante ne peut être prise en compte dans son ensemble. Les modèles de culture reposent donc sur une hiérarchisation des processus en fonction des variables de sortie visées et des conditions de leur utilisation. Ils sont donc une représentation simplifiée du système en interaction avec le climat et les pratiques agricoles.

Les modèles de culture se sont développés à partir d'une modélisation initiale de la production de biomasse (de Wit, 1965 ; *cité* par Bonhomme, 1997) et se sont complexifiés afin de prendre en compte des fonctions de plus en plus nombreuses du développement, de la croissance, du rendement, de la qualité et de l'effet des contraintes du milieu sur le fonctionnement de la culture.

2.1. Structure générale des modèles de culture

Les modèles sont constitués d'un ensemble de relations mathématiques décrivant le fonctionnement du système Sol-Plante de manière dynamique, dont le pas de temps est le plus souvent journalier, c'est à dire qu'ils décrivent l'état du système chaque jour (Whisler *et al.*, 1986). Ils comprennent un ensemble de variables d'entrée (climat journalier, techniques culturales, état initial du système au démarrage de la simulation), de paramètres (coefficients des équations mathématiques), de variables d'état (les variables décrivant le système chaque jour, par exemple la biomasse aérienne de la culture), et de variables de sortie (à la fin de la simulation) comme le rendement à la récolte, l'efficacité d'utilisation de l'eau ou de l'azote au cours du cycle de culture.

Selon la nature des variables d'état décrites dans le modèle et les équations mathématiques simulant leur évolution, on distingue les modèles de type « mécaniste » et les modèles de type « empirique » (Monteith, 1996 ; Passioura, 1996 ; Whisler *et al.*, 1986). Les modèles de type mécaniste décrivent et quantifient chaque processus, sur des bases physiques ou physiologiques, c'est-à-dire que les équations décrivent finement les processus tels que la respiration, la croissance et le développement de chaque organe. Dans les modèles de type « empirique », les relations décrivant ces processus sont une simplification des relations complexes existant au sein du système. Il s'agit par exemple de simples régressions linéaires entre deux variables d'état.

Les modèles de culture sont des modèles à compartiments, reliés entre eux par des flux de matière dépendant d'un pilotage énergétique et des flux d'information. Ils se déclinent généralement en quatre modules, ou quatre unités. Trois de ces modules se consacrent à la description du fonctionnement de la culture en terme de croissance et de développement, le quatrième se consacre à la description du sol.

2.2. Concepts et formalismes

L'ensemble des concepts intégrés dans les modèles de culture correspond à une représentation particulière du système Sol-Plante. Cette représentation est la conséquence d'un point de vue, adopté par le modélisateur et l'utilisateur, sur le système, en fonction des objectifs d'utilisation du modèle. Cette représentation du système implique donc un domaine de validité, c'est-à-dire qu'elle permet de discriminer les situations dans lesquelles le modèle est effectivement représentatif du fonctionnement du système et celles où ce fonctionnement n'est plus réaliste.

2.2.1. Développement

Le module de phénologie simule les dates d'apparition des principaux stades de la culture : levée, stades végétatifs, floraison et stades reproducteurs. Cette échelle de temps « physiologique » fixe les principales phases de croissance des différents types d'organes, végétatifs et reproducteurs. La température est le moteur du développement. L'échelle de temps physiologique est basée sur la notion de somme de degrés-jour (Durand, 1967), qui repose sur une approximation linéaire de la courbe de réponse de la vitesse de développement à la température. La température de base, seuil au-dessous duquel les températures ne sont pas efficaces pour le développement, est généralement dépendante de l'espèce (0°C pour le blé) (Jamieson *et al.*, 1998a ; Weir *et al.*, 1984). Dans le cas du blé, le passage de l'état végétatif à l'état reproducteur dépend de la température mais également de la photopériode et de la vernalisation (effet cumulé de basses températures), ces besoins étant variables en fonction du génotype. Les modèles fonctionnant sur l'ensemble du cycle de culture (semis-récolte) prennent en compte ces effets, en plus de ceux de la température (Brisson *et al.*, 1998 ; Ritchie et Otter, 1984).

2.2.2. Croissance

Le module de croissance décrit la production et l'accumulation de biomasse dans les parties aériennes seules ou dans la plante entière (parties aériennes et racines). Quels que soient les formalismes utilisés, la biomasse produite est issue de l'interception de l'énergie lumineuse au niveau des organes photosynthétiques et de la conversion de cette énergie en assimilats carbonés.

- Production de biomasse à l'échelle du couvert

La première approche proposée dans les modèles décrivait la production de biomasse à l'échelle de la plante entière comme la somme des photosynthèses de chaque feuille, diminuée de leurs pertes respiratoires (Van Keulen et Seligman, 1987 ; Weir *et al.*, 1984). Cette approche nécessitait de prendre en compte des phénomènes nombreux et complexes et les paramètres des relations à estimer étaient parfois difficiles d'accès et très sensibles aux variations de l'environnement. Depuis, une approche plus empirique, basée sur les travaux de Monteith (1972), a été développée. La culture est assimilée à un capteur d'énergie lumineuse unique, caractérisé par sa surface interceptrice (surface foliaire ou LAI) et à un transformateur d'énergie lumineuse. La production de biomasse est décrite comme une fonction linéaire du rayonnement intercepté par la culture, lui-même étroitement lié à la surface foliaire de la culture et au rayonnement global incident (Varlet-Grancher, 1987). La production de biomasse est estimée par :

$$\begin{aligned} \text{dMS} &= \text{eb} \times \text{ei}_{\text{max}} \times (1 - \exp(-k \times \text{LAI})) \times \text{PAR}_{\text{inc}} \\ \text{PAR}_{\text{inc}} &= 0,48 \times \text{RG} \end{aligned} \quad [7]$$

où [eb] représente l'efficacité de conversion de l'énergie lumineuse ; $[\text{ei}_{\text{max}} \times (1 - \exp(-k \times \text{LAI}))]$ l'efficacité d'interception en fonction de la surface foliaire (LAI) et PAR_{inc} représente le rayonnement

incident actif pour la photosynthèse. Le rayonnement incident photosynthétiquement actif est estimé comme le produit du rayonnement global RG et d'un coefficient constant.

Cette approche, proposant une modélisation plus robuste de la biomasse produite, avec des paramètres plus faciles à estimer, a été reprise depuis dans de nombreux modèles (Amir et Sinclair, 1991 ; Brisson *et al.*, 1998 ; Jamieson *et al.*, 1998a ; Jeuffroy et Recous, 1999 ; Ritchie et Otter, 1984).

La surface foliaire de la culture intervient directement dans la simulation des processus d'interception et de conversion de l'énergie lumineuse. Elle peut alors être estimée soit par la somme des surfaces foliaires individuelles de chaque feuille présente sur la plante (Amir et Sinclair, 1991 ; Weir *et al.*, 1984), soit globalement en multipliant tout ou partie de la biomasse végétative par un paramètre de surface spécifique (rapport entre surface et masse foliaire) (O'Leary *et al.*, 1985 ; Stöckle *et al.*, 2003), soit par une courbe simulant l'évolution de cette surface foliaire directement en fonction du temps thermique (Brisson *et al.*, 2003), soit par une relation fonction de la quantité d'azote accumulée dans les parties aériennes de la culture (Jeuffroy et Recous, 1999 ; Olesen *et al.*, 2002 ; Van Keulen et Stol, 1991). L'évolution de cet indice foliaire au cours du temps est généralement rythmée par les stades de développement de la culture (Brisson *et al.*, 1998).

Après la floraison, l'évolution de l'indice foliaire au cours du temps rend compte de la sénescence du couvert, c'est-à-dire que le modèle simule une réduction de l'indice foliaire, liée aux remobilisations d'azote des parties végétatives vers les organes reproducteurs (Sinclair et de Wit, 1976). Cette réduction est simulée dans les modèles soit par l'intermédiaire d'une durée de vie des feuilles constante en degrés-jours (Stöckle *et al.*, 2003 ; Williams *et al.*, 1989), soit comme une fonction du statut azoté de la plante (Jeuffroy *et al.*, 2000a).

- **Répartition de la biomasse produite entre organes**

La répartition des assimilats carbonés issus de la photosynthèse entre les organes puits (accumulant la biomasse) présents sur la plante est plus ou moins détaillée suivant les modèles, selon le degré de description des organes présents. Dans les modèles décrivant précisément le devenir de chaque organe individuel (Asseng *et al.*, 2002b ; Porter, 1993 ; Ritchie et Otter, 1984 ; Weir *et al.*, 1984), la croissance de chaque organe est simulée dès son apparition, pilotée par le module phénologique. La répartition de la biomasse entre les différents organes existants se fait *via* des coefficients de répartition et d'éventuelles priorités. Pour les modèles qui ne décrivent pas les organes individuellement, la biomasse de la culture reste gérée à un niveau global pendant la phase végétative (Brisson *et al.*, 1998 ; Jamieson *et al.*, 1998a ; Jeuffroy et Recous, 1999 ; Stöckle *et al.*, 2003 ; Williams *et al.*, 1989).

La répartition des assimilats durant la période reproductrice dépend de l'apparition de nouveaux organes puits : les grains. La modélisation du fonctionnement de la culture au cours de cette période est alors modifiée par la présence de ces nouveaux organes. Les modifications de ce fonctionnement sont décrites plus loin avec l'élaboration du rendement.

- **L'azote dans la plante**

Les besoins en azote de la culture sont étroitement liés à l'accumulation de biomasse (Lemaire et Gastal, 1997), ce qui génère une liaison forte entre la fonction de croissance et la fonction de nutrition azotée.

Dans les modèles, l'absorption d'azote est généralement fondée sur la confrontation des besoins en azote de la culture avec l'offre en azote du sol. L'estimation des besoins est basée sur l'utilisation de courbes de concentration en azote, maximale, critique et minimale, qui représentent la teneur en azote attendue pour la culture sur l'ensemble du cycle sous différentes conditions (Stöckle et Debaeke, 1997) : la croissance de la culture n'est pas limitée par l'azote si la concentration en azote de celle-ci est égale ou supérieure à une teneur critique, la teneur maximale en azote déterminant le maximum d'absorption (Angus et Moncur, 1985). Les valeurs de % N maximale, % N minimale et % N critique évoluent au cours du cycle de la culture suivant une dynamique liée à la croissance en biomasse (Brisson *et al.*, 1998 ; Jeuffroy et

Recous, 1999 ; Stöckle *et al.*, 1994) ou à des stades de développement (Porter, 1993 ; Williams *et al.*, 1989) (**figure 5**).

Les modèles considérant l'évolution de chaque organe de la culture estiment l'absorption d'azote comme une fonction de la teneur en azote des différents organes simulés, tiges, feuilles et grains, et de leur biomasse (Jamieson et Semenov, 2000).

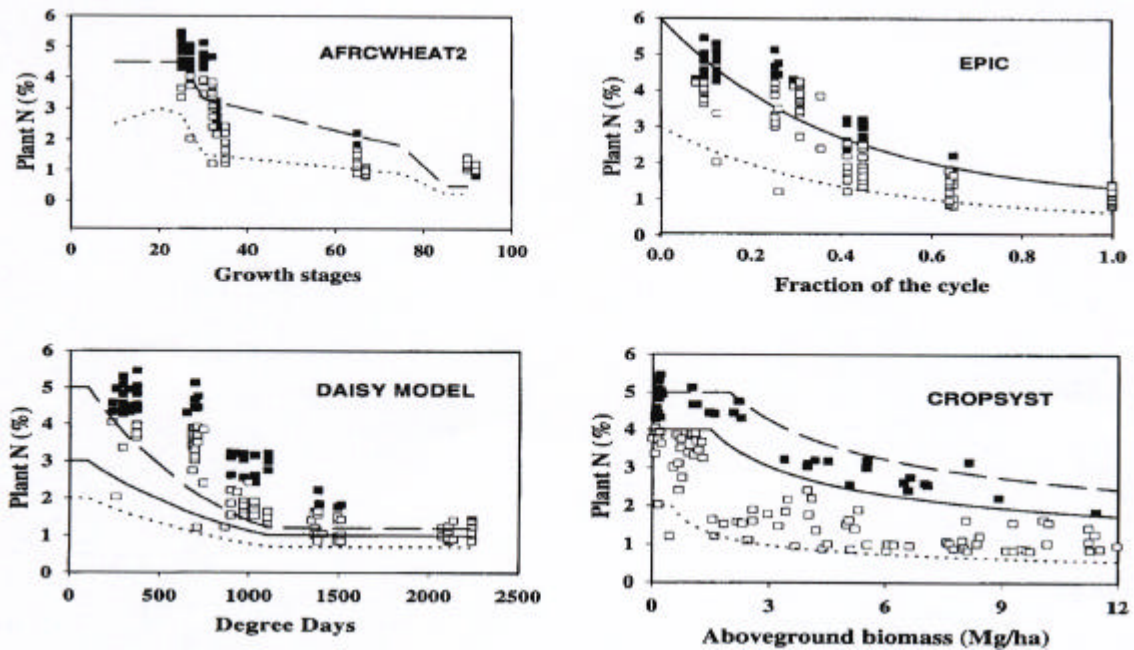


Figure 5 : Comparaison de quatre modèles et de leurs courbes d'évolution de la teneur en azote en fonction des différentes variables qui permettent de les estimer. Les différents modèles sont comparés avec des données expérimentales issues d'essais limitants (carrés vides) et non limitants en azote (carrés pleins). D'après Stockle et Debaeke (1997).

L'apparition d'organes reproducteurs à la floraison modifie les courbes d'évolution des teneurs en azote maximale ou critique. Ces relations utilisées pour calculer les besoins en azote de la culture ne sont généralement valides que pendant la phase de croissance végétative, c'est pourquoi les formalismes de l'estimation des besoins de la culture évoluent sensiblement après l'apparition des grains. Certains modèles ne simulent plus d'absorption d'azote après le stade floraison (Sinclair et de Wit, 1976) ; d'autres utilisent une courbe d'évolution de % N, légèrement différente de la précédente (Jeuffroy *et al.*, 2000b).

2.2.3.L'élaboration dynamique du rendement et de la qualité

Les formalismes utilisés pour simuler le rendement et la teneur en protéines des grains, de plus en plus souvent identifiée comme une variable de sortie, sont très différents selon les modèles.

- Elaboration du rendement

Peu de modèles simulent le rendement à partir des composantes «Nombre de grains par m² » et «Poids d'un grain ». Beaucoup proposent un formalisme permettant de simuler directement le rendement (Poids des grains récoltés). Dans ce cas, l'élaboration dynamique du rendement est simulée par une évolution linéaire de l'indice de récolte en fonction du temps, soit par jour (Amir et Sinclair, 1991), soit en fonction du temps thermique (Brisson *et al.*, 1998 ; Stöckle *et al.*, 2003 ; Williams *et al.*, 1989).

Dans les modèles qui simulent le nombre de grains formés par m², la période de formation du nombre de grains est sous la dépendance du module phénologique. Dès que la culture atteint le stade floraison, le

nombre de grains est calculé et définitivement fixé dans le modèle. Suivant le degré de description des différents organes dans le modèle, le nombre de grains est estimé : soit à partir de la biomasse des épis à la floraison (Jamieson *et al.*, 1998a ; Porter, 1993 ; Weir *et al.*, 1984), soit en fonction de la vitesse de croissance de la culture dans les trente jours précédant la floraison (Asseng *et al.*, 2002a ; Brisson *et al.*, 1998 ; Ritchie et Otter, 1984), soit en fonction d'un nombre potentiel variétal et d'une fonction de l'état azoté de la culture (Jeuffroy et Bouchard, 1999 ; Jeuffroy et Recous, 1999).

Dès lors, cette variable est utilisée pour estimer la demande des puits en carbone. Celle-ci est représentée par une fonction continue sigmoïde dépendant de l'âge des organes (Jamieson *et al.*, 1998a ; Jeuffroy et Recous, 1999 ; Ritchie et Otter, 1984 ; Weir *et al.*, 1984).

L'accumulation de biomasse dans les grains est le résultat de la confrontation entre la demande des grains en biomasse et l'offre en assimilats carbonés au niveau de la culture. La quantité de biomasse disponible pour le remplissage des grains est, dans la majorité de ces modèles estimée à partir de la production de biomasse par la culture après la floraison (source majoritaire des assimilats carbonés pour les grains) et d'une fraction fixe de la biomasse à floraison, correspondant à la remobilisation des sucres solubles stockés dans les tiges avant ce stade (O'Leary *et al.*, 1985).

- Elaboration de la qualité

Comme pour l'accumulation des assimilats carbonés dans les grains, les transferts d'azote sont simulés de façon plus ou moins mécaniste suivant les modèles. Comme l'ont montré Lhuillier *et al.* (1999) sur le pois et Girard (1997) sur le blé, l'accumulation d'azote dans les grains dépend de la disponibilité en azote au niveau de la plante, mais est rarement limitée par la demande des grains, contrairement au remplissage en biomasse.

Dans les modèles basés sur la notion de « source-puits », la disponibilité en azote au niveau de la culture pour le remplissage des grains est calculée comme la somme de la quantité d'azote accumulé par la plante entière après floraison et de la quantité d'azote stocké avant floraison dans les organes végétatifs et potentiellement remobilisable (Jeuffroy *et al.*, 2000b). Les formalismes simulant explicitement le départ d'N des organes végétatifs vers les grains permettent de rendre compte de l'interaction étroite qui existe, pendant cette partie du cycle, entre le métabolisme carboné et le métabolisme azoté de la culture. En effet, la perte en N des organes végétatifs contribue à réduire d'une part l'indice foliaire vert, c'est-à-dire les sources d'interception du rayonnement par la culture après floraison, et d'autre part l'efficacité de conversion du rayonnement en biomasse (Jeuffroy *et al.*, 2000b). Le remplissage des grains en biomasse et en azote est alors directement lié aux relations puits-sources à l'intérieur de la plante, pour les assimilats carbonés et azotés.

Dans beaucoup de modèles (Asseng *et al.*, 2002b ; Brisson *et al.*, 1998 ; Jamieson et Semenov, 2000 ; Porter, 1993), l'accumulation d'azote dans les grains est simulée par une évolution linéaire, fonction du temps thermique, de l'indice de récolte azoté (NHI), appliqué à la quantité d'azote absorbé par la culture. Quelques modèles prennent en compte à la fois l'offre en azote et la demande des grains en fonction du stade de développement de ceux-ci (Jeuffroy *et al.*, 2000b). Du fait du formalisme des transferts d'azote vers les grains, les différentes sources d'azote (azote absorbé après la floraison et azote remobilisé des parties végétatives) ne sont que très rarement identifiées et individualisées dans les modèles (Jeuffroy *et al.*, 2000b) et c'est généralement une source globale (azote total de la culture) qui est considérée.

Dans tous les modèles, la teneur en protéines est le résultat du ratio entre la quantité d'azote et la biomasse des grains, multiplié par un coefficient constant (5,7 pour le blé destiné à l'alimentation humaine).

2.2.4. Effet des contraintes environnementales sur le fonctionnement de la culture

Les principales relations du fonctionnement de la culture étant sous le contrôle d'échanges entre le sol et la plante, du type Offre-Demande, elles peuvent être affectées par des stress, dont les plus fréquemment pris en compte sont les stress thermique, hydrique et azoté. L'effet des maladies, des ravageurs et des adventices ne sont que rarement simulés. De même l'état structural du sol, pourtant déterminant dans le fonctionnement du système Sol-Plante n'est généralement pris en compte qu'à travers la densité apparente de la couche labourée sur la minéralisation d'azote dans le sol et sur le bilan hydrique de la culture (Brisson *et al.*, 2003).

L'effet de la température est souvent pris en compte de manière continue dans les relations constitutives du modèle. Par exemple, l'efficacité de conversion du rayonnement intercepté en biomasse est affectée par la température, avec un maximum observé pour une température optimale, et une réduction observée pour les températures inférieures et supérieures à cet optimum (Brisson *et al.*, 1998). De même, les températures élevées pendant le remplissage des grains peuvent avoir un effet négatif sur l'accumulation de biomasse dans les grains, en réduisant la durée de la phase de remplissage, donc la quantité de rayonnement intercepté. Les températures élevées modifient également la vitesse potentielle de remplissage des grains en carbone et en azote (Jeuffroy *et al.*, 2000b ; Vos, 1985).

Pour les stress hydrique et azoté, l'occurrence du stress repose sur la confrontation journalière de la demande de la culture avec l'offre du milieu pour l'élément considéré. Si l'offre est supérieure à la demande, le fonctionnement de la culture n'est pas affecté. Si à l'inverse, l'offre est inférieure à la demande, alors le facteur considéré est limitant et les processus de fonctionnement de la culture sont réduits.

- Prise en compte du stress hydrique dans les modèles de culture

L'effet d'une contrainte hydrique dans les modèles de culture est généralement pris en compte *via* un indice de stress, calculé à partir d'un bilan hydrique qui affecte certaines fonctions de la culture.

Estimation d'un indice de stress

La variable la plus couramment utilisée dans les modèles de culture pour caractériser le statut hydrique de la culture est le rapport entre la demande en évapotranspiration de la plante, ou évapotranspiration potentielle (ETP), et l'évapotranspiration réelle (ETR), autorisée par les conditions hydriques du sol (Bonhomme, 1997). L'estimation de l'évapotranspiration et des variations de teneur en eau du sol implique généralement trois aspects : la détermination de la demande en eau de la plante, généralement fondée sur un bilan radiatif et énergétique ; la détermination de la quantité d'eau disponible dans le sol pour la culture, prenant ou non en compte la capacité des racines à extraire cette eau ; et enfin, le calcul de l'évaporation à la surface du sol lorsque la teneur en eau du sol devient limitante (Jamieson *et al.*, 1998b).

L'évapotranspiration potentielle est estimée en utilisant une loi dérivée de la loi de Beer, faisant intervenir la surface foliaire (Jamieson *et al.*, 1998b ; Williams *et al.*, 1989). Cette méthode est proche de la méthode utilisée pour le calcul de bilans hydriques, qui fait intervenir des coefficients culturaux (Katerji, 1997). Certains modèles intègrent, dans leur formalisme, évaporation et transpiration, l'une ou l'autre des approches étant choisie en fonction des données disponibles (Stöckle *et al.*, 1994).

L'évapotranspiration réelle est estimée comme la valeur minimale entre l'offre en eau du sol d'une part et la somme de la demande de la culture et de l'évaporation du sol, d'autre part.

L'offre en eau du sol est généralement estimée à partir du stock d'eau (réserve en eau + irrigation + pluie) réparti dans les différents horizons du sol explorés par le système racinaire (O'Leary *et al.*, 1985). L'eau est répartie entre les différents horizons considérés dans le sol suivant des gradients de potentiel ou en considérant chaque nouvel horizon comme un réservoir à remplir. Au sein de chaque horizon, l'eau peut être divisée en une partie effectivement utilisable par la culture et mobile, et une fraction non utilisable (Jamieson *et al.*, 1998b). Certains modèles prennent en compte la possibilité pour l'eau de se déplacer entre compartiments (Williams *et al.*, 1989).

Les échanges en eau entre le sol et la culture se font au niveau du système racinaire. Suivant les modèles, ces échanges font intervenir les différences de potentiel entre les deux compartiments (Van Keulen et Seligman, 1987), ou une notion de résistance (Brisson *et al.*, 2003). L'absorption de l'eau par la culture correspond au maximum entre la demande, c'est-à-dire l'évapotranspiration potentielle, et l'offre en eau du sol qui correspond à l'eau disponible sur l'ensemble des horizons explorés par le système racinaire.

Le rapport entre l'évapotranspiration réelle et potentielle de la culture définit un indice d'état hydrique de la culture qui représente un indice de stress lorsque celui-ci est inférieur à un seuil fixé.

Effets de la contrainte hydrique

Le stress hydrique a pour principal effet de réduire la croissance aérienne de la culture, en réduisant l'expansion de la surface foliaire et la durée de vie des feuilles (Jamieson *et al.*, 1998b), ainsi que l'efficacité de conversion du rayonnement en biomasse (Brisson *et al.*, 1998). Certains modèles intègrent également un effet du stress hydrique sur les fonctions de développement, en augmentant la température du couvert (Brisson *et al.*, 1998). En conséquence, le stress hydrique réduit le rendement.

Dans certains modèles, la disponibilité en eau dans les couches superficielles du sol joue également sur la minéralisation et la disponibilité en azote (Brisson *et al.*, 1998) ainsi que sur la mise à disposition de l'engrais azoté pour la culture (David *et al.*, 2004).

- La contrainte azotée dans les modèles de culture

Estimation d'un indice de stress

Le statut azoté de la plante est généralement estimé à travers un indice de nutrition azotée, établi à partir de la courbe critique (Justes *et al.*, 1994), ou estimé comme le rapport entre la teneur en azote de la culture et la teneur en azote maximum (Williams *et al.*, 1989), corrigées de la teneur minimale (Stöckle *et al.*, 2003).

L'azote minéral disponible pour une culture de blé provient de la fertilisation qui lui est appliquée et de la minéralisation des matières organiques du sol pendant le cycle cultural, l'humus, les résidus de culture et la matière organique endogène du sol. Le processus de minéralisation nette, le plus souvent simulé par les modèles (CERES, STICS...), dépend des caractéristiques permanentes du sol (argile et calcaire) qui fixent un potentiel de minéralisation, et de son état physique (température et humidité) qui affecte ce potentiel. Suivant les modèles, l'azote minéral ne concerne que la forme nitrrique (N-NO₃) (Jamieson *et al.*, 1998a) ou l'ensemble des formes nitrrique et ammoniacale (N-NO₃ et N-NH₄), avec ou sans distinction (Jeuffroy et Recous, 1999 ; Stöckle *et al.*, 1994).

L'azote présent dans le sol est soit réparti uniformément au sein du profil sans distinction d'horizons, (Jeuffroy et Recous, 1999), soit réparti entre les différentes couches de sol (Brisson *et al.*, 1998). Le passage de l'azote d'un horizon à l'autre dépend du module hydrique, qui simule les transferts d'eau, et donc d'azote, entre les couches de sol, et de l'absorption des formes labiles d'azote par les racines (Jamieson *et al.*, 1998a ; Probert *et al.*, 1998 ; Stöckle *et al.*, 1994). En situation extrême, une partie de l'azote présent dans le sol peut être lessivée hors du profil exploré par les racines.

Très peu de modèles simulent de manière mécaniste les pertes d'azote par volatilisation depuis le sol. Certains proposent une simulation empirique des pertes gazeuses par volatilisation à partir des conditions climatiques dans les jours suivant l'apport d'engrais et de la forme chimique de l'engrais appliqué (Brisson et Mary, 2002 ; David *et al.*, 2004).

Effets d'une contrainte azotée

Lorsque le statut azoté de la culture passe au dessous du seuil défini comme l'état permettant la croissance optimale de la culture, celle-ci est en carence. Cette carence azotée agit sur les fonctions de croissance en réduisant l'accumulation de biomasse, l'indice foliaire, son expansion ou en accélérant le processus de sénescence. La contrainte azotée peut également affecter l'efficacité de conversion de l'énergie lumineuse (Brisson *et al.*, 1998 ; Jeuffroy et Recous, 1999). Dans certains modèles, le stress azoté agit directement sur l'établissement du rendement à travers sa composante nombre de grains (Jeuffroy et Recous, 1999).

Les modèles se différencient principalement par les formalismes qu'ils utilisent et par le nombre et la nature des contraintes environnementales qu'ils prennent en compte. L'effet de l'azote sur le fonctionnement de la culture, et plus précisément sur le rendement et la teneur en protéines, est généralement estimé de façon globale sur le cycle. La stratégie de fertilisation azotée joue sur la quantité d'azote absorbé, qui intervient directement dans le calcul de la teneur en protéines. La teneur en protéines est à l'heure actuelle le seul critère qualitatif pris en compte dans les modèles de culture. Aucun modèle n'intègre dans son formalisme les différents types de protéines élaborées et stockées dans les grains, qui ont pourtant une incidence forte sur la qualité boulangère des farines.

3. Problématique

Cette section sera divisée en trois points :

- Un panorama rapide sur les travaux existant sur l'adaptation de modèles de culture aux génotypes et leur utilisation pour analyser et prévoir le comportement des génotypes ;
- Les questions posées par l'adaptation et l'utilisation des modèles de culture pour analyser et prévoir le comportement des génotypes ;
- Une description de notre démarche de travail.

La mise au point et l'utilisation de modèles de culture se sont largement développées ces dix dernières années. Ces modèles synthétisent, avec des degrés de complexité divers, les connaissances acquises sur les mécanismes de croissance, d'élaboration du rendement et de la teneur en protéines des grains. Ils rendent compte également des effets des principaux facteurs du milieu (eau, rayonnement, température, azote) sur ces mécanismes. Les modèles constituent une synthèse des connaissances acquises sur les cultures et le fonctionnement du système sol – plante à travers les relations empiriques qui en rendent compte ; ils constituent également des outils d'analyse et de prévision des effets des modifications appliquées à ce système (Boote *et al.*, 1996).

Les modèles de culture sont proches les uns des autres par leur structure et par les concepts qu'ils représentent. Cependant, des différences notables existent dans les formalismes qu'ils utilisent pour simuler les différents processus, avec des conséquences importantes sur le nombre, la facilité d'accès des paramètres à estimer, et donc le coût de maintenance du modèle. L'utilisation des modèles de culture pour analyser l'effet des caractéristiques variétales sur la production a été récemment proposée par certains modélisateurs et biométriciens comme une piste de travail intéressante, afin d'identifier les facteurs d'adaptabilité pour le rendement ou pour toute autre composante d'intérêt (Saulescu et Kronstad, 1995 ; Shorter *et al.*, 1991). Plusieurs travaux actuels concernent la prise en compte de la variabilité génotypique de la plante dans ces modèles. Les utilisations potentielles des modèles de culture qui prennent en compte la variabilité génotypique du fonctionnement de la plante sont très variées. Dès 1996, Boote (1996) proposait d'utiliser les modèles de culture en tant qu'outils d'évaluation variétale afin : « *d'assister et d'orienter les progrès génétiques et l'utilisation de nouveaux génotypes* ». Cette idée d'utiliser les modèles de culture comme outils d'aide à la sélection et à l'utilisation opportune des caractéristiques génotypiques s'est progressivement développée.

Un premier type d'utilisation repose sur l'utilisation couplée d'outils de sélection et de modèles de culture intégrant l'effet du génotype à travers les formes alléliques de différents gènes afin d'identifier les combinaisons génotypiques les plus intéressantes à réaliser pour plusieurs milieux caractéristiques.

Ainsi, à partir des performances de différents génotypes de sorgho, variant par le degré d'expression de quatre gènes d'adaptation au déficit hydrique (efficacité de transpiration, précocité à floraison, capacité d'ajustement osmotique et durée de vie des feuilles), Chapman *et al.* (2002) suggèrent d'utiliser le modèle de culture comme une aide à la sélection. Ces auteurs ont montré qu'il était possible de créer, sur 106 années d'essais, un dispositif de sélection réunissant des environnements contrastés par leur intensité et durée de stress hydrique, tels que ceux rencontrés dans les conditions australiennes de sélection du sorgho. Le couplage d'un modèle de culture avec un outil de sélection, permet, sur la base des relations entre degré d'expression des gènes et performances des génotypes simulés, d'identifier, sur des cycles de sélection successifs, les meilleures combinaisons de gènes en relation avec de multiples environnements ou un ensemble d'environnements représentatifs des conditions de sélection et de culture du sorgho. Ce couplage d'un modèle de culture avec un outil de sélection permet d'étudier l'effet de gènes associés à des caractères phénotypiques sur des caractères d'intérêt tels que le rendement, sous l'influence de l'environnement (Chapman *et al.*, 2003). Cette approche de l'utilisation de modèle de culture dans le

cadre de la sélection n'est certes pas encore aboutie. L'exemple décrit ne concerne que des lignées ne variant que sur 4 gènes, dont on suppose les effets additifs. Cependant, elle constitue une des approches les plus avancées en ce qui concerne la compréhension des relations entre la génétique et la réponse des variétés au milieu, sur une variable complexe comme le rendement.

Une seconde utilisation des modèles de culture vise à analyser l'influence de caractéristiques génotypiques sur les caractères d'intérêt. Ainsi, les travaux de Asseng *et al.* (2002a) ont montré l'effet d'une variation isolée ou conjointe, de quatre caractères génotypiques (nombre de grains/unité de biomasse, durée de la phase végétative, vitesse de remplissage des grains et durée de remplissage des grains) sur le rendement d'une culture de blé pour trois types d'environnements contrastés (très productif, moyennement productif et faiblement productif). En s'appuyant sur une analyse de sensibilité, cette étude a permis de montrer que l'effet des caractères génotypiques sur le rendement est étroitement dépendant de l'environnement dans lequel on se situe. Dans le cas des environnements fortement productifs, le potentiel de nombre de grains n'est pas apparu comme un facteur déterminant du niveau de rendement, contrairement à la durée de la phase de remplissage et à la combinaison de l'ensemble des quatre facteurs. A l'inverse, dans le cas d'environnements faiblement productifs, c'est le potentiel du nombre de grains et la vitesse de remplissage qui sont apparus comme des facteurs adaptatifs majeurs.

Une étude similaire sur le sorgho, réalisée par Hammer et Vanderlip (1989), visait à étudier l'effet sur le rendement de deux caractères physiologiques (efficacité d'utilisation du rayonnement en fonction de la température et vitesse de développement) par l'intermédiaire de quatre génotypes hypothétiques représentatifs des différents types génotypiques de sorgho cultivés. Les résultats ont montré que les différences de vitesse de développement entre génotypes devaient être relativement importantes pour avoir un effet significatif sur le rendement alors qu'à l'inverse, le type de réponse de l'efficacité d'utilisation du rayonnement est apparu comme un facteur adaptatif majeur des génotypes pour les différents environnements testés. Le modèle de culture n'est alors plus un simple outil d'étude du comportement des génotypes, mais un outil de détermination des caractères variétaux favorables à l'adaptation spécifique pour un caractère complexe comme le rendement dans un ensemble d'environnements variés.

Une troisième utilisation des modèles de culture rencontrée dans la bibliographie consiste à utiliser les variables simulées par le modèle comme un outil de prédiction de la stabilité des génotypes pour des variables d'intérêt. Ainsi, Mavromatis *et al.* (2001) dans une étude sur différents génotypes de soja ont montré qu'il était possible, à l'aide d'un modèle de culture, de reproduire non seulement l'effet de l'interaction entre des caractéristiques génotypiques et l'environnement, mais également de classer correctement les différents génotypes sur les environnements testés et de mesurer l'interaction de façon similaire à ce qui se fait en expérimentation. La part de l'interaction dans la réponse de chaque génotype ainsi que l'adaptabilité des génotypes sont étudiées à travers un outil de régression conjointe, dans lequel les variables de sortie du modèle de culture sont directement utilisées comme covariables de régression. La comparaison des résultats issus de l'expérimentation et de la simulation est tout à fait satisfaisante. Ces études montrent que, pour un caractère complexe tel que le rendement, les modèles de culture sont des outils capables, dans une certaine mesure, d'identifier des caractères physiologiques à l'origine des interactions génotype \times environnement et de reproduire le comportement variétal observé en expérimentation.

Enfin, l'utilisation des modèles de culture en tant qu'outils d'aide à la décision pour le choix variétal est illustrée par les travaux de Hammer *et al.* (1982) sur tournesol. Ces auteurs ont montré qu'il était possible, à partir de génotypes hypothétiques, de raisonner la date de semis en fonction des risques de froid, afin de minimiser les risques de pertes de rendement. Les dates de semis ont été raisonnées pour chacun des cultivars identifiés à partir de combinaisons de paramètres génotypiques.

Les premiers exemples de l'utilisation des modèles de culture dans la compréhension des facteurs d'adaptation des génotypes aux milieux sont tout à fait encourageants et satisfaisants. Cependant, l'adaptation des modèles de culture aux génotypes et leur utilisation pour résoudre des problèmes posés par la filière posent encore de nombreuses questions méthodologiques.

L'utilisation des modèles de culture pour rendre compte du comportement des génotypes suppose (1) de choisir le modèle répondant le mieux aux objectifs fixés au départ, (2) d'identifier les paramètres variétaux du modèle, (3) d'estimer ceux-ci, (4) de tester la capacité du modèle à rendre compte des observations avant (5) d'utiliser le modèle.

A chacune de ces étapes, des choix méthodologiques doivent être effectués. L'un des objectifs de cette thèse est **d'apporter une contribution à ces questions**, en complément des éléments partiels que la bibliographie nous fournit, en nous appuyant sur **un exemple concret d'adaptation et d'utilisation d'un modèle dynamique de culture**.

1. Le choix du modèle

Dans le chapitre précédent, nous avons vu que les modèles de culture dynamiques du blé reposent sur une structure et des concepts très voisins. Leur principale différence réside dans le degré de complexité des mécanismes et des structures qui sont modélisés. Certains modèles, par exemple, simulent l'accumulation de biomasse à l'échelle globale du couvert végétal alors que d'autres simulent le fonctionnement de chaque organe individuellement. Dès lors on peut se poser la question du type de modèle qu'il faut choisir pour rendre compte du fonctionnement différencié des variétés, celui-ci étant fonction des objectifs que l'on se fixe (van Ittersum et Donatelli, 2003).

L'utilisation de modèles très mécanistes a pour avantage de décrire précisément les fonctions sur lesquelles une variabilité génétique est susceptible d'exister (Reymond, 2001). Cependant, l'acquisition des paramètres de ces modèles nécessite souvent des essais et des mesures spécifiques, qui sont donc parfois lourds à mettre en œuvre (Reymond, 2001). La possibilité de mesurer ces paramètres en routine sur un grand nombre de variétés, pose donc un problème, notamment lorsque la mesure de ces paramètres nécessite des équipements spécifiques et des expérimentations en conditions contrôlées, comme par exemple les paramètres de réponse de croissance foliaire du maïs à la température, au rayonnement et au déficit de pression de vapeur (Reymond, 2001). Pour faciliter l'adaptation en routine du modèle à un grand nombre de variétés, il peut être plus efficace de raisonner le choix du modèle et de ses fonctions constitutives, en fonction de la facilité d'accès de ses paramètres. Le choix du modèle doit également tenir compte des processus dont on veut rendre compte et, en particulier, ceux pour lesquelles une variabilité génotypique est connue *a priori*.

2. L'identification des paramètres du modèle

Pour que le modèle rende compte du fonctionnement différencié des génotypes, il faut que certains de ses paramètres changent en fonction des caractéristiques génotypiques. Le plus souvent, les paramètres variétaux sont relatifs à la phénologie (Colson *et al.*, 1995a ; Hammer *et al.*, 1982 ; Liu, 1989 ; Travasso et Magrin, 1998 ; Villalobos *et al.*, 1996), à la croissance de la culture (Asseng *et al.*, 2003 ; Colson *et al.*, 1995a ; Hammer et Vanderlip, 1989 ; Villalobos *et al.*, 1996) ou à l'élaboration du rendement (Agüera *et al.*, 1997 ; Asseng *et al.*, 2002a ; Brisson *et al.*, 2002 ; Travasso et Magrin, 1998). Cependant, peu d'études décrivent précisément la manière dont les paramètres génotypiques sont identifiés. Or, identifier les paramètres génotypiques d'un modèle consiste à déterminer quels sont, parmi tous les paramètres du modèle, ceux qui diffèrent entre variétés et qui ont une influence dans les sorties simulées. Il s'agit donc, d'une part de rechercher l'existence d'une variabilité génotypique sur les paramètres et, d'autre part d'analyser la sensibilité du modèle à ces paramètres. Or, la littérature est peu abondante sur la description de la variabilité génotypique existant sur différents caractères d'intérêt. Cependant, la recherche expérimentale d'une variabilité sur les paramètres du modèle pose trois problèmes :

(1) le nombre de paramètres des modèles de culture est souvent bien trop important pour que l'on puisse mener cette étude rigoureuse sur tous. La littérature ou les connaissances d'experts peuvent éventuellement nous aider à faire le tri dans les fonctions sur lesquelles, *a priori*, il existe ou n'existe pas de variabilité entre variétés, mais cette situation n'est pas générale. Une autre manière de faire ce tri *a priori* est la réalisation d'analyses de sensibilité du modèle aux paramètres : si les sorties du modèle sont indépendantes de la valeur introduite pour le paramètre, alors il n'est pas utile de rechercher l'existence d'une telle variabilité, puisqu'elle n'aura aucun effet sur les sorties du modèle. Cependant, les résultats des analyses de sensibilité dépendent de la gamme testée pour le paramètre étudié. Or cette gamme doit, en principe, refléter la gamme existant dans la nature, donc la variabilité génotypique existante. On se retrouve dans un cercle vicieux : les analyses de sensibilité sont nécessaires pour la mise en place des expérimentations destinées à estimer les paramètres génotypiques, mais des résultats expérimentaux sont nécessaires pour connaître la gamme des paramètres à tester dans l'analyse de sensibilité.

(2) Les résultats d'analyses de sensibilité aux paramètres dépendent non seulement de la valeur du paramètre étudié, mais également de toutes les valeurs des autres paramètres ou des variables d'entrée utilisées dans les cas testés (Girard, 1997). Un exemple trivial peut être donné dans le cas de la recherche d'une variabilité des paramètres de la fonction de réduction du nombre de grains liée aux carences en azote, dans des situations sans carence en azote, où l'on n'en trouvera jamais. Mais, la situation est plus compliquée pour des processus résultant d'interactions multiples. Le nombre des analyses réalisées étant généralement réduit, il est alors essentiel de bien les choisir.

(3) Lorsque des expérimentations sont nécessaires pour étudier l'existence d'une variabilité génotypique sur un paramètre, le nombre des génotypes testés est souvent réduit et les milieux expérimentés aussi. Le choix est alors crucial car on souhaite pouvoir extrapoler les conclusions de l'étude à une gamme de génotypes beaucoup plus large et, en particulier, à ceux sur lesquels le paramètre va être estimé.

3. L'estimation des paramètres

Pour cette étape également, la littérature est peu explicite sur les méthodes utilisées pour estimer les paramètres génotypiques des modèles. Cependant, de nombreux travaux ont été réalisés autour des méthodes d'estimation des paramètres des modèles, d'une manière générale, que l'on peut appliquer à l'estimation des paramètres variétaux. Deux grands types de méthodes sont généralement utilisées :

(1) La première méthode (Makowski et Jeuffroy, 2002) consiste à estimer un ou plusieurs paramètres simultanément, en minimisant l'écart entre variables observées et variables simulées par le modèle, les variables étant généralement des variables de sortie du modèle ou parfois des variables intermédiaires (Liu, 1989 ; Mavromatis *et al.*, 2001). Il faut être vigilant aux corrélations existant entre les estimateurs des paramètres. Celles-ci peuvent aboutir à des valeurs de paramètres qui sont très bonnes quand on juge la capacité du modèle à rendre compte de la réalité, mais qui n'ont pas de signification physiologique et qui donc ne sont pas utilisables ou peu fiables. De plus, dans cette procédure d'optimisation, plus le paramètre à estimer est éloigné dans la structure du modèle, de la variable à optimiser, plus il y a de chances que sa valeur dépende de celle des autres paramètres estimés simultanément et soit donc différente de sa signification biologique réelle. Cette méthode présente l'avantage d'être peu coûteuse en données nécessaires pour l'estimation des paramètres et de ne pas nécessiter d'essais spécifiques (Mavromatis *et al.*, 2001).

(2) La seconde méthode consiste à estimer les paramètres individuellement par des mesures expérimentales directes. Si le paramètre est variétal et déterminant dans les sorties, alors il pourra être mesuré directement par les responsables du choix de génotypes (sélectionneurs, multiplicateurs, ...) sur les génotypes en comparaison pour préjuger des effets attendus, car on est alors plus proche de sa signification physiologique.

4. L'évaluation du modèle

Enfin, le rôle des différents traits génotypiques dans le comportement des différents génotypes étudiés sur un ensemble d'environnements nécessite une évaluation du modèle. Là encore, la bibliographie n'est pas très riche sur les méthodes d'évaluation recommandées et sur l'amélioration de la capacité prédictive des modèles adaptés aux génotypes. Les résultats de cette évaluation peuvent d'ailleurs aider à identifier les paramètres génotypiques indispensables à prendre en compte.

5. L'utilisation du modèle

Les utilisations des modèles adaptés aux génotypes sont *a priori* très nombreuses. Nous avons décrit, au début de ce chapitre, les principales étudiées actuellement. Cependant, on peut *a priori* faire l'hypothèse que les usages possibles du modèle seront étroitement dépendants de la nature du modèle choisi, des caractéristiques de ses paramètres variétaux, et des résultats de son évaluation. Or peu de travaux s'attachent à définir le cahier des charges du modèle pertinent pour chaque utilisation, ce qui serait nécessaire pour pouvoir extrapoler les résultats obtenus sur un cas concret particulier à d'autres cas non étudiés (une autre espèce, une autre question posée, un autre modèle, ...).

Notre travail a pour objectif de contribuer aux différentes questions posées par l'adaptation et l'utilisation de modèles de culture pour analyser et prévoir le comportement variétal, en relation avec les usages possibles d'un modèle dynamique de culture. Sur la base de ce cas concret, nous tenterons de donner des éléments de réponse méthodologiques aux questions posées ci-dessus.

Le choix du modèle de culture qui sert de base à notre étude est motivé par deux grandes contraintes : le fait de travailler sur la teneur en protéines des grains, en plus du rendement, nécessite que le modèle soit capable de rendre compte de la croissance et de l'élaboration du rendement de la culture du blé, mais également que les processus d'absorption de l'azote par la culture, de réponse du rendement de la culture à des dynamiques de nutrition azotée variées, de transfert d'azote des parties végétatives vers les grains soient simulés. Il faut également que le modèle simule les conséquences de la sénescence sur le fonctionnement carboné de la culture. Ces processus doivent être décrits de façon suffisamment explicite pour pouvoir rendre compte correctement de l'effet de stratégies de fertilisation azotée, dont on sait qu'elles sont déterminantes pour la teneur en protéines.

D'autre part, l'intégration de l'effet du génotype dans le fonctionnement de la culture doit se faire le plus simplement possible, l'objectif à terme étant que cet outil d'analyse du comportement variétal et d'élaboration de stratégies de conduites soit utilisable par le plus grand nombre et pour des génotypes et des lignées pour lesquels on ne dispose que de très peu d'informations. Les paramètres variétaux du modèle doivent être indépendants entre eux, et donc individuellement accessibles à la mesure.

Notre choix s'est donc porté sur un modèle initialement mis au point pour la gestion de la fertilisation azotée du blé tendre d'hiver en tenant compte d'objectifs de production, de qualité et d'impacts environnementaux : Azodyn (Jeuffroy et Recous, 1999 ; Jeuffroy *et al.*, 2000b). Ce modèle présente l'avantage d'avoir été conçu pour un usage opérationnel, dans le but de rendre compte des effets de différentes stratégies de fertilisation azotée sur le rendement et la teneur en protéines des grains. Tout en s'appuyant sur des mécanismes connus du fonctionnement d'une culture de blé, son formalisme est simple (peu de relations étant établies à une échelle inférieure à celle de la culture) et ses paramètres accessibles individuellement à la mesure. Des études préliminaires non publiées laissent supposer qu'un nombre restreint (environ une dizaine) de ces paramètres présente potentiellement une variabilité génétique. Il décrit de façon réaliste les différentes sources de transfert d'azote vers le grain pour l'élaboration de la teneur en protéines, point essentiel pour notre étude.

L'utilisation de ce modèle pour analyser et prévoir le comportement des génotypes nécessite une étape d'identification et d'estimation des paramètres variétaux du modèle. Bien que simple, le modèle comprend au total environ 80 paramètres. Il n'est donc pas envisageable d'étudier la variabilité génotypique de chacun d'eux. Certains paramètres sont connus pour être stables entre génotypes (par exemple, les paramètres liés à la disponibilité d'azote dans le sol). Un premier choix des paramètres à étudier sera donc réalisé sur la base des connaissances existant dans la littérature (sur l'existence d'une variabilité génotypique de certaines fonctions) et des connaissances expertes sur les variétés, par les acteurs de la filière. Le modèle Azodyn étant initialisé en cours de cycle cultural (à la sortie hiver), la variabilité génotypique pourra également être prise en compte à travers des variables d'initialisation ou variables d'entrée du modèle. L'identification des caractéristiques variétales (paramètres et variables d'entrée) du modèle reposera conjointement sur la comparaison des valeurs de chacune des caractéristiques *a priori* génotypiques, mesurées expérimentalement. Cette étape permettra non seulement d'identifier les caractéristiques génotypiques, mais également d'estimer leurs valeurs pour une gamme de génotypes.

Nous évaluerons l'intérêt de cette adaptation du modèle aux génotypes sur la capacité du modèle à rendre compte du comportement de différents génotypes dans différents milieux. Nous évaluerons la capacité du modèle adapté aux génotypes à identifier les génotypes adaptés à un milieu donné et à identifier les génotypes présentant une stabilité de comportement sur une large gamme de milieux. Nous chercherons donc à évaluer le modèle sur différents critères afin de déterminer si celui-ci est pertinent par rapport aux objectifs visés. Cette étape nous conduira à proposer des éléments méthodologiques sur le cahier des charges des modèles en vue de leur utilisation pour analyser et prévoir le comportement de génotypes.

Ce travail a nécessité la réalisation d'expérimentations ayant mobilisé de nombreux partenaires. Dans le but de séparer les essais visant à estimer les paramètres génotypiques des essais visant à évaluer le modèle, deux types d'expérimentations ont été mises en place : des essais en un lieu faisant varier la fertilisation azotée, et des essais multilocaux (7 lieux en France) dans le but de couvrir une gamme pédoclimatique large et des conduites culturales variées (conduite classique, conduite avec réduction d'azote, conduite sans fongicide). Dans tous ces essais, quatorze génotypes ont été comparés.

La partie suivante de ce mémoire (chapitre 3) est consacrée à la description détaillée du modèle de culture choisi, Azodyn, ainsi qu'à une description des expérimentations réalisées.

Le dernier chapitre (chapitre 4), regroupe l'ensemble des résultats, en suivant les étapes présentées précédemment : identification et estimation des paramètres variétaux, évaluation du modèle et test de sa capacité à prévoir le comportement des génotypes.

Enfin, une discussion générale (chapitre 5) permettra de faire ressortir les acquis majeurs de ce travail et les perspectives envisagées.

CHAPITRE 3 : Matériel et méthodes

CHAPITRE 3 : MATERIEL ET METHODES

Comme nous l'avons indiqué précédemment, ce travail repose sur (i) l'adaptation d'un modèle de culture à une gamme de génotypes et (ii) l'évaluation de ce modèle ajusté sur des environnements variés (le terme environnement recouvre ici la combinaison d'une situation pédoclimatique et d'un itinéraire technique). Ce chapitre est divisé en deux parties :

- une première partie est consacrée à la description du modèle Azodyn, choisi pour l'étude.
- une seconde partie est consacrée à la description des expérimentations réalisées sur le site expérimental de l'INRA de Grignon (expérimentations qui ont servi à l'estimation des valeurs des paramètres génotypiques) et au réseau expérimental d'essais sur lequel le modèle a été évalué.

1. Description du modèle Azodyn

Pour les raisons évoquées dans le chapitre précédent, le modèle Azodyn a été choisi pour proposer une démarche d'adaptation et d'évaluation d'un modèle de culture dans le but d'analyser et de prévoir le comportement de génotypes face aux variations du milieu. Mis au point initialement pour simuler l'entrée en carence azotée d'une culture de blé tendre d'hiver (Jeuffroy et Recous, 1999), ce modèle a été complété dans le but de simuler les effets de dynamiques variées de nutrition azotée avant floraison sur le nombre de grains par mètre carré (Jeuffroy et Bouchard, 1999), puis les dynamiques d'accumulation d'azote et de biomasse dans les grains entre floraison et maturité. Il simule donc le rendement et la teneur en protéines des grains à la récolte (Girard, 1997). L'objectif initial du modèle était de servir d'outil pour raisonner la fertilisation azotée en fonction d'objectifs de production quantitatifs et qualitatifs ainsi que de critères économiques et environnementaux. Il a été construit sur la variété Soissons, variété majoritairement cultivée en France au cours des années 1990-2002 (Prost *et al.*, 2003). Le modèle fonctionne de la sortie-hiver à la maturité physiologique de la culture.

Il comporte un module «sol», qui décrit la dynamique de fourniture en azote du sol, et un module « plante », qui décrit le fonctionnement de la culture, quotidiennement sur l'ensemble de la période de simulation.

1.1. Variables d'entrée et de sortie du modèle

Parce que le module «sol» est fondé sur la méthode du bilan (Rémy et Hébert, 1977), le modèle est initialisé à la sortie de l'hiver. Cette date correspond à la reprise de la minéralisation d'azote dans le sol consécutive à la remontée des températures après la période hivernale et à une diminution notable des risques de lixivation de l'azote. Le modèle simule, au jour le jour, le fonctionnement du sol et de la culture jusqu'au stade «maturité physiologique», date à laquelle l'accumulation d'azote et de carbone dans le grain est terminée. A la sortie-hiver, le modèle nécessite pour fonctionner plusieurs variables d'initialisation (**figure 7**) :

- **les variables climatiques journalières entre la date de semis et la date présumée de maturité** : températures moyennes (°C), rayonnement global (MJ/m²), pluviométrie (mm) et évapotranspiration (mm, ETP Penman ou Turc) ;
- **les caractéristiques du sol de la parcelle** : la teneur en argile, en calcaire (‰) et en N organique (%) de la couche labourée, la densité apparente et l'épaisseur de cet horizon, le reliquat d'azote minéral dans le sol à la sortie-hiver ;
- **les caractéristiques de l'itinéraire technique de la parcelle** : nature du précédent cultural, type de gestion des résidus (enfouissement ou non et fréquence d'enfouissement) ainsi que la fréquence d'apport d'amendements organiques, les dates et doses d'engrais azoté minéral apportées ;

- **des caractéristiques de la culture** : la biomasse aérienne (kg/ha) le jour d'initialisation considéré, les dates des différents stades clés de la culture (semis, «épi 1 cm» et floraison), et la date moyenne de maturité physiologique.

A maturité physiologique, le modèle simule le rendement, le nombre de grains, la teneur en protéines des grains, c'est-à-dire le ratio entre l'azote des grains et la matière sèche des grains multiplié par le coefficient 5,7, ainsi que le reliquat d'azote minéral du sol à la récolte, simulé par le module sol. Toutes les variables intermédiaires décrites par les équations présentées dans la suite du document sont également accessibles, à savoir : la matière sèche aérienne de la culture, la quantité d'azote total, la quantité d'azote remobilisé, la quantité d'azote végétatif...

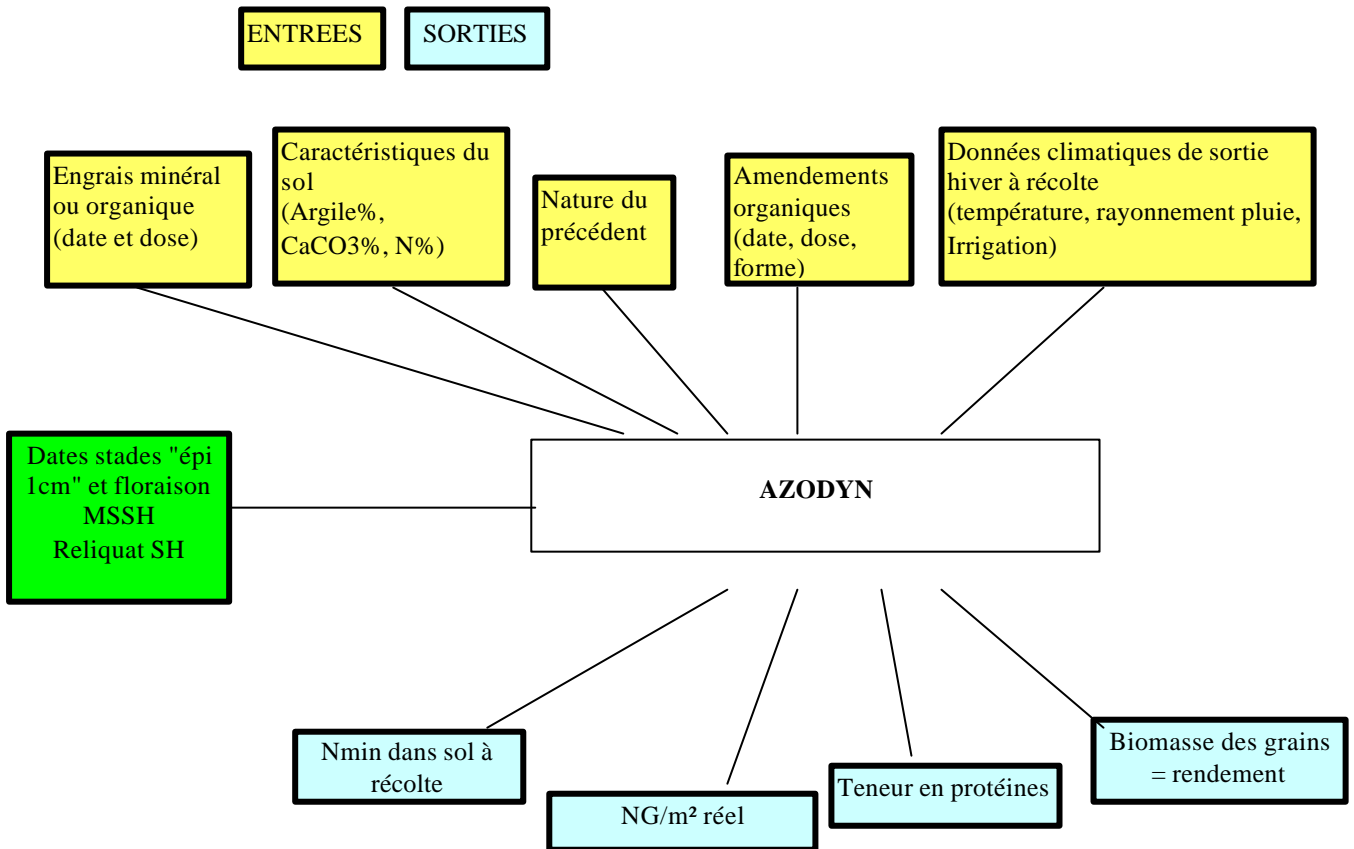


Figure 7 : Représentation schématique des variables d'entrée et de sortie du modèle Azodyn. Figurent en jaune les variables d'entrée relatives au pédoclimat et en vert les variables d'initialisation de la culture.

1.2. Description du module « sol »

Le module «sol» simule la disponibilité journalière en azote minéral du sol, pour la culture, sans distinguer les formes d'azote minéral (ammonium ou nitrate), ni les différents horizons du sol où cet azote est disponible. Ce module est basé sur la méthode du bilan développé par Rémy et Hébert (1977) et repris par Machet *et al.* (1990) dans le logiciel Azobil.

La quantité d'azote minéral du sol disponible pour la culture $[Mn_j]$ est estimée chaque jour en fonction de sa valeur du jour précédent, additionnée de la quantité d'azote issu de la minéralisation nette de l'humus $[dMh_j]$, des résidus de culture $[dMr_j]$ et des composés organiques $[dMa_j]$, de l'engrais apporté ce jour $[Xi*CAU_j]$, et réduite de la quantité d'azote prélevée par la culture ce jour $[P_j]$. On considère qu'une quantité fixe de l'azote minéral du sol n'est pas disponible pour la culture $[N_{nondispo}]$. Cette quantité,

estimée à 20 kg.ha⁻¹ (Recous *et al.*, 1992), est soustraite, dès le jour initial, de la quantité d'azote minéral du sol. Les pertes par lessivage sont supposées négligeables durant la période printanière du cycle du blé sous nos climats et ne sont donc pas prises en compte dans le modèle.

L'initialisation du modèle débute avec la mesure de l'azote minéral dans le sol à la sortie-hiver [$Q_{N_{solsh}}$] telle que :

$$M_{nsh} = Q_{N_{solsh}} - N_{nondispo} \quad [8]$$

où M_{nsh} représente la quantité d'azote minéral disponible pour la culture le jour d'initialisation du modèle ; $Q_{N_{solsh}}$ le reliquat d'azote minéral du sol à la sortie-hiver et $N_{nondispo}$ la quantité d'azote du sol qui n'est pas disponible pour la culture (20 kg/ha).

La quantité d'azote minéral disponible chaque jour pour la culture est donc estimée par :

$$M_{nj} = M_{n_{j-1}} + dM_{hj} + dM_{aj} + dM_{rj} + X_i \times CAU_i - P_j \quad [9]$$

où M_{nj} représente la quantité d'azote minéral disponible pour la culture le jour j ; $M_{n_{j-1}}$ la quantité d'azote minéral du sol disponible pour la culture le jour précédent ; dM_{hj} , dM_{aj} et dM_{rj} représentent respectivement les quantités d'azote minéral issues de la minéralisation nette de l'humus, des composés organiques et des résidus de culture, le jour j . $X_i \times CAU_i$ représente la quantité d'azote issue de l'engrais qui est effectivement disponible pour la culture et P_j représente la quantité d'azote absorbée par la culture le jour j .

Les quantités d'azote produites à partir de la minéralisation nette de l'humus, dM_{hj} , des composés organiques, dM_{aj} et des résidus de culture, dM_{rj} , sont estimées en fonction de la température moyenne journalière et sur l'ensemble du cycle telle que :

$$\begin{aligned} dM_{rj} &= Mr \times f_{min}(t)_j / \sum f_{min}(t)_j \\ f_{min}(t)_j &= \exp(a \times T_{moyenne\ j} - T_{moyenne\ (sortie\ hiver - récolte)}) \\ &\text{si } T_{moyenne\ j} < 0 \text{ alors } f_{min}(t)_j = 0 \end{aligned} \quad [10]$$

où dM_{rj} représente la quantité d'azote issue de la minéralisation nette des résidus de culture le jour j ; Mr le coefficient de minéralisation des résidus de culture ; $f_{min}(t)_j$ la fonction de température moyenne du jour j ($T_{moyenne\ j}$) et de la température moyenne sur l'ensemble de la période sortie-hiver récolte ($T_{moyenne\ (sortie\ hiver - récolte)}$) qui intervient dans l'estimation des quantités d'azote minéralisées.

$$\begin{aligned} dM_{aj} &= Ma \times f_{min}(t)_j / \sum f_{min}(t)_j \\ f_{min}(t)_j &= \exp(a \times T_{moyenne\ j} - T_{moyenne\ (sortie\ hiver - récolte)}) \\ &\text{si } T_{moyenne\ j} < 0 \text{ alors } f_{min}(t)_j = 0 \end{aligned} \quad [11]$$

où dM_{aj} représente la quantité d'azote issue de la minéralisation nette des composés organiques le jour j ; Ma le coefficient de minéralisation des composés organiques ; $f_{min}(t)_j$ la fonction de température moyenne du jour j ($T_{moyenne\ j}$) et de la température moyenne sur l'ensemble de la période sortie-hiver récolte ($T_{moyenne\ (sortie\ hiver - récolte)}$) qui intervient dans l'estimation des quantités d'azote minéralisées.

$$\begin{aligned} dM_{hj} &= f_{sdc} \times ? \times \exp(a \times (T_{moyenne\ j} - T_{ref})) \times N_{organique} \times Da \times ep \times 1000 \\ &\times (\beta / ((\% \text{ arg} + ?) \times (CaCO_3 + d))) \\ &\text{Si } T_{moyenne\ j} < 0 \text{ alors } dM_{hj} = 0 \end{aligned} \quad [12]$$

où dM_{hj} représente la quantité d'azote issue de la minéralisation nette de l'humus le jour j ; f_{sdc} le coefficient relatif à la gestion de la parcelle considérée ; ($T_{moyenne\ j}$) la température moyenne du jour j ; T_{ref} , la température de référence ; $N_{organique}$ représente le pourcentage d'azote total de la parcelle ; Da la densité apparente de l'horizon labouré ; ep l'épaisseur de l'horizon labouré ; $\% \text{ arg}$ et $CaCO_3$,

respectivement les pourcentages d'argile et de calcaire de l'horizon labouré et β , γ , δ sont les coefficients qui interviennent sur ces variables.

La disponibilité de l'engrais pour la culture est limitée par un coefficient d'utilisation de l'engrais [CAU_i], qui permet de prendre en compte la compétition, au moment de l'apport, entre les différents processus d'organisation, de pertes gazeuses et de prélèvements d'azote par la culture (Meynard *et al.*, 1997). L'efficacité d'utilisation de l'engrais par la culture étant fonction des besoins instantanés de celle-ci (Limaux, 1999 ; Recous, 1983), le coefficient apparent d'utilisation de l'engrais est calculé à partir de la vitesse de croissance de la culture au moment de l'apport (Limaux *et al.*, 1999).

$$CAU_i = \frac{\text{MIN}[100; \mu + (\mu \times 100 \times ((\ln(MS_j/10) - \ln(MS_{j-7}/10)) \times (MS_j/10)) / (SDT_j - SDT_{j-7}))]}{100} \quad [13]$$

où CAU_i représente le coefficient apparent d'utilisation de l'engrais ; μ et μ représentent respectivement l'ordonnée à l'origine et la pente de la relation linéaire entre le CAU et la vitesse de croissance de la culture dans les sept jours précédents l'apport [$\ln(MS_j/10) - \ln(MS_{j-7}/10) / (SDT_j - SDT_{j-7})$].

Le fonctionnement du module « sol » est identique de la sortie-hiver à la maturité.

1.3. Description du module « plante »

Contrairement au module « sol », on distingue deux périodes de fonctionnement pour la culture : une première période allant de la sortie-hiver à la floraison et une seconde allant de la floraison à la récolte. Chacune de ces phases correspond à l'existence de puits différents (essentiellement végétatifs puis reproducteurs), et à l'existence de processus spécifiques à la seconde période du cycle (le remplissage des grains, la remobilisation d'azote des organes végétatifs vers les grains et la sénescence des organes végétatifs).

1.3.1. Accumulation de matière sèche et d'azote dans la culture entre sortie-hiver et floraison

Ce sous-module simule l'accumulation de matière sèche aérienne et d'azote dans la plante, à pas de temps journalier. L'estimation de l'accumulation journalière de matière sèche aérienne utilise le formalisme de Monteith (1972), fondé sur un bilan radiatif et la conversion de l'énergie lumineuse en biomasse (Gosse *et al.*, 1986). En l'absence de stress azoté et hydrique, la production de matière sèche est le résultat de l'interception et de la conversion de l'énergie lumineuse en assimilats carbonés par le couvert. Elle est déterminée à partir du rayonnement intercepté par le couvert (Varlet-Grancher, 1987), c'est-à-dire du rayonnement photosynthétiquement actif [PAR_{i j}], de l'efficacité d'interception [$\epsilon_{i j}$] et de la conversion de l'énergie lumineuse (Varlet-Grancher et Bonhomme, 1982) décrite par un coefficient [$\epsilon_{b j}$]. La matière sèche accumulée au jour j dans le couvert [MS_j] est égale à :

$$MS_j = MS_{j-1} + \epsilon_{i j} \times \epsilon_{b j} \times PAR_{i j} \quad [14]$$

$$PAR_{i j} = C \times RG_j$$

où MS_j représente la biomasse aérienne de la culture le jour j ; MS_{j-1} la biomasse aérienne de la culture le jour précédent. Le rayonnement photosynthétiquement actif incident représente une fraction C du rayonnement global incident journalier, RG_j.

ϵ_{ij} est calculé à partir de l'indice foliaire journalier de la culture [LAI_j , leaf area index] (Varlet-Grancher, 1987), qui est lui-même estimé à partir de la quantité d'azote critique de la culture [$QN_{critiquej}$], c'est-à-dire la quantité d'azote correspondant à la teneur en N critique du couvert pour sa biomasse aérienne.

$$\epsilon_{ij} = \epsilon_{i\max} \times (1 - \exp(-k \times LAI_j)) \quad [15]$$

$$LAI_j = D \times QN_{critiquej}$$

où ϵ_{ij} représente l'efficacité d'interception du rayonnement par la culture le jour j , LAI_j la surface foliaire du couvert le jour j . La surface foliaire est estimée à partir d'une fraction D de la quantité d'azote critique de la culture le jour j ($QN_{critiquej}$).

La variation de l'efficacité de conversion en fonction de la température est prise en compte dans le modèle selon le formalisme proposé par Brisson *et al.* (1998). De plus, afin de prendre en compte la variation de l'efficacité de conversion du rayonnement par le couvert au cours du cycle, liée aux stades de développement (Akkal, 1998), la valeur de $\epsilon_{b\max}$ change lors du franchissement du stade « épi 1 cm ».

L'accumulation d'azote dans la culture dépend de la confrontation entre la disponibilité en azote du sol et la demande de la culture. De nombreux travaux ont montré que les besoins en azote de la culture étaient directement liés à sa croissance (Gastal et Lemaire, 1997 ; Lemaire et Salette, 1984a ; Lemaire et Salette, 1984b ; Lemaire et Gastal, 1997 ; Lemaire *et al.*, 1997). L'accumulation d'azote dans les parties aériennes de la culture est alors estimée par la quantité d'azote du jour précédent, augmentée du minimum entre l'offre du sol et la demande de la culture. L'accumulation d'N dans la culture pouvant être supérieure à la quantité critique (Justes *et al.*, 1994), on utilise la courbe de %N maximale, définie par Justes *et al.* (1994) pour estimer la demande de la culture. Une contrainte supplémentaire est ajoutée pour tenir compte de la vitesse maximale d'absorption, quand la disponibilité en N du sol n'est pas limitante. Ainsi, la quantité d'azote accumulée dans la culture chaque jour est égale à :

$$QN_j = QN_{j-1} + \text{MIN}[Mn_j, \text{MIN}[(R \times MS_{j+1} \times \%N_{\max}) - (MS_j \times \%N_{\max}), V_{\max} \times T^{\circ}_{moyenne_j}]] \quad [16]$$

où QN_j représente la quantité d'azote total de la culture le jour j ; QN_{j-1} la quantité d'azote totale de la culture le jour précédent ; Mn_j la quantité d'azote minéral du sol disponible pour la culture ; MS_{j+1} la biomasse aérienne de la culture le jour suivant ; MS_j la biomasse aérienne de la culture le jour précédent ; R qui représente le rapport entre plante entière et partie aérienne pour l'azote ; $\%N_{\max}$ le pourcentage d'azote maximum ; V_{\max} la vitesse d'absorption maximale d'azote de la culture et $T^{\circ}_{moyenne_j}$ la température moyenne du jour j .

La teneur en azote maximale de la culture est estimée suivant le niveau de biomasse de la culture le jour considéré :

$$\text{Si } MS_j / 1000 < MS_{\text{seuil}} \text{ alors } \%N_{\max} = N_{\max1} \text{ sinon } \%N_{\max} = N_{\max2} \quad [17]$$

où MS_j représente la matière sèche de culture le jour j et MS_{seuil} la biomasse seuil de la culture à partir de laquelle la teneur en azote maximale de la culture est égale à $\%N_{\max2}$.

1.3.2. Effets de la température et de l'azote sur les fonctions de croissance et l'élaboration du rendement

L'effet des stress thermique et azoté sur le fonctionnement de la culture est pris en compte à travers des facteurs réduisant l'accumulation de matière sèche et les composantes du rendement (Lemaire *et al.*, 1997).

- Effet des carences azotées sur la croissance et le nombre de grains

Lorsque la demande en azote de la culture n'est plus satisfaite par l'offre, la culture entre progressivement en période de carence azotée. Pendant cette carence l'indice de nutrition azoté [INN_j] de la culture est significativement inférieur à 1. L'indice de nutrition azotée (INN) est estimé journalièrement suivant l'équation (Justes *et al.*, 1994) :

$$\text{INN}_j = \%N_j / \%N_{\text{critiquej}} \quad [18]$$

où % N_j représente le pourcentage d'azote de la culture le jour j et % N_{critique} le pourcentage d'azote critique de la culture le jour j.

Le % N_{critique} est estimé en fonction de la biomasse aérienne de la culture le jour j tel que :

$$\text{Si } MS_j / 1000 < MS_{\text{seuil}} \quad \%N_{\text{critique}} = N_{\text{crit1}} \quad [19]$$

$$\text{sinon } \%N_{\text{critique}} = (N_{\text{crit2}} \times (MS_j / 1000)^{N_{\text{crit3}}})$$

où MS_j représente la biomasse aérienne de la culture au jour j; MS seuil la biomasse aérienne de la culture au-delà de laquelle l'estimation du pourcentage d'azote critique est modifiée.

La réduction de croissance aérienne, liée à la carence azotée est simulée par deux effets, comme proposé par Bélanger *et al.* (1992) : une réduction de l'indice foliaire [LAI_j] et une réduction de l'efficacité de conversion [ε_{bj}], en fonction de l'indice de nutrition azoté intégré [INNI] tel que :

$$\text{INNI}_j = (\text{aire sous la courbe d'INN} = 1 \text{ de SH à } j) / (\text{Sdt}_j - \text{Sdt}_{\text{sortie-hiver}}) \quad [20]$$

où Sdt_j – Sdt_{sortie-hiver} représente la différence entre les sommes de température depuis le semis du jour j et de la sortie-hiver.

La réduction de l'efficacité de conversion de l'énergie lumineuse est estimée par :

$$\epsilon_{bj} = \text{MIN}[\epsilon_{b\text{max}}; \text{Red1}\epsilon_b \times (1 - \text{Red2}\epsilon_b \times \exp(-\text{Red3}\epsilon_b \times \text{INNI}_j))] \quad [21]$$

avec ε_{bj} l'efficacité de conversion de l'énergie lumineuse le jour j; ε_{b max} l'efficacité de conversion maximale ; INNI_j l'indice de nutrition azotée intégrée ; Red1ε_b, Red2ε_b et Red3ε_b représentent les coefficients de réduction de l'efficacité de conversion du rayonnement.

L'expansion de l'indice foliaire sous l'effet de la carence azotée est estimée par :

$$\text{LAI}_j = \text{MIN}[\text{LAI}_{j-1}; D \times QN_{\text{critique}} \times \text{RedLAI1} \times (1 - (\text{RedLAI2} \times \exp(-\text{RedLAI3} \times \text{INNI}_j)))] \quad [22]$$

où LAI_j représente la surface foliaire de la culture le jour j; LAI_{j-1} la surface foliaire du jour précédent ; QN_{critiquej} la quantité d'azote critique de la culture le jour j ; RedLAI1, RedLAI2 et RedLAI3 le coefficient de réduction de l'expansion foliaire ; INNI_j l'indice de nutrition azotée intégrée du jour j.

En plus des effets sur la production de biomasse, la carence azotée intervient sur les processus d'élaboration du rendement en réduisant le nombre de grains. Comme le proposent Jeuffroy et Bouchard (1999), le nombre de grains par mètre carré est réduit en cas de carence azotée avant la floraison. La perte de nombre de grains par unité de surface, [RNG], estimée par le rapport entre le nombre de grains par m² de la culture carencée et le nombre de grains par m² d'une culture n'ayant pas subi de carence, est proportionnelle au produit de l'intensité [IC] (1 – la valeur d'INN la plus faible observée jusqu'à floraison) et de la durée (période en somme de degrés jour durant laquelle l'INN est inférieur à 0,9) de la carence [DC] (Jeuffroy et Bouchard, 1999). La réduction du nombre de grains est estimée par :

$$\text{RNG} = \text{MIN}[1; \text{RedNG1} - (\text{RedNG2} \times \text{IC} \times \text{DC})] \quad [23]$$

où RNG représente le rapport du nombre de grains de la culture en conditions de carence azotée sur le nombre de grains de la culture n'ayant pas subi de carence ; IC représente l'intensité de la carence azotée (valeur minimale d'INN) et DC représente la durée de la période de carence azotée.

Le nombre de grains de la culture est alors estimé à floraison comme le produit de RNG par le nombre de grains maximum de la variété ($\text{NGM}^2_{\text{max}}$), qui est un paramètre fixe du modèle. Le nombre de grains de la culture à la floraison est estimé par :

$$\text{NGM}^2 = \text{RNG} \times \text{NGM}^2_{\text{max}} \quad [24]$$

où NGM^2 représente le nombre de grains à floraison, RGN le coefficient de réduction du nombre de grains et $\text{NGM}^2_{\text{max}}$ le nombre de grains maximum de la culture.

- Effet de la température sur la croissance

La loi d'action de la température sur la croissance est décrite dans le modèle à travers une fonction hyperbolique telle que :

$$\begin{aligned} \text{si } T_{\text{moyenne } j} < T_{\text{min}} & \quad f_{\text{croi}}(t)j = 0 \\ \text{si } T_{\text{moyenne } j} > T_{\text{optimum}} & \quad f_{\text{croi}}(t)j = 1 - ((T_{\text{moyenne } j} - T_{\text{optimum}})/(T_{\text{max}} - T_{\text{optimum}}))^2 \\ \text{si } T_{\text{moyenne } j} < T_{\text{optimum}} & \quad f_{\text{croi}}(t)j = 1 - ((T_{\text{moyenne } j} - T_{\text{optimum}})/(T_{\text{optimum}} - T_{\text{min}}))^2 \end{aligned} \quad [25]$$

où $T_{\text{moyenne } j}$ représente la température moyenne du jour j ; T_{min} représente la température minimum des processus de croissance ; T_{optimum} la température optimum et T_{max} la température maximum des processus de croissance.

Les effets de la carence azotée et des températures, agissent de manière multiplicative sur la production de matière sèche. Le fonctionnement du modèle de la sortie-hiver à la floraison est représenté de façon schématique dans la **figure 8**.

1.3.3. Accumulation de carbone et d'azote dans les grains

Après la floraison, le modèle simule l'accumulation journalière de biomasse et d'azote dans les grains. Cette cinétique dépend de la confrontation entre d'une part les besoins des grains, d'autre part l'offre de la culture en biomasse et en azote.

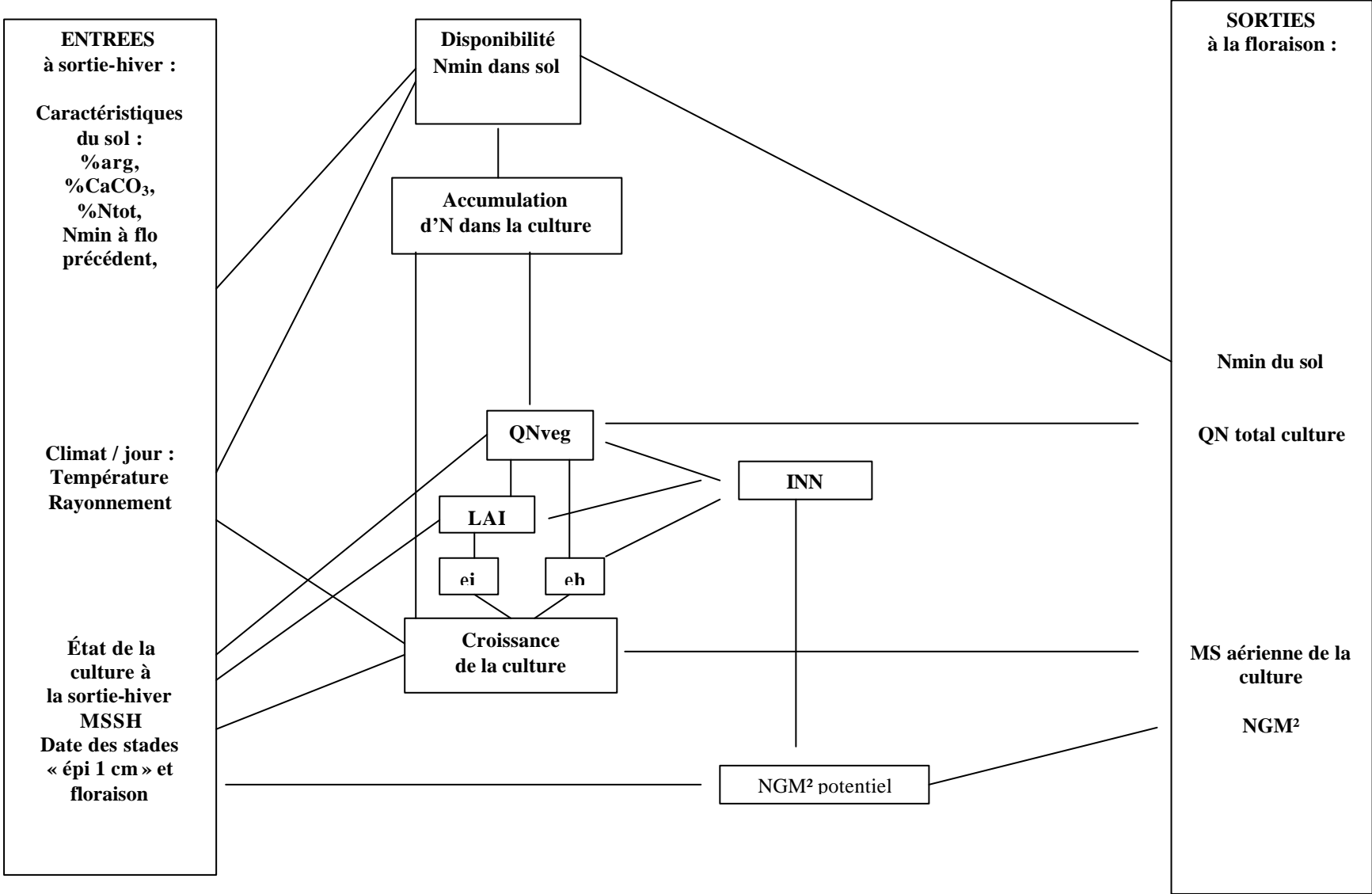
- Offre et demande en matière sèche des grains

Afin de prendre en compte l'effet non linéaire de la température sur l'accumulation de biomasse et d'azote dans les grains (Vos, 1985), le remplissage est piloté par une échelle de temps thermique, en jours normalisés, calculée d'après les références de Q10 fournies par Vos (1985).

La demande en matière sèche des grains correspond à la quantité maximum de matière sèche que les grains peuvent accumuler, si l'offre n'est pas limitante à l'échelle de la culture. Cette demande est limitée chaque jour par la valeur journalière maximale du poids d'un grain.

La cinétique d'évolution du poids d'un grain [$\text{MIG}_{\text{pot } j}$] dépend du poids maximum atteint à maturité [PIG_{max}], suivant une équation de type logistique (Girard, 1997 ; Panozzo et Eagles, 1999).

Figure 8 : Représentation schématique du fonctionnement d'Azodyn pour la période sortie-hiver à floraison.



$$MS1G_{pot\ j} = (P1G_{max} / 1000) / (1 + (((P1G_{max} - P1G_0) / P1G_0)^{(DC/2 - JN_j) / (DC/2)}) \quad [26]$$

où MS1G_{potj} représente la biomasse potentielle d'un grain le jour j ; P1G_{max} le poids d'un grain maximum ; P1G₀ le poids d'un grain à floraison ; DC représente la durée maximale de la phase de remplissage des grains en jours normalisés et JN_j la durée en jours normalisés de la phase floraison – jour j.

Le poids d'un grain maximum est estimé en fonction du nombre de grains de la culture d'après l'équation :

$$P1G_{max} = HP1G_{max} \times \text{MIN}[P1G_{max}; 1000 \times RDT_{max} / NGM^2] \quad [27]$$

où P1G_{max} représente le poids d'un grain maximum, RDT_{max} le rendement maximum ; NGM² le nombre de grains de la culture et HPg_{max} le pourcentage d'humidité du grain.

Durant la période de remplissage des grains, l'offre en biomasse est rarement limitante et c'est généralement la demande des grains qui limite l'accumulation.

La matière sèche des grains a trois origines :

- la principale source est représentée par la matière sèche produite après floraison [MS_j – MS_{f₀}],
- une partie de la matière sèche est issue de la matière sèche remobilisée avec les acides aminés qui s'accumulent dans les grains. Cette part de la matière sèche accumulée est donc proportionnelle à l'accumulation d'azote dans les grains [QNG_j × MS_{Aa}],
- enfin une dernière partie de la matière sèche est issue des sucres solubles stockés dans les tiges avant floraison [WSC₀ × WSC] et est remobilisée après ce stade.

L'accumulation réelle de matière sèche dans les grains, issue de la confrontation entre l'offre et la demande en carbone, est estimée par :

$$MSG_j = MSG_{j-1} + \text{MIN}[MS1G_{pot\ j} \times NGM^2; ((QNG_j \times MS_{Aa}) / 10 + (MS_j - MS_{f_0}) / 10 + (WSC_0 \times WSC) / 10)] \quad [28]$$

où MSG_j représente la matière sèche des grains le jour j ; MSG_{j-1} la matière sèche des grains du jour précédent ; MS1G_{pot}, la matière sèche potentielle d'un grain ; NGM² le nombre de grains par mètre carré de la culture ; QNG_j la quantité d'azote des grains le jour j ; MS_{Aa} le coefficient d'estimation de la biomasse des grains issue du carbone transféré avec les acides aminés ; MS_j la matière sèche aérienne de la culture du jour j ; MS_{f₀} la matière sèche aérienne de la culture à floraison ; WSC₀ la quantité de sucres solubles stockés à floraison et remobilisables ; WSC le coefficient de remobilisation des sucres solubles.

• Offre et demande en azote des grains

Contrairement à ce qui est observé pour la matière sèche, la demande en azote des grains est très rarement limitante et c'est l'offre en azote de la culture qui limite le plus souvent la quantité d'azote transféré journalièrement vers les grains.

La demande en azote des grains est conditionnée par leur stade de développement (Girard, 1997). Durant la première partie de la phase de remplissage, l'accumulation journalière maximale en azote correspond à 2,8% de l'accumulation journalière de matière sèche. Durant la seconde moitié de la période de remplissage, la demande n'est plus limitante et l'accumulation d'azote dans les grains est uniquement pilotée par l'offre.

L'azote qui s'accumule dans les grains a deux origines : l'azote remobilisé depuis les parties végétatives de la culture, où il avait été accumulé avant la floraison, constituant ainsi un stock d'azote remobilisable à

floraison [$QN_{remobilisable j}$], et l'azote absorbé par la culture après floraison considéré comme directement transféré vers les grains [$QN_{absorbé après floraison j}$].

La quantité d'azote remobilisable est fixée à la floraison. Elle correspond à une fraction fixe de l'azote accumulé à la floraison telle que :

$$QN_{remobilisable j} = QN_{flo} \times \alpha_{remob} \quad [29]$$

où $QN_{remobilisable}$ représente la quantité d'azote potentiellement remobilisable le jour j ; QN_{flo} la quantité d'azote aérien de la culture à floraison et α_{remob} l'efficacité de remobilisation.

Le transfert d'azote depuis ce pool d'azote remobilisable vers les grains dépend de la vitesse de remobilisation [$Vit_{remob j}$], liée à la vitesse de dégradation des protéines dans les parties aériennes. Ainsi, chaque jour, la quantité d'azote remobilisable diminue :

$$Vit_{remob j} = Rem1 \times JNMSj \quad [30]$$

avec $Vit_{remob j}$ qui représente la vitesse de remobilisation de l'azote depuis les parties végétatives vers les grains ; $Rem1$ le coefficient de dégradation des protéines et $JNMSj$ la somme des jours normalisés au jour j .

L'accumulation réelle d'azote dans les grains est donc modélisée en deux étapes. Pendant la première partie de la période de remplissage des grains [$SDT_j < SDT_{flo} + DC/2$], l'accumulation d'N dans les grains [QNG_j] est limitée par la capacité d'accumulation de celui-ci. Elle est estimée par :

$$QNG_j = QNG_{j-1} + \min[MSG_j \times 2,8\%; QN_{remobilisable j} \times Vit_{remob j} + (QN_{aéri j} - QN_{flo})] \quad [31]$$

avec QNG_{j-1} la quantité d'azote des grains du jour précédent ; MSG_j la biomasse des grains le jour j ; $QN_{remobilisable j}$ la quantité d'azote remobilisable vers les grains le jour j ; $Vit_{remob j}$ la vitesse de remobilisation de l'azote vers les grains ; $QN_{aéri j}$ la quantité d'azote aérien de la culture le jour j et QN_{flo} la quantité d'azote aérien de la culture à floraison.

Après cette date [quand $SDT_j \geq SDT_{flo} + DC/2$], la demande en azote des grains n'intervient plus ; seule l'offre en azote est limitante. L'accumulation d'azote dans les grains est donc estimée par l'équation :

$$QNG_j = QNG_{j-1} + (QN_{remobilisable j} \times Vit_{remob j} + (QN_{aéri j} - QN_{flo})) \quad [32]$$

- Accumulation de matière sèche et d'azote dans la culture entre floraison et récolte

L'accroissement journalier de matière sèche après floraison est déterminé comme précédemment sur les bases du modèle de Monteith (1972). Cependant, sous l'effet de la remobilisation de l'azote des parties végétatives vers les grains, le fonctionnement photosynthétique de la culture est perturbé (Sinclair et de Wit, 1976). Afin de prendre en compte cette modification dans le fonctionnement de la culture, le modèle ne simule plus une surface aérienne totale [LAI_j], mais une surface verte, qui concourt effectivement à la production de matière sèche [$GLAI_j$]. La réduction de la surface foliaire verte avec le temps est calculée en fonction de l'évolution de la quantité d'azote dans les organes végétatifs [$QN_{veg j}$].

$$GLAI_j =$$

$$\min[GLAI_{j-1}; LAI_{flo} \times (SENESC1 \times \ln(SENESC2 \times (QN_{veg j} / (QN_{aéri flo} - QNG_{flo})) + SENESC3))] \quad [33]$$

où $GLAI_j$ représente la surface foliaire verte de la culture le jour j ; $GLAI_{j-1}$ la surface foliaire verte de la culture le jour précédent ; LAI_{flo} la surface foliaire de la culture à floraison ; $SENESC1$, $SENESC2$, $SENESC3$ les coefficients de réduction de la surface foliaire sous l'effet de la remobilisation de l'azote. $QN_{veg j}$ la quantité d'azote végétatif de la culture le jour j et QNG_{flo} la quantité d'azote des grains à floraison.

Le coefficient de conversion de l'énergie lumineuse, ϵ_b est également affecté par ces mouvements d'azote, puisque l'azote transféré vers les grains est issu de la dégradation des protéines du photosystème, et en particulier la RUBISCO. La diminution de ϵ_b à partir de la floraison est simulée en fonction de la quantité d'azote végétatif présent dans les parties végétatives. La fonction de température agissant sur l'efficacité de conversion est identique à celle utilisée durant la phase sortie-hiver floraison. L'efficacité de conversion de l'énergie lumineuse est estimée par :

$$\begin{aligned} & \text{Si } (Q_{N_{veg\ j}} / Q_{N_{aér\ flo}}) \geq 0,6 \text{ alors : } \epsilon_{b\ j} = \epsilon_{b\ flo} \\ & \text{Si } (Q_{N_{veg\ j}} / Q_{N_{aér\ flo}}) > 0,3 \text{ alors : } \epsilon_{b\ j} = \text{MAX}[\epsilon_{b\ flo} \times \text{SENESC}_{\epsilon b} \times (Q_{N_{veg\ j}} / Q_{N_{aér\ flo}}) - 1; 0] \\ & \text{Sinon } \epsilon_{b\ j} = 0 \end{aligned} \quad [34]$$

où $Q_{N_{veg\ j}}$ représente la quantité d'azote des parties végétatives de la culture le jour j ; $Q_{N_{aér\ flo}}$ la quantité d'azote des parties aériennes de la culture à floraison; $\epsilon_{b\ j}$ l'efficacité de conversion de la culture le jour j ; $\epsilon_{b\ flo}$ l'efficacité de conversion du rayonnement à floraison; $\text{SENESC}_{\epsilon b}$ le coefficient de réduction de l'efficacité de conversion du fait des transferts d'azote vers les grains.

Après floraison, la culture continue à absorber de l'azote. L'accumulation d'azote est simulée, comme avant le stade floraison, en fonction de la confrontation entre la quantité d'azote disponible dans le sol et la demande de la culture en azote. Bien que la courbe critique n'ait été établie que pour la période de croissance végétative (Justes *et al.*, 1994), des études sur maïs ont montré que la courbe critique et la courbe maximum restaient valides durant la première partie de la période de remplissage, période durant laquelle la demande des grains est encore faible (Plénet, 1995, *cité par* Barré, 1997). De ce fait, la demande de la culture en azote est estimée en multipliant la matière sèche aérienne produite par la teneur maximale en azote durant les 200 premiers degrés jour après floraison, puis par une teneur en azote constante égale à la dernière valeur simulée (Barré, 1997) tel que :

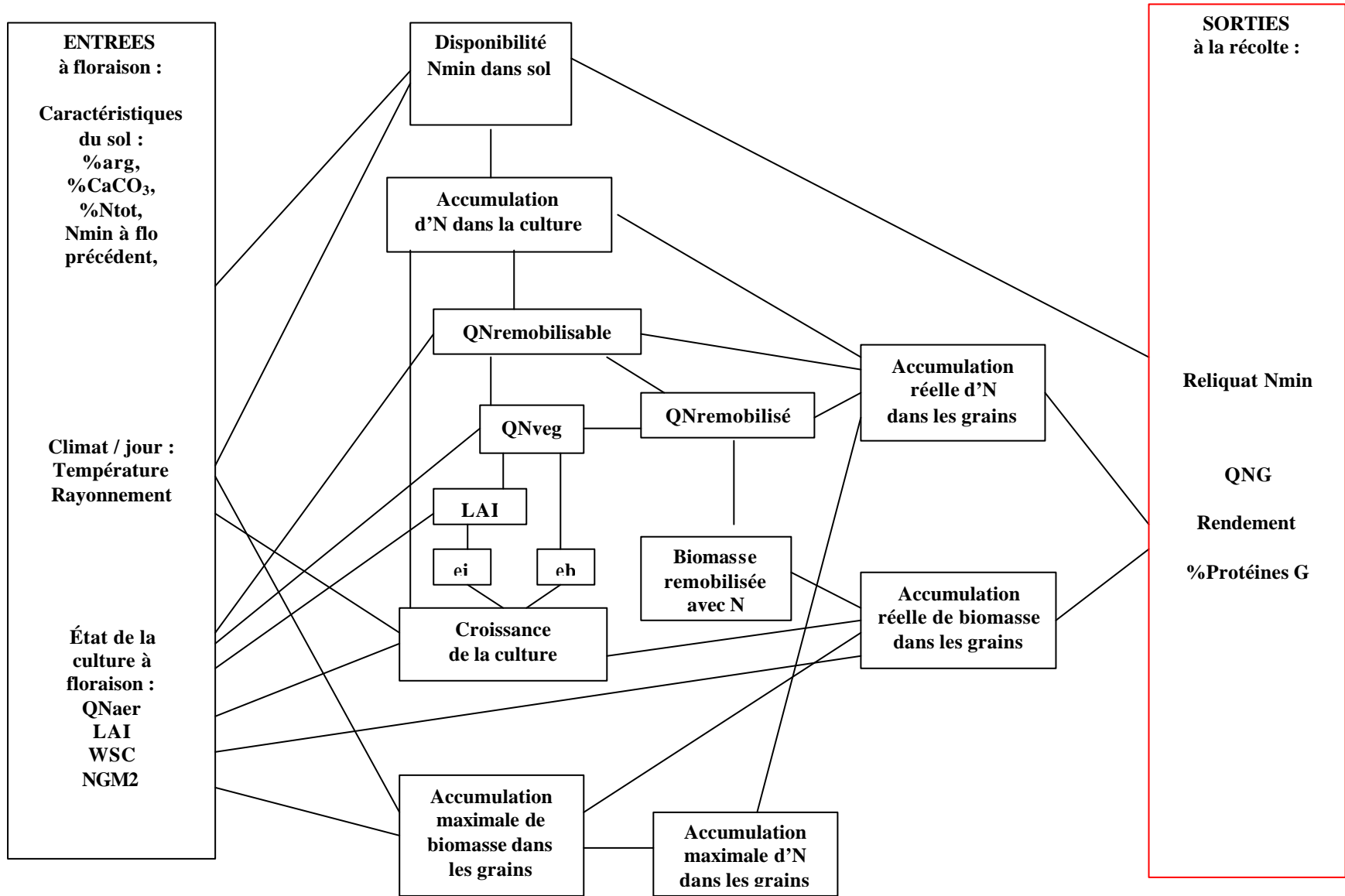
$$\begin{aligned} & \text{Si } SDJ\ j < 200 \text{ alors : } Q_{N_{aér\ j}} = Q_{N\ j-1} + \text{MIN}[MS\ j \times \%N_{max\ j}, V_{max} \times T^{\circ}_{moyenne\ j}] \\ & \text{Si } SDJ\ j \geq 200 \text{ alors : } Q_{N_{aér\ j}} = Q_{N\ j-1} + \text{MIN}[MS\ j \times \%N_{j-1}, V_{max} \times T^{\circ}_{moyenne\ j}] \end{aligned} \quad [35]$$

où SDJ représente la somme de degrés-jours depuis le semis au jour j ; $Q_{N_{aér\ j}}$ la quantité d'azote aérien de la culture le jour j ; $MS\ j$ la matière sèche aérienne de la culture le jour j ; $\%N_{max}$ la teneur en azote maximum de la culture au jour j ; V_{max} la vitesse maximale d'absorption de la culture; $T^{\circ}_{moyenne\ j}$ la température moyenne du jour j et $\%N_{j-1}$ la teneur en azote des parties aériennes de la culture 200 degrés-jours après floraison.

La prise en compte des températures sur l'accumulation de matière sèche après la floraison est identique à ce qui est réalisé durant la première partie du cycle.

Le fonctionnement de la culture est donc modifié sous l'effet de la formation puis du remplissage des grains, fonction qui fait l'objet d'un sous module distinct. La **figure 9** représente le fonctionnement du modèle Azodyn du stade floraison à la maturité physiologique.

Figure 9 : Représentation schématique du fonctionnement du modèle Azodyn après le stade floraison



2. Expérimentations réalisées

Deux types d'expérimentation ont été réalisés : des essais spécifiques en un lieu dont l'objectif était d'estimer les paramètres du modèle Azodyn pour une gamme de génotypes, et des essais multiloaux et pluri-annuels dans le but d'évaluer la capacité du modèle à rendre compte du comportement de ces génotypes dans une large gamme d'environnements.

2.1. Les génotypes

Plusieurs critères ont présidé au choix des génotypes pour notre étude :

- Ils devaient couvrir une gamme variée du point de vue de leur stabilité de teneur en protéines dans différents environnements. Dans ce but, nous nous sommes appuyés sur une étude préliminaire (Moreau, 2000) qui avait mis en évidence des niveaux de stabilité très variables entre génotypes cultivés dans des environnements variés (**tableau 2**). Certains, DI9714, Hynoprécia, Isengrain, présentaient une faible variabilité de teneur en protéines, caractérisée par la variance environnementale ; d'autres avaient au contraire un comportement plus instable sur ce critère (Arche, Camp-Rémy, Oratorio, Renan et Récital).
- Ils devaient également couvrir une gamme variée du point de vue de la stabilité du rendement dans différents environnements. Certains génotypes ont été identifiés comme stables à partir des mesures de variance environnementale (Arche, DI9714, Renan, Rumba et Soissons) alors que d'autres présentaient des niveaux de rendement beaucoup plus variables (Oratorio, Isengrain et Hynoprécia).
- Notre objectif étant plus particulièrement d'analyser le comportement des génotypes vis-à-vis de l'azote, nous avons retenu deux génotypes ayant un comportement très différent en conditions de nutrition azotée limitante (Le Gouis *et al.*, 2000) : Arche qui est *a priori* tolérante aux carences azotées et Récital, dont le fonctionnement et le rendement sont *a priori* très affectés par une période de carence azotée.
- Un autre critère était de choisir des génotypes dont le niveau moyen de teneur en protéines, mais aussi de rendement, étaient variés. Ainsi, nous avons retenu des génotypes de type blé fourrager, de teneur en protéines faible et de niveau moyen de rendement élevé. Il s'agit des génotypes Trémie et Rumba. Nous avons également retenu des génotypes de type blé améliorant, dont la teneur en protéines est élevée avec des niveaux de rendement moyen plus faibles. Il s'agit des génotypes Galibier et Renan.
- Nous avons retenu des génotypes qui représentaient les types de blé panifiable les plus utilisés tels que Soissons et Isengrain (**tableau 3**).
- Enfin, parce que notre objectif initial était d'analyser le comportement des génotypes en situation de pression parasitaire importante, nous avons choisi des génotypes ayant des niveaux variés de résistance aux différentes maladies caractérisés par le GEVES¹¹ (**tableau 4**).

Parmi les quatorze génotypes retenus, dix ont été expérimentés deux années consécutives. Il s'agit des génotypes Arche, Camp-Rémy, DI9714, Hynoprécia, Isengrain, Oratorio, Récital, Renan, Rumba et Soissons. Les quatre autres génotypes n'étaient présents qu'au cours de la seconde année d'expérimentation. Il s'agit de Baltimor, Galibier, Ornicar et Trémie.

¹¹ GEVES : Groupe d'étude et de contrôle des variétés et des semences

Tableau 2: Valeurs de rendement et de teneur en protéines moyennes observées sur différents essais variétaux du réseau interstation de l'INRA (nb milieux) ainsi que les valeurs de variances environnementales pour le rendement (Var RDT) et la teneur en protéines des grains (Var TP) pour les 10 variétés choisies dès 2001. D'après Moreau (2000).

Variété	Rdt moy(q/ha)	Var RDT	Nb milieux	% prot moy	Var TP	Nb milieux
Arche	86,1	216	69	10,1	2,6	61
Camp-Rémy	68,3	277	40	11,9	2,5	61
DI9714	86,4	124	34	11,9	0,5	10
Hynoprécia	73,9	579	11	11,9	0,5	10
Isengrain	92,6	281	48	11,9	0,6	9
Oratorio	84,3	297	20	11,8	2,3	11
Récital	77,9	299	163	10,8	1,8	128
Renan	72,8	224	56	12,9	2,9	48
Rumba	89,1	192	55	10,7	1,0	28
Soissons	81,6	224	414	11,4	1,9	164

Tableau 3: Principales caractéristiques agronomiques et qualité boulangère des variétés ainsi que leurs dates d'inscription au catalogue variétal.

Variété	Année d'inscription	Précocité épiaison	Résistance au froid	Résistance à la verse	Valeur boulangère
Arche**	1989	6	2,5	6	BAU
Camp-Rémy*	1980	6	6	6	BPS
Baltimor***	1997	5	7	8	BPS
DI9714		-	-	-	-
Galibier***	1991	8	3	3	BAF
Hyno-précia*	1994	6,5	7,5	7	BPS
Isengrain*	1996	7	5,5	6	BPS
Oratorio*	1996	6,5	7	8,5	BPC
Ornicar***	1997	6,5	6,5	7,5	BB
Récital*	1986	8	5,5	7	BPS
Renan*	1989	6	9	7	BAF
Rumba*	2000	5,5	9	6,5	BPC
Soissons*	1988	7	4,5	7,5	BPS
Trémie***	1992	7	6,5	5,5	BAU

* Valeurs pour la campagne 1999, *Perspectives agricoles*, 257, mai 2000.

** Valeurs pour la campagne 1995, *Perspectives agricoles*, 213, mai 1996.

*** Mémento des semences (SEMEX, 2003)

Valeurs de résistance : 1 = faible résistance à 9 = résistant

Valeurs de précocité à épiaison :

3 : tardive, 4,5 : ½ tardive, 6 : demi-précoce, 7 : précoce, 9 : très précoce

Valeur boulangère : BPC : blé panifiable courant, BPS : blé panifiable supérieur, BAU : blé pour autres usages,

BAF : blé améliorant ou de force, BB : blé biscuitier.

Tableau 4 : Notes de résistance des variétés choisies aux principales maladies foliaires (de 1= très sensible à 9 = résistant).

Variétés	Rouille brune	Rouille jaune	Oidium	Piétin-verse	Fusariose sur épi	Septoriose sur épi
Arche**	6	9	5	2	6	4
Baltimor****	4	7	6	2	5	3
Camp-Rémy*	2	7	4	2	5	4
DI9714****	9	5	9	9	9	7
Galibier****	2	5	8	2	4	4
Hynoprécia*	8	6	5	3	5	5
Isengrain*	3	7	6	1	3	3
Oratorio*	7	9	7	3	3	5
Ornicar****	8	8	6	2	4	4
Récital*	1	1	4	2	3	4
Renan*	8	8	6	5	6	4
Rumba*	8	3	7	7	6	6
Soissons*	2	7	6	2	5	5
Trémie****	6	5	4	3	3	3

* valeurs pour la campagne 1999, *Perspectives agricoles*, 257, mai 2000

** valeurs pour la campagne 1995, *Perspectives agricoles*, 213, mai 1996

*** source M.Brancourt, rapport intermédiaire programme CTPS « Analyse agronomique de la stabilité du rendement et de la teneur en protéines du blé tendre d'hiver », octobre 2000

**** Mémento des semences (SEMEX, 2003)

2.2. Essais de Grignon

Des expérimentations spécifiques ont été mises en place sur le site de l'Unité Expérimentale "Grandes Cultures" de l'INRA de Grignon (78), pendant deux campagnes, 2000-2001 et 2001-2002. Les génotypes présentés ci-dessus ont été semés dans ces deux essais (10 lors de la première année et 14 lors de la seconde année). L'objectif des expérimentations était d'estimer les paramètres génotypiques du modèle concernant le métabolisme azoté de la culture.

2.2.1. Traitements expérimentaux

Différents traitements expérimentaux (**tableau 5**) ont été réalisés afin d'obtenir (i) des états de nutrition azotée à floraison très variables et (ii) des niveaux de disponibilité d'azote dans le sol variés avant et après floraison.

Les traitements 0N et N0 servent de traitements de référence non fertilisés pour quantifier l'absorption d'azote issu de la minéralisation d'N dans le sol. Les traitements 3N et N avaient pour objectif de maintenir une alimentation azotée non limitante jusqu'à floraison ($INN \geq 0,9$). La dose totale d'azote appliquée sur ces traitements a été calculée par la méthode des bilans (Rémy et Hébert, 1977). Les traitements 4N et N+ ont reçu un apport supplémentaire (de 90 et 80 unités/ha respectivement en 2001 et 2002) par rapport à la dose bilan. Ils avaient pour objectif de maintenir une fourniture azotée du sol non limitante durant l'ensemble du cycle cultural, y compris la période de remplissage des grains. Dans ces situations, l'absorption d'azote n'ayant pas été limitée par la disponibilité en azote du sol, l'absorption d'azote mesurée sur ces traitements représente l'absorption potentielle pour chaque génotype sur l'ensemble du cycle pour les conditions climatiques de l'essai.

Les trois premiers apports d'azote ont été effectués à la même date pour l'ensemble des variétés. Le quatrième ou cinquième apport, dont le stade d'application visé était la floraison, les dates d'apport prenaient en compte la date d'observation de ce stade sur l'ensemble des variétés (**tableau 6**).

Tableau 5 : Modalités de fertilisation azotée appliquées sur tous les génotypes lors des essais 2000-01 et 2001-02 à Grignon (doses en unité d’N/ha).

Année	Traitement	1 ^{er} apport	2 ^{ème} apport	3 ^{ème} apport	4 ^{ème} apport	5 ^{ème} apport	Dose totale
2001	0N						0
	1N	60					60
	2N	60	100				160
	3N	60	100	80			240
	4N	60	100	80	90		330
2002	N0						0
	N-	60	80				140
	N	60	80	80	40		260
	N+	60	80	80	40	80	340

Tableau 6 : Dates auxquelles ont été effectués les derniers apports (apports floraison) sur chacun des génotypes sur le site de Grignon.

Année expérimentale	Date d’apport	Génotype
2000-01	29/05/01	Récital, Isengrain, Oratorio, Soissons,
2000-01	30/05/01	Arche, Camp-Rémy, DI9714, Hynoprécia, Renan, Rumba,
2001-02	18/05/02	Galibier, Récital
2001-02	25/05/02	Isengrain, Oratorio, Trémie
2001-02	30/05/02	Arche, Baltimor, Camp -Rémy, DI9714, Ornicar, Renan, Rumba

Le dispositif expérimental a été organisé en trois blocs (ou répétitions) au sein desquels la répartition des traitements et des génotypes permettait d’optimiser les passages d’engins agricoles pour les apports d’azote et de limiter l’effet de voisinage entre variétés de tailles différentes.

Pour ne pas limiter la disponibilité et l’absorption d’azote, un système d’irrigation au goutte-à-goutte a été mis en place sur la parcelle, pour chaque essai. Entre la sortie hiver et la maturité des grains, un apport d’eau était déclenché dès que les tensiomètres situés à 40 cm de profondeur dans le sol atteignaient le seuil de $-30 \cdot 10^3$ Pa (protocoles en **annexes 1 et 2**). Une protection fongicide maximale a permis de préserver les essais de la présence de maladies. De même, l’application d’herbicides a permis de limiter la présence de mauvaises herbes dans les essais.

2.2.2. Mesures réalisées sur la culture

Entre la sortie hiver et la floraison, un suivi régulier de la croissance (matière sèche et teneur en azote des parties aériennes) a été réalisé sur tous les génotypes pour les traitements expérimentaux 0N et 3N en 2001 et pour le traitement N en 2002. Des prélèvements ont été réalisés tous les quinze jours la première année et à quatre stades clés du développement avant floraison la seconde année (**annexe 3**), à raison de deux placettes par bloc, de 50 cm (expérimentations de 2001) et 100 cm (expérimentations de 2002) de long sur deux rangs consécutifs, en évitant les rangs de bordure. Contrairement à la première année d’expérimentation, les prélèvements de 2002 ont été réalisés en fonction des précocités variétales (**annexe 3**).

La date d’apparition des principaux stades de développement a été observée et notée (stades « épi 1 cm », épiaison et floraison) (**annexe 3**).

Les échantillons ont été dépouillés au laboratoire (lavage, coupe des racines, séparation des organes végétatifs et reproducteurs), puis séchés en étuve 72h à 80°C. La matière sèche des différents organes a été mesurée et les échantillons broyés. L’analyse des teneurs en azote des différents organes a été réalisée aux laboratoires de l’INRA de Grignon, suivant la méthode Dumas.

A floraison, les quatre traitements azotés différenciés la première année et les trois traitements azotés différenciés la seconde année pour tous les génotypes ont été prélevés afin d'estimer la matière sèche et la teneur en azote des deux principaux compartiments aériens, les pailles et les épis. Les modalités de prélèvement ont été identiques à celles des dates précédentes.

A partir de la floraison, le suivi des traitements expérimentaux 3N et 4N en 2001 et N et N+ en 2002 a été réalisé pour tous les génotypes suivant les précocités variétales enregistrées à floraison. La durée entre deux prélèvements successifs a été d'environ 250 degrés jour en 2001 et 200 degrés jour en 2002. Ainsi, deux prélèvements ont été réalisés en 2001 au cours de la phase de remplissage des grains, et trois en 2002 (**annexe 3**). Au cours de ces prélèvements, les mesures de matière sèche et de teneur en azote des différents compartiments aériens ont été réalisées (pailles et grains) (**annexe 3**). Les teneurs en azote des balles ont été supposées identiques à celles des pailles.

Nous avons estimé la maturité physiologique de chaque variété au sein de chaque traitement atteinte dès lors que la teneur en eau des épis était inférieure à 40%. A la date de maturité de chaque variété au sein de chaque traitement, la matière sèche des pailles, épis et grains a été mesurée, ainsi que la teneur en azote des pailles et des grains. La mesure du nombre de grains par mètre carré a également été réalisée à ce stade pour l'ensemble des variétés et des traitements expérimentaux. Pour l'ensemble des prélèvements réalisés à maturité physiologique, la teneur en protéines a été estimée comme le ratio de l'azote des grains sur la biomasse des grains, corrigé d'un coefficient de 5,7 et le poids de mille grains a été estimé à partir de la matière sèche des grains et du nombre de grains par m².

2.2.3. Prélèvements de sol

Des analyses de sol avant chaque apport d'azote ont également été effectuées afin de mesurer la quantité d'azote minéral disponible pour la culture. Ces prélèvements ont été effectués pour différentes variétés pour lesquelles il avait été mis en évidence une différence d'absorption d'azote (Arche et Récital) (Le Gouis *et al.*, 2000), ainsi que pour une variété de référence (Soissons en 2001 et Renan en 2002). Les dates des différents prélèvements de sol sont résumées dans le **tableau 7** et le protocole de prélèvement d'échantillon de sol est décrit dans les **annexes 1 et 2**.

Tableau 7 : Date des prélèvements de sol pour mesure des niveaux d'azote minéral du sol disponible avant chaque apport ainsi que les variétés sur lesquelles ont été effectués ces prélèvements et niveaux moyens d'azote dans le profil (0-90 cm) à chaque date.

Année expérimentale	Date de prélèvement	Génotype	Qté N moyenne (0 – 90 cm) (kg/ha)
2000-01	25/01/01	Tous	18
	19/03/01	Arche, Récital, Soissons	45
	23/04/01	Arche, Récital, Soissons	40
	22/05/01	Arche, Récital, Soissons	39
	26/07/01*	Arche, Récital, Soissons	71
2001-02	21/02/02	Tous	20
	13/05/02	Arche, Renan	99
	31/05/02	Arche, Récital	115
	10/06/02	Arche, Renan	38
	31/07/02**	Arche, Récital, Renan	62

* valeur pour le traitement avec apport d'azote à floraison (4N)

**valeur pour le traitement avec apport d'azote à floraison (N+)

Les données climatiques (températures minimale et maximale, rayonnement global incident, pluviométrie et ETP Penman) ont été enregistrées à la station météo située à moins d'un kilomètre de l'essai.

2.3. Réseau expérimental multilocal

Le réseau expérimental avait pour objectif d'évaluer la capacité du modèle à rendre compte du comportement des géotypes. Tous les géotypes décrits précédemment ont été cultivés dans un réseau multilocal couvrant des situations pédoclimatiques *a priori* contrastées, pendant deux années consécutives : 2000-01 et 2001-02.

2.3.1. Stations expérimentales

Sept sites expérimentaux répartis dans toute la France (**figure 10**) ont été retenus pour mettre en place les expérimentations au cours des deux années d'étude. Cinq de ces sites étaient communs aux deux années. Les sites retenus ont été : les unités expérimentales du département Génétique et Amélioration des Plantes de l'INRA (réseau expérimental du groupe Céréales à Paille) du Rheu (Rennes 35), de Estrée-Mons (80), du Moulon (78), d'Epoisses (Dijon 21), de Clermont-Ferrand (63) et de Toulouse (31) ainsi que la station expérimentale SERASEM de Presmesques (Lille 59).

Ces sites ont été choisis de manière à couvrir une gamme de situations présentant *a priori* des facteurs limitants du rendement et de la teneur en protéines variés. Ils sont caractérisés par :

- Une variabilité de types de précédent cultural (**tableau 8**), induisant des niveaux variés de reliquat d'N dans le sol à la sortie de l'hiver, donc des disponibilités en azote très différentes. Ces sites se différencient également par des niveaux d'azote total variables. Certains sites ont des valeurs de teneur en azote total élevées (Clermont-Ferrand et Dijon) alors que d'autres ont des niveaux de teneur en azote total plus faibles (Toulouse, Mons et Lille) (**tableau 9**) ;
- Une variabilité de types de sol, caractérisés par des textures variées (**tableau 9**) ;
- Une variabilité de réserve hydrique du sol (**tableau 9**), de niveau de pluviométrie et de répartition des pluies (**figures en annexe 4**) au cours du cycle cultural, induisant des situations présentant une large gamme de risque de déficit hydrique au cours du cycle ;
- Une variabilité du risque de températures élevées pendant le remplissage des grains (**figures en annexe 4**) ;
- Une variabilité du rayonnement incident sur la parcelle (**figures en annexe 4**) ;
- Une variabilité de pression parasitaire (Lecomte, *Com. Pers.*).

Sur l'ensemble des sites expérimentaux, un travail du sol conventionnel a été réalisé, à l'exception du site de Toulouse pour lequel les essais s'intégraient dans le système « Travail du sol superficiel ».

Tableau 8 : Caractéristiques des sites du réseau d'essais multilocal (RSH = reliquat d'N minéral dans le sol à la sortie hiver ; T° = température ; RG = rayonnement global incident)

Site	Année	Date de semis	RSH (unité N /ha)	Précédent	Pluviométrie Oct - Août (mm)	T°moyenne Oct. - Mars (°C)	T°moyenne Mars - Août (°C)	RG Moyen Oct. - Mars (KJ/ha)	RG moyen Mars - Août (KJ/ha)
Clermont-	2001	26-oct-2000	75	Tournesol	391	9,0	14,0	568	1661
Ferrand	2002	02-nov-2001	70	Tournesol	377	6,8	14,4	574	1756
Dijon	2001	17-oct-2000	41	Vesce	836	6,9	14,1	530	1837
Le Moulon	2001	25-oct-2000	40	Orge	739	7,5	13,7	422	1602
	2002	15-oct-2001	40	Orge	465	7,4	13,7	454	1628
Lille	2002	16-oct-2001	30	Colza	632	6,9	12,9	396	1457
Mons	2001	25-oct-2000	55	Colza	737	7,0	13,0	411	1664
	2001	10-nov-2000	84	Pois	1047	9,0	14,0	500	1824
Rennes	2002	30-oct-2001	46	Féverole	475	8,7	13,6	544	1794
	2001	09-nov-2000	80	Pois	728	10,0	16,0	700	2000
Toulouse	2002	07-nov-2001	175	Pois	454	8,9	15,9	738	1910

Tableau 9 : Analyse granulométrique (issue d'une analyse de sol), profondeur estimée et réserve utile des sols des différents sites du réseau d'essais (C. Lecomte, *com. Pers.*) (RU = réserve utile ; RFU = réserve facilement utilisable) ; nc = non communiqué par les expérimentateurs

Site	Année	Profondeur (cm)	RU/RFU mm	% Argile	%N tot	% Limon	% CaCO ₃	%Sable	Type
Clermont –Ferrand	2001	90	210/140	33,3	1,98	44,7	16,8	22,0	Argilo-calcaire
	2002	90	210/140	26,4	1,74	56,5	24,8	17,1	
Dijon	2001	100	210/140	38,4	1,45	54,5	0,03	7,1	Argilo-limoneux
Le Moulon	2001	= 100	210/140	14,9	1,38	74,1	0	9,4	Limoneux fin
	2002	= 100	210/140	14,9	1,14	74,1	0	9,4	
Lille	2002	= 100	210/140	22,1	1,00	62,7	0,29	15,2	Argilo-limoneux
Mons	2001	= 100	210/140	17,8	1,05	75,0	1,3	5,9	Limoneux fin
Rennes	2001	= 100	180/120	14,5	1,12	68,1	> 1	17,4	Limon – argileux
	2002	= 100	180/120	14,5	1,12	68,1	> 1	17,4	
Toulouse	2001	nc	150/100	23,8	0,97	nc	1,83	nc	Argilo-calcaire
	2002	nc	150/100	23,8	0,97	nc	1,83	nc	

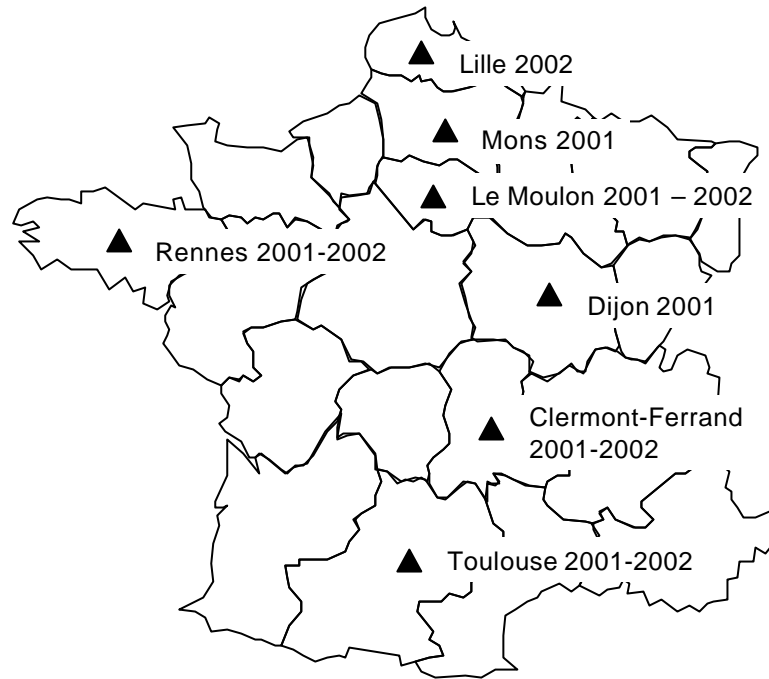


Figure 9 : Sites expérimentaux du réseau d'essais et année de présence de chacun d'eux sur le réseau (représenté par l'année de récolte).

2.3.2. Traitements expérimentaux

Afin de favoriser l'apparition de facteurs limitants dans les différents lieux, trois traitements expérimentaux, appliqués de manière identique à toutes les variétés, ont été mis en place. Sur chaque site ont été réalisés au moins deux traitements expérimentaux parmi les trois suivants (**tableau 10**) :

- **Traitement témoin, appelé traitement « intensif » (in)**. Il s'agit d'un traitement de référence sur lequel a été appliquée une conduite culturale classique et pour lequel, *a priori*, la culture ne devait rencontrer aucun facteur limitant autre que climatique. La dose d'azote apportée correspondait à la dose calculée suivant la méthode du bilan, pour un objectif de rendement commun à toutes les variétés et déterminé suivant le site expérimental (de 90 q/ha à Toulouse jusqu'à 100 q/ha pour le site de Mons). Une protection fongicide complète a été appliquée pour limiter tout risque d'apparition des maladies.
- **Traitement limitant en azote, « azote réduit » (nr)**. Il s'agit d'un traitement pour lequel l'azote devait être le principal facteur limitant pour la culture. La dose d'azote apportée a été réduite de 100 unités/ha par rapport à celle du traitement témoin « in ». Suivant les situations, les apports d'azote ont été plutôt situés vers la fin du cycle (stade gonflement) afin de favoriser la teneur en protéines, ou concentrés sur le début de cycle (épi 1 cm) afin de favoriser le rendement. Dans certains cas, aucun apport d'azote n'a été réalisé du fait des forts reliquats à la sortie de l'hiver (Rennes 2002). La protection fongicide a été identique à celle du traitement témoin « in ». Les dates et les doses d'apport sont données dans le **tableau 12**.
- **Traitement sans protection fongicide, « non traité » (nt)**. Il s'agit d'un traitement pour lequel, les maladies devaient être le facteur limitant principal, hors facteurs limitants climatiques non maîtrisables. La dose d'azote apportée a été identique à celle du traitement témoin « in ». Aucune protection fongicide n'a été appliquée durant le cycle.

Tableau 10 : Répartition des traitements expérimentaux au sein de chaque site d'essai dans le réseau multilocal.

Site	Campagne 2000-2001			Campagne 2001-2002		
	in	nr	nt	in	nr	nt
Clermont-Ferrand	×	×		×	×	
Dijon	×	×				
Le Moulon	×	×	×	×	×	×
Lille				×		×
Mons	×	×	×			
Rennes	×	×	×	×	×	×
Toulouse	×	×		×	×	

La combinaison d'une année, d'un site et d'un traitement représente un environnement. Chaque variété a donc été suivie sur 27 environnements différents.

Les traitements expérimentaux (géotypes × conduite) ont été répétés sur trois blocs. Les différentes conduites étaient organisées indépendamment. La répartition des variétés au sein de chaque bloc a été organisée afin de limiter les effets de voisinage du fait de leur différence de hauteur. Le détail des conduites et interventions effectuées sur chaque site d'essais est présenté en **annexe 5**.

2.3.3. Suivi de la culture

Des prélèvements réguliers au cours du cycle de la culture ont été réalisés pour chaque variété dans l'ensemble des traitements expérimentaux (**tableau 11**). Les prélèvements ont été effectués sur l'ensemble des environnements suivant la méthode des placettes, à raison d'un prélèvement de 50 cm sur les quatre rangs centraux du train de semis, du stade « épi 1 cm » à maturité physiologique. Sur le site de Toulouse, l'ensemble des prélèvements a été effectué suivant la méthode des « bottillons » (voir **annexes 5 et 6** pour le détail des protocoles).

Tableau 11 : Mesures réalisées sur chaque variété au sein de chaque traitement, au cours du cycle de culture

Prélèvement	Matière sèche	Teneur en azote (%N)
Sortie hiver	Parties aériennes	Parties aériennes
Epi 1 cm	Parties aériennes	Parties aériennes
Floraison	Pailles et épis	Pailles et épis
Mi-remplissage (Flo + 30j)	Pailles, épis et grains	Pailles, grains
Maturité	Pailles, épis et grains	Pailles, grains
Des mesures du nombre de plantes (sortie-hiver), du nombre d'épis (floraison) et du nombre de grains par unité de surface (maturité) ont également été réalisés.		

Site	Année de récolte	Traitements « intensif » et « non traité »				Traitement « azote réduit »				Total	
		Sortie-hiver	« épi 1 cm »	« dernière feuille étalée »	« épiaison »	Sortie-hiver	« épi 1 cm »	« dernière feuille étalée »	« épiaison »	In et nt	nr
Clermont - Ferrand	2001	50u (07/03)	30u (28/03)	50u (04/04)		-	30u (28/03)	-		130	30
	2002	50u (11/03)	70u (04/04)			-	40u (29/04)			120	40
Dijon	2001	60u (15/02)	90u (20/03)	40u (14/05)		-	60u (20/03)	40u (14/05)		190	100
Le Moulon	2001	40u (26/02)	120u (02/04)	50u (11/05)		-	80u (02/04)	35u (11/05)		210	115
	2002	80u (14/03)	70u (22/04)	60u (16/05)		80u (14/03)	-	40u (16/05)		210	120
Lille	2002	50u (18/02)	80u (28/03)	50u (06/05)						180	
Mons	2001	50u (06/03)	70u (02/04)	50u (15/05)			40u (02/04)	40u (15/05)		170	80
Rennes	2001	40u (14/02)	70u (30/03)	40u (23/04)	40u (15/05)	-	-	40u (23/04)	40u (15/05)	190	80
	2002	40u (10/04)	40u (13/05)			-	-			80	0
Toulouse	2001	16u (06/02)	113u (20/02)	36u (18/04)		16u (06/02)	-	36u (18/04)		165	52
	2002	120u (19/03)	60u (25/04)			-	60u (25/04)			180	60

Tableau 12 : Dates et doses d'azote apportées sur les différents traitements sui vant le site et l'année d'essai. Les doses sont exprimées en unités d'N/ha.

Les échantillons ont été dépouillés au laboratoire (lavage, coupe des racines, séparation des organes végétatifs et reproducteurs), puis séchés en étuve 72h à 80°C. La matière sèche des différents organes a été mesurée et les échantillons broyés. L'analyse des teneurs en azote des différents organes a été réalisée aux laboratoires de l'INRA de Bordeaux et du C.C.V.E France Luzerne à Chalôns-en-Champagne, suivant la méthode Dumas. Seuls les échantillons de Dijon au stade maturité physiologique ont été analysés par infralyseur dans le proche infrarouge après calibration de l'appareil par la méthode Kjedal.

Les prélèvements ont été effectués à la sortie hiver, au stade «épi 1 cm» moyen de l'ensemble des variétés, à la floraison de chaque variété, 30 jours après floraison (mi-remplissage) et à maturité physiologique, déterminée pour chaque variété dès lors que la teneur en eau des épis était inférieure à 40 %.

Au cours de la campagne 2002, un sous-échantillonnage a permis de faciliter et d'accélérer le dépouillement et le séchage des échantillons prélevés. L'impact de cette méthode de dépouillement sur la précision des mesures a été évalué sur les sites de Grignon et de Lille : l'écart de mesure entre les deux méthodes est inférieur à 5%.

Les principaux stades de développement («épi 1 cm», épiaison, floraison) ont été notés pour chaque variété. Des notations de maladie (selon le protocole décrit en **annexes 5 et 6**) ont également été réalisées sur toutes les variétés à deux ou trois dates au cours du cycle suivant la pression maladie enregistrée (montaison, floraison et mi-remplissage).

2.4. Outils informatiques

L'ensemble des analyses statistiques ont été réalisées avec le logiciel SAS (SAS Institute, 1990). Les versions d'Azodyn utilisées étaient les versions EXCEL et C++.

CHAPITRE 4 : Résultats

CHAPITRE 4 : RESULTATS

Ce dernier chapitre regroupe l'ensemble des résultats et des réflexions autour de l'analyse du comportement variétal à l'aide d'outils biométriques simples et d'un modèle de culture.

1. Nous estimerons l'importance des interactions génotype \times environnement observées sur le réseau d'essais. Nous caractériserons les différents environnements par les facteurs limitants du milieu qui ont affecté le rendement. Cette analyse sera réalisée par un diagnostic agronomique sur les trois génotypes révélateurs présents sur le réseau d'essais. Nous estimerons également sur le réseau d'essais dans son ensemble et pour un sous-ensemble d'environnements, les niveaux de stabilité des différents génotypes qui ont été suivis.
2. Nous identifierons au sein du modèle dynamique de culture, les fonctions et les paramètres qui vont permettre de rendre compte des différences de comportement observées entre les génotypes utilisés.
3. Nous déterminerons par une analyse de sensibilité, suivant un dispositif factoriel, quels sont, parmi les facteurs identifiés dans l'étape précédente, ceux qui ont le plus d'influence sur la variabilité du rendement et de la teneur en protéines.
4. Enfin, nous évaluerons la capacité du modèle à rendre compte du niveau moyen de performance des différents génotypes, ainsi que la variabilité de ces performances en terme de variance environnementale et de classement. Nous évaluerons, également dans cette partie, la pertinence de l'adaptation variétale du modèle de culture.

1. Analyse du réseau d'essais et identification des facteurs environnementaux de la stabilité

Notre objectif est de déterminer en quoi un modèle de culture adapté à différents génotypes, expérimentés sur des essais multilocaux et multitraitements, est capable de rendre compte des effets du milieu, du génotype et des interactions génotype \times environnement sur les variations de rendement et de teneurs en protéines. L'objectif, est à terme, de pouvoir utiliser ce type de modèle pour prédire le comportement de nouveaux génotypes ou l'impact de nouvelles combinaisons génétiques sur le rendement et la teneur en protéines.

Dans cette première partie des résultats, nous chercherons (1) à caractériser le réseau d'essais par rapport à l'interaction génotype \times environnement qui a pu y être observée, (2) à caractériser chaque environnement pour sa participation à l'interaction, ainsi que les facteurs limitants du rendement qui ont pu y être observés. Enfin, nous évaluerons le niveau de stabilité des différents génotypes sur le réseau d'essais considéré.

Afin de repérer les environnements du réseau, les codes utilisés sont établis comme indiqué dans le **tableau 13**.

Tableau 13 : Codes des 27 milieux retenus pour la suite de l'étude. Chaque environnement est représenté par la première lettre de la station expérimentale, l'année et la conduite considérée

Stations expérimentales								
Année	Conduite	Clermont-F	Dijon	Le Moulon	Mons	Rennes	Serasem	Toulouse
2001	in	C1in	D1in	L1in	M1in	R1in		T1in
2001	nr	C1nr	D1nr	L1nr	M1nr	R1nr		T1nr
2001	nt			L1nt	M1nt	R1nt		
2002	in	C2in		L2in		R2in	S2in	T2in
2002	nr	C2nr		L2nr		R2nr		T2nr
2002	nt			L2nt		R2nt	S2nt	

1.1. Importance de l'IGE sur le réseau d'essais

Nous avons estimé l'effet des interactions génotype \times environnement sur les variations du rendement et de la teneur en protéines des génotypes, pour le réseau d'essais multilocal et multitraitements décrit dans le paragraphe précédent, à l'aide d'un modèle d'analyse de variance suivant :

$$E[Y_{ge}] = \mu + \alpha_g + \beta_e + \alpha\beta_{ge} \quad [36]$$

$E[Y_{ge}]$ représente l'estimateur du rendement ou de la teneur en protéines du génotype g dans le milieu e ; μ représente la moyenne générale de l'ensemble des essais considérés ; α_g représente l'effet principal du génotype g , c'est-à-dire l'écart moyen du génotype g à la moyenne μ ; β_e représente l'effet principal de l'environnement e , c'est-à-dire l'écart moyen de l'environnement e à la moyenne μ , et $\alpha\beta_{ge}$ représente le terme d'interaction du génotype g dans l'environnement e , c'est-à-dire l'écart au modèle additif ($\mu + \alpha_g + \beta_e$).

Qu'il s'agisse du rendement ou de la teneur en protéines, le principal facteur de variation est l'environnement. Puis viennent le génotype et l'IGE (**tableaux 14 et 15**). L'IGE est hautement significative dans les deux cas ce qui signifie que les moyennes génotypiques ne peuvent *a priori* être à elles seules représentatives des niveaux de performances des génotypes.

La part de variation liée aux interactions diffère suivant le caractère étudié. Si on exprime la variation, c'est-à-dire la somme des écarts, liés à l'interaction par rapport à la variation liée à l'effet principal du génotype, on constate que l'effet des interactions sur le rendement est 1,19 fois plus important que l'effet du génotype alors que cette même interaction ne représente que 0,41 fois l'effet du génotype sur la teneur en protéines.

L'effet des interactions sur les variations de rendement est plus important que l'effet des interactions sur la teneur en protéines.

Tableau 14 : Résultats de l'analyse de variance pour le rendement, erreur quadratique moyenne (MSE¹²) associée à chaque facteur et valeur de F (test de Fisher) pour chaque effet. G E représente les interactions génotype environnement (*, **, * effet significatif à 0,001 ; 0,01).**

Effets	DF	MSE	F	Part des effets par rapport au génotype
Modèle	371 R ² = 0,96	687,51 RMSE = 4,52 q/ha	33,58*** Moyenne = 74,68 q/ha	
Génotype	13	2274,41	111,09 ***	1
Environnement	26	6957,10	339,80 ***	6,12
G × E	278	126,18	6,16 ***	1,19
Répétition	54	87,91	4,29 ***	0,16

Tableau 15 : Résultats de l'analyse de variance pour la teneur en protéines, erreur quadratique moyenne (MSE) associée à chaque facteur et valeur de F (test de Fisher) pour chaque effet. G E représente les interactions génotype environnement (*, **, * effet significatif à 0,001 ; 0,01).**

Effets	DF	MSE	F	Part des effets par rapport au génotype
Modèle	371 R ² = 0,95	4,62 RMSE = 0,40 g/100gMS	28,25*** Moyenne = 11,25 g/100gMS	
Génotype	13	34,58	211,32 ***	1
Environnement	26	38,65	236,20 ***	2,23
G × E	278	0,66	4,04 ***	0,41
Répétition	54	0,37	2,29 ***	0,04

Les quatorze génotypes du réseau stabilité n'ont pas été expérimentés sur un nombre d'environnements équivalent. En effet Baltimor, Galibier, Ornicar et Trémie n'étaient présents sur le réseau qu'au cours de la seconde année d'expérimentation. Pour ces génotypes nous ne disposons que de 12 environnements d'étude alors que pour les dix autres génotypes présents au cours des deux années expérimentales, nous disposons de 27 environnements différents (**tableau 16**). Nous avons déterminé l'origine des interactions génotype × environnement pour ce sous-groupe de 10 génotypes en décomposant l'effet de l'environnement en ses différents termes (station, année et conduite). Les résultats des analyses de variance réalisées en décomposant l'effet de l'environnement sont présentés dans les **tableaux 17 et 18**.

¹² MSE : erreur quadratique moyenne ou mean squared error

Tableau 16 : Répartition des 14 génotypes sur l'ensemble du réseau d'essais. Les environnements du réseau d'essais sont représentés par la première lettre de la station expérimentale (C = Clermont-Ferrand, D = Dijon, L = Le Moulon, M = Mons, R = Rennes, S=Searsem, T = Toulouse), l'année expérimentale (1=2001, 2=2002) et le traitement expérimental (in = intensif, nr = azote réduit, nt = non traité fongicide). Les génotypes sont représentés par leurs initiales (ARC = Arche, BAL = Baltimor, CAR = Camp-Rémy, DI = DI9714, GLB = Galibier, HYP = Hynoprécia, ISE = Isengrain, ORT = Oratorio, ORN = Ornicar, REC = Récital, REN = Renan, RUM = Rumba, SOI = Soissons, TRE = Trémie)

Génotypes présents														
C1in	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
C1nr	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
C2in	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE
C2nr	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE
D1in	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
D1nr	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
L1in	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
L1nr	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
L1nt	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
L2in	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE
L2nr	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE
L2nt	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE
M1in	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
M1nr	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
M1nt	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
R1in	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
R1nr	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
R1nt	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
R2in	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE
R2nr	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE
R2nt	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE
S2in	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE
S2nt	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE
T1in	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
T1nr	ARC		CAR	DI		HYP	ISE	ORT		HYP	ISE	ORT	HYP	
T2in	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE
T2nr	ARC	BAL	CAR	DI	GLB	HYP	ISE	ORT	ORN	HYP	ISE	ORT	HYP	TRE

Lorsqu'on décompose l'interaction, il apparaît que la principale source de l'IGE pour le rendement et la teneur en protéines est relative aux interactions génotype × conduite. Les différents traitements qui avaient été mis en place afin d'augmenter les facteurs d'interaction pour les différents génotypes ont donc été efficaces. Viennent ensuite les interactions génotype × station et génotype × année. Les effets des stations expérimentales et des conduites sur les classements et les écarts entre les différents génotypes sont donc contingents de l'année expérimentale considérée. Les effets sur le fonctionnement de la culture des différents environnements sont dépendants du climat considéré.

Tableau 17 : Sorties de l'analyse de variance sur le rendement pour les 10 géotypes communs aux deux années expérimentales sur le réseau d'essais stabilité (MSE = Mean squared error, l'erreur moyenne du modèle de variance ; F la valeur de F dans le test de Fisher et DF le degré de liberté du modèle pour chaque effet) (*, **, * effet significatif à 0,001 ; 0,01).**

Effets	DF	MSE	F
Modèle	303	681,81	30,31 ***
	R ² = 0,95	RMSE = 4,74	Moyenne = 75,11 q/ha
Géotype	9	1874,43	83.31 ***
Année	1	30.15	1.34 ^{ns}
Station	6	148626.91	659.03 ***
Conduite	2	15147.33	673.27 ***
Répétition	34	78.09	3.47 ***
Année×Station	3	8690.66	386.28 ***
Station×Conduite	8	868.52	38.60 ***
Année×Conduite	2	981.39	43.62 ***
Année×Géotype	9	182.36	8.11 ***
Station×Géotype	54	142.82	6.35 ***
Conduite×Géotype	18	244.26	10.86 ***
Année×Géotype×Conduite	18	89.64	3.98 ***
Année×Géotype×Station	27	169.17	7.52 ***
Géotype×Station×Conduite	72	56.59	2.52 ***
Année×Géotype×Station×Conduite	40	132.46	5.89 ***

Tableau 18 : Sorties de l'analyse de variance sur la teneur en protéines pour les 10 géotypes communs aux deux années expérimentales sur le réseau d'essais stabilité (MSE = Mean squared error, l'erreur moyenne du modèle de variance ; F la valeur de F dans le test de Fisher et DF le degré de liberté du modèle pour chaque effet) (*, **, * effet significatif à 0,001 ; 0,01).**

Effets	DF	MSE	F
Modèle	303	1171.77	23.12 ***
	R ² = 0,95	RMSE =	Moyenne = 11.19
Géotype	9	19.75	118.10 ***
Année	1	37.12	221.98 ***
Station	6	56.48	337.69 ***
Conduite	2	176.74	1056.75 ***
Répétition	34	0.29	1.75 **
Année×Station	3	23.16	138.48 ***
Station×Conduite	8	5.10	30.53 ***
Année×Conduite	2	39.32	235.07 ***
Année×Géotype	9	0.29	1.75 **
Station×Géotype	54	0.84	5.01 ***
Conduite×Géotype	18	1.00	6.01 ***
Année×Géotype×Conduite	18	0.50	3.02 ***
Année×Géotype×Station	27	0.93	5.58 ***
Géotype×Station×Conduite	72	0.27	1.64 ***
Année×Géotype×Station×Conduite	40	0.86	5.15 ***

La part de chaque environnement dans l'interaction génotype × environnement a été estimée sur le sous-groupe de dix génotypes présents sur les deux années expérimentales et a été calculée par le biais de l'écovalence environnementale, calculée comme suit :

$$Wg^2 = \sum_{e=1}^E (Y_{ge} - Y_{e.} - Y_{g.} + Y_{..})^2 \quad [37]$$

où Y_{ge} représente la performance du génotype g dans l'environnement e ; $Y_{..}$ la performance moyenne de l'ensemble des génotypes sur l'ensemble des milieux ; $Y_{e.}$ la performance moyenne du milieu e et $Y_{g.}$ la performance moyenne du génotype g .

Plus la valeur d'écovalence d'un environnement est élevée, plus cet environnement participe à l'interaction. Les écovalences environnementales pour le rendement et la teneur en protéines des grains sont représentées sur les **figures 11 et 12**.

Il apparaît qu'une majorité d'environnements ont un faible rôle dans les interactions génotype × environnement. Les environnements pour lesquels les écovalences pour le rendement sont les plus élevées ($Wg^2 \geq 4\%$) sont des environnements situés dans la zone nord et ouest de la France. Un environnement prend en charge la majeure partie de l'interaction : L2nt ($Wg^2 = 13\%$). On retrouve donc parmi les dix environnements dont les écovalences pour le rendement sont supérieures à 4% des environnements sans protection fongicide (R2nt, S2nt, L1nt, L2nt), quatre environnements correspondant à des conduites intensives (S2in, R2in, L1in et L2in) et deux environnements correspondant à la conduite avec réduction d'azote (C2nr et L2nr).

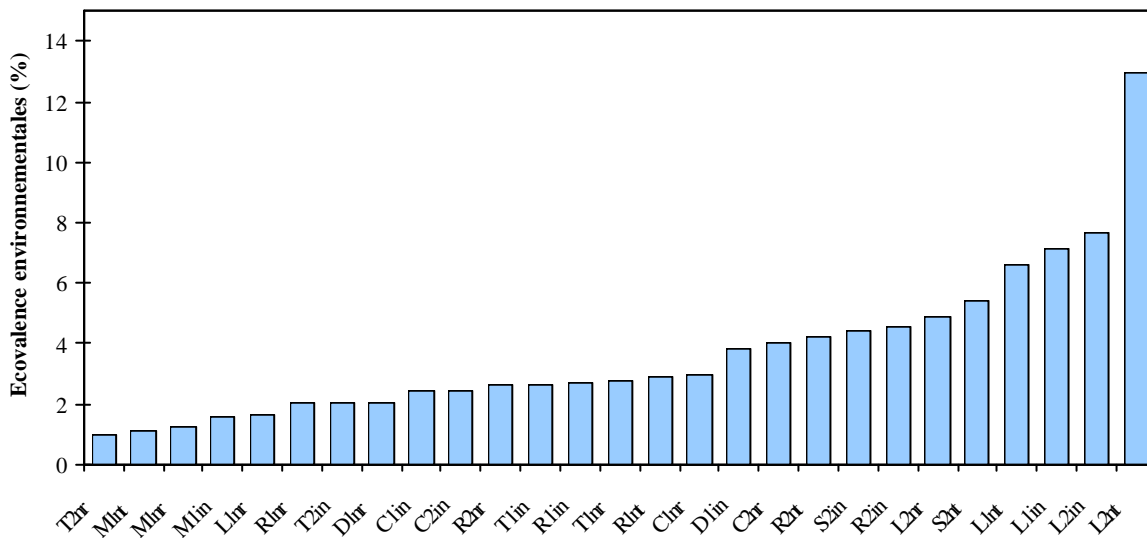


Figure 11 : Ecovalences environnementales pour le rendement des 27 milieux du réseau d'essais stabilité estimées sur le sous-groupe des dix génotypes communs à l'ensemble des environnements. Chaque environnement est défini par la station (C=Clermont-ferrand, D=Dijon, L=Le Moulon, M= Mons, R= Rennes, S= Lille et T= Toulouse), l'année de récolte (1 = 2001 et 2= 2002) et la conduite (in = « intensive », nr = « azote réduit » et nt = « non traité »)

Contrairement au rendement, on ne distingue pas d'environnement ayant un rôle très important dans l'interaction pour la teneur en protéines. La répartition des écovalences environnementales est plus homogène entre les différents environnements, ce qui est cohérent avec le faible niveau d'interaction observé sur cette variable. Les environnements pour lesquels les écovalences environnementales pour la teneur en protéines sont les plus élevées se situent aussi bien dans les zones nord et ouest de France (S2nt, L2nt, R2nt), pour les conduites sans protection fongicide, que dans les zones sud et centre (D1nr, C2in,

T2in, T1in, C2nr, T1nr, D1in). Une majorité des environnements qui ont une influence non négligeable dans l'IGE sont des environnements pour lesquels les conduites faisaient varier le niveau de fertilisation azotée (intensive et azote réduit).

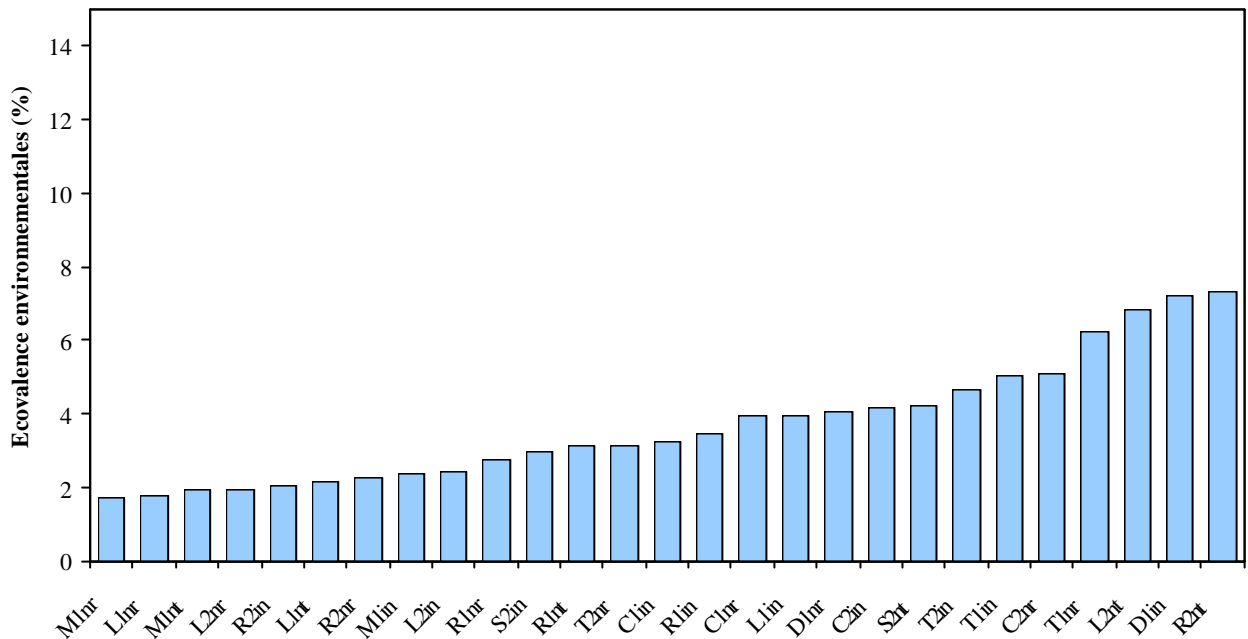


Figure 12 : Ecovalences environnementales pour la teneur en protéines des grains des 27 milieux du réseau d'essais stabilité estimées sur le sous-groupe des dix génotypes communs à l'ensemble des environnements. Chaque environnement est défini par la station (C=Clermont-ferrand, D=Dijon, L=Le Moulon, M= Mons, R= Rennes, S= Lille et T= Toulouse), l'année de récolte (1 = 2001 et 2= 2002) et la conduite (in = « intensive », nr= « azote réduit » et nt = « non traité »)

Dans le cas du rendement, comme de la teneur en protéines des grains, les environnements qui ont eu une influence dans l'interaction génotype × environnement regroupent aussi bien des conduites sans protection fongicide que des conduites intensives et azote réduit. Les facteurs du milieu à l'origine de ces interactions sont donc *a priori* assez variables. Nous avons choisi de les identifier par une approche de diagnostic agronomique.

1.2. Identification des facteurs environnementaux à l'origine de l'IGE

La variabilité des performances d'une variété entre milieux est liée d'une part à la variabilité des facteurs du milieu qui caractérisent ces différents environnements, d'autre part à la sensibilité de la variété à ces facteurs limitants. L'analyse du comportement de différents génotypes dans divers environnements nécessite donc une bonne connaissance des facteurs du milieu qui caractérisent ces environnements.

La méthode du diagnostic agronomique a été mise au point et utilisée sur différentes cultures pour identifier la nature et la période d'occurrence des facteurs ayant limité leur rendement (Doré *et al.*, 1997 ; Le Bail, 1997 ; Meynard et David, 1987). Le diagnostic agronomique cherche à mettre en évidence les causes de variation du fonctionnement de la culture en confrontant les états du milieu pendant une phase du cycle donnée et les étapes d'élaboration du rendement de la culture (Meynard et Sebillotte, 1982 ; Sebillotte, 1980).

En effet, le rendement d'une culture de blé s'élabore progressivement, au cours de phases successives pendant lesquelles sont fixées les composantes du rendement (**figure 13**). Or, plusieurs facteurs du milieu

peuvent influencer le niveau de ces composantes (**figure 13**). En comparant les valeurs de rendement et de composantes avec des valeurs de référence connues pour la variété considérée, on peut en déduire quelles sont les composantes affectées par un facteur limitant et avec quelle intensité. On identifie ainsi la période du cycle au cours de laquelle il faut rechercher l'occurrence de facteurs limitants, qui sont ensuite identifiés à partir des observations et mesures réalisées au cours du cycle de culture.

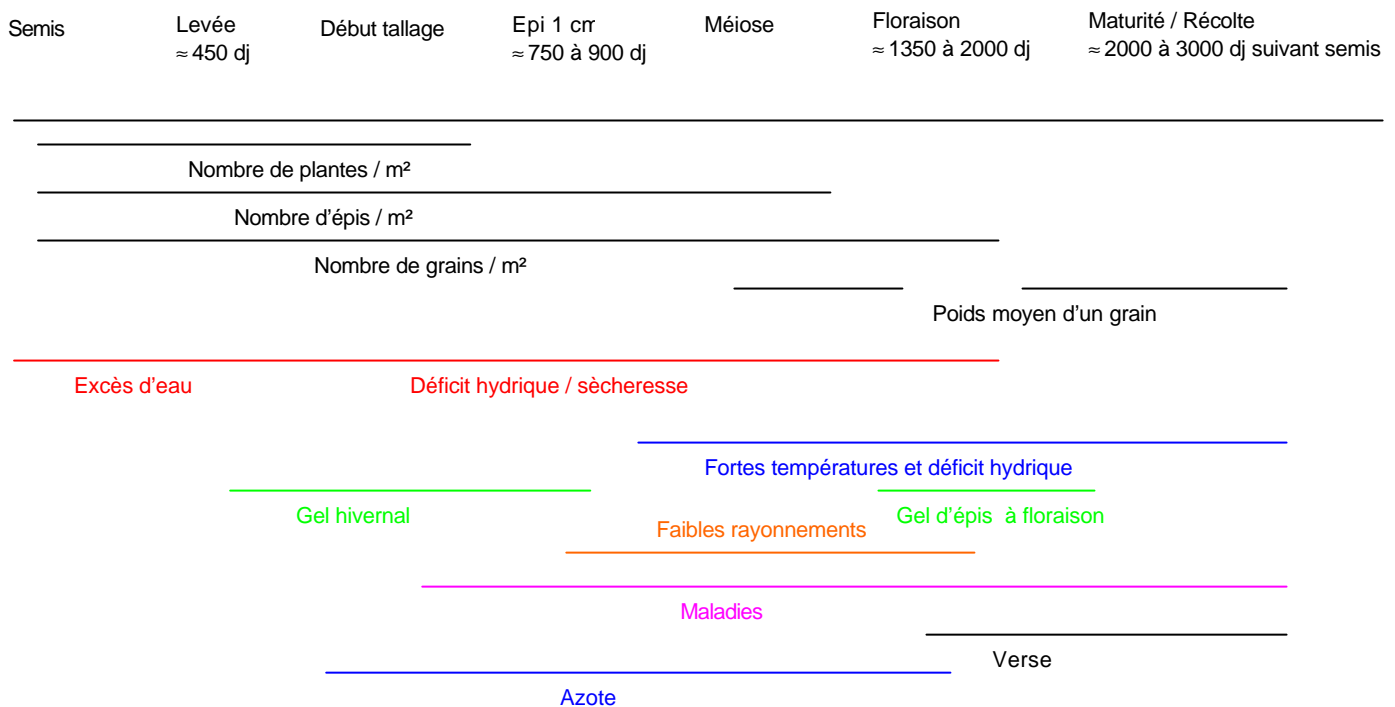


Figure 13 : Cycle schématique de l'élaboration du rendement chez le blé tendre et éléments de croissance et de développement nécessaires par phase d'après Meynard (1987) et Lecomte (com. Pers.).

Cette méthode, initialement mise au point et utilisée par des agronomes pour comprendre les variations inter-annuelles ou inter-parcellaires du rendement (Leterme *et al.*, 1994), a ensuite été adaptée pour analyser les facteurs limitants du rendement dans un réseau expérimental multilocal comparant différentes variétés (Brancourt-Hulmel, 1999 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999). Du fait que les variétés en comparaison ne sont pas toutes au même stade de développement au même moment, les périodes d'élaboration de leurs composantes ne sont pas synchrones et l'existence d'un facteur limitant à une date donnée peut affecter des composantes différentes, selon les variétés. Il est donc nécessaire de caractériser précisément les stades de développement principaux de chaque variété. Pour limiter les observations à réaliser, les facteurs limitants du milieu sont caractérisés à l'aide de génotypes révélateurs (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999 ; Lecomte, 2004 *travail en cours*). Les génotypes révélateurs sont des génotypes dont on connaît *a priori* la réaction à certains facteurs du milieu (comme le gel ou les maladies), et pour lesquels on dispose de valeurs de référence pour les composantes du rendement. Les observations nécessaires pour identifier les facteurs limitants se font alors sur ces seuls génotypes, choisis afin de couvrir la gamme des précocités des variétés testées dans les essais et de manière à représenter des sensibilités variées vis-à-vis des facteurs limitants les plus fréquents (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999 ; Desclaux *et al.*, 2000).

Notre objectif est de caractériser l'ensemble des environnements (site × année × conduite) dont nous disposons à travers le réseau d'essais par la nature et la période d'occurrence des facteurs limitants ayant

affecté le rendement. Cette étape devrait nous permettre de proposer une typologie des environnements suivant les facteurs limitants qui les caractérisent. Le bon comportement observé d'un génotype dans un environnement ou un type d'environnement peut être alors la conséquence soit d'une résistance au(x) facteur(s) caractéristique(s) de cet environnement, soit la conséquence de sa précocité qui fait qu'il n'a pas ou peu rencontré le(s) facteur(s) limitant(s) qui caractérise(nt) cet environnement.

La méthode de diagnostic est réalisée en deux étapes : (1) il s'agit dans un premier temps de calculer les écarts entre les valeurs observées de rendement et les valeurs de référence pour le(s) génotype(s) révélateur(s) considéré(s) et (2) dans un deuxième temps d'identifier les facteurs responsables des pertes de rendement observées, à partir d'une régression linéaire multiple pas à pas, réalisée pour chaque génotype révélateur. Les indicateurs représentatifs des facteurs limitants caractéristiques des différentes phases d'élaboration du rendement sont entrés successivement dans la régression et ne sont retenus que ceux dont la contribution au modèle de régression est significative au seuil 15 %. Si leur effet sur les pertes de rendement est conforme à ce qui est attendu, la contribution du facteur doit aller dans le sens d'une perte de rendement (pente de régression > 0).

Cette méthode, développée pour le rendement, n'a jamais à notre connaissance été utilisée pour la teneur en protéines. Un premier obstacle à la mise en œuvre d'une telle méthode sur la teneur en protéines est lié à l'absence de valeur maximale proprement dite de cette variable pour chaque variété. En effet, l'existence de facteurs limitants tels que les stress hydriques ou les maladies foliaires de fin de cycle tendent à augmenter cette teneur, alors que l'effet attendu des facteurs limitants est une réduction de la variable étudiée. Cependant, les principaux facteurs limitants de la teneur en protéines des grains sont connus et la plupart d'entre eux sont également facteurs limitants du rendement Hoppenot *et al.* (1991).

1.2.1. Application de la démarche du diagnostic au réseau d'essais

- Choix et caractéristiques des génotypes révélateurs

Trois génotypes révélateurs ont été utilisés dans le cadre de cette étude. Il s'agit de : Camp-Rémy, Récital et Soissons, tous trois présents sur l'ensemble des environnements du réseau d'essais au cours des deux années d'expérimentation. Ils couvrent une gamme de précocité relativement large, Récital pour les génotypes très précoces à montaison et floraison, Soissons pour les génotypes précoces à montaison et ½ précoces à floraison et enfin Camp-Rémy qui représente les génotypes ½ précoces à montaison et ½ tardifs à floraison. Ils représentent raisonnablement la gamme des précocités des quatorze génotypes utilisés dans cette étude (**tableaux 19 et 20**).

Tableau 19 : Dates moyennes des stades « épi 1 cm » observées pour chacun des génotypes sur les site-années du réseau d'essais.

	Clermont-Ferrand		Dijon	Le Moulon	Lille	Mons	Rennes	Toulouse			
	2001	2002	2001	2001	2002	2002	2001	2001	2002	2001	2002
Génotype											
Arche	13/03	04/04	16/03	26/03	21/03	19/03	04/04	28/03	06/03	06/03	17/03
Baltimor		04/04			25/03	23/03			19/03		21/03
Camp-Rémy	14/03	04/04	16/03	01/04	25/03	22/03	07/04	26/03	11/03	10/03	17/03
DI9714	22/03	07/04	23/03	06/04	02/04	030/03	12/04	02/04	21/03	18/03	23/03
Galibier		20/03			05/03	031/12			11/02		06/03
Hynoprécia	06/03	28/03	16/03	21/03	21/03	18/03	01/04	22/03	11/03	07/03	17/03
Isengrain	08/03	02/04	16/03	28/03	21/03	19/03	03/04	22/03	25/02	10/03	16/03
Oratorio	24/02	29/03	23/03	26/03	25/03	19/03	07/04	22/03	28/02	06/03	15/03
Ornicar		05/04			21/03	203/03			14/03		19/03
Récital	08/03	27/03	19/03	23/03	11/03	15/03	03/04	19/03	24/02	07/03	13/03
Renan	03/03	30/03	23/03	27/03	25/03	19/03	06/04	28/03	14/03	09/03	17/03
Rumba	22/03	04/04	23/03	04/04	29/03	28/03	12/04	02/04	20/03	18/03	21/03
Soissons	03/03	30/03	19/03	28/03	18/03	20/03	02/04	22/03	24/02	08/03	15/03
Trémie		28/03			11/03	16/03			25/02		14/03

Tableau 20 : Dates moyennes du stade épiaison observées pour chacun des génotypes sur les site-années du réseau d'essais.

	Clermont-Ferrand		Dijon	Le Moulon	Lille	Mons	Rennes	Toulouse			
	2001	2002	2001	2001	2002	2002	2001	2001	2002	2001	2002
Génotype											
Arche	21/05	19/05	20/05	27/05	17/05	23/05	29/05	25/05	16/05	13/05	15/05
Baltimor		24/05			21/05	28/05			19/05		18/05
Camp-Rémy	24/05	23/05	23/05	29/05	19/05	25/05	01/06	26/05	18/05	16/05	17/05
DI9714	26/05	24/05	24/05	29/05	21/05	28/05	31/05	28/05	21/05	19/05	19/05
Galibier		09/05			06/05	15/05			25/04		26/04
Hynoprécia	19/05	17/05	19/05	25/05	15/05	22/05	28/05	23/05	15/05	12/05	14/05
Isengrain	14/05	15/05	14/05	20/05	12/05	20/05	27/05	15/05	30/04	02/05	01/05
Oratorio	13/05	13/05	15/05	23/05	13/05	21/05	29/05	21/05	04/05	03/05	03/05
Ornicar		18/05			16/05	22/05			15/05		12/05
Récital	10/05	10/05	11/05	16/05	4/05	13/05	24/05	12/05	25/04	26/04	24/04
Renan	21/05	16/05	20/05	27/05	17/05	24/05	31/05	27/05	16/05	14/05	14/05
Rumba	22/05	16/05	23/05	27/05	18/05	24/05	30/05	26/05	17/05	14/05	15/05
Soissons	13/05	13/05	15/05	20/05	09/05	18/05	25/05	15/05	30/04	02/05	30/04
Trémie		14/05			11/05	20/05			12/05		03/05

• **Définition des indicateurs environnementaux**

Dans chacun des milieux expérimentaux, les indicateurs proposés par Brancourt *et al.* (1999) ont été calculés à partir des données climatiques disponibles. De même, les mesures spécifiques pour identifier les facteurs limitants biotiques (maladies) ou abiotiques (nutrition azotée) ont été réalisées sur les génotypes révélateurs dans chaque environnement comme indiqué dans le protocole expérimental décrit dans le Chapitre 3. L'ensemble des paramètres retenus comme indicateurs des facteurs limitants est résumé dans le **tableau 21**.

Les phases d'occurrence des facteurs limitants sont exprimées en somme de degrés jours (SDJ base 0°C) compris entre les stades de développement repères : le stade levée, «épi 1 cm», méiose, épiaison, floraison, le stade laitieux et maturité. Ces stades repères sont en partie observés (levée, «épi 1 cm» et épiaison) et en partie estimés à l'aide des dates (en somme de degrés jours) de semis, levée et épiaison. Les relations utilisées dans l'estimation des dates des stades sont les suivantes (Lecomte, *Com. Pers.*) :

- SDJ au stade méiose = SDJ au stade «épi 1 cm» \times 0,864 + 74
- SDJ au stade floraison = somme de températures au stade épiaison + 145
- SDJ (base 0°C) au stade laitieux = SDJ au stade épiaison + 430
- SDJ (base 0°C) au stade maturité = SDJ au stade épiaison + 775.

Lorsque la date du stade «épi 1 cm» réel n'était pas disponible, la date de prélèvement proche du stade «épi 1cm» a été utilisée si le prélèvement avait été effectué sur chaque variété.

Comme proposé par Lecomte (2004, *travail en cours*) les indicateurs calculés sont transformés pour être compris entre 0 (absence du facteur) et 10 (intensité maximale). Cette transformation permet de considérer l'influence des différents facteurs sur le même ordre de grandeur, en l'absence de connaissances sur l'existence de poids différents. Lorsque pour un indicateur donné, on dispose d'un seuil au-delà duquel le facteur a un effet dépressif sur le rendement ou ses composantes (cas des fortes températures où le seuil est fixé à 25°C), ce seuil correspond à la valeur minimale prise par la variable (c'est-à-dire 0). En revanche, si on ne dispose pas de valeur seuil (c'est le cas des rayonnements courant montaison), c'est le minimum enregistré dans le réseau qui est adopté comme valeur 0 du facteur limitant. C'est le même raisonnement qui permet d'établir les valeurs maximales des différents indicateurs (valeur 10 = valeur la plus forte observée sur le réseau).

Tableau 21: Indicateurs utilisés dans le cadre du diagnostic agronomique sur le réseau d'essais multilocal.

Indicateur	Définition
Stmp-	hv , em, mf, ef (*) : Somme de températures journalières (base 0°C) par phase de développement
Srgl- lm	hv, em, mf, ef, fl, : Somme des rayonnements globaux journaliers par phase de développement
Rgst-	hv, em, mf, fl : Rapport Srgl / Stmp par phase de développement
Xeau	hv : Excès d'eau durant l'hiver
Spetp-	hv, em, mf, fl, lm : Somme des P- ETP journaliers par phase de développement
Sdf-	e1 : Somme des P- ETP journaliers de Ep1cm -150 dj à Ep1cm + 350 dj
	em, mf, fl, lm : Somme des déficits hydriques journaliers (ETR - ETM<0) par phase de développement
Retlv	: Retard à la levée = Somme des températures moyennes (base 0°C) de semis +120dj à la levée (inclusive)
Njss, Njst	: Nombre de jours successifs ou total où P <= ETP de Ep1cm - 150dj à Ep1cm + 350dj
Njdg, Stdg	: Nombre de jours et Somme de températures de dégâts de gel (Tmoy < -6°C de semis à Ep1cm exclu.
Difxdg	: Dégâts de gel de semis à Ep1cm exclu
Njge, Sti4	: Nombre de jours de gel d'épi (temp mini < -4°C) et somme de températures (minimales journalières < -4°C) de Ep1cm inclus à Floraison exclue
Njt0f, St0f	: Nombre de jours où température mini < 0°C et somme de températures minimales journalières < 0°C de Epiaison incluse à Epiai+ 300 dj exclue
Srglm-	g, abc : Somme des rayonnements globaux journaliers (g) de Mei-100 dj inclus à Epiai exclue (g) de Mei -5j inclus à Mei + 5j inclus (abc)
Njcmabc	: Nombre de jours chauds (tmax >= 25°C) de Mei -5j inclus à Mei + 5j inclus
Stcmabc	: Somme des températures journ max > 25°C de Mei -5j inclus à Mei + 5j inclus
Nji10abc	: Nombre de jours où le rayonnement global est < 1045J de Mei -5j inclus à Mei + 5j inclus
Sri10abc	: Somme des rayonnements globaux < 1045J de Mei -5j inclus à Mei + 5j inclus
Nj25ef	St25ef : Nb de jours où tmax >= 25°C et somme des températures maximales > 25°C de Epiai inclus à Floraison exclue
Nj25fl	St25fl : Nb de jours où tmax >= 25°C et somme des températures maximales > 25°C de Flo inclus à Std Laiteux exclue
Nj25lm	St25lm : Nb de jours où tmax >= 25°C et somme des températures maximales > 25°C de Std laiteux inclus à Maturité exclue
Vrpg, Vmag	: Note globale de verse (1= pas de verse à 9 = totalement versé) pendant le remplissage (rp) et à maturité (ma)
Omog, Jmog, Bmog, Smog, Frbg	Orpg, Jrpg, Brpg, : Note globale par maladie (1= aucun symptôme à 9 = totalement recouvert par la maladie) pendant la montaison (mo) et le remplissage (rp) : oïdium, rouille jaune, rouille brune, septoriose (<i>S. tritici</i>)
	: Note globale de fusariose sur épi (1= aucun symptôme à 9 = totalement recouvert par la maladie)
Inn1, Innf	: Indicateur des conditions de nutrition azotées à « épi 1cm » (Inn1) et à floraison (Innf) calculé à partir de l'indice de nutrition azotée à ces mêmes stades

(*) hv : phase hivernale (de semis à « épi 1 cm ») ; em : phase du stade « épi 1 cm » à la meiose ; mf : phase de la meiose à floraison ; fl : phase de floraison à stade laitieux ; lm : phase de stade laitieux à maturité.

- **Pertes de rendement observées sur le réseau expérimental**

Les pertes de rendement sont estimées comme la différence entre le rendement maximum du génotype témoin et le rendement observé sur chaque environnement (site × année × conduite). Les valeurs de référence de rendement maximum pour chacun des trois génotypes révélateurs ont été obtenues par procédure d'échantillonnage aléatoire (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999) et ont été estimées par Lecomte (*Com. Pers.*) sur de larges bases de données acquises ultérieurement : 382 valeurs pour Camp-Rémy, 274 valeurs pour Récital et 829 valeurs pour Soissons. Les références utilisées sont :

- pour Camp-Rémy : $R_{dx}(0\%) = 103,06 \text{ q/ha}$
- pour Récital : $R_{dx}(0\%) = 100,95 \text{ q/ha}$
- pour Soissons : $R_{dx}(0\%) = 105,09 \text{ q/ha}$.

Les pertes représentent une diminution de 0 à 61% du rendement maximum de la variété considérée (**tableau 22**). Suivant les milieux, les pertes sont faibles pour l'ensemble des génotypes (*expl.* L1in et L2in), indiquant l'absence de facteur limitant, ou sont d'amplitude variable suivant les génotypes, reflétant ainsi l'intervention de facteurs différents ou de facteurs affectant plus particulièrement une variété. Si l'on regarde les pertes de rendement observées sur chacun des environnements, on observe que peu d'environnements réussissent à atteindre le rendement maximum (pertes relatives $\leq 0\%$). Cela signifie qu'il existe partout au moins un facteur limitant du rendement, probablement climatique. Pour certains environnements (C2in), la perte est élevée sur le traitement « in » : on peut alors se demander si la conduite culturale a été bien maîtrisée ou si seuls des facteurs climatiques peuvent induire de tels niveaux de perte.

Les pertes de rendement moyennes (**tableau 23**), sur l'ensemble des environnements pour les conduites intensives sont de 23 à 27 % suivant les génotypes, avec des écart-types globalement équivalents. Les pertes de rendement sur les milieux avec réduction de dose d'azote sont équivalents pour les trois génotypes (de 36 à 38 %). Contrairement aux deux premières conduites, l'effet de l'absence de protection fongicide (traitement nt) a été plus préjudiciable à Récital (perte moyenne de 45 %), génotype le plus sensible des trois aux principales maladies foliaires rencontrées (rouilles brune et jaune). Pour les deux autres génotypes, la perte moyenne est proche de celle observée pour le traitement nr. Les pertes de rendement sont plus importantes pour les traitements où l'on avait intensifié l'effet d'un facteur limitant en particulier (conduites nr et nt) comparativement à la conduite intensive (in), conformément à ce que l'on pouvait attendre.

- **Identification des variables explicatives des pertes de rendement sur l'ensemble des environnements**

Afin d'augmenter la gamme des milieux testés, et de disposer de milieux dont on pense qu'ils sont effectivement potentiels pour leur disponibilité en eau et en azote, nous avons inclus dans les environnements analysés, les situations 3N, N, 2N et N- du site expérimental de Grignon, traitements équivalents aux conduites « in » et « nr » du réseau. Les pertes de rendement calculées pour les différents génotypes révélateurs sur ce site sont négligeables ou faibles pour les traitements assimilés au traitement intensif, 3N et N (respectivement 2 et -1 % pour le génotype Camp-Rémy, -8 et 9 % de pertes pour Récital et 2 et 6 % de perte pour Soissons). L'introduction du site de Grignon dans les régressions porte à 31 le nombre d'environnements considérés pour chaque génotype révélateur.

Tableau 22 : Pertes de rendement mesurées dans chaque milieu du réseau d'essais et classement par variété témoin

	Camp-Rémy (Car)			Récital (Rec)			Soissons (Soi)		
	RDT % perte	NGM ² % perte	PMG % perte	RDT % perte	NGM ² % perte	PMG % perte	RDT % perte	NGM ² % perte	PMG % perte
C1in	33	10	26	40	15	29	31	14	26
C1nr	36	15	25	48	29	27	41	21	30
C2in	53	40	23	43	25	24	44	30	26
C2nr	56	43	23	48	31	25	54	45	22
D1in	36	18	22	20	4	17	29	15	23
D1nr	45	30	20	36	30	9	44	38	17
L1in	20	3	18	-2	-16	-2	0	-4	0
L1nr	18	4	14	14	6	9	15	10	12
L1nt	24	1	23	36	-1	36	32	7	33
L2in	-20	-29	-20	7	4	2	4	6	5
L2nr	19	12	8	16	26	-19	23	25	5
L2nt	30	7	24	60	29	44	47	14	43
M1in	23	9	15	25	6	19	16	9	14
M1nr	31	16	17	34	21	16	24	16	17
M1nt	26	15	14	33	13	22	19	13	15
R1in	38	26	16	43	31	17	28	23	14
R1nr	55	45	19	61	54	15	42	45	4
R1nt	52	32	29	57	36	33	47	33	27
R2in	25	18	8	18	-3	18	12	-22	11
R2nr	37	29	11	33	10	26	30	5	33
R2nt	41	26	18	36	13	27	37	4	39
S2in	23	-5	23	11	-6	10	23	17	14
S2nt	40	-2	40	49	11	43	40	7	41
T1in	30	9	23	38	28	13	43	30	26
T1nr	52	39	22	60	58	3	56	50	20
T2in	30	1	30	27	10	20	26	13	22
T2nr	31	12	21	31	17	17	30	18	21

Tableau 23: Pertes de rendement sur l'ensemble des environnements (Moy.) et écart-type (Ect.) pour chaque génotype révélateur suivant la conduite considérée.

	Car		Rec		Soi	
	Moy.	Ect.	Moy.	Ect.	Moy.	Ect.
in	27	17	24	15	23	14
nr	38	13	38	15	36	13
nt	35	10	45	11	37	9

Les variables explicatives des pertes de rendement ont été identifiées par régression multiple. Ces variables, pour l'ensemble des environnements expérimentés, sont présentées dans le **tableau 24** pour chacun des trois génotypes révélateurs. La part des variations des pertes de rendement expliquées par le modèle de régression multiple pour l'ensemble des environnements expérimentés est de 79 à 90 % (**tableau 24**). Les variables qui ressortent comme explicatives sont relatives au stress hydrique de début (Njss, Sdfem, Sdfmf) et de fin de cycle (Sdffl, Sdfml, Spetplm), aux températures élevées pendant la phase épiaison-floraison (Nj25ef), pendant la première partie de la phase de remplissage (St25fl) et pendant la phase grain laiteux-maturité (St25lm), aux carences azotées au cours de la montaison (Inn1, Innf), aux maladies durant la phase de remplissage (Brpg, Jrpg) et à l'excès d'eau durant l'hiver (Xeuhv).

Certaines de ces variables sont communes à l'ensemble des génotypes (Innf, Brpg) ou à deux génotypes, regroupés suivant les précocités, c'est-à-dire Camp-Rémy et Soissons ou Soissons et Récital. Certaines variables enfin sont spécifiques d'un génotype (Sdffl, Spetplm, Nj25ef pour Camp-Rémy ; Jrpg, Sdfml et St25lm pour Récital et Sdfmf et Xeuhv pour Soissons).

On observe que de nombreuses variables climatiques apparaissent limitantes dans les environnements. Ces variables expliquent sans doute les pertes de rendement non nulles observées sur les environnements intensifs. On observe également que les variables relatives au statut azoté de la culture aux stades « épi 1 cm » et floraison, ainsi que les variables relatives aux notations de maladie apparaissent comme variables explicatives des pertes de rendement. L'entrée de ces indicateurs dans la régression est cohérente avec la gamme des conduites couverte (in, nr et nr).

Si on réalise la régression multiple non plus sur l'ensemble des environnements, mais sur les environnements intensifs «in » et azote réduit «nr » uniquement, soit au total 25 environnements, on observe que les variables identifiées sont en partie identiques à celles mises en évidence par la régression multiple sur l'ensemble des 31 environnements (Innf, Sdfmf, Sdfem, Sdffl, Spetplm, Nj25ef, St25fl) (**tableau 25**). Il est également intéressant d'observer que la variable relative à la rouille brune au cours du remplissage est présente. La présence de cette variable laisse supposer *a priori* que la protection fongicide sur certains milieux n'a pas été efficace. L'introduction dans la régression de nombreuses variables climatiques sur les environnements «in » et «nr » renforce l'hypothèse que, pour partie, les pertes de rendement non nulles observées sur les environnements intensifs sont dues à des variables climatiques.

Tableau 25 : Variables explicatives des pertes de rendement observées pour chacun des génotypes témoins (Car = Camp-Rémy, Rec = Récital, Soi = Soissons) sur les 25 environnements du réseau d'essais, intensifs in et azote réduit nr.

Génotype	Variable	Modèle	Int.	Innf	Sdfmf	Sdffl	Spetplm	Stcmabc	Brpg
Car	N° entrée dans le modèle			3	6	5	1	4	6
	R ²	0,84							
	Coeff		-9,55	6,66	1,18	1,01	1,86	3,38	9,80
	Erreur		4,38	1,32	0,79	0,66	0,68	0,70	3,26
	RSME	7,02 q/ha							
Rec	N° entrée dans le modèle			Innf	Sdfmf		Spetplm	Nj25ef	Brpg
	R ²	0,88		1	3		2	5	4
	Coeff		-22,18	9,51	3,82		3,07	2,20	1,93
	Erreur		5,16	1,23	1,12		0,77	1,12	0,66
	RMSE	6,48 q/ha							
Soi	N° entrée dans le modèle			Innf	Sdfem	Sdffl	Spetpfl	St25fl	Nji10abc
	R ²	0,95		3	2	6	4	1	5
	Coeff		-4,14	5,71	2,84	1,44	0,54	4,24	1,43
	Erreur		2,31	0,72	0,41	0,44	0,35	0,61	0,39
	RMSE	3,61 q/ha							

• **Identification des principaux facteurs limitants dans chaque environnement**

A partir des indicateurs agroclimatiques identifiés par les régressions multiples présentées ci-dessus sur l'ensemble des environnements expérimentés pour les génotypes témoins, on peut estimer, pour chaque situation, une perte de rendement théorique à partir des coefficients de régression estimés de chaque facteur et du niveau (de 0 à 10) de l'indicateur mesuré dans chaque situation expérimentale. La **figure 14** illustre la relation entre les pertes de rendement mesurées et les pertes de rendement observées pour le génotype Soissons sur l'ensemble des milieux considérés. La relation est bonne entre ces deux variables ($r^2 = 0,90$; $RMSE^{13} = 4,80$ q/ha). Le même résultat est observé pour les deux autres génotypes témoins (Récital: $r^2 = 0,79$; $RMSE^2 = 8,48$ q/ha et Camp-Rémy: $r^2 = 0,79$; $RMSE^2 = 7,49$) (**figure 15 et 16**).

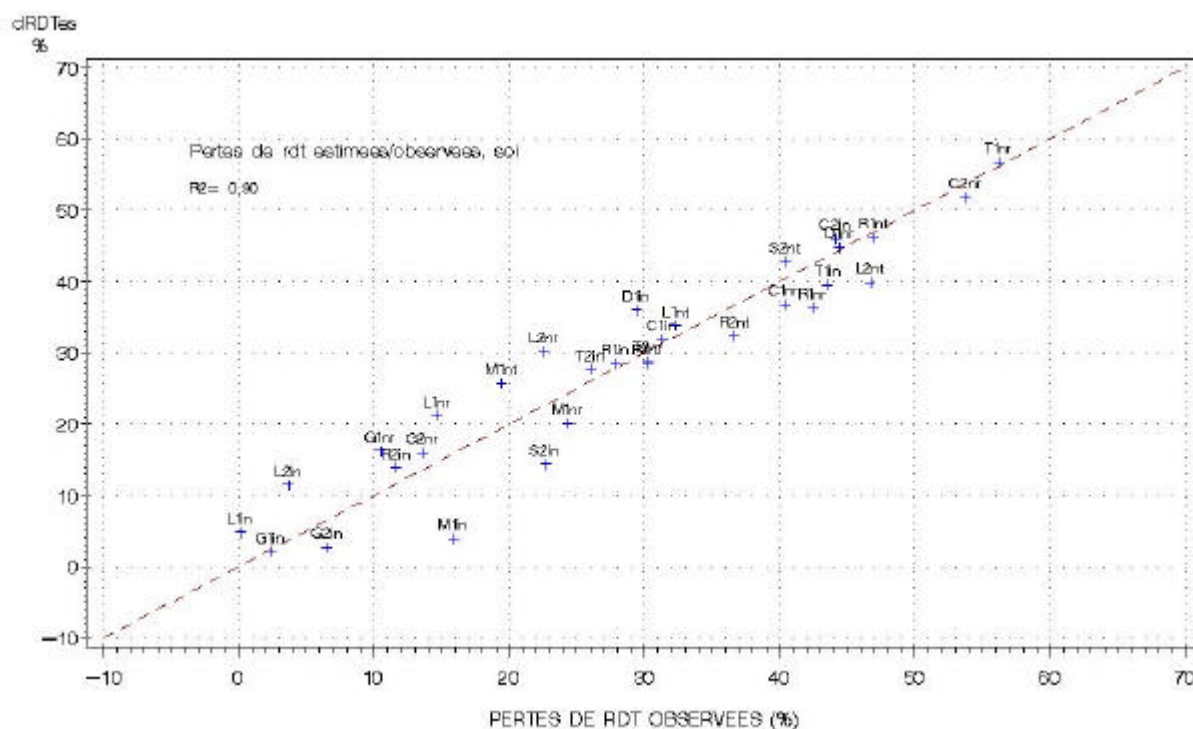


Figure 14 : Comparaison des pertes de rendement observées et estimées (dRDTes) à partir de la régression multiple effectuée sur l'ensemble des environnements (31) pour la variété Soissons

¹³ RMSE : racine carré de l'erreur quadratique moyenne ou Root Mean Squared Error

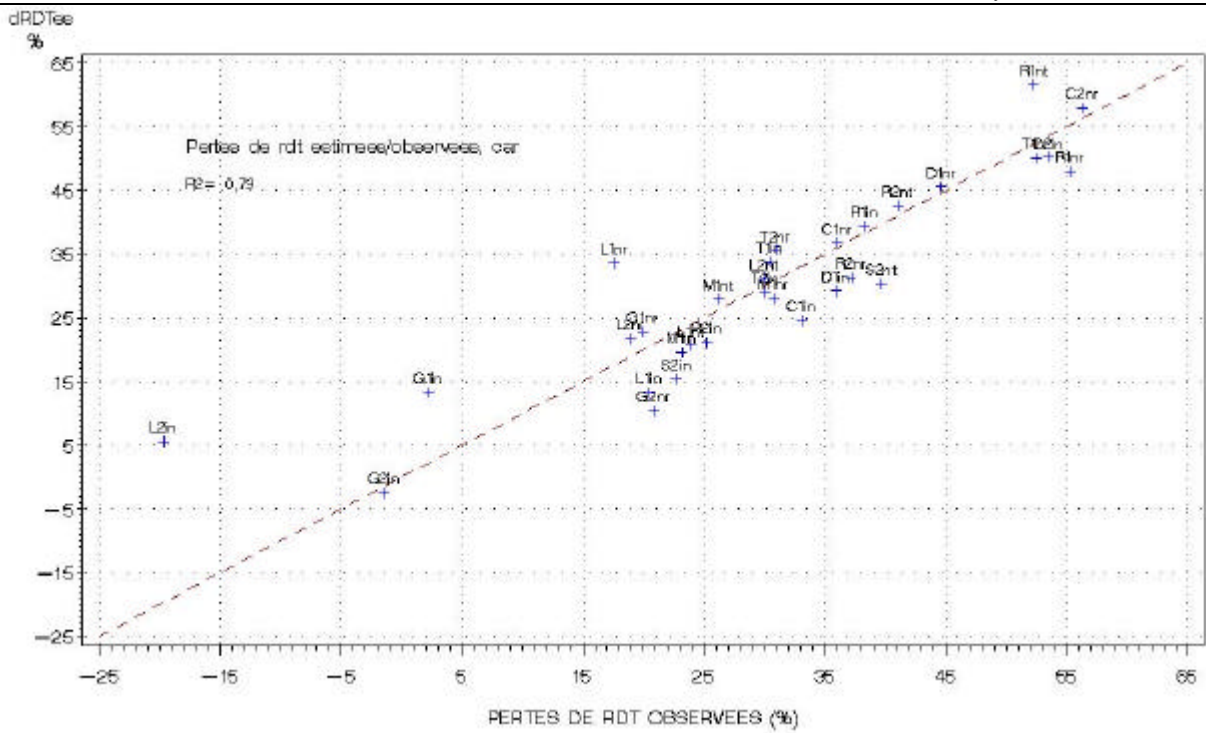


Figure 15 : Comparaison des pertes de rendement observées et estimées (dRDTes) à partir de la régression multiple effectuée sur l'ensemble des environnements (31) pour la variété Camp-Rémy

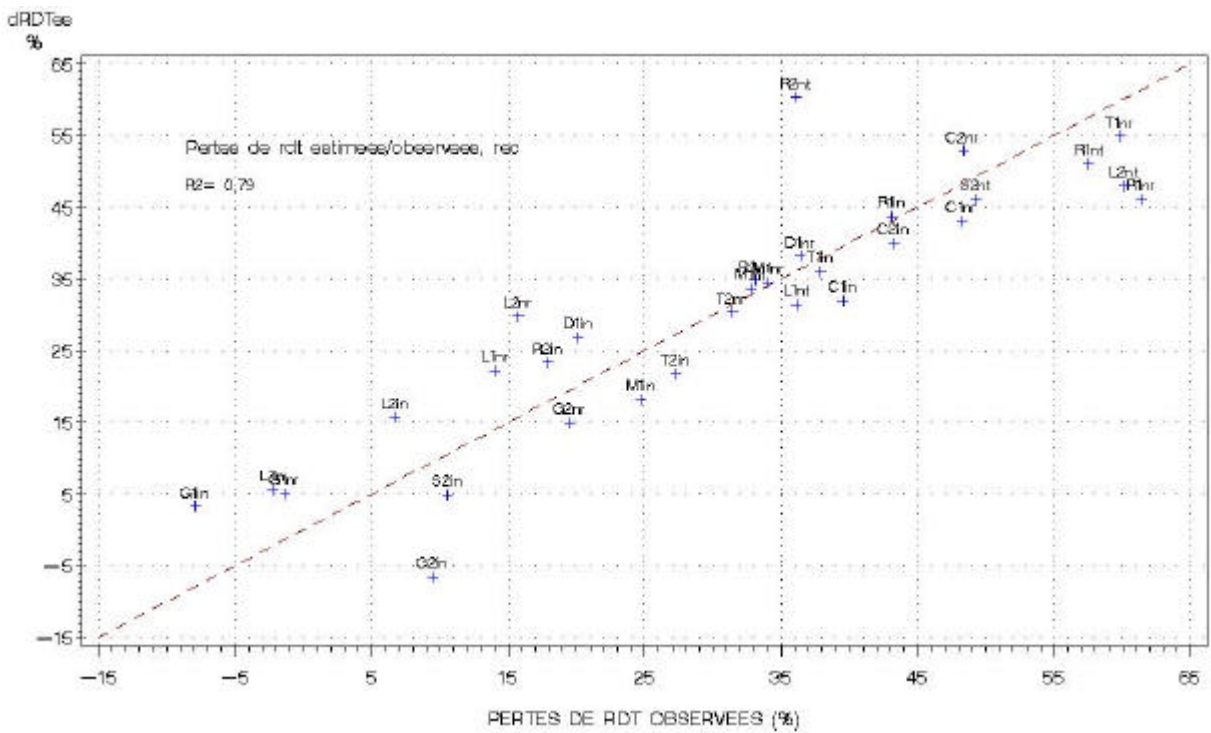


Figure 16 : Comparaison des pertes de rendement observées et estimées (dRDTes) à partir de la régression multiple effectuée sur l'ensemble des environnements (31) pour la variété Réctal.

La contribution de chacun des facteurs à la perte de rendement peut-être estimée. Elle prend en compte l'incertitude sur les paramètres (erreur estimée des coefficients de régression) et la correction éventuelle de l'effet du facteur observé, dans les milieux pour lesquels la perte de rendement est nulle, pour les variables ne présentant pas de seuil (**tableaux 26, 27 et 28**). En effet, l'estimation des pertes de rendement à partir des coefficients de régression et des indices (de 0 à 10) de chacun des indicateurs environnementaux fait apparaître des pertes de rendement estimées non nulles pour les environnements où il n'y avait *a priori* aucun facteur limitant du rendement observé (pertes de rendement observées ≤ 5 q/ha). Les pertes de rendement estimées sont alors le résultat de l'absence de seuil concernant l'effet des indicateurs environnementaux sur les pertes de rendement.

A partir des facteurs limitants du rendement identifiés sur les trois variétés, nous avons regroupé les environnements sur la base des indicateurs retenus. Comme on le voit dans les *tableaux 26 à 28*, les environnements se différencient par la nature des facteurs limitants qui les caractérisent et par leur intensité. On observe que l'effet des facteurs climatiques est généralement identique sur les trois conduites (« in », « nr » et « nt ») d'un site-année donné. L'effet des facteurs azote et maladie est dépendant de la conduite considérée. Pour l'ensemble des trois géotypes, les pertes de rendement liées au facteur azote sont plus importantes sur les conduites « nr » par rapport au conduite « in » d'un même site-année. De même, les pertes de rendement liées au facteur maladie sont plus importantes sur les conduites « nt » que sur les conduites « in » lorsque ce facteur est identifié. Ces pertes de rendement associées aux maladies sont cohérentes avec les sensibilités relatives des trois géotypes aux maladies considérées : pertes ≤ 10 % pour Camp-Rémy (note de résistance à la rouille brune de 6), ≤ 44 % pour Récital (note de résistance à la rouille brune et la rouille jaune de 1) et des pertes ≤ 26 % pour Soissons (note de résistance à la rouille brune de 2).

Les environnements peuvent être regroupés suivant les facteurs limitants qui les caractérisent. Ainsi, on distingue :

- Les environnements pour lesquels aucun facteur climatique n'est apparu comme facteur limitant, les pertes de rendement sur ces environnements sont liées *a priori* à la disponibilité en azote au cours de la phase « épi 1 cm » – floraison. Il s'agit des environnements L1in, L1nr, L2in, L2nr et S2in.
- Les environnements pour lesquels des facteurs climatiques (températures et stress hydrique) ont été enregistrés comme facteurs limitants durant la phase de remplissage des grains. Suivant le géotype considéré, ces facteurs hydriques interviennent au cours de la première (floraison – laiteux) ou deuxième (laiteux – maturité) partie de la période de remplissage. Suivant la conduite considérée, le facteur azote est également apparu comme un facteur limitant au cours de la phase « épi 1 cm » - floraison. Il s'agit des environnements C1in, C1nr, D1in, D1nr, T1in et T1nr pour les sites du centre et du sud de la France, et R1in, R1nr, R2in, R2nr, M1in et M1nr pour les sites des zones ouest et nord.
- Les environnements pour lesquels le déficit hydrique au cours de la période « épi 1 cm » - floraison est apparu comme un des principaux facteurs limitants. Il s'agit des environnements C2in, C2nr, T2in et T2nr.
- On distingue enfin les environnements pour lesquels les maladies (rouilles brune et jaune) ont été identifiées comme facteurs limitant le rendement au cours de la période de remplissage des grains. Il s'agit des environnements sur lesquels les conduites « nt » ont été appliquées, c'est-à-dire : L1nt, L2nt, M1nt, R1nt et R2nt, mais également des environnements pour lesquels la protection fongicide appliquée n'a été que partiellement efficace, permettant alors le développement de maladies foliaires. Il s'agit des environnements C1in, C1nr, D1in, D1nr, T1in et T1nr. Le niveau de pertes de rendement lié aux maladies sur ces environnements n'est pas très élevé, les plus fortes pertes, liées à la présence de maladies, étant alors observées sur les conduites intensives.

- Quelques remarques

Les facteurs identifiés sur les différents environnements sont caractéristiques des facteurs climatiques ainsi que de la nature et de l'intensité des maladies enregistrées pour chacune des deux années expérimentales étudiées ici. Cependant, l'utilisation d'une méthode de régression multiple pour identifier les facteurs limitants au sein de chaque environnement du réseau d'essais nécessite quelques remarques sur les résultats obtenus.

Nous avons fait le choix d'analyser directement les pertes de rendement et non les différentes composantes du rendement (pertes de nombre de grains et de poids de mille grains). Les indicateurs identifiés par les régressions multiples peuvent donc ne pas être directement liés à la perte d'une composante, mais être représentatifs de facteurs effectivement observés sur les milieux. C'est le cas, par exemple pour le génotype Camp-Rémy pour lequel les indicateurs de carence azotée (Inn1 et Innf) représentent 13 % de pertes de rendement alors que les pertes de nombre de grains, mesurées comme l'écart au nombre de grains seuil de la variété, sont nulles.

L'absence de seuil sur certains indicateurs climatiques, ainsi que l'incertitude sur les coefficients affectés aux différents indicateurs identifiés par régression a pour conséquence d'induire une ordonnée à l'origine non nulle sur les régressions. Plus l'ordonnée à l'origine va être élevée, plus il sera difficile d'estimer les pertes de rendement liées à chaque facteur limitant identifié. En conséquence, il est difficile d'estimer un seuil au-delà duquel les pertes de rendement associées à un facteur sont significatives. Il est donc important de disposer d'environnements de référence pour lesquels les pertes de rendement sont nulles ou faibles et qui permettent, le cas échéant, de corriger les pertes associées à chaque facteur. Nous avons donc considéré ici que lorsqu'un facteur était identifié sur un environnement donné, il représentait effectivement un facteur limitant du rendement.

Tableau 26 : Pertes de rendement observées (Drdtr) et estimées (Drdtes) exprimées en % pour chaque milieu expérimental et chaque indicateur identifié (C= Clermont-Ferrand, D= Dijon, L= Le Moulon) pour la variété Camp-Rémy

Milieu	Drdtr	Drdtes	Inn1	Innf	Njss	Xeauhv	Sdfem	Sdfmf	Sdffl	Sdfml	Spetplm	Nj25ef	St25fl	St25lm	Brpg	Jrpg
C1in	33	25	2	1							1				7	
C1nr	36	37	5	13							1				3	
C2in	53	50	12	4			19				2					
C2nr	56	58	12	12			19				2					
D1in	36	29	1	0,5							5	8			1	
D1nr	45	46	8	11							5	5			1	
L1in	20	13		7												
L1nr	18	34	9	17												
L1nt	24	21		5											3	
L2in	-20	6														
L2nr	19	22		16												
L2nt	30	31													10	
M1in	23	20		8					9							
M1nr	31	28	2	13					9							
M1nt	26	28		6					9						3	
R1in	38	39		7					14		5					
R1nr	55	48	1	15					14		5					
R1nt	52	62		14					14		5				6	
R2in	25	21		5					9		2					
R2nr	37	31		15					9		2					
R2nt	41	43		7					9		2				7	
S2in	23	15	6	7												
S2nt	40	30	6	7											6	
T1in	30	34	9	10					0,1						2	
T1nr	52	50	14	23					0,1						1	
T2in	30	29		1			9		6		5					
T2nr	31	36		7			9		6		5					

Tableau 27 : Pertes de rendement observées (Drdtr) et estimées (Drdtes) exprimées en % pour chaque milieu expérimental et chaque indicateur identifié (C= Clermont-Ferrand, D= Dijon, L= Le Moulon) pour la variété Réctal

Milieu	Drdtr	Drdtes	Inn1	Innf	Njss	Xeauhv	Sdfem	Sdfmf	Sdffl	Sdfml	Spetplm	Nj25ef	St25fl	St25lm	Brpg	Jrpg
C1in	40	32		8									9		11	
C1nr	48	43		26									9		9	
C2in	43	40		15									1	19		
C2nr	48	53		28									1	19		
D1in	20	27		6									12		10	
D1nr	36	38		25									12		6	
L1in	-2	5														
L1nr	14	22		15												
L1nt	36	31		9											15	
L2in	7	61		15												
L2nr	16	30		29												
L2nt	60	48		3												44
M1in	25	18		7						8						
M1nr	34	34		24						8						
M1nt	33	34		15						8					8	
R1in	43	44		23						11			2		3	
R1nr	61	46		29						11			2			
R1nt	57	51		21						11			2		13	
R2in	18	23		19						4						
R2nr	33	35		30						4						
R2nt	36	60		18						4					10	27
S2in	11	5		16												
S2nt	49	46		13												44
T1in	38	36		26										2	5	
T1nr	60	55		43										2	8	
T2in	27	22		13						0,5			2			
T2nr	31	30		21						0,5			2			

Tableau 28 : Pertes de rendement observées (Drdtr) et estimées (Drdtes) exprimées en % pour chaque milieu expérimental et chaque indicateur identifié (C= Clermont-Ferrand, D= Dijon, L= Le Moulon) pour la variété Soissons

Milieu	Drdtr	Drdtes	Inn1	Innf	Njss	Xeauhv	Sdfem	Sdfmf	Sdffl	Sdflm	Spetplm	Nj25ef	St25fl	St25lm	Brpg	Jrpg
C1in	31	32		2	1								9		22	
C1nr	41	37		17	1								9		13	
C2in	44	46		8	4		32	3					1			
C2nr	54	52		14	4		32	3					1			
D1in	29	36		2									10		19	
D1nr	44	45		16									10		14	
L1in	0	5														
L1nr	15	21		16												
L1nt	32	34		5											24	
L2in	4	11		2	9											
L2nr	23	30		21	9											
L2nt	47	40		5	9										26	
M1in	16	4		1												
M1nr	24	20		16												
M1nt	19	26		2											20	
R1in	28	28		10	2	4							4		3	
R1nr	42	36		21	2	4							4			
R1nt	47	46		5	2	4							4		26	
R2in	12	14		10	2			1					2			
R2nr	30	28		24	2			1					2			
R2nt	37	32		7	2			1					2		21	
S2in	23	14		5	5											
S2nt	40	43		8	5										26	
T1in	43	39		18	1								8		13	
T1nr	56	57		32	1								12		11	
T2in	26	28		6	6			13					5			
T2nr	30	29		8	6			13					5			

1.3. Niveaux de stabilité des différents géotypes expérimentés

Nous avons montré que les facteurs caractéristiques des différents environnements du réseau d'essais étaient l'azote, le stress hydrique et les maladies foliaires. Les différences de précocité des géotypes, ainsi que leur niveau de résistance aux principaux pathogènes foliaires rencontrés (rouille brune et rouille jaune) font qu'*a priori* ils ne vont pas avoir les mêmes niveaux de stabilité pour le rendement et la teneur en protéines des grains.

Nous avons donc estimé les niveaux de stabilité des différents géotypes par mesure de la variance environnementale, sur l'ensemble des environnements du réseau d'essai décrit dans le chapitre 3, soit 27 environnements et pour un sous-groupe d'environnements pour lequel seules les conduites « intensives » et « azote réduit » sont considérées, soit 21 environnements.

La variance environnementale (S^2) de chaque géotype est estimée telle que :

$$\hat{S}^2 = \sum_{e=1}^E (Y_{ge} - Y_g)^2 / (E - 1) \quad [38]$$

où Y_{ge} représente la performance du géotype g dans l'environnement e , Y_g la performance moyenne du géotype g sur l'ensemble des environnements et E le nombre d'environnements considérés (soit au total 27 ou 21 environnements).

Les variances environnementales estimées pour chaque géotype dans le réseau sont comparées aux variances environnementales de ces mêmes géotypes, observées sur un réseau antérieur, lors du choix de ceux-ci. Les résultats sont présentés dans le **tableau 29**.

Tableau 29: Valeurs moyennes de rendement et de teneur en protéines des grains pour les 14 géotypes du réseau d'essais. Les valeurs moyennes et les variances environnementales ont été estimées pour les 27 environnements du réseau d'essais et pour les 21 environnements ne regroupant que les conduites « intensives » et « azote réduit ». Les variances environnementales estimées sont comparées aux variances environnementales qui ont permis de choisir les géotypes utilisés dans l'étude.

Géotype	RDTm	\hat{S}^2_{rdt}	TPm	\hat{S}^2_{tp}	RDTm	\hat{S}^2_{rdt}	TPm	\hat{S}^2_{tp}	RDTm	\hat{S}^2_{rdt}	TPm	\hat{S}^2_{tp}		
Nb env.		27					21				(Moreau, 2000)			
Arche	78,6	319,0	10,8	1,4	80,8	322,4	10,6	1,4	86,1	216	10,1	2,6		
Baltimor	75,3	181,5	10,9	1,3	81,4	761,1	10,5	4,8						
Camp-Rémy	69,2	257,7	11,5	1,4	70,0	301,3	11,6	1,7	68,3	277	11,9	2,5		
DI9714	77,8	195,3	11,3	1,2	78,4	226,0	11,2	1,4	86,4	124	11,9	0,5		
Galibier	57,6	62,8	14,1	0,9	58,7	370,2	14,0	4,4						
Hynoprécia	82,1	291,8	10,9	1,0	82,0	340,7	10,9	1,1	73,9	579	11,9	0,5		
Isengrain	79,9	279,4	10,5	1,1	81,5	331,9	10,4	1,2	92,6	281	11,9	0,6		
Oratorio	79,6	237,9	11,1	1,6	81,1	590,9	11,0	2,9	84,3	297	11,8	2,3		
Ornicar	75,3	130,9	11,1	0,5	78,9	275,6	11,0	1,7						
Récital	66,4	292,0	11,2	1,4	69,6	294,8	10,9	1,0	77,9	299	10,8	1,8		
Renan	69,4	165,2	12,4	1,5	68,3	178,0	12,4	4,2	72,8	224	12,9	2,9		
Rumba	78,8	273,0	11,0	1,3	79,2	318,7	11,0	1,5	89,1	192	10,7	1,0		
Soissons	72,4	230,9	11,1	1,1	74,3	255,1	11,1	1,2	81,6	224	11,4	1,9		
Trémie	78,7	427,5	10,5	2,3	82,9	771,0	10,2	3,3						
Moyennes	74,7		11,2		76,0		11,0							

Nous avons représenté, **figure 17**, les niveaux de rendement et de teneur en protéines des grains des différents géotypes en fonction de la variance environnementale estimée pour chacun d'eux pour les 27 environnements du réseau d'essais. On distingue pour le rendement :

- Des géotypes qui ont des niveaux de rendement élevés et stables : DI9714, Baltimor et Ornicar.

- Des génotypes plutôt stables avec des niveaux de rendement moyen bas (Soissons, Camp-Rémy) ou élevés (Isengrain, Oratorio).
- Des génotypes stables avec des niveaux de rendement bas (Renan et Galibier).
- Des génotypes plutôt instables avec des niveaux de rendement élevés (Arche, Hynoprécia, Rumba et Trémie) ou faibles (Récital).

Pour la teneur en protéines, la répartition des génotypes en classe de stabilité permet d'identifier :

- Des génotypes stables du point de vue de la variance environnementale avec des niveaux de teneur en protéines moyens (Hynoprécia, Ornicar et Soissons) et élevés (Galibier).
- Des génotypes de stabilité intermédiaire avec des niveaux de teneur en protéines moyens (Baltimor, DI9714 et Rumba) ou faibles (Isengrain).
- Des génotypes instables pour la teneur en protéines, avec des niveaux de teneur en protéines élevées (Renan, Camp-Rémy), moyennes (Arche, Oratorio et Récital) ou basses (Trémie).

La comparaison des variances environnementales qui avaient été utilisées pour choisir les 10 variétés communes aux deux années d'expérimentation avec les variances environnementales mesurées ici montre que : 1) parmi les génotypes identifiés comme stables ou plutôt stables pour le rendement, sont communs aux deux réseaux d'essais : DI9714, Isengrain, Oratorio, Soissons et Renan ; et 2) parmi les génotypes identifiés comme plutôt instables sur les deux réseaux, Rumba.

La même comparaison effectuée pour la teneur en protéines met en évidence que parmi les génotypes initialement identifiés comme stables ou plutôt stables du point de vue de la variance environnementale, sont communs aux deux réseaux d'essais : Hynoprécia, Isengrain, DI9714 et Rumba ; et parmi les génotypes identifiés comme plutôt instables ou instables, sont communs aux deux réseaux, Renan, Arche, Camp-Rémy, Oratorio et Récital. Pour la teneur en protéines, seul le génotype Soissons n'a pas eu, en terme de variance environnementale, le comportement attendu.

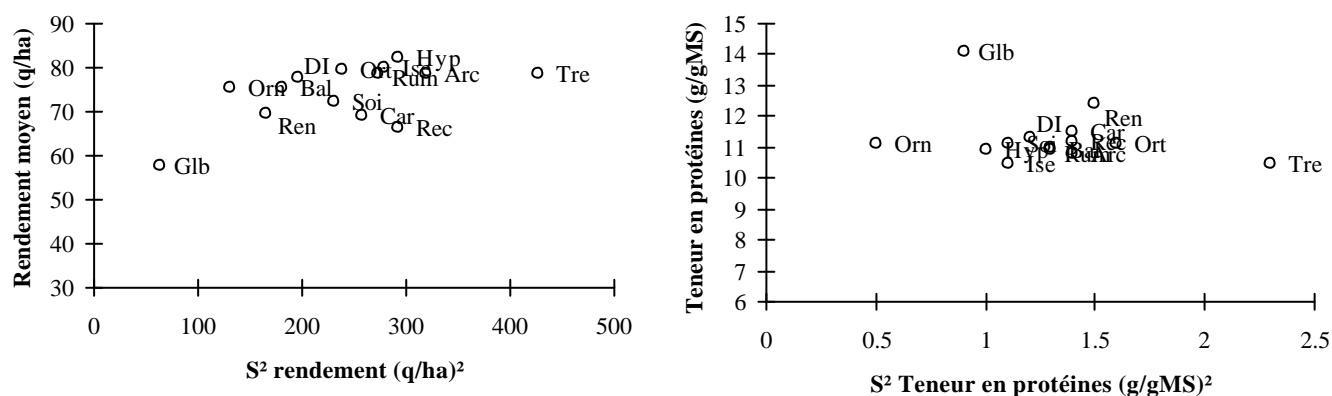


Figure 17 : Moyennes de rendement et teneur en protéines des différents génotypes, mesurés sur les 27 environnements du réseau d'essais, en fonction de la variance environnementale estimée sur ces mêmes environnements

La part de chaque environnement dans les interactions génotype × environnement avait montré que ce sont en partie les conduites sans protection fongicide qui sont à l'origine des interactions. La plupart des modèles de culture ne prennent pas en compte les effets des maladies foliaires sur le fonctionnement de la culture. Nous avons donc voulu estimer l'importance de ces environnements «non traité » dans les niveaux de stabilité observés des génotypes.

Nous avons comparé les niveaux de rendement et de teneur en protéines moyen, ainsi que les variances environnementales estimées pour ces deux caractères sur le réseau d'essais dans son ensemble, ou pour un groupe d'environnements, formé par les situations « intensives » et « azote réduit ». La comparaison des variances environnementales estimées sur ces deux groupes d'environnements pour le rendement et la teneur en protéines est présentée **figure 18**.

On observe que les rendements moyens estimés sur les situations intensives et azote réduit sont globalement plus élevés que ceux observés sur l'ensemble des environnements. Les teneurs en protéines des grains sont en revanche équivalentes. La comparaison des variances environnementales estimées sur ces deux groupes d'environnements met en évidence que le niveau de stabilité des génotypes pour le rendement est équivalent dans les deux groupes excepté pour les génotypes Baltimor, Trémie, Oratorio, Galibier et Ornicar, qui sont identifiés comme plus instables sur les environnements « intensifs » et « azote réduit ». La même comparaison réalisée pour la teneur en protéines des grains met en évidence que six génotypes sur les 14 étudiés ont des niveaux de variance environnementale plus élevés pour les seules conduites « intensives » et « azote réduit ».

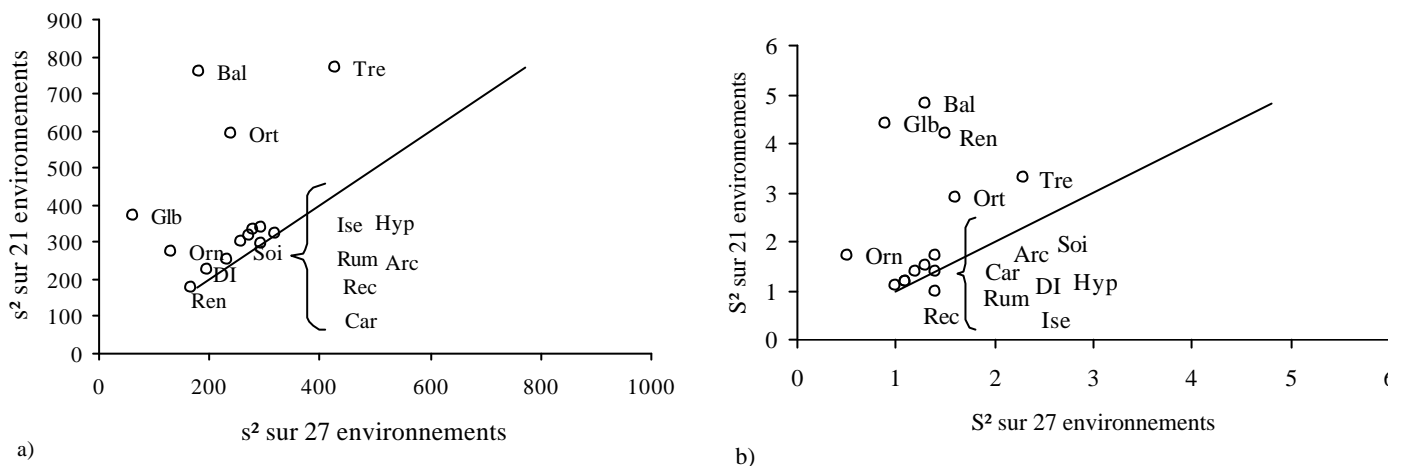


Figure 18 : Comparaison des variances environnements estimées sur l'ensemble des 27 environnements du réseau d'essais ou pour le sous-ensemble de 21 environnements pour le rendement (a) et la teneur en protéines des grains (b)

1.4. Implications pour l'évaluation du modèle Azodyn

Le réseau d'essais sur lequel sera évalué le modèle présente des niveaux d'interaction génotype × environnement relativement faibles pour la teneur en protéines (0,04 fois l'effet principal du génotype) et le rendement (0,16 fois l'effet principal du génotypes) en comparaison des valeurs observées dans la littérature (de 0,87 à 2,98 fois l'effet principal du génotype) (Brancourt-Hulmel, 1999 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 2000).

Le fonctionnement de la culture, tel qu'il est décrit dans le modèle, rend compte des effets du rayonnement, de la température moyenne et de l'azote sur l'élaboration du rendement et les transferts carbonés et azotés entre les différents compartiments (grains et parties végétatives). Pour les milieux sur lesquels les facteurs limitants, autres que l'azote, ont été observés, la qualité de prédiction du modèle sera *a priori* plus faible. C'est principalement le cas pour les situations dans lesquelles on observe des stress hydriques et des maladies. Le diagnostic agronomique réalisé a permis d'identifier les environnements pour lesquels les facteurs limitants observés n'étaient pas pris en compte dans le modèle. Ces environnements seront analysés séparément lors de l'évaluation de celui-ci.

La gamme des rendements et teneur en protéines moyens, ainsi que la gamme des variances environnementales semblent suffisamment larges sur notre réseau pour pouvoir analyser l'intérêt d'utiliser un modèle de culture pour analyser et prévoir les différences de performances entre variétés.

L'estimation des niveaux de stabilité des différents génotypes, caractérisés par les variances environnementales, a permis de mettre en évidence que la gamme de comportement couverte pour le rendement et la teneur en protéines des grains était relativement large et, associée à des niveaux de performances variés. La comparaison des variances environnementales estimées sur le réseau d'essais avec les variances environnementales estimées lors de la phase de choix des génotypes utilisés sur le réseau montre que les niveaux de stabilité estimés sur ces deux réseaux par l'intermédiaire des variances environnementales étaient globalement comparables pour le rendement et la teneur en protéines. La même comparaison des variances environnementales observées sur l'ensemble des environnements ou sur les seules conduites « intensives » et « azote réduit » a mis en évidence que les niveaux de stabilité des différents génotypes étaient peu affectés pour le rendement. Parmi les génotypes qui présentent des valeurs de variance environnementale plus faibles sur l'ensemble des environnements, on retrouve les quatre génotypes qui n'ont été expérimentés qu'une seule année (Baltimor, Galibier, Ornicar et Trémie). Le fait de retirer trois environnements, dont ceux qui ont eu le plus d'influence sur l'interaction génotype \times environnement, affecte significativement le comportement observé. Parmi les dix génotypes communs aux deux années expérimentales, seul Oratorio présente un niveau de stabilité plus faible sur l'ensemble des environnements en comparaison de celui observé sur les conduites « intensives » et « azote réduit ». La même comparaison réalisée sur la teneur en protéines a mis en évidence que parmi les six génotypes qui ont des niveaux de variance plus élevés sur les environnements « intensifs » et « azote réduit », quatre de ces génotypes n'étaient expérimentés qu'une seule année (Baltimor, Galibier, Ornicar et Trémie) et deux génotypes sont caractérisés par des niveaux de résistance élevés aux maladies foliaires rencontrées sur le réseau (Oratorio et Renan). L'effet des maladies foliaires sur la teneur en protéines des grains a été montré par Dimmock et Gooding (2002). Ce sont sans doute les interactions entre le fonctionnement azoté du couvert et l'expression des résistances variétales qui sont à l'origine des différences de stabilité observées pour ces deux génotypes. Hormis les quatre génotypes présents une seule année expérimentale sur le réseau, le fait de ne pas prendre en compte les conduites sans protection fongicide ne devrait pas affecter l'analyse du comportement des génotypes par rapport aux niveaux de variances environnementales observés. La mesure de la variance environnementale, comme critère caractéristique du comportement des génotypes semble suffisamment robuste pour qu'elle puisse être utilisée sur des données simulées par un modèle de culture dont la gamme de validité ne prendrait pas en compte certains facteurs limitants tels que les maladies.

Il s'agit à présent d'identifier les facteurs du fonctionnement de la culture qui sont à l'origine des différences de stabilité observées, ici mesurées par la variance environnementale. L'identification de ces caractéristiques variétales sera réalisée à l'aide du modèle de culture, préalablement adapté aux génotypes utilisés.

2. Prise en compte de la variabilité génotypique dans le modèle Azodyn

Dans les modèles de culture la prise en compte de la variabilité génétique du fonctionnement de la culture se fait généralement par des valeurs différentes entre génotypes de certains paramètres des fonctions mathématiques du modèle (Colson *et al.*, 1995a). Pour les modèles initialisés en cours de culture, ce qui est le cas d'Azodyn, les variables d'entrée du modèle peuvent également varier entre génotypes. Le nombre de paramètres des modèles de culture est souvent bien trop grand pour que l'on puisse mener une étude rigoureuse de la variabilité génétique sur chacun. Il est donc nécessaire, au préalable, d'identifier les paramètres susceptibles de présenter une variabilité entre génotypes et dont l'influence sur les sorties du modèle justifie l'adaptation génétique. Une fois les paramètres identifiés, il s'agit ensuite d'estimer, pour chaque génotype, la valeur de ces paramètres.

L'objectif de cette partie est double :

- dans un premier temps, nous allons identifier parmi les 80 paramètres du modèle ceux qui sont susceptibles de varier entre génotypes. L'identification des paramètres variétaux du modèle repose sur deux critères : d'une part, les paramètres doivent être différents entre génotypes et d'autre part les différences de valeur des paramètres entre génotypes doivent être stables entre environnements (Mavromatis *et al.*, 2001 ; Wallach *et al.*, 2001). L'objectif de l'étude étant orienté vers les utilisateurs, nous nous sommes concentrés sur les paramètres les plus accessibles à ces utilisateurs.
- Dans un deuxième temps, nous allons estimer les valeurs des paramètres et des variables d'entrée retenus pour les quatorze génotypes utilisés, en nous appuyant sur les données recueillies dans le réseau d'essais pluriannuels et les expérimentations de Grignon décrites précédemment.

2.1. Identification des paramètres génotypiques d'Azodyn

Identifier les paramètres génotypiques d'un modèle consiste à déterminer quels sont, parmi tous les paramètres du modèle ceux qui prennent des valeurs différentes entre génotypes et qui ont une influence sur les variables de sortie simulées.

La littérature nous fournit des indications sur l'existence de différences génotypiques sur certaines variables d'intérêt telles que la biomasse ou l'azote accumulé dans les parties aériennes de la culture (Le Gouis et Pluchard, 1996 ; Le Gouis *et al.*, 2000 ; Van Sanford et Mackown, 1986). Cependant, ce sont rarement les paramètres eux-mêmes du modèle qui sont étudiés dans la littérature et les références ne permettent pas d'intégrer ces résultats directement dans les modèles. Il n'est généralement pas précisé quels sont les paramètres à faire varier, avec quelle amplitude ou encore il n'est pas possible de relier les résultats présentés aux paramètres du modèle utilisé. De ce fait, la recherche expérimentale de la variabilité sur les paramètres du modèle incombe, au final, à ceux qui entreprennent l'adaptation du modèle à de nouveaux génotypes. La littérature ou les connaissances d'experts peuvent cependant nous aider à faire le tri dans les fonctions pour lesquelles *a priori* il existe ou non une variabilité entre variétés, mais cette situation n'est pas générale.

Les exemples d'adaptation des modèles de culture aux génotypes font apparaître que la prise en compte de la variabilité génotypique porte en majorité sur trois modules :

- Le module de phénologie. Il s'agit généralement de différencier pour quelques génotypes les besoins en vernalisation, la sensibilité à la photopériode ou la durée entre chaque stade de développement (Colson *et al.*, 1995a ; Hammer *et al.*, 1982 ; Liu, 1989 ; Travasso et Magrin, 1998 ; Villalobos *et al.*, 1996).

- Le module d'élaboration du rendement qui fait intervenir les composantes potentielles du rendement, nombre de grains potentiels, la vitesse de remplissage des grains (Agüera *et al.*, 1997 ; Asseng *et al.*, 2002a) ou le nombre d'épis (Travasso et Magrin, 1998).
- Quelques études ont également cherché à prendre en compte la variabilité génotypique sur les fonctions de croissance, telles que l'évolution de l'efficacité de conversion du rayonnement (ϵb) en fonction du temps (Hammer et Vanderlip, 1989), la surface foliaire spécifique ou la taille maximale des feuilles (Colson *et al.*, 1995a).
- Certains modèles spatialisés intègrent également des paramètres relatifs à l'émission de pollen ou la compétitivité (hauteur) entre génotypes (Fargue, 2002).

Dans la grande majorité des cas, les critères qui ont conduit aux choix des paramètres à ajuster ne sont pas décrits et l'effet variétal du paramètre n'est pas démontré.

2.1.1. Premier tri des paramètres génotypiques

Dans le cas du modèle Azodyn, on peut réaliser un premier tri des paramètres sur la base des connaissances bibliographiques et du formalisme du modèle. On distingue :

(1) un premier groupe de paramètres, ceux du module sol (**tableau 30**) qui ne vont pas *a priori* varier entre génotypes puisque la simulation de la dynamique de minéralisation est indépendante du fonctionnement de la culture.

Tableau 30 : Paramètres du module « plante » (croissance, élaboration du rendement et fonctionnement azoté de la culture) et du module « sol » (minéralisation) du modèle Azodyn.

	Module « sol »	Effet du génotype sur le paramètre
Tref (minéralisation humus)	15	Non ¹⁴
Coeff temp formule K2	0.115	Non
Coeff CaCO3 formule K2	60	Non
Beta coeff formule K2	1.3	Non
Coeff formule K2	0.23	Non
Coeff argile formule du K2	11	Non

(2) Un second groupe de paramètres correspond à ceux intervenant dans le module d'élaboration du rendement (**tableau 31**) ($P1G_{max}$, NGM^2 seuil, Relation $P1g/NGM^2$). Plusieurs auteurs ont mis en évidence une variabilité génétique pour les paramètres de la relation entre le poids de mille grains et le nombre de grains par unité de surface (Brancourt-Hulme *et al.*, 1999 ; Gate, 1995 ; Leterme *et al.*, 1994 ; Triboï *et al.*, 1985). De plus, les résultats de Champeil (2001) ont montré que le modèle était particulièrement sensible à ces paramètres. Des résultats de la littérature ont montré qu'il existait également une variabilité génétique du nombre de grains potentiels pour le blé (Fischer, 1985 ; Masle, 1985). Nous nous attacherons donc à estimer les valeurs, par génotype, des paramètres PMG_x ($PMG_x = 1000 \times P1G_{max}$) et RDT_x (rendement maximum), qui interviennent directement dans les fonctions de remplissage du grain, et NGM^2_x (nombre de grains maximum), paramètre qui permet d'estimer le nombre de grains de la culture à floraison.

(3) Un troisième groupe de paramètres pour lesquels la bibliographie a mis en évidence des différences variétales sur les variables simulées par les fonctions dans lesquelles elles interviennent mais qui ne se sont pas explicitement intéressées aux paramètres eux-mêmes (**tableau 31**). C'est par exemple le cas des

¹⁴ paramètre qui ne présente pas de différence génotypique *a priori*

paramètres intervenant dans les fonctions d'absorption et de remobilisation de l'azote (α_{remob} et V_{max}). La littérature a mis en évidence un effet du génotype sur les variables simulées par ces fonctions, notamment la quantité d'azote remobilisée (Cox *et al.*, 1985a ; Cox *et al.*, 1985b ; Cox *et al.*, 1986 ; Halloran, 1981 ; Lewicki et Chery, 1992 ; Simpson *et al.*, 1983 ; Van Sanford et Mackown, 1987) et la quantité d'azote absorbée par la culture à la récolte (Bulman et Smith, 1994 ; Cox *et al.*, 1986 ; Dhugga et Waines, 1989 ; Le Gouis et Pluchard, 1996 ; Le Gouis *et al.*, 2000 ; Papakosta et Garianas, 1991 ; Przulj et Momcilovic, 2001). On peut faire l'hypothèse que ces résultats sont en partie déterminés par des facteurs de variation pris en compte dans d'autres fonctions du modèle (comme par exemple la précocité). Il est cependant nécessaire d'identifier s'il existe ou non une variabilité génétique des paramètres intervenant dans les fonctions de remobilisation et d'absorption d'azote et de déterminer la manière de prendre en compte cette variabilité dans le modèle. Nous nous attacherons à identifier une variabilité génotypique sur les paramètres α_{remob} et V_{max} intervenant respectivement dans les fonctions de remobilisation et d'absorption d'azote.

(4) Un quatrième groupe de paramètres pour lesquels la littérature a montré qu'il n'existait pas de variabilité génétique dans les conditions observées (**tableau 31**). Ainsi, Akkal (1998) a montré que les valeurs des paramètres k et $\epsilon_{i_{max}}$ dans la relation d'interception du rayonnement en fonction du couvert, n'étaient pas significativement différentes pour plusieurs génotypes de blé d'hiver variant par leur port foliaire, caractéristique *a priori* favorable aux variations d'interception lumineuse (Varlet-Grancher, 1987). Des travaux préliminaires sur Azodyn (Ait Sliman, 2002) ont montré qu'il n'existait pas de variabilité génétique du coefficient, D , de la relation entre la surface foliaire et la quantité d'azote critique de la culture. Une étude similaire réalisée lors de l'évaluation de la relation entre la perte de nombre de grains et la carence azotée sur différents génotypes avait mis en évidence qu'il n'existait pas de différence variétale de la qualité d'ajustement de cette fonction pour les valeurs des paramètres RGNA et B estimés sur le seul génotype Soissons (Jeuffroy et Bouchard, 1999).

Les courbes d'évolution de la teneur en azote critique et maximale ont été également évaluées pour différents génotypes de blé, sans pouvoir mettre en évidence de différence entre eux (Nc1, 2 et 3 pour les courbes maximum et critique) (Justes *et al.*, 1994). On peut donc supposer l'ensemble de ces paramètres fixes entre génotypes.

(5) Enfin, les estimations des valeurs des paramètres de la relation entre le statut azoté de la culture (INN^{15}) et l'efficacité de conversion du rayonnement (E_b carencé) ou l'efficacité d'interception du rayonnement (E_i carencé) (Bélanger *et al.*, 1992) proviennent de résultats acquis sur d'autres espèces que le blé. Leur extrapolation au blé nous laisse supposer que la variabilité de ces paramètres entre génotypes de blé sera faible. Ils ne feront donc pas l'objet d'un ajustement par génotype.

¹⁵ INN : Indice de nutrition azotée

Tableau 31: Paramètres du module « plante » (croissance, élaboration du rendement et fonctionnement azoté de la culture) et du module « sol » (minéralisation) du modèle Azodyn.

	Module « plante »		Effet du géotype sur le paramètre
Eb max 1	1.65	(Jeuffroy et Recous, 1999)	Non ¹⁶
Eb max 2	3.3		Non
Tmin	0	(Brisson <i>et al.</i> , 1998)	Non
Topt	15		Non
Tmax	40		Non
Eimax	0.96	(Jeuffroy et Recous, 1999)	Non
k	0.72		Non
%N grain à floraison	2.8	(Girard, 1997)	?
DC (base 9)	90		Non
Relation flo WSC-INN	A=-27.486 b=41.598	Girard, 1997, Chalagiraud 1997	?
PIG max (16% H)	48.5	(Gate, 1995)	Oui ¹⁷
Relation PIG/NGM2	A=91.6 b=0.0015		Oui
NGM2 seuil	29000		Oui
PIG0 (mg/grain)	0.6	(Girard, 1997)	?
Disponibilité WSC	0.75		?
Qnremo/rem	0.00132		Littérature ¹⁸
QN rem/QNflo	0.68		Littérature
VN/VMS	0.028		Non
MSAA/NAA	6.25		Non
CAU/Vc	a = 0.74 b=38.24	(Limaux, 1999; Limaux <i>et al.</i> , 1999)	?
Eb= f(Qnveg)	3.17	(Jeuffroy <i>et al.</i> , 2000b)	?
	0.25		?
GLAI	1.573		?
= f(Qnveg)	0.624		?
Coeff prot	5.7		Non
Eb carencé = f(INN)	-3.13	(Bélangier <i>et al.</i> , 1992)	Non
	1.05		Non
	2.18		Non
Ei carencé = f(INN)	-1.92		Non
	1.27		Non
	1.65		Non
Durée épiaison-floraison	150	(Gate, 1995)	?
Condition courbe critique	1.55		Non
Nc1 courbe critique	4.4		Non
Nc2 courbe critique	5.35	(Justes <i>et al.</i> , 1994)	Non
Nc3 courbe MAX	-0.44		Non
Conditions courbe MAX	2		Non
Nc1 courbe MAX	6	(Justes <i>et al.</i> , 1994)	Non
Nc2 courbe MAX	8.3		Non
Nc3 courbe critique	-0.442		Non
Dj (post-flo) (besoins azote)	200	(Barré, 1997)	?
D (Coeff LAI = f(QN aérien))	0.028		Non
Coeff PAR = f(Rg)	0.48	(Varlet-Grancher, 1987)	Non
Vitesse max abs N	0.5		Littérature
Total N / N aérien	1.25	(Coic, 1956)	Non
NGM2 max	27000		?
RGN A	1.00355	(Jeuffroy et Bouchard, 1999)	Non
RGN B	0.0011		Non

¹⁶ Non : paramètre qui ne présente pas de différence génotypique *a priori*¹⁷ Oui : paramètre pour lequel l'effet génotypique a été identifié¹⁸ Littérature : paramètre qui intervient dans des fonctions sur lesquelles la littérature a mis en évidence un effet génotypique

2.2. Recherche d'une variabilité génotypique sur les paramètres des fonctions de remobilisation et d'absorption d'azote

Nous avons cherché à mettre en évidence une variabilité génotypique sur deux paramètres intervenant dans le fonctionnement azoté de la culture : le paramètre α_{remob} , qui représente l'efficacité de remobilisation d'azote depuis les parties aériennes végétatives vers les grains et le paramètre V_{max} , qui représente la vitesse maximum d'absorption de l'azote (kgN/ha/dj) par la culture.

Les travaux réalisés sur le paramètre α_{remob} ont fait l'objet d'un article soumis à Crop Science.

2.2.1. Recherche de l'effet du génotype sur l'efficacité de remobilisation

Nitrogen remobilization during grain filling in wheat: genotypic and environmental effects

¹⁹*A. Barbottin,²⁰C. Lecomte, ¹C. Bouchard, ¹MH. Jeuffroy

In cereals, remobilized nitrogen (N) is the main source of nitrogen for the grains (Simpson *et al.*, 1983). It accounts for 60% to 92% of the nitrogen accumulating in the grains at maturity (Austin *et al.*, 1977; Cox *et al.*, 1985b; Papakosta et Garianas, 1991). The amount of nitrogen remobilized depends on nitrogen remobilization efficiency and the amount of nitrogen available for this process. The amount of nitrogen stored in the vegetative organs of the plant at flowering can be used as an estimate of the amount of nitrogen available for remobilization (Cox *et al.*, 1986). The amount of stored nitrogen depends in turn on soil nitrogen supply, nitrogen fertilization level (Papakosta et Garianas, 1991), growing conditions during the pre-anthesis period and genotype (Cox *et al.*, 1985b; Rodgers et Barneix, 1988). Some of the nitrogen stored in the plant is used for structural purposes (Lhuillier-Soundélé *et al.*, 1999). Nitrogen remobilization efficiency (NRE) is therefore estimated as the fraction of stored nitrogen at flowering that is not recovered in the vegetative parts at maturity (Cox *et al.*, 1985a; Cox *et al.*, 1985b; Van Sanford et Mackown, 1987). This efficiency has been shown to depend on growing conditions during the grain filling period and genotype.

Plata *et al.* (1994) showed that NRE was high in Mediterranean-like conditions of the Western Australia, in which plants generally suffer water stress during grain-filling period. This increase in NRE may result indirectly from limits on the uptake of nitrogen during the grain filling period, which forces the plant to make greater use of its stored nitrogen. Cox *et al.* (1986) showed that higher levels of nitrogen fertilization before flowering lead to a decrease in nitrogen remobilization efficiency, because the greater availability of nitrogen just after flowering renders this process unnecessary. Similar results were obtained by Moll *et al.* (1982) and Przulj and Momcilovic (2001) on barley (*Hordeum vulgare* L.). Halloran *et al.* (1981) reported an increase in NRE in conditions unfavorable for nitrogen uptake before anthesis, linked to drought or high temperature. Foliar diseases, such as brown and yellow rust (*Puccinia* spp.), *Septoria tritici* and powdery mildew (*Erysiphe graminis*) have also been shown to reduce nitrogen translocation

¹⁹ UMR d'Agronomie, INRA – INAPG, BP01, 78 850 Thiverval-Grignon, France.
barbotti@grignon.inra.fr, jeuffroy@grignon.inra.fr, bouchard@grignon.inra.fr.

²⁰ Unité de Génétique et Amélioration des Plantes INRA, 21 110 Bretenières, France.
lecomte@epoisses.inra.fr.

N_{SF} : the amount of nitrogen uptake at flowering, RN: the amount of nitrogen remobilised, NRE: nitrogen remobilisation efficiency, GPC: grain protein content, GNC: grain nitrogen content, N_{FM} : nitrogen uptake after flowering

from the vegetative parts of the plant to the grains during the grain filling period (Dimmock et Gooding, 2002). Some studies have reported that NRE varies according to genotype (Cox *et al.*, 1986). Nevertheless, this genotype effect has been shown to depend on year (Przulj et Momcilovic, 2001) and fertilization level (Cox *et al.*, 1986; Papakosta et Garianas, 1991).

A number of crop models have been developed to simulate crop growth, N uptake and yield, based on the known relationship between crop components. Most take into account various conditions of nitrogen nutrition and water availability. As most models simulate the amount of nitrogen in grains and grain biomass at harvest, grain protein content (GPC) can be calculated as the ratio of these two variables multiplied by a fixed coefficient. In crop models, nitrogen translocation from vegetative organs to the grains is rarely explicitly simulated and grain nitrogen content is generally estimated from changes in a nitrogen harvest index as a function of time or thermal time (Brisson *et al.*, 1998; Porter, 1993). In the wheat crop model Azodyn (Jeuffroy et Recous, 1999; Jeuffroy *et al.*, 2000b) both sources of nitrogen for the grains are explicitly simulated: nitrogen remobilization and nitrogen uptake after flowering. The amount of nitrogen remobilized to the grains is modeled as a function of the amount of nitrogen in the crop at flowering _ a simulated variable of the model_ and on nitrogen remobilization efficiency _ a parameter of the model. Many environmental factors are known to affect nitrogen transfer, and genotype may also have an effect. It is therefore important to analyze the variability of this parameter as a function of environment and genotype, to increase the accuracy of the model. In this study, we investigated the variability of nitrogen remobilization from vegetative organs to grains, in various environments and genotypes, with a view to improving the crop model.

Materials and Methods

MULTISITE TRIALS

Field trials were conducted over two years (2001 and 2002) in France at six sites of the *Institut National de la Recherche Agronomique* (I.N.R.A, the French National Institute of Agronomic Research) and one experimental station belonging to a plant breeding company (SERASEM). Experimental sites were at Toulouse (43°31'N, 01°28'E), Clermont-Ferrand (45°46'N, 03°05'E), Dijon (47°19'N, 5°01'E), Le Moulon (48°48'N, 2°08'E), Mons (49°56'N, 2°56'E), Lille (50°39'N, 02°57'E) and Rennes (48°06'N, 1°47'W). At each site, a complete randomized block design was used. Plot sizes varied at the sites, from 5.9 m² at Rennes to 7.8 m² at Le Moulon. We used the sowing dates considered optimal for each region concerned, varying from October 16 at Lille to November 7 at Toulouse (Table 1). At the end of winter, plant density exceeded 300 plants/m² at each site. The experimental sites also differed in:

- Soil nitrogen supply at the end of winter, corresponding to the amount of soil mineral nitrogen available for the crop at the beginning of active growth. It ranged from 30 kg.ha⁻¹ in Lille to 175 kg.ha⁻¹ in Toulouse in 2002.
- The nature of the preceding crop.
- Climatic conditions throughout the crop cycle in terms of mean temperature, from 9.71°C at Lille (north) to 12.90°C at Toulouse (south), cumulative rainfall, from 320 mm at Clermont-Ferrand (south inland) to 859 mm at Rennes (west) and cumulative solar radiation from the end of winter to July 31 (Table 1).

At each experimental site, we tested two or three experimental treatments differing in terms of the amounts of nitrogen and fungicides applied (Table 2). Treatments were defined as:

Intensive treatment (INT). In this case, nitrogen supply was applied to prevent the crop from nitrogen deficiency during the cycle. The total amount of nitrogen applied was calculated with the balance-sheet method (Machet *et al.*, 1990), based on the potential yield specific to each location (from 10000 kg.ha⁻¹ at Mons to 9000 kg.ha⁻¹ at Clermont-Ferrand). Nitrogen was applied two or three installments, at the end of winter, during stem elongation and at heading. Pesticides were applied as necessary to prevent weeds and diseases from affecting crop growth.

Reduced nitrogen treatment (RNT). In this case, we applied 100 kg.ha^{-1} less nitrogen than for the intensive treatment. The other techniques were similar to those for the intensive treatment.

No fungicide treatment (NFT). In this case, all techniques were similar to those for the intensive treatment except that no fungicide was applied at any time in the crop cycle.

Table 1: Characteristics of each experimental site; sowing date, climatic data during the crop cycle (mean temperature, cumulative global radiation and cumulative rainfall), soil nitrogen content at the end of winter and nature of the preceding crop.

Site	Year	Sowing date*	Mean temperature (sowing – 31/07)	Cumulative radiation (MJ/m^2) (sowing – 31/07)	Cumulative rainfall (mm) (sowing – 31/07)	Soil nitrogen content at the end of winter (0-90cm)	Preceding crop
Clermont-Ferrand	2000-2001	26/10/00	11.40	3180	360	75	Sunflower
Clermont-Ferrand	2001-2002	02/11/01	10.09	3244	320	70	Sunflower
Dijon	2000-2001	17/10/00	10.57	3475	764	41	Vetch
Le Moulon	2000-2001	25/10/00	10.53	2928	808	40	Oat
Le Moulon	2001-2002	15/10/00	10.28	3096	449	45	Oat
Mons	2000-2001	25/10/00	9.80	3010	638	55	Oilseed rape
Lille	2002-2001	16/10/01	9.71	2702	603	30	Oilseed rape
Rennes	2000-2001	10/11/00	11.47	3272	859	84	Pea
Rennes	2001-2002	30/10/01	10.77	3339	374	46	Faba Bean
Toulouse	2000-2001	09/11/00	12.90	3782	599	80	Pea
Toulouse	2001-2002	07/11/01	11.85	3607	431	175	Pea
Grignon	2000-2001	25/10/00	10.53	2928	628	20	Maize
Grignon	2001-2002	15/10/00	10.31	3096	481	18	Maize

* All dates are expressed: dd/mm/yy.

Table 2: Treatments applied at each experimental site in this multisite trial. Each environment is defined by a code indicating the year, site and treatment.

Site	Year	Nitrogen fertilizer applied (kg/ha) for the intensive treatment	Intensive	Reduced nitrogen	No fungicide treatment
Clermont-Ferrand	2000-01	130	01CINT	01CNRT	-
	2001-02	120	02CINT	02CNRT	-
Dijon	2000-01	190	01DINT	01DNRT	-
Le Moulon	2000-01	220	01LINT	01LNRT	01LNFT
	2001-02	210	02LINT	02LNRT	02LNFT
Mons	2000-01	170	01MINT	01MNRT	01MNFT
Lille	2001-02	180	02SINT	-	02SNFT
Rennes	2000-01	190	01RINT	01RNRT	01RNFT
	2001-02	80	02RINT	02RNRT	02RNFT
Toulouse	2000-01	165	01TINT	01TNRT	-
	2001-02	180	02TINT	01TNRT	-

SPECIFIC EXPERIMENT AT GRIGNON.

We carried out a specific trial at the I.N.R.A. experimental site at Grignon (48°N , 1.9°E) in 2001 and 2002, on a soil with low levels of nitrogen (18 kg.ha^{-1} in 2001 and 20 kg.ha^{-1} in 2002 at the end of winter). We aimed to create a diversity of crop N nutrition conditions before flowering. Thus, various amount of fertilizer were applied in 2001 and 2002, as described in Table 3. An irrigation system protected crop against drought stress throughout the crop cycle and ensured that N fertiliser applied rapidly became available. Systematic applications of pesticides during the crop cycle prevented weeds, pests and diseases.

Table 3: Treatments applied to the specific experiment at Grignon

Year	Treatment		1 st application	2 nd application	3 rd application	4 th application	5 th application
2001	Feekes stage		3	5	10	10-5-2	
2001	01GNNT	0 kg.ha ⁻¹	-	-	-	-	-
2001	01GLWT	60 kg.ha ⁻¹	19/02/01 (60)	-	-	-	-
2001	01GNRT	160 kg.ha ⁻¹	19/02/01 (60)	02/04/01 (100)	-	-	-
2001	01GINT	240 kg.ha ⁻¹	19/02/01 (60)	02/04/01 (100)	02/05/01 (80)	-	-
2001	01GHGT	330 kg.ha ⁻¹	19/02/01 (60)	02/04/01 (100)	02/05/01 (80)	30/05/01 (90)	
2002	Feekes stage		3	5	7	10	10-5-2
2002	02GNN	0 kg.ha ⁻¹	-	-	-	-	-
2002	02GNR	140 kg.ha ⁻¹	05/03/02 (60)	25/03/02 (80)	-	-	-
2002	02GIN	260 kg.ha ⁻¹	05/03/02 (60)	25/03/02 (80)	18/04/02 (80)	13/05/02 (40)	
2002	02GHG	340 kg.ha ⁻¹	05/03/02 (60)	25/03/02 (80)	18/04/02 (80)	13/05/02 (40)	30/05/02 (80)

NB: All dates are express: dd/mm/yy.

WHEAT GENOTYPES.

Ten winter wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes differing in terms of earliness for heading and maturity, potential yield and susceptibility to aerial diseases were used in this study (Table 4). They included high-yield genotypes (Arche, Isengrain and Rumba) with low GPC, medium-yield cultivars with medium to high GPC (Camp-Rémy, DI9714, Récital, Soissons), a hybrid cultivar (Hynoprécia) and two disease-resistant cultivars (Oratorio and Renan). Each genotype was present in each environment of the multisite and specific trials, except for Soissons, which was absent from the highest treatment plots at Grignon in 2002.

Table 4: Genotype characteristics: year of registration, earliness at heading (from 1, very late, to 9, very early), susceptibility to the main foliar diseases (from 1, highly sensitive, to 9, highly resistant). No score for resistance to *Septoria triticii* are available.

Genotype	Year of registration	of Heading earliness	Resistance against :					
			Frost damage	Lodging	Brown rust	Yellow rust	Powdery mildew	Septoria nodorum
Arche	1989	6	2.5	7.5	6	9	5	5
Camp-Rémy	1980	6	6	6	2	7	4	4
DI 9714	-	5.5	-	-	-	-	-	-
Hynoprécia	1994	6.5	7.5	5.5	8	6	5	-
Isengrain	1996	7	5.5	5.5	3	5	5	4
Oratorio	1995	6.5	7	8.5	7	9	7	5
Récital	1986	8	5.5	7	1	1	3	4
Renan	1989	6	9	4	8	8	6	4
Rumba	1999	5.5	9	6.5	8	3	7	-
Soissons	1988	7	4	7	2	6	6	5

PLANT MEASUREMENTS.

Measurements were made at flowering and just after maturity on each experimental location, treatment and genotype. Samples of 0.35 m² (Grignon) and 0.40m² (other locations) from the center rows were cut at ground level for each of the three blocks. These samples were separated into vegetative (leaf and culm) and reproductive parts (ears). Each sample was oven-dried at 80°C for 72 hours and weighed. At maturity, ears were separated into grains and chaff. Grains were oven-dried again and weighed. Chaff weight was deduced from the difference between ears dry matter and grain dry matter. After drying, all samples (ears and vegetative parts at flowering, grains, leaves plus culms at maturity) were ground to particles of 1mm in a mill. We determined the nitrogen content of all components, except chaff at maturity, as described by Dumas (1831), at all sites except Dijon where grain nitrogen content at maturity was determined by the near infrared reflectance (NIRS 6500, Foss-France) of 120g of grains. The NIR-

measured nitrogen content values were checked by testing samples with the Kjeldahl procedure. The Dumas method involves the combustion of dehydrated and ground plant tissue at about 1800°C, reduction of N oxides by reduced Cu at 600°C, and analysis of N₂ by catharometry. This method makes it possible to estimate the total N content of the plant, including nitrate. The nitrogen content of the chaffs at maturity was assumed to be equal to the nitrogen content of leaves plus culms at maturity.

Crop biomass and the amount of nitrogen in the aerial parts of the crop were calculated at flowering and maturity, by summing values for individual organs. Grain yield and protein content were determined at harvest. Grain protein content at harvest was calculated as grain nitrogen concentration multiplied by a factor 5.7.

The amount of remobilized nitrogen (RN) was determined as grain nitrogen content at maturity (GNC) not due to nitrogen uptake after flowering (N_{FM}), according to Cox *et al* (1985a)

$$RN = GNC - N_{FM}$$

Nitrogen remobilization efficiency (NRE) was estimated as the fraction of the nitrogen taken up at flowering (N_{SF}) that was remobilized (Cox *et al.*, 1985b).

$$NRE = RN / N_{SF}$$

CHARACTERIZATION OF THE ENVIRONMENT.

An environment was defined as a combination of experimental site, year and treatment. We characterized each environment for the main yield-limiting factors identified with a diagnosis method, using three probe genotypes, as proposed by Brancourt *et al* (1999). These three genotypes were selected on the basis of their known response to several environmental factors and to cover the range of earliness of the ten genotypes used in this study. The genotypes used were Camp-Rémy, Récital and Soissons. The crop cycle was divided into two main periods, sowing to flowering and flowering to maturity, corresponding to the periods of formation of the two main yield components, grain number and mean weight per grain, respectively. The grain yields obtained with these three genotypes were compared with the potential yields for each cultivar. Differences between observed and potential yields should be accounted for limiting factors in the precise conditions in which the crop was grown. We used several variables as indicators of possible limiting factors, such as high temperature, low radiation levels, water stress, nitrogen nutrition and diseases, to identify the limiting factors responsible for yield reduction at each site. The climatic indicators were calculated from the climatic data (minimum and maximum temperature, solar radiation, rainfall and evapotranspiration) obtained near each experimental station. Nitrogen nutrition index measured at the beginning of stem elongation and at flowering was used as a nitrogen stress indicator for the pre-anthesis period (Justes *et al.*, 1994). The disease scores obtained for each probe genotype and each treatment were used as indicators of disease intensity. Indicators for the first period (sowing-flowering) are designated SF, whereas those for the grain filling period are designated by FM (flowering-maturity). Finally, the effect of each factor on the yield reduction was estimated through a progressive linear regression ($p \leq 0.15$), using SAS software (SAS Institute, 1990).

Based on the results of previous studies, we used the following indicators for the various limiting factor:

For heat stress (HT), we used cumulative degree-days and the number of days on which maximum temperature exceeded 25°C.

For radiation (R), we used cumulative incident radiation for each period.

For water stress (WD), we used the difference between maximum evapotranspiration and actual evapotranspiration for each period.

For nitrogen stress (N_{SF}), we used the nitrogen nutrition index (NNI), with nitrogen stress defined as $NNI < 1$.

For diseases (D), the nature and intensity (1, no disease to 9, totally affected) of the disease concerned.

Based on the results of Przulj and Momcilovic (2002) and Cox *et al* (1986), showing that remobilization efficiency is decreased by late nitrogen absorption, mean nitrogen uptake after flowering (N_{FM}) in each

environment was used as an indicator of potential nitrogen uptake after flowering when exceeded the mean N_{FM} for all environments ($33 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$).

Agronomic diagnosis carried out in all situations for the three probe genotypes made it possible to identify the main factors limiting yield. We recorded the appearance of limiting factors for the three probe genotypes and such factors were considered significant if they were responsible for more than 5% of the decrease in yield.

STATISTICAL ANALYSIS

We used the SAS PROC GLM procedure (SAS Institute, 1990) for analysis of variance (ANOVA), to investigate the effects of genotype, year, experimental site, treatment, block and the genotype by environment interaction. The SAS PROC REG procedure (SAS Institute) was used to calculate linear regressions between the amount of nitrogen remobilized (RN) and nitrogen uptake at flowering (N_{SF}) in environments with various levels of nitrogen availability before anthesis and with no other limiting factor. We fitted a two parameters linear function to the data for the relationship between the amount of nitrogen remobilized and nitrogen uptake at flowering. Parameters were estimated with the least squares method. We investigated whether the inclusion of a genotypic coefficient improved definition of the slope of the relationship by comparing the residues of the model adjusted for each genotype with the residues of the general regression model, using Fisher's test, as described by Borel *et al* (1997):

ΣSS_i (sum of the residual sums of squares for individual fit to each genotype) was compared with SS_c (residual sum of squares for common fit to all the genotypes) as follows:

$$F = \frac{\left| SS_c - \sum_{i=1}^n SS_i \right| / ((n-1).k)}{\sum_{i=1}^n SS_i / (Ndata - k)}$$

which follows Fisher's law with $(n-1).k$ and $(Ndata - k)$ degrees of freedom. $Ndata$ is the total number of data points, n is the number of individual regressions and k is the number of fitted parameters for each regression (2 in the case of a linear function).

The validity of the linear relationship between the amount of nitrogen remobilized and nitrogen uptake at flowering was assessed by the root mean squared error of prediction (Wallach et Goffinet, 1987) for situations not used for NRE assessment, characterized by various limiting factors.

Results

CHARACTERIZATION OF THE EXPERIMENTAL SITES:

Environments differed in the nature and timing of the limiting factors (Table 5). We assigned them to four groups, according to the nature of the limiting factors occurring during the grain filling period. We first identified environments with limiting factors such as heat stress and drought stress during the grain filling period (01CINT, 02CINT, 02CNRT, 01DINT, 01DNRT, 01MINT, 01MNRT, 01RINT, 01RNRT, 02RINT, 02RNRT, 01TINT, 01TNRT, 02TINT, 02TNRT). Most of these environments occurred in the south and east of France, where high temperatures and drought frequently occur during the post-anthesis period. We then identified environments with high levels of nitrogen uptake during the grain filling period (01CNRT, 01GINT, 01GHGT, 02GHGT, 01LINT, 01LNRT, 02LINT, 02LNRT). Most of these environments were located in the northern-central France and in irrigated areas. We also identified environments in which disease occurred during the grain filling period, mostly in case in which no fungicide was applied or the fungicide applied was inefficient (01CINT, 01CNRT, 01DINT, 01DNRT, 01LNFT, 02LNFT, 01MNFT, 01RNFT, 02RNFT, 02SNFT, 01TINT, 01TNRT). The main diseases observed were brown rust, yellow rust and *Septoria tritici*, which sometimes was in some case associated with rust. Finally we identified environments for which no limiting factor occurred during the grain filling period (02GINT, 02GNRT, 02GNNT, 01GNRT, 01GLWT, 01GNNT, 02SINT). In these environments, varying in nitrogen supply during the pre-anthesis period from no supply (01GNNT and 02GNNT) to intensive (02GINT and 02SINT), potential remobilization should have been maximized in the various genotypes.

GRAIN NITROGEN CONTENT, CROP NITROGEN CONTENT AT FLOWERING AND AMOUNT OF NITROGEN REMOBILIZED

The environment \times genotype situations studied here encompassed a wide range of grain protein content, yield, nitrogen uptake at flowering, amount of nitrogen remobilized and nitrogen remobilization efficiency (Table 6). The amount of nitrogen remobilized varied more between environments (28 – 196 kg.ha⁻¹) than between genotypes (104 – 133 kg.ha⁻¹). As for the amount of nitrogen remobilized, variation in nitrogen remobilization efficiency was greater between environments (0.60 – 0.83) than between genotypes (0.70 – 0.76)

We carried out ANOVA for the amount of nitrogen remobilized (RN), nitrogen remobilization efficiency (NRE) and nitrogen uptake at flowering (N_{SF}) to identify sources of variation (Table 7). The main source of variation for the amount of nitrogen remobilized as nitrogen uptake at flowering and nitrogen remobilization efficiency was the environment. We therefore broke down “environment” into effects of site, treatment and year. We found that variations in the amount of nitrogen remobilized, nitrogen remobilization efficiency and nitrogen uptake at flowering depended principally on treatment, year, site and site \times year interaction. Genotype had a highly significant effect on the amount of nitrogen remobilized and nitrogen remobilization efficiency ($P < 0.001$) in all cases. The effect of genotype depended on the environment, as shown by the significant genotype \times environment interaction. This interaction can be broken down into genotype \times location and genotype \times year interaction accounted for a small but highly significant ($P < 0.001$) proportion of the variation.

Table 5: Main limiting factors at each experimental site of the multisite trials. SF: Sowing to flowering period, FM: flowering to maturity period. N: nitrogen stress, lack of N during SF and high levels of N uptake during FM. HT: heat stress. W: drought stress. D: diseases, BR: Brown rust, YR: yellow rust, ST: *Septoria tritici*.

Limiting factor identified on  : one  : two and  : three genotypes

Location		2001									2002								
		N _{SF}	N _{FM}	HT _{SF}	HT _{FM}	W _{SF}	W _{FM}	D _{FM} BR	D _{FM} YR	D _{FM} ST	N _{SF}	N _{FM}	HT _{SF}	HT _{FM}	W _{SF}	W _{FM}	D _{FM} BR	D _{FM} YR	D _{FM} ST
Clermont-Ferrand	IN	■		■	■						■	■	■	■					
Clermont-Ferrand	NR	■		■	■						■	■	■	■					
Dijon	IN	■		■	■														
Dijon	NR	■		■	■														
Grignon	HG		■																
Grignon	IN		■																
Grignon	NR	■									■								
Grignon	LW	■									■								
Grignon	NN	■									■								
Le Moulon	IN	■	■	■							■	■		■					
Le Moulon	NR	■	■	■							■	■		■					
Le Moulon	NT	■	■	■							■			■			■	■	■
Lille	IN										■								
Lille	NT										■						■	■	■
Mons	IN	■									■								
Mons	NR	■									■								
Mons	NT	■									■								
Rennes	IN	■		■	■						■								
Rennes	NR	■		■	■						■								
Rennes	NT	■		■	■						■						■	■	■
Toulouse	IN	■		■	■						■	■		■	■				
Toulouse	NR	■		■	■						■	■		■	■				

Table 6: Range of grain protein content at harvest, yield, nitrogen uptake at flowering, amount of nitrogen remobilized and nitrogen remobilization efficiency, for the ten genotypes and the 36 environments studied during the 2001 and 2002 growing seasons.

Factor	Genotype	Environment	Mean
Grain protein content (%)	10.38 – 12.44	8.76 – 14.28	11.15
Yield (kg ha ⁻¹)	6759 – 8184	3160 – 10738	7538
N uptake at flowering (kg ha ⁻¹)	142 – 180	36 – 254	165
N remobilized (kg ha ⁻¹)	104 – 133	28 – 196	119
N remobilization efficiency	0.70 – 0.76	0.60 – 0.83	0.72

Table 7: Mean square data from the analysis of variance for nitrogen uptake at flowering (N_{SF}), amount of nitrogen remobilized (RN) and nitrogen remobilization efficiency (NRE).(*, **, * significant at the 0.05, 0.01 and 0.001 levels respectively).**

Source	df	N _{SF}	RN	NRE
Genotype (G)	9	7674 ***	5112 ***	0.013 ***
Year (Y)	1	38596 ***	2224 **	0.089 ***
Location (L)	7	37657 ***	40520 ***	0.073 ***
Treatment (T)	5	383910 ***	214594 ***	0.211 ***
Block	44	414 ***	446	0.002
L × T	9	3108 ***	2005 ***	0.012 ***
L × Y	4	40403 ***	11882 ***	0.128 ***
T × Y	4	3598 ***	621	0.011 ***
G × L	63	1133 ***	836 ***	0.004 ***
G × T	45	493 ***	500 *	0.004 ***
G × Y	9	1081 ***	388	0.009 ***
G × Y × L	36	765 ***	894 ***	0.006 ***
G × Y × T	35	414 ***	506 *	0.002 *
G × L × T	81	442 ***	377	0.003 ***
G × Y × L × T	50	1017 ***	670 ***	0.003 ***
		R ² = 0.96	R ² = 0.89	R ² = 0.86
		RMSE = 14 kg.ha ⁻¹	RMSE = 18 kg.ha ⁻¹	RMSE = 0.04
		Mean = 165 kg.ha ⁻¹	Mean = 121 kg.ha ⁻¹	Mean = 0.72

Mean classification (Student Newman Keuls test, $p \leq 0.05$) showed that the amount of nitrogen remobilized and nitrogen uptake at flowering increased with the level of nitrogen fertilization. The amount of nitrogen remobilized was largest in situations in which nitrogen was applied at the regional recommended rates (intensive treatment) and in the absence of fungicide application. Nevertheless, disease had a significant effect on the amount of nitrogen remobilized, reducing the remobilization of the nitrogen taken up at flowering, particularly if disease pressure appeared early in the cycle. Situations favorable for nitrogen uptake before flowering, with no drought stress or nitrogen deficit during the pre-flowering period, also results in the highest levels of nitrogen remobilization (from 199 kg.ha⁻¹ for 02GINT to 131 kg.ha⁻¹ for 01CINT). Conversely, the lowest levels of nitrogen remobilization were observed situations with low levels of nitrogen supply (from 115 kg.ha⁻¹ at 01MNRT to 29 kg.ha⁻¹ for 01GNNT), due to low levels of nitrogen uptake at flowering. Nitrogen remobilization efficiency was also influenced by nitrogen fertilization level. However, in contrast to what was observed for the amount of nitrogen remobilized, nitrogen remobilization efficiency was highest in situations of low nitrogen supply, in most cases without water stress. Nevertheless, nitrogen remobilization efficiency was highly variable between genotypes, varying between 0.84 (DI9714) and 0.82 (Récital) for situations with low levels of nitrogen fertilization and between 0.63 (Oratorio) and 0.56 (Récital) for situations with intensive disease pressure.

RELATIONSHIP BETWEEN NITROGEN REMOBILIZATION AND NITROGEN UPTAKE AT FLOWERING

We estimated the parameters of the relationship between the amount of nitrogen remobilized and nitrogen uptake at flowering for each of the ten genotypes, for the seven environments characterised with no limiting factor during the grain filling period. The regression model was well estimated ($r^2 > 0.92$) and intercept of the linear regression was not significantly different from 0 (Table 8).

Table 8: Calculated slope, intercept and statistics for the linear regressions linking amount of nitrogen remobilized to nitrogen uptake at flowering. Relationships were estimated for each genotype individually and for all genotypes (general model) for the group of environments without factors limiting remobilization.

Genotype	Slope	Intercept	CV error	MSE (kg.ha ⁻¹) ²	N	R ²
Arche	0.81 ± 0.11	2.12 ± 16.41	20.06	464.11	7	0.92
Camp-Rémy	0.75 ± 0.04	2.71 ± 6.37	8.31	72.36	7	0.98
DI9714	0.73 ± 0.05	7.65 ± 7.39	9.19	94.98	7	0.98
Hynoprécia	0.75 ± 0.05	1.66 ± 7.66	10.46	107.13	7	0.98
Isengrain	0.76 ± 0.07	3.20 ± 11.09	13.57	220.19	7	0.96
Oratorio	0.77 ± 0.03	4.09 ± 5.44	6.42	50.74	7	0.99
Récital	0.82 ± 0.05	-2.28 ± 8.05	10.28	108.13	7	0.97
Renan	0.69 ± 0.03	9.22 ± 5.02	6.74	46.77	7	0.99
Rumba	0.77 ± 0.05	4.56 ± 8.45	10.39	121.71	7	0.97
Soissons	0.73 ± 0.05	6.32 ± 7.91	9.57	103.79	7	0.97
General model	0.76 ± 0.02	4.13 ± 2.56	10.23	115.37	70	0.97

The estimated values of the slope ranged from 0.69 ± 0.03 for Renan to 0.82 ± 0.05 for Récital corresponding to the lowest and highest remobilization potential, respectively. Arche was the only genotype for which the standard deviation of the slope was greater than 0.10 and the coefficient of variation was greater than 15 %, indicating a high level of variation in N remobilization efficiency between the environments concerned. The value of the slope measured on all genotypes, in the general model, was estimated at 0.76 ± 0.02 and fitted the points well ($r^2 = 0.97$) (Figure 1). The individual regression analyses for each genotype gave similar results to the general regression for all genotypes ($F < F_{68}^{18,0.95}$). Thus, for environments with no limiting factors occurring during the grain filling period, we modeled nitrogen remobilization by the same two-parameter linear regression for all the genotypes studied:

Amount of nitrogen remobilized (kg.ha⁻¹) = Nitrogen uptake at flowering × 0.76 (± 0.02) + 4.13(± 2.56) ($r^2 = 0.97$, RMSE = 10.74 kg.ha⁻¹).

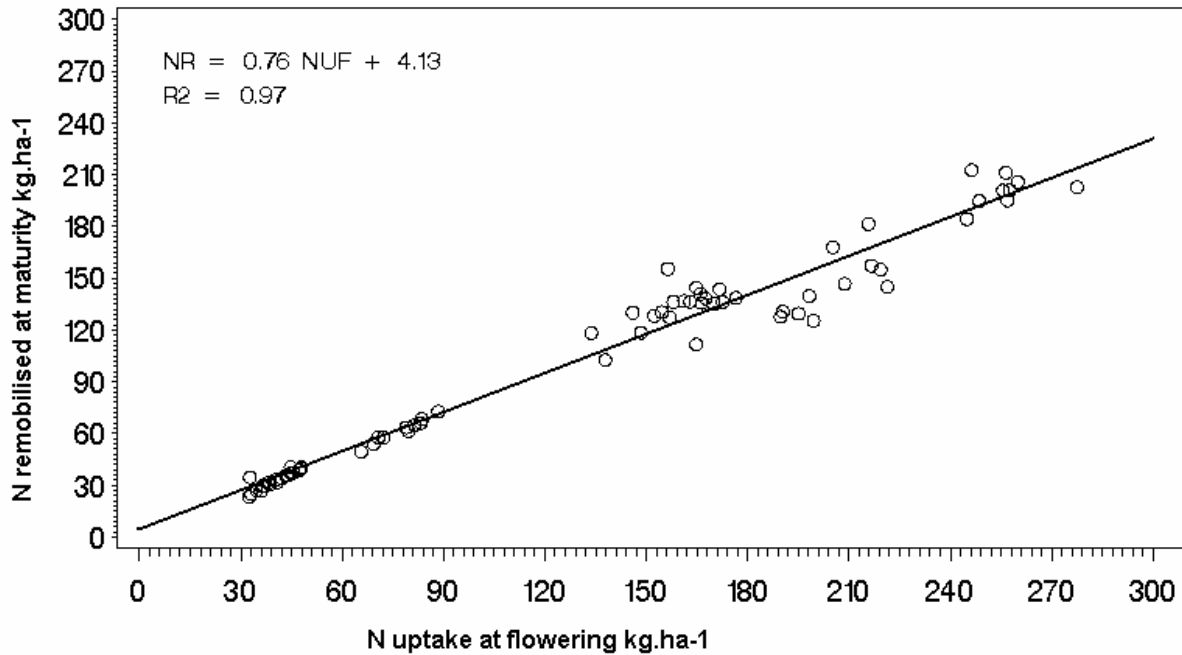


Figure 1 : Relationship between the amount of nitrogen remobilized and nitrogen uptake at flowering estimated for all genotypes in the environments without limiting factors during the grain filling period (experiments in 2001 and 2002).

ANALYSIS OF THE VARIABILITY OF THE RELATIONSHIP IN OTHER ENVIRONMENTS.

For each group of environments characterized by particular limiting factors during the grain filling period, we compared observed nitrogen remobilization with the values simulated by the single general model previously proposed. We analyzed the effect of genotype and environment on the accuracy of the model by the root mean squared error of prediction (RMSEP) for the general model (Table 9). For the first three groups of environments, characterized by heat stress, drought, high post-anthesis N uptake and low disease intensity, the mean RMSEP was close to the RMSE of the general model (10.74 kg.ha⁻¹), indicating that accuracy of the model was not affected by these limiting factors. Nevertheless, in environments with high post-anthesis N uptake, estimates were good for some genotypes (Arche, Soissons, Renan and Rumba) but not for the others. This was probably because nitrogen remobilization efficiency is highly sensitive to the combined effect of irrigation and late nitrogen supply, as the error of prediction of the model concerned principally 01GHGT and 02GHGT. In contrast, RMSEP was much higher in environments where strong disease pressure was much higher (mean of all genotypes 24 kg.ha⁻¹), indicating that nitrogen remobilization was affected in these conditions. Some simulated values were close to the observed ones for these environments, but others were far from the 1:1 line (Figure 2). The values far from the line corresponded to case in which the model strongly overestimated the amount of nitrogen remobilized. However some genotypes had a low RMSEP (Oratorio and Hynoprécia). These genotypes were resistant to the foliar diseases encountered during the trials, mainly brown rust, yellow rust and *Septoria tritici*. The highest overestimates obtained with the model concerned genotypes susceptible to these aerial diseases (Figure 3). However, for some genotypes classified as resistant to the main aerial diseases (such as Renan), high errors of prediction were observed. These errors were due to the specific susceptibility of these variety to *Septoria tritici* which was particularly virulent in 2002. For genotypes well simulated by the model (Oratorio and Hynoprécia), the N remobilization efficiency estimated by the general model (0.76) was close to the mean N remobilization efficiency obtained for the environments considered (respectively 0.73 and 0.71). Even for genotype for which overestimates were

obtained, calculated N remobilization efficiency was much lower than the estimates generated by the general model.

Table 9: Root mean squared error of prediction estimated with the general model for each group of environments: (1) environments with heat stress and drought before anthesis; (2) environments with high post-anthesis N uptake; (3) environments with weak and/or late disease pressure and (4) environments with high disease pressure. Mean N remobilization efficiency is also given for environments with strong disease pressure (4-4).

Genotype	Root mean squared error of prediction of the general model (kg,ha ⁻¹)				Mean N remobilization efficiency
	(1)	(2)	(3)	(4)	
Group of environments	(1)	(2)	(3)	(4)	(4-4)
Arche	5.9	9.8	6.5	24.3	0.65
Camp-Rémy	11.8	13.8	8.2	29.8	0.61
DI9714	9.9	14.4	6.8	23.3	0.67
Hynoprécia	6.9	13.2	6.8	15.2	0.71
Isengrain	6.5	15.8	7.4	22.9	0.66
Oratorio	7.7	18.5	9.3	8.8	0.73
Récital	7.4	14.0	8.8	31.6	0.58
Renan	11.0	12.2	11.1	23.8	0.65
Rumba	9.6	10.9	7.1	24.7	0.66
Soissons	8.2	7.4	14.2	35.5	0.57
Mean	8.5	13.0	8.6	24.0	0.65

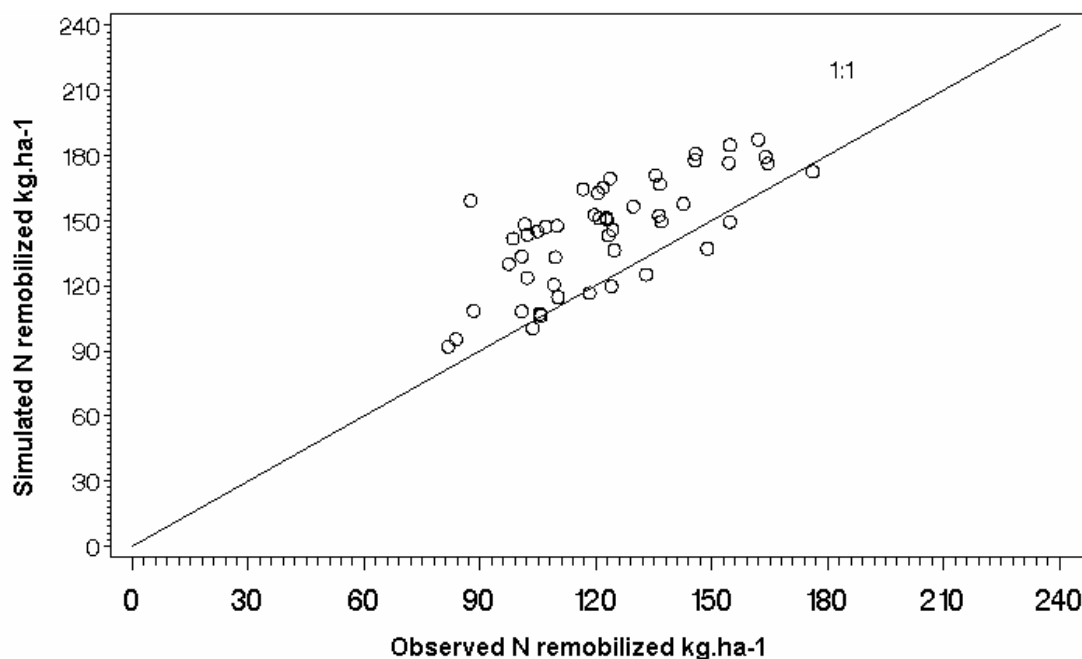


Figure 2: N remobilized simulated with the general model versus N remobilized observed in environments with strong disease pressure. The line corresponds to the 1:1 bisection.

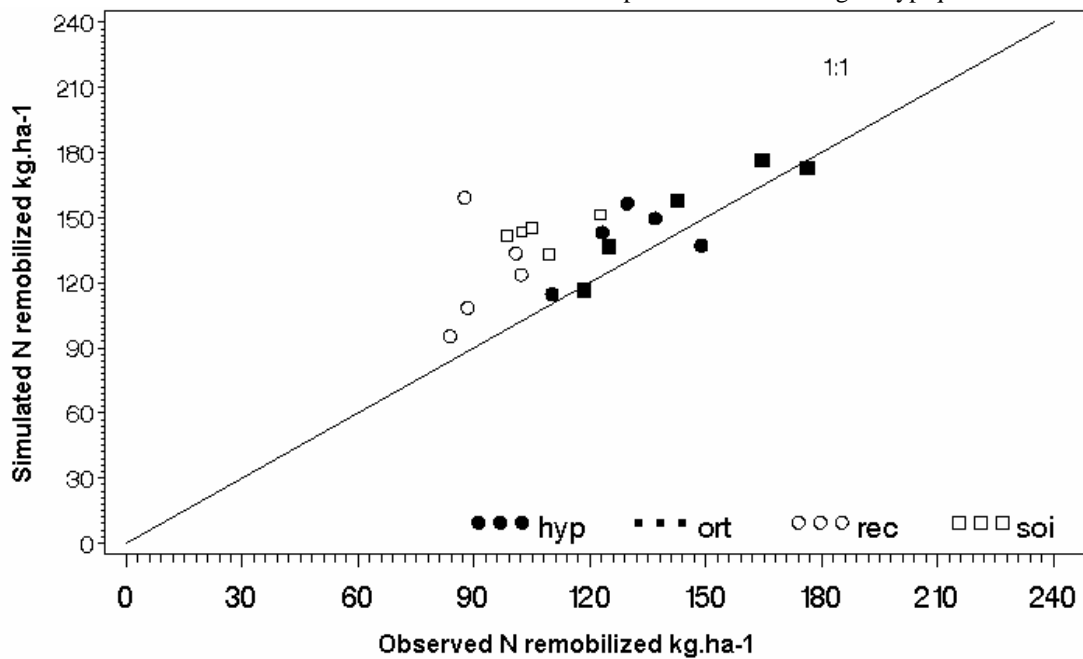


Figure 3: N remobilized simulated with the general model versus N remobilized observed in environments with strong disease pressure for disease-resistant (Oratorio and Hynoprécia) and susceptible (Récital and Soissons) genotypes. The line correspond to the 1:1 bisection.

Discussion

We have created a wide range of nitrogen uptake conditions at flowering and conditions during the grain filling period for a set of ten wheat genotypes, using a multi-environment trial network. These different conditions resulted in differences in nitrogen remobilization efficiency between genotypes and environments. There were significant main effects of genotype and environment and of the interaction between these two factors on NRE. Environmental factor seemed to be the main source of variation, with treatment and site location having the greatest effect. Nitrogen remobilization from the vegetative parts of the plant were most efficient in situations of low nitrogen supply or low nitrogen availability during the pre-flowering period, consistent with the results of Papakosta and Garianas (1991) and Cox *et al* (1985b). We estimated the value of taking into account an effect of genotype in simulations of N remobilization in the Azodyn model. We showed that, for environments that would be expected to increase the effect of genotype on NRE, nitrogen remobilization could be estimated from a single linear relationship, regardless of genotype. This is probably because, in this kind of environment, genotype exerts its effects on nitrogen remobilization principally by affecting nitrogen uptake at flowering, as shown by Przulj and Momcilovic (2001) on barley. We also showed that for environments with various limiting factors, such as drought stress, heat stress and low disease pressure, the relationship between nitrogen uptake at flowering and the amount of nitrogen remobilized was robust and did not seem to depend on genotype. Nevertheless, in cases of high disease pressure or high levels of nitrogen uptake during the grain filling period, estimation was better for some genotypes than for others. In both cases, the general model for remobilization retained a high level of accuracy, due to genotypic adaptation to the factor considered. In the case of diseases, estimates were accurate for resistant genotypes, such as Oratorio, but overestimates were obtained for susceptible genotypes, such as Récital, demonstrating that the foliar diseases occurring during this two-year period decreased nitrogen remobilization efficiency for these kinds of genotypes. This effect of disease on nitrogen translocation confirms the findings of Dimmock and Gooding (2002) on wheat and Garry *et al* (1996) on pea. In cases of high nitrogen availability, the general linear model gave overestimates for some genotypes, particularly in conditions of late nitrogen supply and irrigation. This effect of the genotype on nitrogen remobilization efficiency could not be linked to a measurable genetic

character as in the case of disease, reflecting the inconstancy of this effect within this kind of environment. The effect of genotype on the predictive quality of the model was highly dependent on the environment considered. In most cases, not taking genotype into account did not affect nitrogen remobilization function of the model and therefore did not decrease accuracy. Nevertheless, we tested only a small range of genotypes, and our results require confirmation in a larger range of genotypes, particularly recombined lines.

Other studies have suggested that, for other functions, such as development (Villalobos *et al.*, 1996) and yield (Liu, 1989), taking into account a genotypic effect may improve model performance. In our conditions, except in conditions of strong disease pressure and high levels of nitrogen uptake in irrigated situations, there appeared to be no advantage to be gained by taking into account the effect of the genotype. No effect of the genotype on the relationship between nitrogen uptake at flowering and the amount of nitrogen remobilized was identified. Indeed, the effect of genotype on nitrogen remobilization efficiency depended strongly on the adaptation of the genotype to the environment considered, shown by the significant genotype \times environment interaction.

Conclusion

Crop simulation models tend to assume that genetic coefficients are constant or stable across multiple environments. Genotypic parameters are usually estimated using a sub group of environments, and are used in various situations. Such estimates do not necessarily give accurate models due to variation of the response of the genotype to experimental conditions. The advantage to be gained by integrating a genotypic effect into crop models, using adjusted parameters, must be evaluated, taking into account 1) the methods used to measure the parameter (mean or adjustment of a mathematical relationship), which do not necessarily lead to the same conclusion on the significance of a genotype-dependent effect; 2) the environment considered, in terms of factors acting on the variable studied that are or not taken into account in the model and 3) the cost of experiments required to estimate this effect for new genotypes, respect to the gain in terms of prediction likely from this adjustment.

Acknowledgements

We wish to thank P. Bérard (INRA Clermont-Ferrand), J. Troizier (INRA Grignon), S. Gilles and O. Gardet (INRA Le Moulon), M. Méosoone (SERASEM Lille), D. Béghin and D. Bouthor (INRA Mons), M. Trottet and J.Y. Morlais (INRA Rennes) and P. Batillon (INRA Toulouse) and their collaborators for carrying out the experiments. We also thank F. Lafouge for sample analysis and B. Lefouillen, G. Grandeau, V. Tanneau, and C. Souin. We are grateful to Semences de France, SERASEM, Florimond-Desprez and Arvalis for financial support, and Alex Edelman & Associates for revision of the English version of this article.

2.2.2. Recherche d'un effet du génotype sur l'absorption d'azote

De nombreux auteurs, généticiens en particulier, se sont interrogés sur l'existence d'une variabilité génotypique d'absorption d'azote avant et après floraison (Bänzinger *et al.*, 1992 ; Bulman et Smith, 1994 ; Dhugga et Waines, 1989 ; Le Gouis et Pluchard, 1996 ; Le Gouis *et al.*, 2000 ; Van Sanford et Mackown, 1986). La plupart de ces études ont montré qu'il existait des différences génotypiques mais que ces effets n'étaient pas stables dans le temps et variaient généralement suivant le niveau de fertilisation azotée considéré.

L'absorption d'azote par une culture est déterminée d'une part, par la disponibilité en azote du sol (Bänzinger *et al.*, 1992) et, d'autre part, par les besoins en azote de la culture, eux-mêmes liés à la croissance de cette dernière, qu'il s'agisse de croissance racinaire pour les stades juvéniles (Rodgers et Barneix, 1988) ou de croissance aérienne pour l'ensemble du cycle (Devienne-Barret *et al.*, 2000 ; Greenwood *et al.*, 1986 ; Lemaire et Gastal, 1997 ; Rodgers et Barneix, 1988).

Dans le modèle Azodyn, l'absorption d'azote est déterminée soit par les besoins de la culture, calculés en fonction de sa croissance en matière sèche et de la courbe d'évolution de la teneur en N maximum de ses parties aériennes, soit par sa capacité à accumuler de l'azote instantanément (vitesse maximum d'absorption de l'azote), soit enfin par la disponibilité en azote du sol (**équation 16**, chapitre 3).

$$QN_j = QN_{j-1} + \text{MIN}[Mn_j, \text{MIN}[(R \times MS_{j+1} \times \%N_{\text{max}}) - (MS_j \times \%N_{\text{max}}), V_{\text{max}} \times T^{\circ}_{\text{moyenne } j}]] \quad [39]$$

où QN_j représente la quantité d'azote total de la culture le jour j ; QN_{j-1} la quantité d'azote totale de la culture le jour précédent ; Mn_j la quantité d'azote minéral du sol disponible pour la culture ; MS_{j+1} la biomasse aérienne de la culture le jour suivant ; MS_j la biomasse aérienne de la culture le jour précédent ; R qui représente le rapport entre plante entière et partie aérienne pour l'azote ; $\%N_{\text{max}}$ le pourcentage d'azote maximum ; V_{max} la vitesse d'absorption maximale d'azote de la culture et $T^{\circ}_{\text{moyenne } j}$ la température moyenne du jour j .

La littérature ayant montré qu'il existait un effet du génotype sur la quantité d'azote absorbé à la récolte, nous avons cherché s'il était possible de prendre en compte cet effet du génotype dans le modèle à travers la vitesse d'absorption maximum, puisque la disponibilité du sol et la courbe de teneur en azote maximum, les deux autres déterminants de l'absorption, ne varient pas entre génotypes.

L'analyse de cet effet sera réalisée dans des conditions de disponibilité en azote dans le sol non limitante.

On peut estimer la vitesse d'accumulation d'azote dans la culture à partir de la dérivée par rapport au temps d'une fonction d'accumulation. L'accumulation d'azote dans la culture peut être assimilée à une courbe de type sigmoïde avec un plateau, qui représente la valeur maximum de la variable.

Nous avons utilisé pour cette analyse les traitements expérimentaux du site expérimental de Grignon pour lesquels la fourniture en azote du sol était *a priori* non limitante (cf chapitre 3). Les deux traitements expérimentaux mis en place à Grignon, conduits avec une fertilisation azotée fondée sur la méthodes du bilan (Rémy et Hébert, 1977) avec un apport supplémentaire à floraison (**tableaux 32**) (conduites 4N en 2001 et N+ en 2002) correspondent à des situations non limitantes en azote pour la culture, comme le confirment les quantités d'N minéral dans le sol mesurées avant chaque apport, puisqu'elles sont supérieures à la quantité minimale considérée comme non utilisable par la culture (20 kg/ha) (Devienne-Barret *et al.*, 2000). En effet, pour l'ensemble des prélèvements, la quantité d'N minéral dans le sol varie en moyenne de 39 kg/ha à 71 kg/ha pour l'année 2001 et de 38 à 115 kg/ha pour la seconde année (**tableau 33**). Ces prélèvements ont été effectués sur trois variétés présentant *a priori* des différences de

Prise en compte de la variabilité génotypique dans le modèle Azodyn
capacité d'absorption (Le Gouis *et al.*, 2000) (2001 : Arche, Récital et Soissons ; 2002 : Arche, Récital et Renan).

Tableau 32 : Dates et doses d'azote apportées sur la culture pour les traitement non limitants en azote du site expérimental de Grignon. Avant chaque apport, un prélèvement de sol a permis d'estimer la quantité d'azote minéral disponible pour la culture. Les doses sont données en kg/ha

Année	Traitement	1 ^{er} apport	2 ^{ème} apport	3 ^{ème} apport	4 ^{ème} apport	5 ^{ème} apport	Dose totale
2001	4N	60	100	80	90		330
	Date apport	19/02/01	02/04/01	02/05/01	29&31/05/01		
2002	N+	60	80	80	40	80	340
	Date apport	05/03/02	23/03/02	18/04/02	13/05/02	Du 18 au 30/05/02	

Tableau 33: Dates des prélèvements de sol pour mesure des niveaux d'azote minéral disponible ainsi que les variétés sur lesquelles ont été effectués ces prélèvements et niveaux moyens d'azote dans le profil (0-90 cm) à chaque date. Les quantités d'azote minéral sont données en kg/ha

Année expérimentale	Date de prélèvement	Génotype	Quantité N moyenne (0 – 90 cm) (kg/ha)
2000-01*	25/01/01	Tous	18
	19/03/01	Arche, Récital, Soissons	45
	23/04/01	Arche, Récital, Soissons	40
	22/05/01	Arche, Récital, Soissons	39
	26/07/01*	Arche, Récital, Soissons	71
2001-02**	21/02/02	Tous	20
	13/05/02	Arche, Renan	99
	31/05/02	Arche, Récital	115
	10/06/02	Arche, Renan	38
	31/07/02**	Arche, Récital, Renan	62

* valeur pour le traitement avec apport d'azote à floraison (4N)

**valeur pour le traitement avec apport d'azote à floraison (N+)

Des prélèvements réguliers sur la culture ont permis d'estimer les quantités d'azote accumulées depuis la sortie-hiver jusqu'à la maturité physiologique dans la plante entière. Les dates de prélèvement et la méthode sont décrites en annexe et dans le chapitre 3. Par ailleurs, l'évolution de l'indice de nutrition azotée de la culture jusqu'à floraison, sur l'ensemble des variétés, permet de vérifier que celui-ci n'a jamais été significativement inférieur à 1, les deux années, ce qui confirme l'absence de période de carence azotée sur la culture.

Les résultats des analyses de variance réalisées sur les quantités d'azote accumulées dans les parties aériennes des différents génotypes à la récolte pour les traitements non limitants en N mettent en évidence un effet significatif du génotype ($p = 0,0001$), de l'année expérimentale considérée ($p = 0,002$) et de l'interaction génotype \times année ($p = 0,0001$) (**tableau 34**).

Tableau 34 : Effet des différentes sources de variation sur la quantité d'azote totale à la récolte mesurée sur les traitements 4N (2001) et N+ (2002), (MSE: mean squared error ; F valeur de F pour le test de Fischer) (*, **, * significatif à 0,01 ; 0,05 ; 0,1 ; ns : non significatif à 0,10).**

Effet	MSE	F
Modèle	22 1829,9	16,4 ***
R ² = 0,96	RMSE = 10,68 kg/ha	Moyenne = 337,75 kg/ha
Génotype	9 3464,4	30,4***
Année	1 1109,0	9,7***
Rép (année)	4 257,6	2,6*
Génotype × année	8 833,6	7,31***
Erreur	59 114,1	

Ces premiers résultats justifient donc la recherche d'un effet du génotype sur la vitesse d'accumulation de l'azote par la culture.

• Choix d'une fonction représentative de la dynamique d'absorption

La littérature propose de nombreux formalismes permettant de représenter l'accumulation de biomasse ou d'azote, dans les grains ou dans la plante entière. L'accumulation de biomasse ou d'azote est alors estimée en fonction du temps thermique. Quatre grands types de courbe ont été identifiés :

- Les courbes logistiques à trois ou quatre paramètres (Darroch et Baker, 1990 ; Darroch et Baker, 1995 ; Robert *et al.*, 1999) ;
- Les courbes de Richard (Whitmore et Addiscott, 1987).
- Les courbes de type exponentiel (Keuls et Garresten, 1982 ; Royo et Blanco, 1999).
- Les courbes de type Gompertz (Murray et Nunn, 1987 ; Robert et Denis, 1996).

La vitesse maximale d'accumulation peut être estimée pour chaque formalisme. L'équation générale des différents types de courbe ainsi que l'estimation des vitesses maximales d'accumulation sont représentées dans le **tableau 34**.

Tableau 35 : Formalismes des différentes courbes d'accumulation rencontrées dans la littérature ainsi que les vitesses maximales associées.

Fonction	f(t) =	Vitesse maximum
Logistique (3 paramètres) (Robert <i>et al.</i> , 1999)	$f(t) = \frac{a}{1 + e^{(b-ct)}}$	$\frac{ac}{4}$
Logistique (4 paramètres) (Murray et Nunn, 1987)	$f(t) = d + \frac{a}{1 + e^{(b-ct)}}$	$\frac{ac}{4}$
Weibull (Robert <i>et al.</i> , 1999)	$f(t) = a(1 - e^{-bt^c})$	$abc \left(\frac{c-1}{bc}\right)^{\frac{1}{c}} e^{-(1-\frac{1}{c})}$
Gompertz (Murray et Nunn, 1987)	$f(t) = a + b e^{-e^{(d-ct)}}$	$\frac{bc}{e}$
Exponentielle (Royo et Blanco, 1999)	$f(t) = a + (b/e)(1+n)^{-(e+1)/e} n(e+1)^{(e+1)/e}$ où $n = e^{(t+d \ln(e)-c)d}$	$(b/e) (e+1/1+n)^{(e+1)/e} (e-n/1+n) n/d$ où $n = e/2[e+3 \pm (e^2+6e+5)^{1/2}]$

Les travaux de Chambenoit (1999) ont montré qu'il était possible de représenter l'accumulation d'azote dans la culture à partir d'une équation de type Gompertz à trois paramètres. Nous avons comparé ce formalisme à une équation de type logistique à trois paramètres, utilisée par Witmore et Addiscott (1987) pour simuler l'accumulation de biomasse et d'azote dans la culture. La comparaison de la qualité d'ajustement des courbes logistiques et Gompertz a été réalisée pour les dix génotypes de blé expérimentés sur les deux années d'expérimentations du site de Grignon (Boulelouah, 2002). La qualité

d'ajustement des courbes à partir des RMSE des modèles logistiques et de Gompertz sont respectivement de 13,5 et 15,3 kg/ha. La qualité d'ajustement des deux modèles est donc très proche. Le nombre de paramètres mis en jeu dans les deux cas est identique. Etant donné les formalismes des courbes ; relation exponentielle pour la courbe logistique et exponentielle d'exponentielle pour la Gompertz, nous avons choisi de modéliser l'absorption d'azote en conditions de disponibilité en azote du sol non limitante par une courbe logistique à trois paramètres. En effet, ce formalisme nous est apparu le plus simple d'utilisation. La courbe logistique est définie par l'équation :

$$\text{QNT}(\text{sdjsemis}) = \frac{A}{1 + e^{(b-c \times \text{sdjsemis})}} \quad [40]$$

où A représente la quantité d'azote maximale accumulée à la récolte ; b représente un coefficient relatif à la durée et à la vitesse d'accumulation et c un coefficient relatif à la vitesse d'accumulation.

Suivant ce formalisme, la vitesse maximale d'absorption peut être estimée par

$$V_{\max} = \frac{Ac}{4} \quad [41]$$

où A et c sont définis comme précédemment.

• Analyse de l'effet du génotype sur la vitesse maximum d'accumulation.

Nous avons ajusté, par la méthode des moindres carrés, les paramètres A, b et c de la relation logistique à trois paramètres (équation 40) aux quantités d'azote totales absorbées pour chaque génotype et chaque répétition des traitements 4N (2001) et N+ (2002) du site de Grignon, avec le logiciel SAS.

L'exemple de la variété Arche en 2001 est représenté sur la **figure 19**. Dans chaque cas, les critères de convergence étaient atteints.

Comme proposé par Darroch et Baker (1990 ; 1995), nous avons caractérisé les différentes courbes d'accumulation obtenues à travers trois mesures relatives à :

- L'asymptote supérieure ou quantité d'azote accumulée maximum (kg/ha), correspondant au paramètre A, directement mesuré par ajustement.
- La vitesse d'accumulation maximum (V_{\max}) (kg/ha/dj) estimée par le rapport $Ac/4$, comme proposé par Robert *et al.* (1999).
- La date **d** (dj) à laquelle on atteint l'asymptote supérieure, c'est-à-dire 95% de A estimé par :

$$d = \frac{1}{c} \times \left(b - \log \frac{1}{19} \right) \quad (\text{Robert } et al., 1999) \quad [42]$$

où c et b sont décrits comme précédemment (équation 40).

Ces critères permettent de décrire les courbes d'accumulation par des caractéristiques ayant une signification physiologique plus claire que les trois paramètres a,b et c.

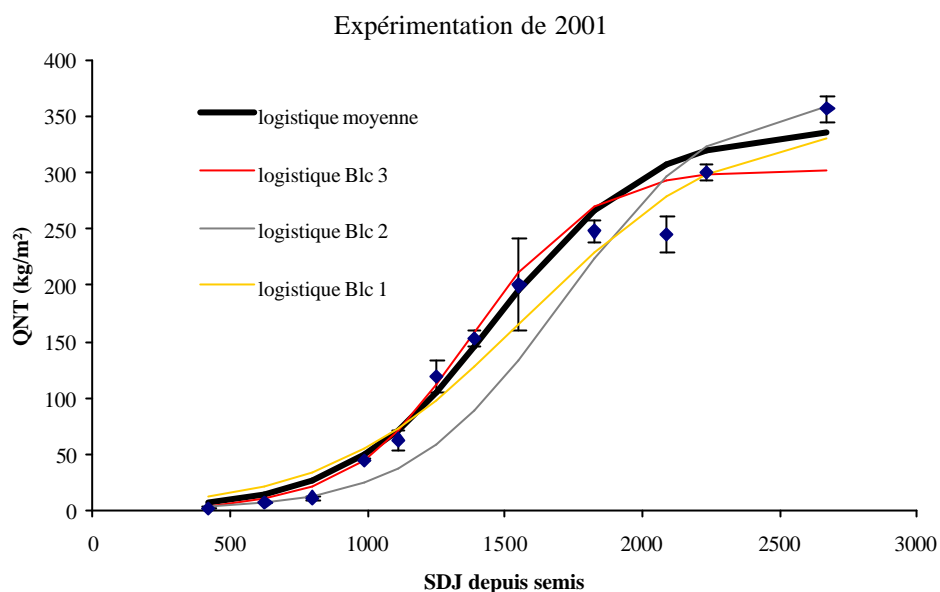


Figure 19 : Ajustement de la courbe logistique aux données expérimentales pour chacune des répétitions et en moyenne pour le génotype Arche expérimenté en 2001, valeurs moyennes et écart-types pour chaque date de prélèvement.

Les valeurs moyennes et écart-types de A , V_{\max} et d ont été estimées sur les deux années d'expérimentations pour les dix génotypes présents dans le **tableau 36**.

Tableau 36 : Valeurs moyennes et écart-types des caractéristiques des courbes d'accumulation d'azote pour les dix génotypes communs aux deux années expérimentales.

Génotype	A (kg/ha)	V_{\max} (kg/ha/dj)	d (dj)
Arche	314,3 ± 33,0	0,31 ± 0,04	2245,1 ± 261,0
Camp-Rémy	324,5 ± 45,5	0,28 ± 0,06	2454,1 ± 298,6
DI9714	309,8 ± 43,8	0,29 ± 0,05	2294,5 ± 320,1
Hynoprécia	315,1 ± 47,1	0,28 ± 0,03	2352,8 ± 316,1
Isengrain	297,7 ± 21,0	0,33 ± 0,02	2102,0 ± 129,5
Oratorio	328,3 ± 51,1	0,35 ± 0,05	2328,3 ± 288,3
Récital	282,4 ± 16,4	0,33 ± 0,06	2074,7 ± 149,1
Renan	303,5 ± 25,9	0,32 ± 0,03	2150,4 ± 170,5
Rumba	321,1 ± 29,4	0,33 ± 0,07	2289,4 ± 363,4
Soissons	285,7 ± 18,0	0,32 ± 0,04	2052,1 ± 112,1

L'effet du génotype sur chacune des composantes de la courbe d'accumulation a d'abord été estimé par analyse de variance multiple comme proposé par Keuls et Garretsen (1982), puis par analyse de variance sur chaque variable indépendamment.

Nous avons estimé l'effet du génotype et de l'interaction génotype × année sur les trois variables simultanément. Comme proposé par Darroch et Baker (1990), nous avons utilisé le critère de Wilks pour estimer ces effets. Dans l'ensemble des cas, l'hypothèse d'une absence d'un effet du génotype était rejetée, que l'on considère chaque année individuellement ou non. Lorsque les deux années étaient considérées conjointement, l'effet des interactions génotype × année sur les trois variables significatif (**tableau 37**).

Tableau 37 : Sorties de l'analyse de variance multiple pour l'ensemble des trois caractères représentatifs des courbes d'accumulation d'azote (a, V_{max} et d), (l Wilks valeur du coefficient de Wilks ; DF1 et DF2 degré de liberté 1 et 2 pour le test ; F valeur du F pour le test de Fischer) (*, **, * significatif à 0,001 ; 0,01 ; 0,05 ; ns : non significatif à 0,10)**

Année	Effet	l Wilks	DF1	DF2	F
2001	Génotype	0,0439	24	35	2,74 **
2002	Génotype	0,00443	27	39	8,08 ***
	Génotype	0,0429	24	79	5,71 ***
	Génotype × Année	0,1908	24	79	2,53 ***

Pour l'ensemble des ces variables, il existe un effet du génotype significatif ainsi qu'une interaction génotype × année. L'analyse détaillée, pour chaque année, fait apparaître que l'effet du génotype sur la vitesse maximum d'accumulation de l'azote ne concerne que l'année expérimentale 2002. Les résultats des analyses de variance réalisées sur chaque variable, sur les deux années expérimentales, sont représentés dans le **tableau 38**.

Tableau 38 : Sorties de l'analyse de variance sur les variables A, V_{max} et des courbes logistiques (*, **, * significatif à 0,001 ; 0,01 ; 0,05 ; ns : non significatif à 0,10).**

Variable	DF	MSE	F
A			
Modèle	22	2251,59	7,10 ***
Génotype	9	4194,07	13,22 ***
Année	1	87,40	0,28 ^{ns}
Génotype × année	8	1368,65	4,31 ***
Erreur	59	317,27	
R ² = 0,84		RMSE = 17,82 kg/m ²	
V_{max}			
Modèle	22	0,00324	2,07 *
Génotype	9	0,00454	2,89 **
Année	1	0,000067	0,04 ^{ns}
Génotype × année	8	0,00279	1,78 ^{ns}
Erreur	59	0,00157	
R ² = 0,61		RMSE = 0,0396 kg/m ² /dj	
d			
Modèle	22	129973,77	3,94 ***
Génotype	9	216852,68	6,57 ***
Année	1	69338,65	0,71 ^{ns}
Génotype × année	8	92639,34	2,81 **
Erreur	59	33022,34	
R ² = 0,75		RMSE = 181,72 dj	

Nous avons comparé les valeurs moyennes de vitesse maximale d'absorption d'azote ainsi que le classement des différents génotypes pour ce critère (**tableau 39**). Les résultats de cette comparaison montrent que suivant le génotype considéré, les valeurs les plus élevées de vitesse maximale sont observées en 2001 (Arche, DI9714, Récital et Rumba) ou en 2002 (Camp-Rémy, Hynoprécia, Isengrain, Oratorio et Renan). Seul le génotype Rumba a des valeurs de vitesse maximale très différentes entre années (2001 V_{max} = 0,37 ± 0,1 kg/ha/dj ; 2002 V_{max} = 0,26 ± 0,01 kg/ha/dj). La comparaison des classements des génotypes entre années indique que ces classements ne sont pas stables. Certains génotypes sont parmi les plus performants pour la vitesse maximale d'absorption en 2001 et se retrouvent parmi les génotypes ayant les plus faibles valeurs de V_{max} en 2002. Il s'agit du génotype Rumba. A l'inverse, certains génotypes ont des niveaux de vitesse d'absorption moyens ou bas en 2001 et se trouvent parmi les plus performants en 2002. Il s'agit des génotypes Isengrain et Renan.

Tableau 39 : Valeurs des vitesses d'accumulation d'azote estimées pour chaque géotype sur les expérimentations de 2001 et 2002 ainsi que le classement des différents géotypes entre eux pour ces deux années. Les vitesses maximales d'accumulation sont exprimées en kg/ha/dj

Géotype	Vmax 2001	Vmax 2002	Clt 2001	Clt 2002
Arche	0,31 ± 0,06	0,29 ± 0,04	4	5
Camp-Rémy	0,25 ± 0,03	0,29 ± 0,02	9	6
DI9714	0,31 ± 0,08	0,28 ± 0,03	6	7
Hynoprécia	0,24 ± 0,01	0,27 ± 0,01	10	8
Isengrain	0,31 ± 0,02	0,34 ± 0,01	5	2
Oratorio	0,33 ± 0,08	0,36 ± 0,01	3	1
Récital	0,36 ± 0,06	0,32 ± 0,02	2	4
Renan	0,30 ± 0,04	0,33 ± 0,02	7	3
Rumba	0,37 ± 0,1à	0,26 ± 0,01	1	9
Soissons	0,29 ± 0,01		8	

• Discussion

Nous avons mis en évidence qu'il existait une variabilité génotypique de la quantité d'azote absorbée par la culture en condition de nutrition azotée non limitante. Les différences d'absorption sont dues aux différences génotypiques du potentiel d'absorption, de la vitesse maximale d'absorption et de la durée de cycle. L'analyse de la variabilité de la vitesse maximale d'absorption a mis en évidence que les différences génotypiques observées étaient dépendantes de l'année considérée. La comparaison des vitesses d'absorption de l'azote pour les deux années expérimentales a montré que les niveaux des vitesses d'absorption entre années étaient différents et que les classements des différents géotypes sur ce critère étaient variables suivant l'année considérée.

Etant donné l'objectif fixé dans cette étude, d'intégrer la variabilité génotypique à travers des paramètres faciles d'accès et stables entre années, situations et conduites, nous n'intégrerons pas d'effet variétal sur ce paramètre.

Les paramètres à estimer sont donc : le poids de milles grains maximum (PMG_x) de la variété, le rendement maximum de la variété (RDT_x) (nécessaire pour estimer son PMG_x pour des valeurs élevées de nombre de grains par m²), le nombre de grains maximum permis par le climat (en l'absence de carence azotée) (NGM²_x). Par ailleurs, certaines variables d'entrée du modèle sont potentiellement variables en fonction du géotype. Nous nous sommes donc également attachés à les estimer pour chacun des 14 géotypes expérimentés dans le cas où il existait un effet du géotype sur ces variables.

2.2.3. Estimation des valeurs des paramètres retenus pour chaque géotype

Plusieurs méthodes sont proposées dans la littérature pour estimer les valeurs des paramètres d'un modèle de culture. Ces méthodes sont directement liées au type d'informations dont on dispose sur les paramètres. Ces deux grand types de méthodes sont :

- une estimation des paramètres par minimisation des écarts entre les variables simulées par le modèle et les variables observées (Mavromatis *et al.*, 2002 ; Mavromatis *et al.*, 2001) ;
- une estimation directe qui fait le plus souvent appel à des mesures spécifiques (O'Leary *et al.*, 1985).

La première méthode est la plus fréquemment employée lorsque l'utilisation du modèle repose avant tout sur une bonne qualité prédictive ou ne nécessite pas de connaître la signification biologique des paramètres (Jeuffroy *et al.*, 2002). L'ajustement des paramètres peut se faire sur tout ou partie des données disponibles (Colson *et al.*, 1995a ; Mavromatis *et al.*, 2002 ; Mavromatis *et al.*, 2001) ou sur des

données indépendantes de celles utilisées pour l'évaluation du modèle (Villalobos *et al.*, 1996). Le jeu de paramètres génotypiques retenu est celui qui permet de minimiser l'erreur de prédiction du modèle (Mavromatis *et al.*, 2001).

La seconde méthode nécessite des essais et des mesures spécifiques qui sont parfois lourds à mettre en place (Reymond, 2001) et qui ont, dans ce cas, une faible probabilité d'être réalisés en routine pour assurer l'adaptation du modèle aux nouvelles variétés inscrites.

La première méthode est *a priori* moins coûteuse en bases de données nécessaires pour l'estimation des paramètres, car elle ne nécessite pas d'expérimentations spécifiques. Cependant, les variables sur lesquelles est faite l'optimisation sont souvent éloignées du paramètre estimé, ce qui peut conduire à une mise en évidence d'effet génotypique sur un paramètre qui ne peut pas être validé expérimentalement : dans l'exemple cité par Hunt *et al.* (2003), le calage des paramètres du modèle sur les rendements observés conduit à considérer l'efficacité d'utilisation du rayonnement et l'expansion foliaire comme des caractères génétiques majeurs pour le rendement dans les conditions expérimentales considérées, sans qu'il soit possible de vérifier ces effets.

Cet éloignement entre variable de calage et paramètre ajusté tend à réduire la signification physiologique du paramètre lui-même. La valeur estimée du paramètre peut alors être éloignée de la valeur qui peut généralement être mesurée expérimentalement. De plus, plus le paramètre à estimer est éloigné de la variable à optimiser, plus il y a de chance que sa valeur dépende de celles des autres paramètres estimés simultanément et donc que sa valeur soit éloignée de la réalité (Makowski et Jeuffroy, 2002).

2.2.4. Estimation des valeurs génotypiques des paramètres liés au poids moyen d'un grain

Dans le modèle Azodyn, l'estimation du poids moyen maximal d'un grain, pour une variété donnée, influence le remplissage des grains, et donc leur poids final (**équations 26 et 27** du chapitre 3). Or, nous avons vu au début de ce chapitre que la littérature identifie ces paramètres comme variant entre génotypes. Nous avons donc évalué leurs valeurs pour les quatorze génotypes du réseau d'essais étudié.

- **Principe de la méthode**

Le poids de mille grains et le rendement sont généralement mesurés en routine dans les essais variétaux. Lorsque ces essais n'ont pas été affectés par des facteurs limitants, les valeurs obtenues peuvent être considérées comme les valeurs potentielles pour chaque variété.

Fleury et Limaux (1987) ont montré que le poids maximal d'un grain, pour une variété donnée, variait en fonction du nombre de grains par m² de la culture, par une courbe enveloppe (**figure 20**). Cette courbe enveloppe est composée de deux parties :

- une première partie où, pour les nombres de grains inférieurs à un nombre de grains seuil (NGs), le poids de mille grains potentiel suit un plateau dont la valeur correspond au poids de mille grains maximum de la variété (PMG_x).
- une seconde partie où, pour les nombres de grains supérieurs au nombre de grains seuil, le poids de mille grains potentiel décroît en suivant une hyperbole d'équation $PMG_p = RDT_x / NGM^2$, où RDT_x représente le rendement maximal observé de la variété.

La relation est donc entièrement définie par deux paramètres, PMG_x et RDT_x, le nombre de grains seuil (NGs) étant déduit des deux autres (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999). Les valeurs de références des différents génotypes du réseau d'essais ne sont pas, dans leur ensemble, disponibles (C. Lecomte, *Com. Pers.*), il nous faut donc les déterminer.

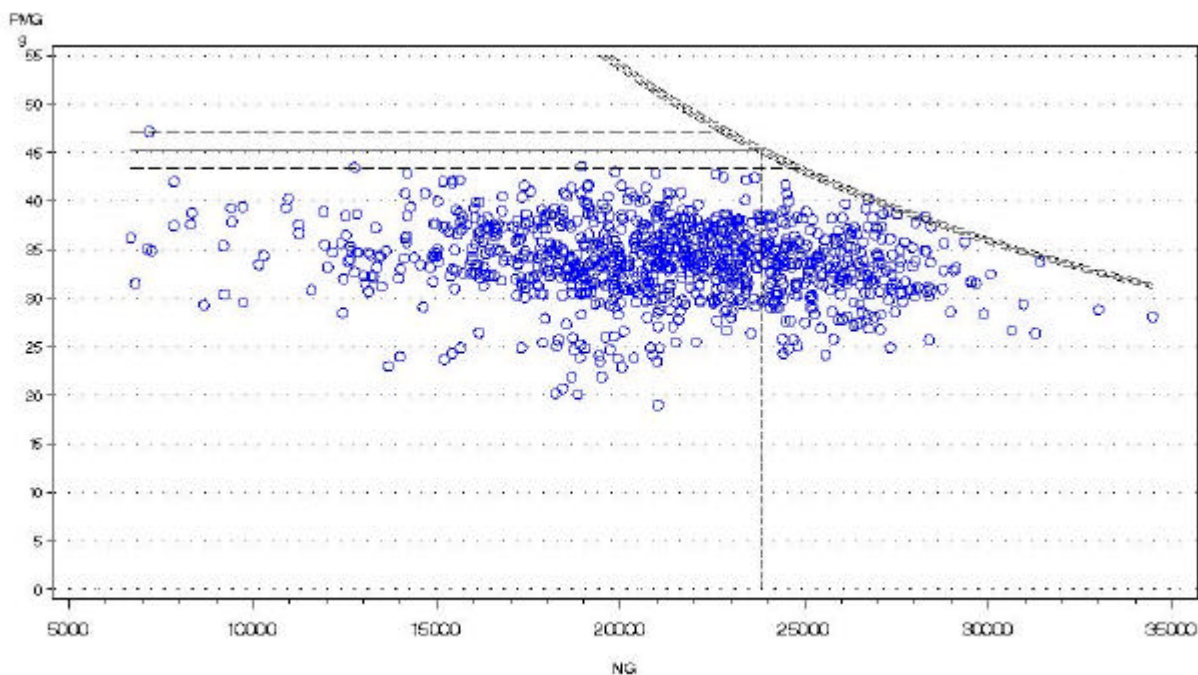


Figure 20 : Courbe enveloppe de la relation entre le poids de mille grains et le nombre de grains par mètre carré pour le géotype Soissons (n=995 points).

Pour estimer ces paramètres, Brancourt *et al.* (1999) ont mis au point une procédure depuis adaptée par C. Lecomte (2004, *travaux en cours*). Cette procédure de « bootstrap » consiste à effectuer un grand nombre de tirages aléatoires avec remise dans l'ensemble de la base de données disponible pour une variété donnée, puis à déterminer le maximum de rendement (RDT_x) et le poids de mille grains (PMG_x) sur cet échantillon. Cette procédure, répétée un certain nombre de fois, permet de déterminer la moyenne des valeurs des deux paramètres, sur l'ensemble des échantillons tirés et les écart-types autour de ces moyennes (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999).

Les données utilisées pour la détermination des valeurs des paramètres RDT_x , PMG_x et NGs sont issues des deux essais réalisés à Grignon, des essais du réseau multilocal présenté dans le chapitre 3, ainsi que des réseaux d'essais réalisés par le GIE-Club des 5 et Arvalis-Institut du végétal. Ces données supplémentaires ont été introduites afin d'augmenter la base de données disponible par variété, ce qui accroît la précision de l'estimation des paramètres. Les nombres de points disponibles par variété, ainsi que les valeurs maximales observées pour le rendement et le poids de mille grains sont présentés dans le **tableau 40**.

Tableau 40 : Valeurs des maxima absolus du rendement (RDT max) et du nombre d'individus disponibles pour l'estimation des paramètres par génotype.

Génotype	Nb points	RDT max. (q/ha à 0%)	PMG max. (g)
Arche	114	125,29	45,70
Baltimor	75	123,60	44,50
Camp-Rémy	148	128,62	47,10
DI 9714	111	110,22	53,80
Galibier	50	87,49	46,90
Hynoprécia	154	126,14	53,90
Isengrain	250	125,11	51,30
Oratorio	168	118,11	44,51
Ornicar	70	112,31	45,20
Récital	166	120,35	45,20
Renan	113	97,75	54,80
Rumba	113	136,08	51,30
Soissons	995	108,6	47,20
Trémie	348	133,36	54,20

Selon les variétés, le nombre de données disponibles est très variable puisqu'il s'échelonne de 50 individus pour Galibier (données issues des expérimentations de 2002 principalement) à 995 individus pour Soissons (de nombreuses références extérieures sont disponibles pour cette variété ancienne très cultivée en France).

Le nombre de tirages et la taille de l'échantillon à prélever n'étant pas définis, nous avons réalisé une petite étude méthodologique. D'une manière générale, quand le tirage est effectué avec une proportion croissante de la population, la valeur de référence augmente car la probabilité de retrouver les valeurs les plus élevées augmente avec l'élévation du taux d'échantillonnage. De même, la variabilité autour des valeurs de référence diminue. Afin de définir la taille de l'échantillon et le nombre de tirages à réaliser, nous avons quantifié l'effet du taux de sous échantillonnage sur la détermination des valeurs de référence pour trois génotypes de taille de population très différentes : Camp-Rémy (148 points), Galibier (50 points) et Soissons (995 points). Comme attendu, plus le taux d'échantillonnage est élevé, plus la valeur maximale augmente et plus l'écart type autour de cette valeur maximale diminue. On tire un plus grand nombre de fois la valeur maximale de rendement de la variété.

La taille de nos populations pour les quatorze génotypes utilisés est dans la majorité des cas assez faible. Afin de conserver une certaine homogénéité entre génotypes, de la probabilité de tirage d'un point parmi l'ensemble de la population, nous choisissons de tirer 70% de la population aléatoirement. Nous avons également déterminé le nombre de tirages minimum à effectuer, c'est à dire le nombre de tirages à partir duquel les écart-types autour des valeurs de maxima sont stables. Les études réalisées par C. Lecomte (2004, *travaux en cours*) ont montré qu'à partir de 500 tirages les valeurs des écarts types étaient stables pour des populations de points importantes (plus petite population = 116 points). Pour nos populations de plus faible effectif, nous avons choisi d'effectuer 800 tirages avec remise pour l'ensemble des génotypes, la stabilité des écart-types étant maximisée à partir de ce seuil (**figure 21**).

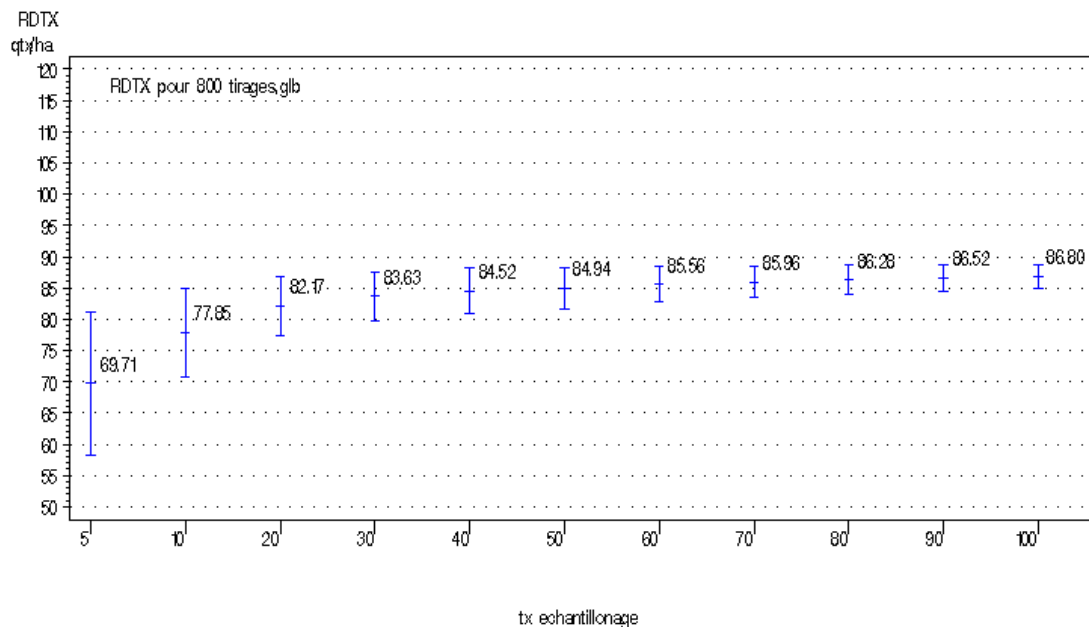


Figure 21 : Evolution de la valeur de rendement maximum avec le taux d'échantillonnage pour le génotype Galibier (50 points).

• Estimation des PMG_x , RDT_x et nombre de grains seuil pour les 14 génotypes

Les valeurs des paramètres ont donc été estimées, pour chacun des quatorze génotypes du réseau d'essais, après 800 tirages avec un taux d'échantillonnage de 70%. Les valeurs estimées sont indiquées dans le **tableau 41**.

Tableau 41 : Valeurs de rendement maximum (RDT_x), poids de mille grains maximum (PMG_x) et nombre de grains seuil (NGs) estimés pour les quatorze génotypes de l'étude, ainsi que les écarts-types (ET) affectés à chaque valeur.

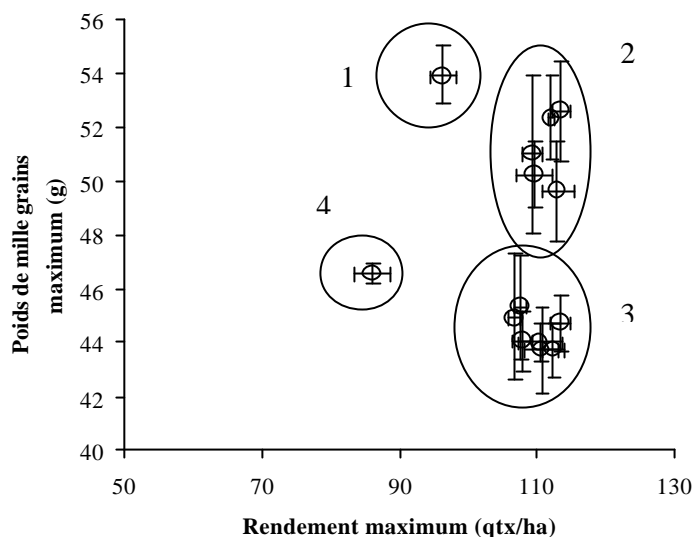
Génotype	RDT_x (q/ha)	ET RDT_x (q/ha)	PMG_x (g)	ET PMG_x (g)	NGs	ET NGs	Nobs	Nind/tirage
Arche	113,66	1,46	44,73	1,03	25422	666	112	78
Baltimor	110,62	3,22	44,02	0,71	25137	855	74	51
Camp-Rémy	106,89	0,87	44,95	2,30	23840	1253	144	100
DI9714	109,35	1,49	50,99	2,92	21518	1273	111	77
Galibier	86,09	2,54	46,58	0,39	18484	567	50	35
Hynoprécia	112,25	0,64	52,34	1,55	21467	659	152	106
Isengrain	113,16	2,52	49,63	1,86	22833	990	243	170
Oratorio	112,58	1,71	43,71	1,03	25771	732	166	116
Ornicar	110,76	2,49	43,72	1,61	25366	1105	70	49
Récital	107,96	1,47	44,07	1,11	24516	702	163	114
Renan	96,50	1,71	53,93	1,07	17899	492	113	79
Rumba	109,74	2,60	50,22	1,25	23841	768	110	77
Soissons	107,75	0,88	45,28	1,92	23814	1038	995	696
Trémie	113,70	1,28	52,56	1,86	21659	843	343	240

Sur la base des valeurs de PMG_x , RDT_x et de leur écart-types, on peut identifier quatre groupes de génotypes (**figure 22**) :

- Le groupe 1 est composé du seul génotype Renan, caractérisé par un faible potentiel de rendement et un poids de mille grains élevé (gros grains).
- Le groupe 2 est composé de génotypes à fort potentiel de rendement et poids de mille grains élevé (Trémie, Hynoprécia, DI9714, Rumba, Isengrain).

- Le groupe 3 est composé de génotypes à potentiel de rendement relativement élevé (autour de 110 q/ha à 0% de H₂O) et poids de mille grains plus faible (petits grains) (Camp-Rémy, Soissons, Récital, Arche, Baltimor, Ornicar, Oratorio).
- Le dernier groupe (4) est composé du seul génotype Galibier, caractérisé par un faible rendement et un faible poids de mille grains.

Figure 22 : Répartition des poids de mille grains et des rendements maximums pour les différents génotypes du réseau.



2.2.5. Estimation des valeurs génotypiques des paramètres liés au nombre de grains

Dans sa version initiale, Azodyn estimait le nombre de grains à partir d'un nombre de grains potentiel variétal, fixe entre environnements, et d'un coefficient de réduction du nombre de grains, fonction de la durée et de l'intensité de la carence azotée (équations 23 et 24, chapitre 3).

De nombreux facteurs climatiques, rayonnement et température en particulier (Fischer, 1985 ; Masle, 1985), sont connus pour influencer le nombre de grains produit par une culture de blé. Pour pouvoir appliquer Azodyn dans une large gamme de situations pédoclimatiques, il ne semble donc plus possible de considérer un nombre de grains potentiel variétal fixe, puisque, même en l'absence de carence azotée, il est probable que celui-ci va varier entre lieux, en fonction des conditions climatiques de la période végétative. Par ailleurs, dans un milieu donné, même en l'absence de facteur limitant, le nombre de grains produit varie fortement entre variétés (Gate, 1995). Ceci est dû à plusieurs origines : des différences de fertilité d'épi entre génotypes, des différences génotypiques de nombre d'épis formés par unité de surface, des différences de nombre d'épillets et de nombre de fleurs formées (Gate, 1987). Nous avons donc dans un premier temps établi une relation dynamique permettant d'estimer le nombre de grains potentiel en tenant compte du climat avant la floraison, en nous appuyant sur les connaissances établies dans la littérature. Puis nous avons estimé les valeurs des paramètres de cette relation pour chacun des génotypes testés dans nos essais.

Parmi les déterminants du nombre de grains analysés dans la littérature, Masle (1985) a montré qu'il était possible d'estimer le nombre de grains d'une culture de blé, qu'il est possible d'atteindre en dehors de toutes contraintes hydrique et azotée, en fonction du rayonnement intercepté par le couvert entre les stades BII (approximativement le stade « épi 1 cm ») et floraison (équation 43). Les paramètres a et b de cette relation ont été estimés pour le cultivar Talent dans des expérimentations réalisées dans deux sites (Bassin Parisien et Champagne crayeuse), pour différents niveaux de densité et dates de semis, en conditions de nutrition azotées et hydriques *a priori* non limitantes. Etant donné les variables d'état simulées par Azodyn, et en particulier le rayonnement journalier intercepté par la culture, il nous paraît

intéressant d'introduire cette relation dans le modèle, pour simuler les variations inter-annuelles et inter-lieux de nombre de grains par m² potentiel.

$$\text{NGM}^2 \text{potentiel} = a \times \text{somme de rayonnement intercepté (BI - I}_0) + b \quad [43]$$

où a = 8,4615 et b = 10373

Pour adapter cette relation à une série de génotypes, nous avons fait l'hypothèse que le ratio des nombres de grains potentiels entre génotypes était stable pour différentes situations pédoclimatiques. Nous avons vérifié cette hypothèse, sur les traitements bien fertilisés (3N et 4N en 2001 et N en 2002) des deux essais de Grignon, sur lesquels aucun stress hydrique et azoté n'est apparu, en calculant le ratio du nombre de grains observé sur chaque génotype par rapport à celui de Soissons (considéré comme variété de référence) du même essai. Les écart-types autour des valeurs du ratio pour les différentes variétés sont faibles comme le montre la **figure 23** (cv de 1,28 à 7,62%). Ce ratio est *a priori* stable entre années pour les traitements sans autre facteur limitant que le rayonnement et les températures.

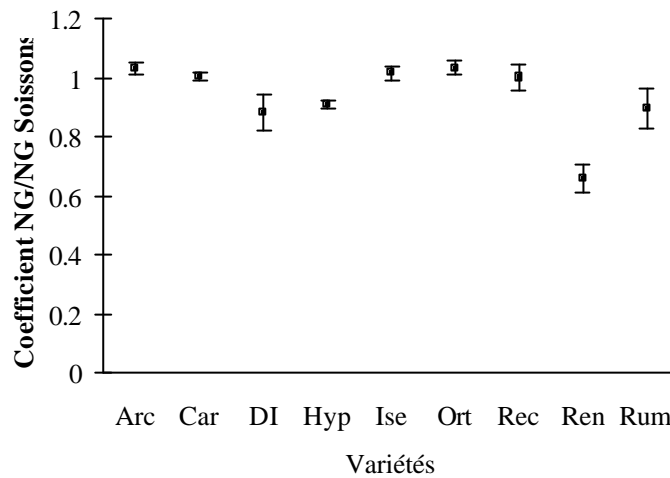


Figure 23 : Valeurs moyennes et écarts-types autour du rapport entre le nombre de grains de chacune des variétés présentes les deux années expérimentales et le nombre de grains de Soissons pour les traitements 3N, 4N (2001) et N (2002).

Ce résultat nous permet de prendre en compte, dans l'équation 44 simulant le nombre de grains potentiel, la variabilité génotypique par un coefficient multiplicateur : Alphang. L'équation d'Azodyn permettant d'estimer le NGM² d'une culture de blé devient donc :

$$\text{NGM}^2 = \text{Alphang} \times (8,4615 \times \sum_{\text{EIC-flo}}^j \text{RG}_j * \text{e}_{\text{imax}_j} + 10373) \times \text{ICDC} \quad [44]$$

où RG_j représente le rayonnement global journalier, e_{imax_j}, l'efficacité d'interception maximale journalière du rayonnement incident et ICDC l'indice de carence azotée calculée par le modèle Azodyn.

Etant donné le faible nombre de données disponibles, nous avons estimé les valeurs du paramètre de cette relation pour les 14 génotypes en minimisant la somme des carrés des écarts entre les valeurs de nombre de grains par mètre carré observées sur les différents traitements expérimentaux des deux essais de Grignon (traitements 0N, N0, 1N, 2N, N-, 3N, N, 4N et N+) et les valeurs de nombre de grains par mètre carré simulées par le modèle. Les valeurs des variables ICDC et du rayonnement intercepté entre le stade « épi 1 cm » et la floraison ont été simulées à partir des valeurs de matière sèche à la sortie hiver et des dates des différents stades de développement mesurés pour chaque génotype sur ces expérimentations. Les valeurs de paramètres obtenues sont regroupées dans le **tableau 42**.

Les valeurs des coefficients s'échelonnent de 1,06 (Renan, génotype à faible nombre de grains) à 1,84 (Ornicar, génotype ayant le plus fort potentiel de nombre de grains). Sur la base de ce paramètre, on peut classer les génotypes en quatre groupes :

- les génotypes à faible potentiel de nombre de grains : Renan et Galibier,
- les génotypes dont le coefficient de potentiel de nombre de grains est proche de 1,42 (DI9714, Hynoprécia, Rumba et Trémie),
- les génotypes qui ont un potentiel de nombre de grains plus élevé, proche de 1,63 (Arche, Baltimor, Camp-Rémy, Isengrain, Oratorio, Récital et Soissons),
- et les génotypes à potentiel de nombre de grains très élevé, Ornicar.

On retrouve globalement les mêmes groupes de génotypes que ceux établis sur la base des deux premiers paramètres génotypiques (PMG_x et RDT_x).

Tableau 42 : Estimation du paramètre génotypique permettant de simuler le nombre de grains potentiel en fonction du génotype : nombre de points utilisés dans l'estimation, RMSE²¹ du modèle d'estimation du nombre de grains ajusté au génotype, valeur du paramètre Alphan et gamme de nombre de grains couverte.

Génotype	Nb. points	RMSE (ng/m ²)	Alphan	Gamme de nombre de grains couverte
Arche	9	1894	1.63 ± 0.04	8628 - 28365
Baltimor	4	3176	1.65 ± 0.11	10173 - 27900
Camp-Rémy	9	1563	1.57 ± 0.04	7842- 27689
DI9714	9	2123	1.42 ± 0.05	6540- 25864
Galibier	4	884	1.09 ± 0.03	7077 - 18095
Hynoprécia	9	2135	1.41 ± 0.05	6342 - 25073
Isengrain	9	1626	1.60 ± 0.04	7289 - 28004
Oratorio	9	1438	1.64 ± 0.03	8450 - 28568
Ornicar	4	2185	1.84 ± 0.08	9702 - 30657
Récital	9	1709	1.65 ± 0.04	8923 - 28521
Renan	9	1941	1.06 ± 0.05	5613 - 19582
Rumba	9	2278	1.42 ± 0.05	5720 - 26573
Soissons	8	1713	1.64 ± 0.04	7524 - 27127
Trémie	4	1751	1.42 ± 0.06	10176 - 23892

2.2.6. Estimation des valeurs génotypiques des variables d'entrées

Nous avons cherché s'il existait un effet du génotype sur les variables d'entrée du modèle relatives à la culture. Nous avons étudié, par analyse de variance, l'effet du génotype sur les dates de stades «épi 1 cm » et floraison, ainsi que sur les matières sèches des parties aériennes à la sortie-hiver sur le réseau d'essais. Les dates de stades de développement étaient identiques entre traitements pour un même site-année et entre bloc au sein d'un même traitement. Les résultats de l'analyse de variance sont présentés dans les **tableaux 43 à 45**.

Les résultats des analyses de variance mettent en évidence qu'il existe pour l'ensemble des variables un effet du génotype. Les trois variables d'entrées relatives à la culture : date du stade «épi 1cm », date de floraison et matière sèche à la sortie-hiver constituent des variables génotypiques dans le modèle. Les valeurs observées de chacune de ces variables pour les 14 génotypes sur les différents environnements sont représentées dans les **tableaux 46 à 48**.

²¹ RMSE : Root Mean Squared Equate (racine de l'écart quadratique moyen entre valeurs observées et simulées)

Tableau 43 : Analyse de variance sur les matières sèches sortie-hiver mesurées pour les différents génotypes sur le réseau d'essais . (*, **, * significatif à 0,001 ; 0,01 ; 0,05 ; ns : non significatif à 0,10)**

Effet	DF	MSE	F
Model	371	787,73	35,13***
Erreur	582	22,43	
R ² = 0,96		RMSE = 4,73 g/m ²	Moyenne = 31,81 g/m ²
Génotype	13	1272,46	56,74***
Environnement	26	9571,27	426,79***
Bloc (Environnement)	54	113,71	5,07***
Génotype × Environnement	278	59,39	2,65***

Tableau 44 : Analyse de variance sur les dates de stade « épi 1 cm » notées pour les différents génotypes sur le réseau d'essais. Les dates de stade sont exprimées en jours depuis le 1^{er} janvier de l'année considérée. (*, **, * significatif à 0,001 ; 0,01 ; 0,05 ; ns : non significatif à 0,10)**

Effet	DF	MSE	F
Model	23	607,31	48,50***
Erreur	105	12,52	
R ² = 0,91		RMSE = 3,54j	Moyenne = 79,23j
Génotype	13	258,27	20,62***
Environnement	10	1044,08	83,38***

Tableau 45 : Analyse de variance sur les dates de stade floraison notées pour les différents génotypes sur le réseau d'essais. Les dates de stade sont exprimées en jours depuis le 1^{er} janvier de l'année considérée. (*, **, * significatif à 0,001 ; 0,01 ; 0,05 ; ns : non significatif à 0,10)**

Effet	DF	MSE	F
Model	23	268,76	66,80***
Erreur	106	4,02	
R ² = 0,93		RMSE = 2,00j	Moyenne = 144,31j
Génotype	13	202,08	50,22***
Environnement	10	340,60	84,65***

Tableau 46: Dates du stade « épi 1 cm » observées pour les différents géotypes dans chacun des environnements. Les dates de stade « épi 1 cm » sont identiques entre conduites.

Géotype	Clermont-Ferrand		Dijon	Le Moulon	Lille	Mons	Rennes	Toulouse			
	2001	2002	2001	2001	2002	2002	2001	2001	2002	2001	2002
Arche	13/03	04/04	16/03	26/03	21/03	19/03	04/04	28/03	06/03	06/03	17/03
Baltimor		04/04			25/03	23/03			19/03		21/03
Camp-Rémy	14/03	04/04	16/03	01/04	25/03	22/03	07/04	26/03	11/03	10/03	17/03
DI9714	22/03	07/04	23/03	06/04	02/04	030/03	12/04	02/04	21/03	18/03	23/03
Galibier		20/03			05/03	031/12			11/02		06/03
Hynoprécia	06/03	28/03	16/03	21/03	21/03	18/03	01/04	22/03	11/03	07/03	17/03
Isengrain	08/03	02/04	16/03	28/03	21/03	19/03	03/04	22/03	25/02	10/03	16/03
Oratorio	24/02	29/03	23/03	26/03	25/03	19/03	07/04	22/03	28/02	06/03	15/03
Ornicar		05/04			21/03	203/03			14/03		19/03
Récital	08/03	27/03	19/03	23/03	11/03	15/03	03/04	19/03	24/02	07/03	13/03
Renan	03/03	30/03	23/03	27/03	25/03	19/03	06/04	28/03	14/03	09/03	17/03
Rumba	22/03	04/04	23/03	04/04	29/03	28/03	12/04	02/04	20/03	18/03	21/03
Soissons	03/03	30/03	19/03	28/03	18/03	20/03	02/04	22/03	24/02	08/03	15/03
Trémie		28/03			11/03	16/03			25/02		14/03

Tableau 47: Dates du stade « floraison » observées pour les différents géotypes dans chacun des environnements. Les dates de stade « floraison » sont identiques entre conduites.

Géotype	Clermont-Ferrand		Dijon	Le Moulon	Lille	Mons	Rennes	Toulouse			
	2001	2002	2001	2001	2002	2002	2001	2001	2002	2001	2002
Arche	26/05	27/05	26/05	01/06	23/05	01/06	07/06	30/05	23/05	21/05	21/05
Baltimor		30/05			27/05	04/06			27/05		26/05
Camp-Rémy	29/05	29/05	28/05	03/06	24/05	02/06	10/06	31/05	27/05	23/05	25/05
DI9714	31/05	30/05	29/05	03/06	27/05	04/06	09/06	31/05	27/05	25/05	27/05
Galibier		17/05			16/05	20/05			10/05		02/05
Hynoprécia	25/05	25/05	26/05	30/05	23/05	27/05	05/06	28/05	23/05	19/05	20/05
Isengrain	21/05	23/05	23/05	29/05	20/05	27/05	02/06	23/05	15/05	14/05	14/05
Oratorio	21/05	19/05	23/05	29/05	21/05	26/05	05/06	21/05	16/05	13/05	13/05
Ornicar		26/05			22/05	03/06			26/05		20/05
Récital	18/05	17/05	20/05	28/05	15/05	21/05	30/05	21/05	10/05	10/05	04/05
Renan	26/05	23/05	26/05	31/05	27/05	31/05	07/06	27/05	23/05	20/05	21/05
Rumba	27/05	24/05	28/05	01/06	24/05	04/06	07/06	26/05	27/05	22/05	21/05
Soissons	20/05	20/05	22/05	28/05	19/05	23/05	31/05	15/05	15/05	11/05	11/05
Trémie		21/05			20/05	25/05			15/05		15/05

Tableau 48 : Valeurs des matières sèches sortie-hiver (kg/ha) estimées sur chaque génotype par environnement. Les valeurs des matières sèches sortie-hiver sont identiques entre conduites. Les matières sèches sont exprimées en kg/ha

Génotype	Clermont-Ferrand		Dijon	Le Moulon		Lille	Mons	Rennes		Toulouse	
	2001	2002	2001	2001	2002	2002	2001	2001	2002	2001	2002
Arche	546,8	42,1	331,3	178,3	452,3	440,5	200,5	206,4	449,8	398,7	145,4
Baltimor		82,5			448,2	467,4			585,2		125,3
Camp-Rémy	462,8	87,5	400,4	108,1	392,3	362,0	170,0	160,7	458,6	400,7	118,2
DI9714	543,3	83,3	372,6	189,9	421,2	389,6	207,6	199,0	490,7	382,7	135,3
Galibier		90,8			492,8	407,8			743,2		130,3
Hynoprécia	497,1	72,9	343,3	205,4	412,2	395,9	189,9	211,5	513,0	494,0	116,6
Isengrain	684,5	44,2	414,3	208,1	434,2	391,9	226,4	221,9	682,7	450,0	123,8
Oratorio	587,6	87,5	355,2	220,9	438,3	322,1	148,1	176,3	632,7	466,7	150,9
Ornicar		63,3			379,3	449,9			499,4		118,5
Récital	320,5	47,5	210,3	103,9	345,0	322,8	71,8	114,0	376,5	237,0	128,9
Renan	533,3	103,8	337,7	164,0	454,5	417,1	134,4	208,0	561,0	473,0	144,9
Rumba	482,1	95,4	357,9	161,6	415,8	449,4	178,9	195,4	597,7	450,0	131,5
Soissons	461,4	51,3	266,3	165,9	381,1	337,4	187,8	202,4	453,7	361,0	115,3
Trémie		76,3			505,0	457,2			715,4		121,9

2.3. Discussion

La prise en compte de caractères génotypiques dans les modèles passe généralement par des facteurs tels que les paramètres du module physiologique (besoins en vernalisation, précocité) (Colson *et al.*, 1995a ; Hammer *et al.*, 1982 ; Liu, 1989 ; Travasso et Magrin, 1998 ; Villalobos *et al.*, 1996) ou du module d'élaboration du rendement (Agüera *et al.*, 1997 ; Asseng *et al.*, 2002a), pour lesquels la littérature a mis en évidence des effets stables du génotype. En revanche, les critères retenus lors de l'adaptation de paramètres intervenant dans les fonctions de croissance, tels que la conversion de l'énergie lumineuse par le couvert (Hammer et Vanderlip, 1989), la surface foliaire spécifique ou la taille maximale des feuilles (Colson *et al.*, 1995a) sont généralement plus flous.

L'intégration de la variabilité génotypique dans le modèle Azodyn a été guidée par deux critères : les connaissances issues de la littérature sur la présence d'un effet génotypique stable sur des paramètres identifiés (les paramètres de l'élaboration du rendement) et la mise en évidence par l'expérimentation d'effets génotypiques stables sur des paramètres intervenant dans des fonctions pour lesquelles la littérature avait montré une variabilité génétique.

Nous avons analysé l'effet du génotype sur les paramètres des fonctions azotées du modèle de façon indépendante. Les analyses réalisées sur ces paramètres ont montré que les effets génotypiques observés ici et dans la littérature, pour les variables simulées par les fonctions de remobilisation (Cox *et al.*, 1985a ; Cox *et al.*, 1985b ; Cox *et al.*, 1986 ; Halloran, 1981 ; Lewicki et Chery, 1992 ; Simpson *et al.*, 1983 ; Van Sanford et Mackown, 1987) et d'absorption (Bulman et Smith, 1994 ; Cox *et al.*, 1986 ; Dhugga et Waines, 1989 ; Le Gouis et Pluchard, 1996 ; Le Gouis *et al.*, 2000 ; Papakosta et Garianas, 1991 ; Przulj et Momcilovic, 2001), étaient généralement dépendants des conditions expérimentales (traitement azoté, pression parasitaire, année...). Nous avons choisi d'intégrer un effet du génotype sur les paramètres qui présentaient des valeurs stables entre conditions ou des effets génotypiques stables (classement des génotypes). Ce choix nous a conduit à ne considérer l'effet du génotype qu'à travers six facteurs stables : trois variables d'entrée du modèle relatives à l'état de la culture à la sortie-hiver et aux stades « épi 1 cm » et floraison, et trois paramètres intervenant dans l'élaboration du rendement (PMGx, RDTx et Alphang).

Ce choix des paramètres *a priori* génotypiques aurait également pu être effectué à partir d'une analyse de sensibilité du modèle aux différents paramètres. Une telle étude a été réalisée sur le modèle Azodyn par

Makowski *et al*, (2004). Cette étude avait pour objectif d'identifier parmi l'ensemble des paramètres potentiellement variables entre géotypes, ceux qui avaient une forte influence sur le rendement et la teneur en protéines des grains simulés par le modèle. Les résultats de cette analyse ont montré que les paramètres les plus influents sur le rendement étaient les paramètres RDT_x , ϵb_{max} et le paramètre D, et pour la teneur en protéines des grains, les paramètres α_{remob} , R et RDT_x . Cependant l'identification de paramètres génotypiques par analyse de sensibilité doit être validée par expérimentation. Le choix de faire porter la variabilité génotypique sur des paramètres dont les valeurs seraient dépendantes de l'environnement conduirait à devoir réestimer ces paramètres si les conditions de cultures n'étaient pas celles rencontrées dans la phase d'identification.

Ce sont les conditions d'utilisation du modèle et le rôle que l'on veut faire jouer par la suite aux paramètres variables entre géotypes, plus que la méthode utilisée pour les identifier qui doit prévaloir lors du choix des paramètres à estimer. Dans le cadre de notre étude, le choix des paramètres et des fonctions qui vont rendre compte de la variabilité des comportements entre géotypes a été motivé par la facilité d'estimation des valeurs des paramètres et leur capacité à devenir des marqueurs du comportement pour l'utilisateur.

Les méthodes utilisées pour l'estimation des paramètres étaient fondées sur des mesures du paramètre lui-même ou sur un ajustement des relations du modèle aux variables simulées par ces relations (Alphan). Cette deuxième méthode a été motivée par le faible nombre de données disponibles. De ce fait, la précision et la représentativité du paramètre par rapport au potentiel de chaque géotype sont fortement dépendantes des conditions expérimentales de Grignon, notamment pour les géotypes expérimentés exclusivement en 2002, et reposent sur des gammes de nombre de grains expérimentés relativement larges, mais pour deux niveaux de rayonnement intercepté uniquement. Il est clair que plus le nombre de points utilisés pour le calage du modèle est important et couvre une large gamme de valeur de rayonnement et de nombre de grains, plus on est proche de coefficients effectivement représentatifs de caractères génotypiques.

C'est une des principales difficultés posées par l'estimation des valeurs de paramètres sur des essais indépendants. On ne peut multiplier à l'infini les combinaisons de géotypes et de conduites pour disposer d'une large gamme de variations des variables intervenant dans la mesure des paramètres. C'est l'équilibre entre les procédés qu'il faut mettre en œuvre pour mesurer un paramètre et l'impact effectif de la qualité d'estimation du paramètre qui conduit souvent (et c'est d'autant plus vrai dans le cas des variétés pour lesquels il n'existe pas nécessairement beaucoup de références) à estimer les valeurs des paramètres par calage des modèles sur un faible nombre de sorties mesurées ou sur des maxima absolus parfois éloignés des potentiels variétaux. Ce postulat conduit également à constater qu'il sera difficile d'ajuster de nombreux paramètres de fonctionnement aux géotypes étudiés si on veut que ces paramètres deviennent à terme des marqueurs du comportement mesurables.

3. Analyse de sensibilité du modèle Azodyn aux paramètres et aux variables d'entrée génotypiques

Les modèles de culture permettent de simuler l'évolution dynamique de plusieurs variables caractérisant le fonctionnement d'une culture, en fonction de différentes variables d'entrée et de paramètres. Ces modèles sont de plus en plus utilisés pour prendre des décisions. Or, ces prévisions dépendent de paramètres et variables d'entrée, relativement nombreux qui n'ont pas tous la même influence sur les variables de sortie (Wallach *et al.*, 2001).

Dans le cadre de notre étude sur l'adaptation et l'utilisation du modèle de culture Azodyn pour rendre compte du comportement de différents génotypes dans une gamme d'environnements variés, une variabilité génotypique a été mise en évidence sur six variables d'entrée et paramètres du modèle : les paramètres de la courbe enveloppe intervenant dans le remplissage des grains (RDT_X et PMG_X), le paramètre établissant le potentiel de nombre de grains en fonction du rayonnement intercepté par le couvert (Alphang), les variables d'entrée correspondant aux dates des stades «épi 1 cm» (J_{E1C}) et floraison (J_{FLO}), ainsi que la matière sèche de la culture à la sortie hiver (MS_{SH}).

Notre objectif est ici

- a. d'identifier les facteurs variétaux du modèle qui ont une influence significative sur les variables d'analyse du comportement des génotypes, c'est-à-dire, les variables de sortie et les variables intermédiaires
- b. de hiérarchiser les effets des paramètres et des variables d'entrée en quantifiant leur effet sur les sorties du modèle. Cela permet d'identifier précisément ceux pour lesquels il est nécessaire de faire porter les efforts d'estimation (une économie de moyen sur l'estimation des autres sera appréciée par les utilisateurs du modèle).
- c. d'identifier les facteurs responsables des différences de comportement entre les génotypes théoriques correspondant aux différentes combinaisons de facteurs testées et ceux pour des environnements représentatifs du réseau d'essais sur lesquels est effectuée notre étude.

3.1. Matériel et Méthodes

La mise en œuvre d'une analyse de sensibilité d'un modèle de culture à ses paramètres et entrées nécessite de définir : (1) la méthode d'analyse utilisée parmi celles disponibles dans la littérature, (2) les gammes de valeurs testées pour les paramètres et entrées dont on cherche à analyser l'influence, (3) les valeurs des autres paramètres et entrées du modèle, dont on ne cherche pas à tester l'influence sur la sensibilité du modèle, mais qui peuvent avoir un effet sur les résultats de l'analyse de sensibilité réalisée (par exemple, les caractéristiques pédoclimatiques ou les conditions de nutrition azotée), (4) les variables simulées dont on va analyser la variabilité.

3.1.1. Méthodes d'analyse de sensibilité utilisées

Les exemples d'analyse de sensibilité des modèles de culture généralement trouvés dans la littérature font appel aux méthodes dites uniparamétriques. Elles visent à quantifier le degré d'influence de chaque paramètre étudié indépendamment sur la variance totale du modèle et négligent, de ce fait, les interactions existant avec les autres paramètres testés, dans la variance totale. Il est possible d'estimer ces effets d'interaction, soit en utilisant les méthodes de régression (Chokmani *et al.*, 2001 ; Ruget *et al.*, 2002), soit

en utilisant des méthodes dérivées de l'analyse de variance (Homma et Saltelli, 1996 ,cité par Naud, 2003). Le nombre de paramètres et de variables auxquels nous nous intéressons étant relativement restreint (6), nous avons utilisé une approche par analyse de variance.

Notre approche consiste à décomposer la variation totale de la variable Y considérée en ses différents termes (Makowski *et al.*, 2004). La variance totale est estimée par :

$$V(Y) = \sum_{i=1}^6 V_i + \sum_{i<j} V_{ij} + \sum_{i<j<m} V_{ijm} + V_{1,2,3,4,5,6} \quad [45]$$

où $V(Y)$ représente la variance totale de la variable Y pour les facteurs considérés ; $V_i = V[E(Y|x_i)]$ représente l'effet principal du facteur x_i ($i = 1$ à 6) ; les autres termes de l'équation représentent les effets d'interaction entre les différents facteurs.

La sensibilité totale du modèle au facteur x_i est définie par le rapport :

$$I = \frac{V_i - V_{-i}}{V(Y)} \quad [46]$$

où V_{-i} représente la somme des variances des termes dans lesquels n'intervient pas l'index i . La sensibilité du premier ordre du modèle pour le facteur d'index i est définie par :

$$I_i = \frac{V_i}{V(Y)} \quad [47]$$

Les indices de sensibilité I et I_i sont proches de zéro si le facteur a peu d'influence sur la variable (Y) simulée par le modèle. S'il n'existe pas d'interaction entre le facteur i et les autres facteurs considérés, alors les indices de sensibilité sont égaux.

Si on considère l'ensemble des paramètres testés, la somme des indices de sensibilité totaux pour une variable est supérieure à 100%, puisque l'effet des interactions entre deux facteurs intervient dans les indices de sensibilité totaux de ces deux facteurs.

Les sorties du modèle sur lesquelles sont effectuées les analyses de variance sont issues de simulations réalisées à partir d'un plan factoriel complet des valeurs des paramètres et entrées à tester. Le modèle d'analyse de variance considéré était le suivant :

$$\begin{aligned} Y = & Y_0 + \text{Alphang} + \text{PMG}_X + \text{RDT}_X + \mathbf{J}_{\text{FLO}} + \mathbf{J}_{\text{EIC}} + \text{MS}_{\text{SH}} + \\ & \text{Alphang} \times \text{PMG}_X + \text{Alphang} \times \text{RDT}_X + \text{Alphang} \times \mathbf{J}_{\text{FLO}} + \text{Alphang} \times \mathbf{J}_{\text{EIC}} + \text{Alphang} \times \text{MS}_{\text{SH}} + \\ & \text{PMG}_X \times \mathbf{J}_{\text{FLO}} + \text{PMG}_X \times \mathbf{J}_{\text{EIC}} + \text{PMG}_X \times \text{MS}_{\text{SH}} + \\ & \text{RDT}_X \times \text{PMG}_X + \text{RDT}_X \times \mathbf{J}_{\text{FLO}} + \text{RDT}_X \times \mathbf{J}_{\text{EIC}} + \text{RDT}_X \times \text{MS}_{\text{SH}} + \\ & \mathbf{J}_{\text{FLO}} \times \mathbf{J}_{\text{EIC}} + \mathbf{J}_{\text{FLO}} \times \text{MS}_{\text{SH}} + \mathbf{J}_{\text{EIC}} \times \text{MS}_{\text{SH}} + \mathbf{e} \end{aligned} \quad [48]$$

Nous n'avons pris en compte, ici, que les interactions du premier ordre, l'ensemble des autres interactions étant compris dans l'erreur résiduelle ϵ du modèle. Dans l'ensemble des modèles d'analyse de variance,

l'erreur résiduelle représentait moins de 4% de la variation totale ($R^2 > 0,96$) (**tableaux 51 à 53**), ce qui justifie *a posteriori* notre choix de ne considérer que les interactions du premier ordre.

3.1.2. Conditions de simulation et gamme de variation des paramètres et variables

L'analyse de variance a été effectuée pour trois pédoclimats différents, représentant trois milieux rencontrés dans le cadre du réseau expérimental décrit précédemment. Dans chacun de ces milieux, deux niveaux de fertilisation azotée, un niveau intensif et un niveau réduit ont été considérés.

- **Gamme de variation des valeurs de paramètres et de variables**

Le choix de la gamme des valeurs des variables d'entrée ou des paramètres dont on cherche à connaître la sensibilité influe directement sur les résultats de l'analyse de sensibilité : effet et hiérarchie des facteurs entre eux (Naud, 2003). Nous nous sommes donc appuyés sur les gammes de valeurs observées, au sein du réseau expérimental multilocal, pour les paramètres et variables d'entrée présentant une variabilité génotypique (partie 2 de ce chapitre).

Le choix d'un dispositif factoriel, c'est-à-dire considérant l'ensemble des combinaisons des six facteurs étudiés, augmente de façon importante le nombre de simulations à réaliser. Pour limiter ce nombre de simulation, nous avons choisi de limiter le nombre des valeurs de paramètres et de variables d'entrée testées. Les valeurs retenues représentent les valeurs maximum, minimum, médiane ou moyenne des paramètres estimés, ainsi que des extrêmes hypothétiques de potentiels géotypes, c'est-à-dire supérieur ou inférieur aux maxima et minima observés (**tableau 49**). Suivant la gamme couverte par les valeurs observées, le nombre de valeurs pour chaque paramètre ou variable d'entrée varie entre 5 et 9. Le nombre total de combinaisons des différentes valeurs des variables d'entrée et paramètres du modèles s'élèvent à 56700. Ces simulations ont été réalisées avec la version C++ du modèle Azodyn.

Tableau 49 : Nature et valeurs des paramètres et variables d'entrées génotypiques testées dans l'analyse de sensibilité du modèle. Les dates de stade de développement sont exprimées en jours depuis le 1er janvier

Paramètre		unité	Valeurs							
RDTX	Rendement potentiel	q/ha	83,33	102,38	111,90	130,95	135,71	142,86		
PMGX	Poids de mille grains potentiel	g	44,05	51,19	54,76	64,28	71,43			
Alphang	Coefficient nombre de grains potentiels	NG/KJ	0,60	1,00	1,46	1,66	1,86			
Variables										
JE1C	Date stade « épi 1 cm »	jours	52	62	76	86	96	106		
JFLO	Date stade floraison	jours	131	137	143	147	151	155	161	
MSsh	Matière sèche sortie-hiver	kg/ha	40	100	200	300	400	500	600	700 800

- **Sites pédoclimatiques**

L'analyse de variance a été effectuée pour trois pédoclimats différents, ce qui représente un compromis entre notre volonté de tester une gamme de milieux contrastés, sachant que les résultats de l'analyse de sensibilité varient en fonction des paramètres fixés pour l'analyse, et notre souhait de limiter le nombre de simulations à réaliser. Les trois milieux représentent trois pédoclimats réels du réseau expérimental décrit précédemment. Les sites pédoclimatiques ont été choisis afin de représenter la gamme des conditions observées au cours des deux années sur le réseau d'essais multilocal. Il s'agit des sites de Clermont-

Ferrand en 2001, du Moulon en 2001 et du site de Presmesques (Lille) en 2002. Ces sites couvrent une gamme de température moyenne et de rayonnement global incident variables (chapitre 3).

Pour chaque situation pédoclimatique, deux niveaux de fertilisation azotée ont été considérés : un niveau correspondant au système intensif, c'est-à-dire à la dose totale d'azote estimée à partir de la méthode du bilan sur le site choisi et un système avec réduction d'azote, pour lequel la dose totale apportée correspond à la dose totale du système intensif moins 100 unités. Les modalités de fertilisation azotée testées par site sont décrites dans le **tableau 50**.

Tableau 50 : Dates et doses d'engrais utilisées dans les simulations réalisées pour chacun des sites dans l'analyse de sensibilité.

Sites	Traitement	Sigle	Nb d'apports	Apport 1 (kg/ha)	Apport 2 (kg/ha)	Apport 3 (kg/ha)	Total (kg/ha)
Clermont	Intensif	CLIN	3	50u (07/03/01)	30u (28/03/01)	50u (04/04/01)	130
	Réduit	CLNR	1		30u (28/03/01)		30
Lille	Intensif	SRIN	3	50u (18/02/02)	80u (28/03/02)	50u (06/05/02)	180
	Réduit	SRNR	2		50 (28/03/02)	30 (06/05/02)	80
Le Moulon	Intensif	LMIN	3	40u (26/02/01)	120u (02/04/01)	50u (11/05/01)	210
	Réduit	LMNR	2		80u (02/04/01)	35u (11/05/01)	115

• Variables étudiées

Pour chaque environnement testé (3 sites x 2 fertilisations azotées), nous disposons donc de 56700 simulations, soit 340200 simulations au total. Ces simulations ont été réalisées avec la version C++ du modèle Azodyn (temps de calcul ≤ 1 s approximativement par simulation).

L'analyse de sensibilité a porté sur les deux variables d'intérêt sur lesquelles le jugement des variétés est le plus souvent porté par les responsables du choix variétal (Cazenave et Ferté, 2003), c'est-à-dire le rendement et la teneur en protéines des grains à la récolte. Nous avons également choisi d'analyser la sensibilité du modèle aux paramètres et variables d'entrées variétales sur cinq variables directement estimées à la sortie des modules où interviennent les paramètres et les variables d'entrée (nombre de grains par mètre carré, le poids d'un grain, la quantité d'azote d'un grain, la matière sèche aérienne et la quantité d'azote aérienne à la récolte). De plus, elles constituent des variables explicatives pertinentes des variables de sortie étudiées, intégratives de différents processus.

3.2. Résultats

L'ensemble des résultats (part de variance du modèle expliquée par chaque paramètre testé) est donné dans les **tableaux 51 à 53**.

3.2.1. Facteurs influençant le rendement et la teneur en protéines.

La part de chaque facteur testé (paramètre ou variable d'entrée) dans les variations du rendement et de la teneur en protéines des grains est représentée sur la **figure 24**. Plus la part de variation liée au facteur sur la variation totale du modèle est importante, plus le facteur est influent dans le modèle.

Dans le cas du rendement (**figure 24a**) l'analyse de variance a mis en évidence que Alphang constitue la principale source de variation du rendement. La sensibilité du modèle au paramètre Alphang augmente quand on passe du site sud au site nord (56 % en moyenne pour le site de Clermont-Ferrand, 74 % en moyenne au Moulon et 79 % en moyenne à Lille). L'effet du rendement maximum (RDT_x) dépend du

site et du traitement azoté considéré, avec un effet plus important de ce paramètre dans les situations intensives et à haut potentiel de rendement (Le Moulon). L'effet de la date de floraison sur le rendement dépend également du site considéré : 28,5 % en moyenne à Clermont-Ferrand jusqu'à moins de 5% des variations du rendement dans les autres milieux. Pour ces deux facteurs, l'effet du traitement azoté est faible (< 5 % de différence entre les deux modalités de fertilisation à l'intérieur d'un même site). La sensibilité du modèle au paramètre PMG_X varie de 6 à 14 % pour l'ensemble des environnements testés, son influence étant plus forte sur les environnements à fertilisation azotée réduite (de 2 à 4 % supérieure). Enfin, la date du stade «épi 1 cm» (J_{E1C}) et la matière sèche sortie hiver (MS_{SH}) jouent un rôle négligeable sur les variations de rendement.

La même analyse réalisée sur la teneur en protéines (**figure 24b**) met en évidence que Alphanag constitue là encore la principale source de variation. La sensibilité du modèle à ce paramètre varie peu entre environnements (de 75 à 85 %). L'influence du poids de mille grains maximum (PMG_X), second facteur de variation est également similaire entre environnements (de 13 à 17%). Les principales différences entre environnements portent sur la part des variations liées au paramètre RDT_X et à la variable date de floraison (J_{FLO}). Ces effets représentent néanmoins une faible part des variations de la teneur en protéines des grains, 12 % au maximum pour le paramètre RDT_X et 9 % au maximum pour la variable J_{FLO} . Comme pour le rendement, la date du stade «épi 1 cm» (J_{E1C}) et la matière sèche sortie hiver (MS_{SH}) jouent un rôle négligeable sur les variations de la teneur en protéines des grains.

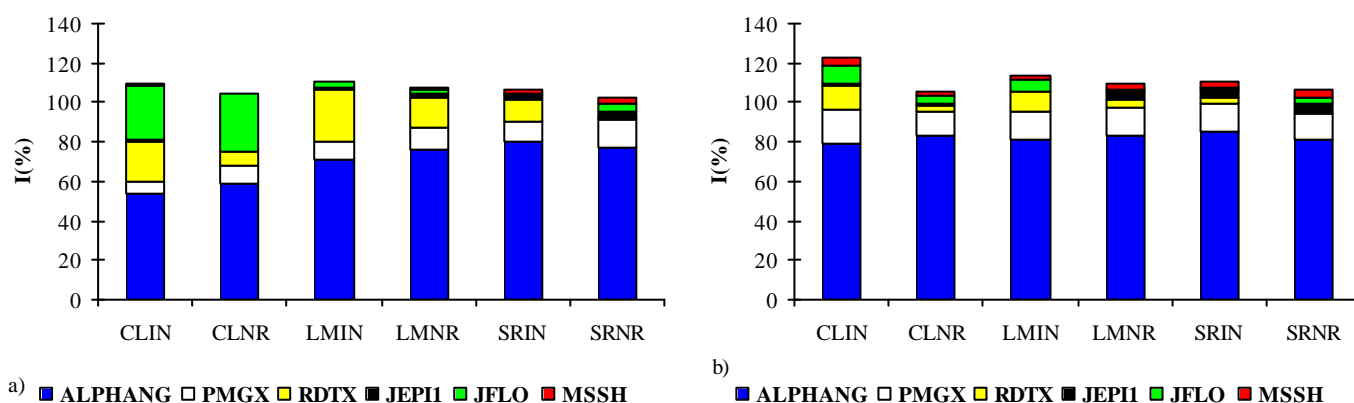


Figure 25 : Part de la variation du rendement (a) et de la teneur en protéines des grains (b) liée à chaque facteur dans la variation totale du modèle (effet principaux + interactions du premier ordre) en abscisse sont représentés les différents environnements concernés et en ordonnée le coefficient de sensibilité du modèle aux différents facteurs. Les environnements CLIN et CLNR sont caractérisés par des facteurs limitants de fin de cycle, LMIN représente les environnements à niveau de potentiel élevé et SRIN et SRNR représentent des environnements où l'azote est limitant au cours de la première moitié du cycle de culture

3.2.2. Facteurs influençant les variables intermédiaires

Dans le cas du poids d'un grain (**figure 25a**) l'analyse de variance a mis en évidence que les effets des différents facteurs sont assez variés entre site. Le paramètre Alphanag, dont l'effet est beaucoup plus fort sur les conduites intensives en azote, constitue la principale source de variation pour le site du Moulon (intensif et azote réduit) et pour le site de Lille sur le traitement intensif (respectivement 66, 50 et 60 % des variations du modèle qui sont dues à ce paramètre). Le poids de la date de floraison (J_{FLO}) est très important dans les variations de poids d'un grain pour le site de Clermont-Ferrand (47 % en moyenne) et est plus faible pour les autres sites (< 7 %). Le paramètre PMG_X constitue suivant les environnements la principale ou la seconde source de variation du poids d'un grain (de 16 à 70 % des variations). L'effet de ce paramètre est généralement plus important sur les situations azote réduit (de 16 à 35 % en plus).

L'effet du rendement maximum (RDT_X) sur les variations du poids d'un grain est plus modéré (de 2 à 22% des variations), son influence étant principalement élevée pour le site du Moulon (21 % en moyenne). Enfin, le poids des variables date du stade «épi 1 cm» (J_{E1C}) et matière sèche sortie hiver (MS_{SH}) dans les variations du poids d'un grain est équivalent à ce qu'il était pour le rendement.

L'analyse des variations de la quantité d'azote d'un grain (**figure 25b**) est liée à deux facteurs : le paramètre Alphan (α) (de 80 à 94 % de la variabilité totale) et à la variable d'entrée J_{FLO} qui prend en compte de 1 à 24 % de la variabilité. Seules les variables d'entrée J_{E1C} et MS_{SH} ont également un effet sur la variabilité de la quantité d'azote d'un grain, mais cet effet est limité au site du Moulon pour le traitement azote réduit et au site de Lille (intensif et azote réduit). Quoiqu'il en soit ces effets restent faibles en regard de l'effet des deux principaux facteurs influençant la variabilité de la quantité d'azote d'un grain.

Trois facteurs influencent la variabilité du nombre de grains par mètre carré. Le paramètre Alphan, qui représente la principale source de variation sur l'ensemble des environnements explorés (93 % en moyenne), et les variables dates des stades «épi 1 cm» et floraison (J_{E1C} et J_{FLO}). Leur effet sur la variation du nombre de grains est variable suivant l'environnement concerné et représente suivant les situations de 1 à 7 % de la variation totale.

Les variables de sortie du modèle auxquelles nous nous sommes intéressés jusqu'à présent étaient les composantes directes de la teneur en protéines des grains et du rendement. Nous avons également regardé l'influence des différents facteurs génotypiques sur les variations de la matière sèche aérienne et quantité d'azote aérienne à la récolte.

L'analyse de variance sur ces deux variables met en évidence des facteurs différents de ceux identifiés jusqu'à présent. Si on s'intéresse dans un premier temps à la matière sèche aérienne de la culture (**Figure 25d**), on observe que trois facteurs représentent plus de 90 % de la variabilité totale. Il s'agit des variables d'entrée MS_{SH} (de 22 à 33 % de la variabilité totale), de la date de floraison, qui constitue sur l'ensemble des environnements la principale source de variation (66 % des variations en moyenne), et de la date de stade «épi 1 cm» qui représente de 6 à 15 % des variations totales. L'effet de la date de stade «épi 1 cm» est plus important pour le site de Clermont-Ferrand que pour les autres sites étudiés (13 % en moyenne pour le site de Clermont-Ferrand).

En ce qui concerne la variabilité de la quantité d'azote totale absorbée à la récolte par la culture (**Figure 25e**), on observe que le facteur le plus influent est la variable MS_{SH} (de 57 à 84 % de la variabilité totale), avec un effet plus faible sur le site du Moulon (60 % en moyenne). Deux autres variables ont également une influence significative sur les variations de quantité d'azote aérienne de la culture. Il s'agit des variables J_{E1C} et J_{FLO} avec respectivement de 6 à 18 % des variations expliquées par J_{E1C} et 5 à 24 % des variations expliquées par J_{FLO} . On observe que lorsque la part de variation de la quantité d'azote aérienne expliquée par la variable date de floraison augmente, la part de variation expliquée par la variable date de stade «épi 1 cm» diminue.

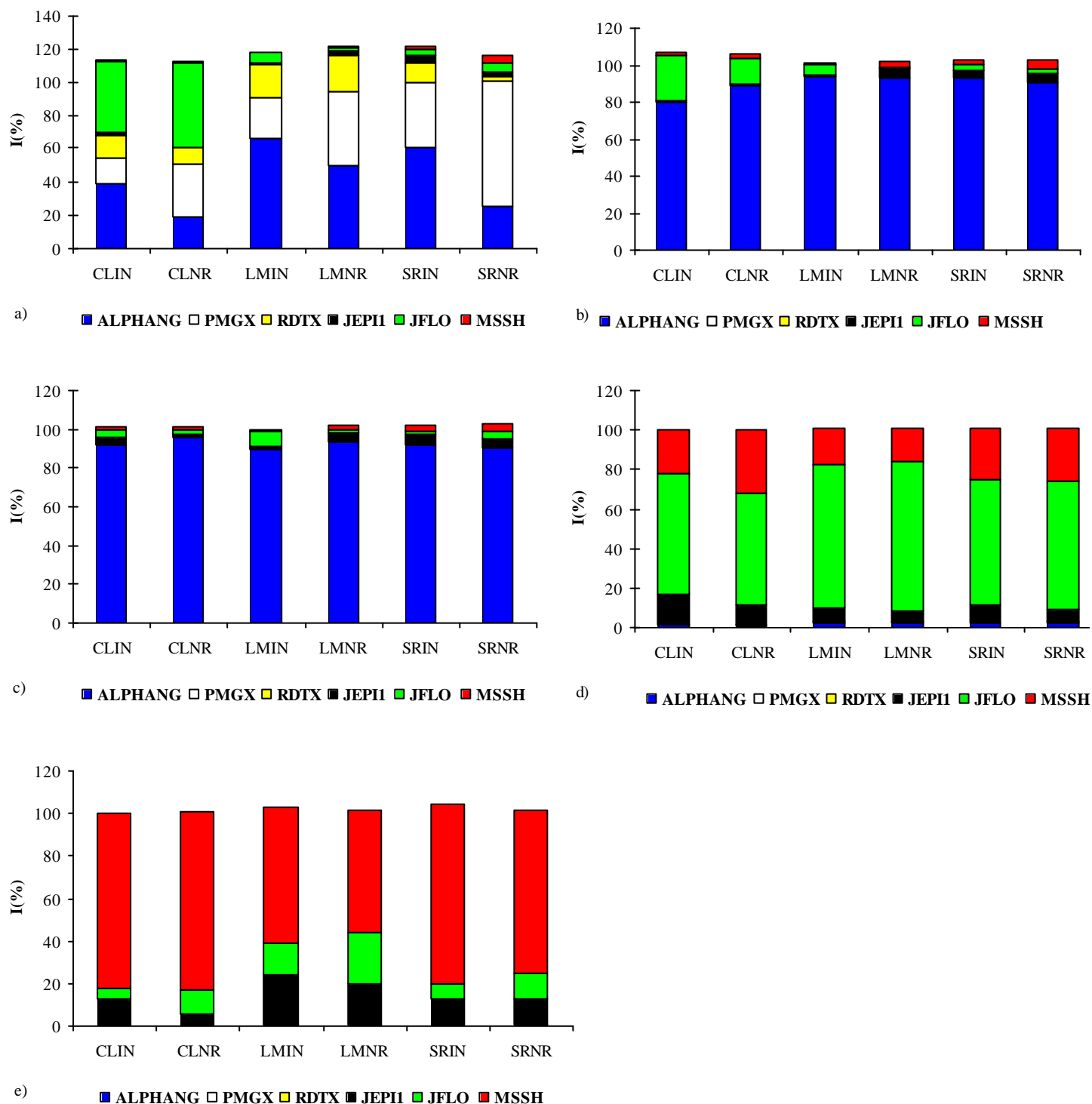


Figure 25 : Part de la variation du poids d'un grain (a), de la quantité d'azote d'un grain (b), du nombre de grains (c), de la matière sèche aérienne à la récolte (d) et de la quantité d'azote aérienne à la récolte (e) liée à chaque facteur dans la variation totale du modèle (effet principaux + interactions du premier ordre). En abscisse sont représentés les différents environnements considérés et en ordonnée les indices de sensibilité du modèle aux différents facteurs. Les environnements CLIN et CLNR sont caractérisés par des facteurs limitants de fin de cycle, LMIN représente les environnements à niveau de potentiel élevé et SRIN et SRNR représentent des environnements où l'azote est limitant au cours de la première moitié du cycle de culture.

3.2.3. Cohérence de l'effet des facteurs sur les variables d'intérêt et les variables intermédiaires

Le paramètre Alphan est le facteur principal intervenant sur les variations du rendement et de la teneur en protéines des grains. En effet le formalisme du modèle pour l'élaboration de ces deux variables fixe d'abord un nombre de grains à la floraison. Ce nombre de grains est directement calculé à partir du paramètre Alphan, qui fixe donc le niveau des besoins en carbone et en azote de l'organe « grain » durant la seconde partie du cycle. Cet effet important du facteur Alphan explique sans doute les effets, nettement plus faibles, des autres paramètres. Ces derniers paramètres interviennent indirectement sur le rendement et la teneur en protéines, en limitant la durée du remplissage ou la taille du grain (J_{FLO} , PMG_X), en réduisant ou en augmentant la période d'élaboration du nombre de grains (J_{E1C} , J_{FLO}), en favorisant la production de matière sèche (niveau d'interception et de conversion du rayonnement MS_{SH}) et l'absorption d'azote (potentiel d'absorption initial MS_{SH}). Ces effets vont jouer durant la phase d'élaboration du nombre de grains et sur les transferts d'assimilats durant le remplissage (J_{FLO}).

On constate que les principaux facteurs qui influencent le rendement ou ses composantes ne sont pas identiques. Il en va de même des facteurs qui ont une influence significative sur les composantes des variables d'intérêt ou des variables intermédiaires comme la matière sèche et la quantité d'azote aérienne. L'influence d'un facteur sur une variable dépend directement du niveau d'implication de ce facteur dans le formalisme de calcul de la variable. Par exemple, le facteur Alphan influence directement les variables rendement, teneur en protéines et nombre de grains, car il intervient directement dans le calcul de ces variables. A l'inverse, ce même facteur n'a que peu d'effet sur les variables intermédiaires MS et QN car il n'intervient pas directement dans les équations qui définissent ces variables.

3.2.4. Identification des paramètres génotypiques auxquels le modèle est sensible

Parmi les 6 facteurs génotypiques testés (Alphan, PMG_X , RDT_X , J_{FLO} , J_{E1C} , MS_{SH}), les quatre premiers ont une influence sur les sorties du modèle dans au moins l'un des environnements testés ($I \geq 3\%$). Les deux derniers jouent davantage sur les variables intermédiaires du modèle, sans avoir d'effet significatif sur les variables de sortie. Le choix des paramètres et des variables représentatives des différences de comportement variétales, choix fait dans la partie 2 de ce chapitre, n'est donc pas remis en cause.

Cette analyse a également montré qu'il n'était pas nécessaire de connaître précisément la date du stade « épi 1 cm » et la biomasse aérienne de la culture à la sortie de l'hiver (MS_{SH}) pour simuler le rendement et la teneur en protéines des grains à la récolte, puisque leur influence sur ces variables d'intérêt est faible. Cependant, la matière sèche sortie hiver, qui a peu d'effet sur les variables d'intérêt (rendement et teneur en protéines), a un poids important sur certaines variables intermédiaires telles que la matière sèche ou la quantité d'azote absorbée à la récolte. Si l'utilisation du modèle est axée vers la prédiction des valeurs de rendement et de teneur en protéines uniquement, la précision requise sur cette variable d'entrée sera faible et l'utilisateur pourra se contenter d'une approximation. Si le cadre de l'étude change, et que l'intérêt ne porte plus seulement sur le rendement et la teneur en protéines, mais sur le reliquat d'azote minéral à la récolte ou la production de matière sèche, les paramètres variétaux déterminants ne seront plus seulement Alphan ou J_{FLO} , mais aussi MS_{SH} et J_{E1C} .

Le choix de se concentrer également sur les variables intermédiaires, et non aux seules variables d'intérêt, dépend de l'utilisation envisagée du modèle.

3.2.5. Influence de la gamme explorée

Etant donné le poids important de la matière sèche à la sortie hiver (MS_{SH}) dans les variations de quantité d'azote aérienne de la culture à la récolte, nous avons répété l'analyse de sensibilité en réduisant la gamme de variation de ce facteur à celle effectivement observée pour l'année expérimentale 2001. Nous avons réalisé une nouvelle analyse de sensibilité du modèle, en réduisant la gamme de matière sèche sortie-hiver testée de 320 à 690 kg/m². L'analyse a été réalisée pour le seul traitement « azote réduit » du site de Clermont-Ferrand (CLNR), environnement pour lequel la part de variation de la quantité d'azote aérienne liée à la matière sèche sortie hiver était la plus importante (84% de l'effet total). Comme précédemment, 9 valeurs de MS_{SH} ont été utilisées pour l'analyse de sensibilité.

Il apparaît que le poids de la matière sèche sortie-hiver (MS_{SH}) dans les variations de quantité d'azote totale à la récolte et de la matière sèche est restreint (on passe de 84 à 33 % de la variabilité totale), tandis que l'influence de la date du stade floraison (J_{FLO}) augmente (de 11 à 59 %) (**figure 26**).

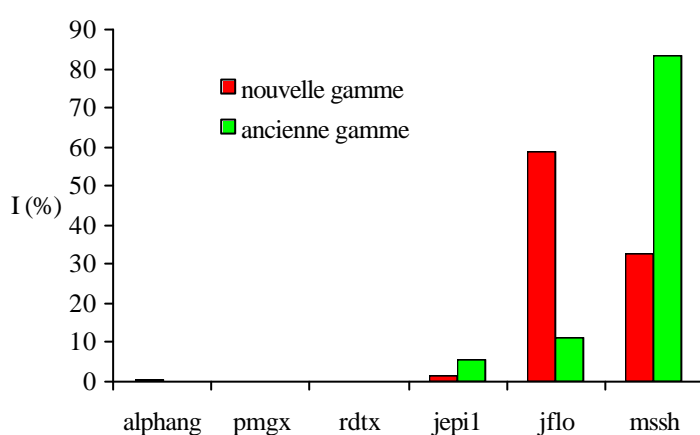


Figure 26 : Part relative des différents facteurs (abscisse) dans la variation de la quantité totale absorbée (ordonnée) pour le site de Clermont-ferrand conduite azote réduit si la gamme de variation de la matière sèche sortie hiver est étendue (en vert: de 40 à 800 kg/ha) ou réduite (rouge :de 320 à 690 kg/ha).

3.2.6. Influence de la gamme de variation des facteurs explorée sur les résultats de l'analyse de sensibilité

On a vu que la mise en évidence de l'influence d'un facteur et la hiérarchie des poids des différents facteurs dépend, non seulement de la gamme de variation explorée pour ce facteur, mais également de la gamme de variation des autres facteurs. Nous avons choisi des gammes de variation proches de celles observées pour les 14 génotypes au cours des deux années d'essais, mais il est possible que les résultats soient modifiés si on change de gamme de génotypes, et donc de gamme des facteurs étudiés. Ceci ne pose pas *a priori* de problème si on évalue toujours les génotypes en relatif les uns par rapport aux autres. Cependant, parmi l'ensemble des combinaisons de facteurs du dispositif factoriel utilisé dans notre analyse, certaines correspondent effectivement à des génotypes réels, d'autres à des génotypes théoriques mais réalistes, et certaines combinaisons enfin ne correspondent à aucune réalité. En effet, les paramètres ne sont pas indépendants entre eux, comme par exemple les potentiels de nombre de grains et les poids de mille grains maximum ou bien encore les paramètres liés à la précocité. Il serait donc intéressant de pouvoir réaliser le même type d'analyse en tenant compte de ces corrélations dans les différentes combinaisons réalisées.

3.2.7. Effets principaux et interactions

La décomposition de l'effet total d'un facteur en effets principaux et effets des interactions avec les autres facteurs sur les variations de la teneur en protéines des grains et du rendement sont représentées **figure 27**. Les effets d'interactions représentent une part variable dans l'effet total des facteurs selon la variable analysée, le milieu et le traitement considérés. Par exemple, la part de ces interactions représente la quasi-totalité de l'effet de la variable génotypique J_{FLO} pour la teneur en protéines (86 %) alors qu'elles ne représentent que 8 % de l'effet total de ce même facteur pour le rendement pour le site de Clermont-Ferrant en situation intensive. De même, l'importance des interactions dans l'effet d'un facteur est dépendante de l'environnement considéré. Pour le rendement, les interactions de Alphang avec les autres facteurs de variation représentent en moyenne 16,5 % de l'effet total pour ce facteur sur les environnements CLIN et LMIN alors qu'elles ne représentent que 7 % de ce même effet total sur l'environnement SRIN.

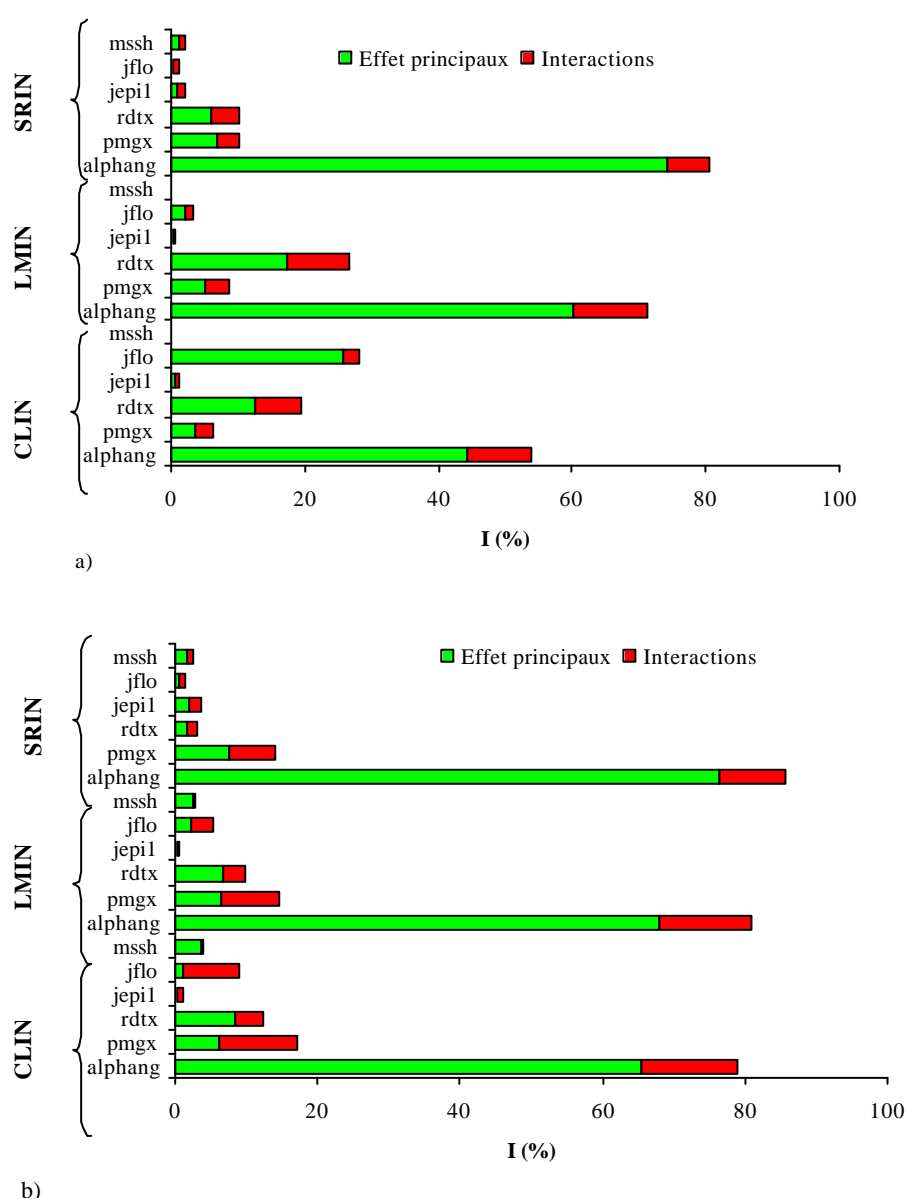


Figure 27 : Part des effets principaux et des interactions pour les six facteurs de variation du rendement (a) et de la teneur en protéines (b) pour les sites de Clermont, Le Moulon et Presmesques pour le traitement intensif.

3.2.8. Facteurs d'adaptation aux environnements

Les **figures 28 à 31** représentent les variations globales de rendements et de teneurs en protéines simulées suivant différentes combinaisons de deux facteurs de variations identifiés précédemment. Nous nous sommes dans un premier temps intéressés aux variations de rendement associées aux variations des principaux facteurs identifiés comme ayant une influence non négligeable sur cette variable.

On observe que dans l'ensemble des sites, l'augmentation des valeurs de potentiel de nombre de grains (Alphang) est corrélée à une augmentation du rendement. Cependant, cette augmentation des valeurs de rendement est limitée par la date du stade floraison lorsque celle-ci est supérieure au 27 mai, pour le site de Clermont-Ferrand caractérisé par des facteurs limitants de fin de cycle (CLIN et CLNR), et pour les dates de stade floraison supérieures au 4 juin pour le site de Lille (**figure 28**).

La comparaison des courbes de réponse du rendement aux potentiels de nombre de grains et au poids de mille grains maximum (PMG_x) pour les deux traitements du site de Lille (**figure 29**) indique que en situation de carence azotée marquée (SRNR), l'augmentation du potentiel de nombre de grains est également corrélée à l'augmentation des rendements. Cette augmentation du facteur Alphang couplée à l'augmentation simultanée du poids de mille grains maximum permet sur le traitement intensif d'augmenter les rendements jusqu'à un niveau seuil (plateau). Sur le traitement azote réduit, l'augmentation des valeurs de PMG_x permet de limiter les pertes de rendement (absence de plateau et augmentation du rendement avec simultanément Alphang et PMG_x).

L'analyse de l'effet des variations du rendement maximum (RDT_x) sur le rendement (**figure 30**) pour les différents environnements met en évidence que la principale fonction de ce paramètre est de fixer une limite supérieure aux valeurs de rendement des différentes combinaisons créées dans le dispositif factoriel.

La **figure 31** représente l'effet des dates de stade « épi 1 cm » ($JE1C$) et floraison (J_{FLO}) sur les variations de rendement. Il apparaît que la réponse du rendement aux variations des ces deux facteurs simultanément est dépendante à la fois du milieu et de la conduite considérés :

- Pour le site de Clermont, l'augmentation de la date de floraison est pénalisante pour le rendement alors que la date du stade « épi 1 cm » ne semble pas jouer un rôle déterminant sur les variations de rendement.
- Si les effets des dates de stade floraison sont conformes à ce qui avait été observé précédemment, l'effet de la date du stade « épi 1 cm » est très différent sur les sites du Moulon et de Lille. Au-delà du 27 mars, la date de stade « épi 1 cm » est pénalisante pour le rendement sur le site du Moulon, et au-delà du 6 avril pour le site de Lille. On observe également que la forme des courbes de réponse du rendement à ces deux variables est différente suivant le traitement considéré, avec un effet plus marqué des dates de floraison sur le traitement azote réduit pour le site de Lille par rapport au traitement intensif sur ce même site.

Si on réalise le même type d'analyse pour la teneur en protéines des grains (**figures 32 à 36**), on observe que les variations de la teneur en protéines sous l'effet des variations simultanées du nombre de grains potentiel (Alphang) et du poids de mille grains maximum (PMG_x) sont similaires entre sites et entre traitements (**figure 32**). Plus le facteur Alphang augmente, plus le niveau de teneur en protéines des grains diminue. De façon similaire, plus le facteurs PMG_x augmente, plus le niveau de teneur en protéines des grains diminue. Le rendement maximum (RDT_x) ne semble, en revanche, pas avoir d'effet direct sur la variation de teneur en protéines des grains (**figure 33**).

Nous nous sommes également intéressés à l'effet du facteur « date de floraison » sur les variations de la teneur en protéines (**figures 34 et 35**). Il apparaît que l'effet de la date du stade floraison sur la teneur en protéines dépend du site et du traitement considéré :

- Pour le site de Clermont-Ferrand (**figure 34**), le facteur J_{flo} n'a que peu d'influence sur la variation de la teneur en protéines des grains pour le traitement intensif, alors que pour le traitement azote réduit, l'augmentation de la date du stade floraison augmente sensiblement la teneur en protéines des grains.
- La représentation des variations de la teneur en protéines en fonction du facteur J_{FLO} pour les environnements LMNT et SRNR (**figure 35**) montre que l'effet de la date du stade floraison sur la teneur en protéines est dépendant du niveau de potentiel de nombre de grains considéré. Pour l'environnement LMNR, l'augmentation des dates de floraison n'a un effet positif sur la teneur en protéines qu'au delà du 4 juin alors que l'augmentation des date du stade floraison sur le site de Lille est globalement positif.

La **figure 36** représente les variations de teneur en protéines des grains en fonction des variations des facteurs J_{FLO} et J_{E1C} . L'effet simultané sur la teneur en protéines de ces deux facteurs dépend du milieu et du traitement considérés :

- Pour le site de Clermont-Ferrand, l'effet des facteurs J_{FLO} et J_{E1C} sont très différents suivant que l'on s'adresse au traitement intensif ou au traitement azote réduit. Sur le traitement intensif, l'augmentation des dates de stade «épi 1 cm» est corrélée à une augmentation des teneurs en protéines, alors que l'augmentation des dates de stade floraison entraîne une diminution de cette même teneur en protéines. Dans le cas du traitement azote réduit, l'augmentation des dates du stade «épi 1 cm» n'a que peu d'influence sur la teneur en protéines, alors que l'augmentation des dates du stade floraison permet d'augmenter le niveau de teneur en protéines observé.
- La même représentation des variations de teneur en protéines pour les environnements LMNR et SRNR montre que dans le cas du Moulon, l'augmentation simultanée des facteurs J_{FLO} et J_{E1C} conduit à une diminution des niveaux de teneur en protéines, alors que pour Lille (SRNR), l'augmentation simultanée de ces deux variables conduit à une augmentation de la teneur en protéines.

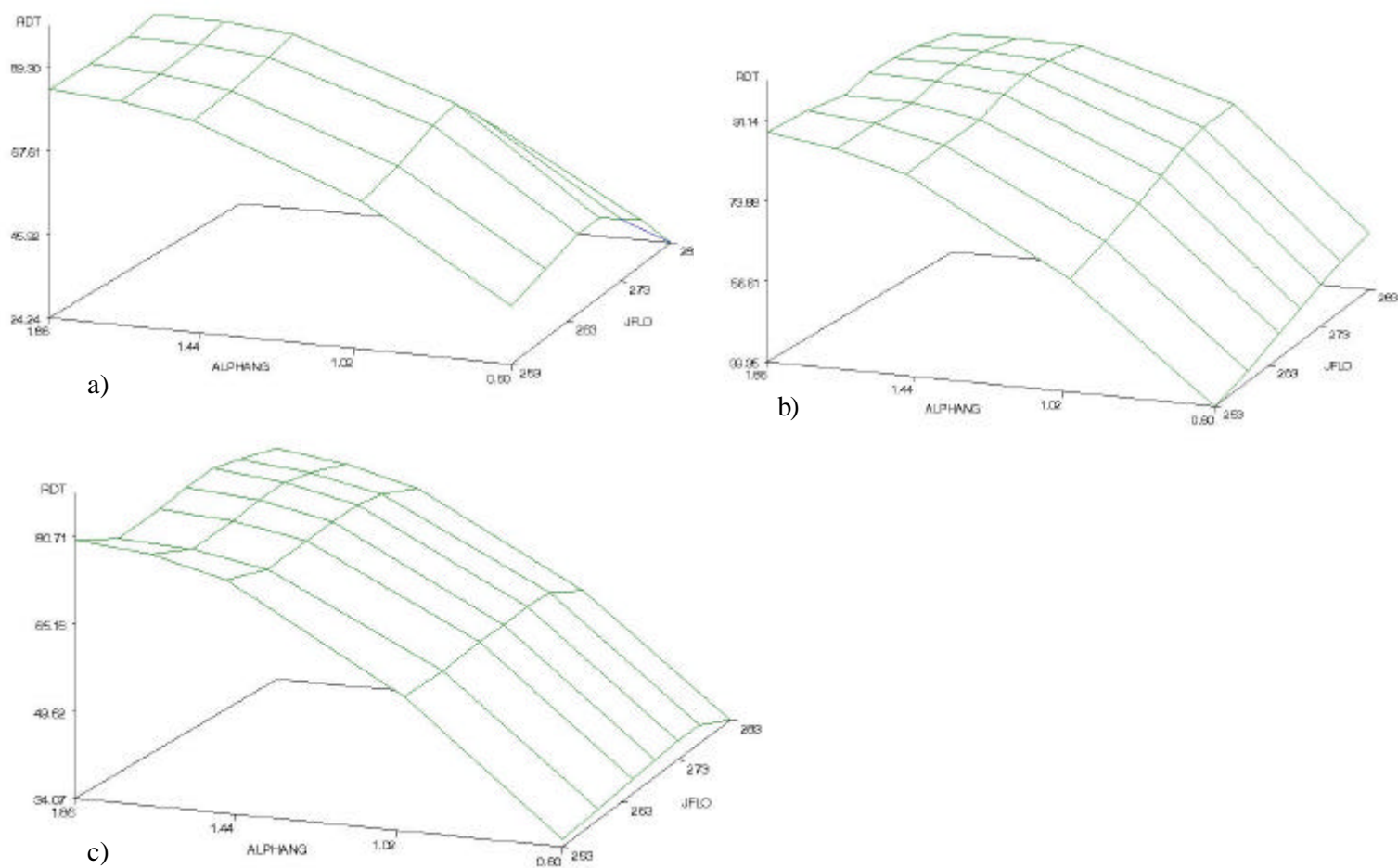


Figure 28 : Influence des facteurs AlphanG et J_{FLO} sur le rendement pour les environnements CLIN (a), LMIN (b) et SRIN (c).

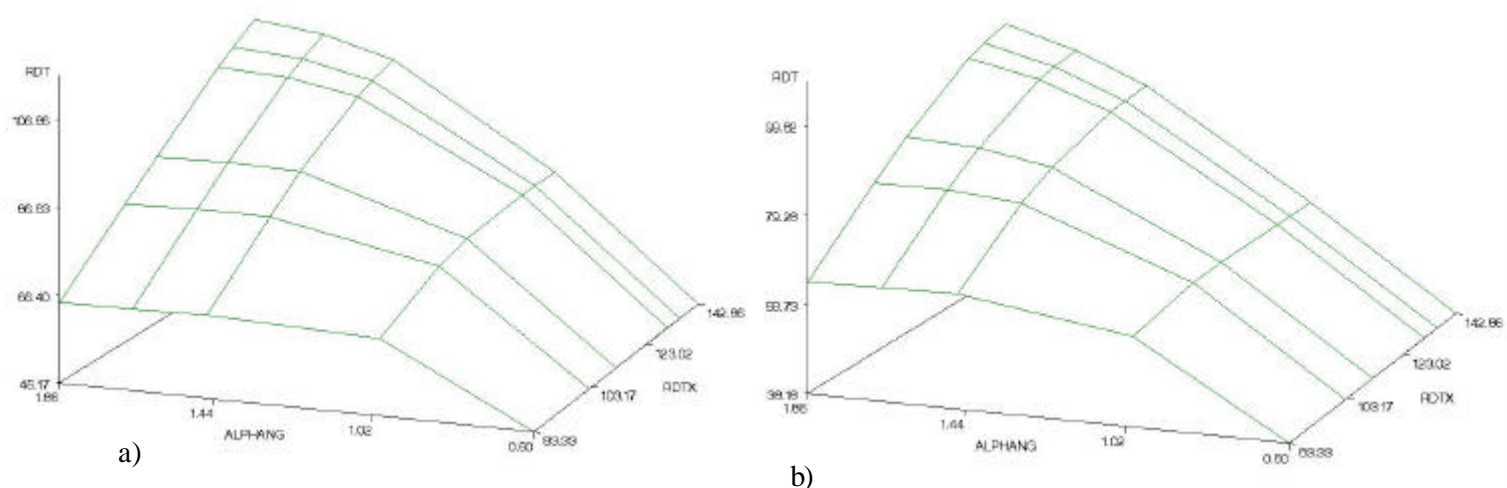


Figure 29 : Influence des facteurs AlphanG et PMG_X sur le rendement pour les environnements SRIN (a) et SRNR (b).

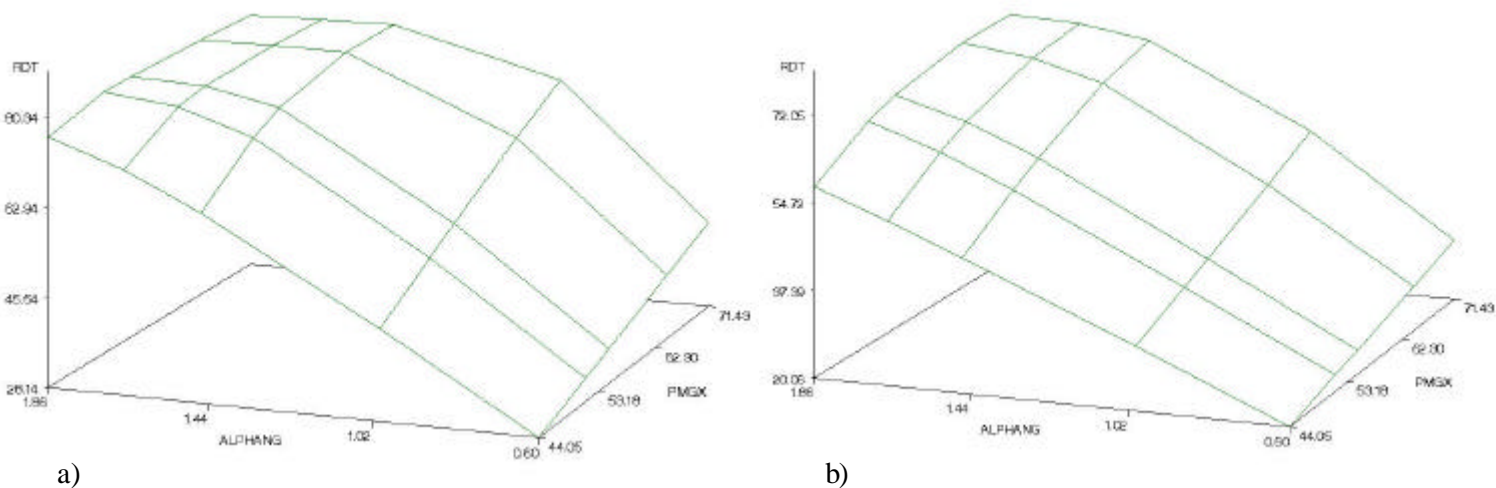


Figure 30 : Influence des facteurs AlphanG et RDT_x sur le rendement pour les environnements LMIN (a) et LMNR (b).

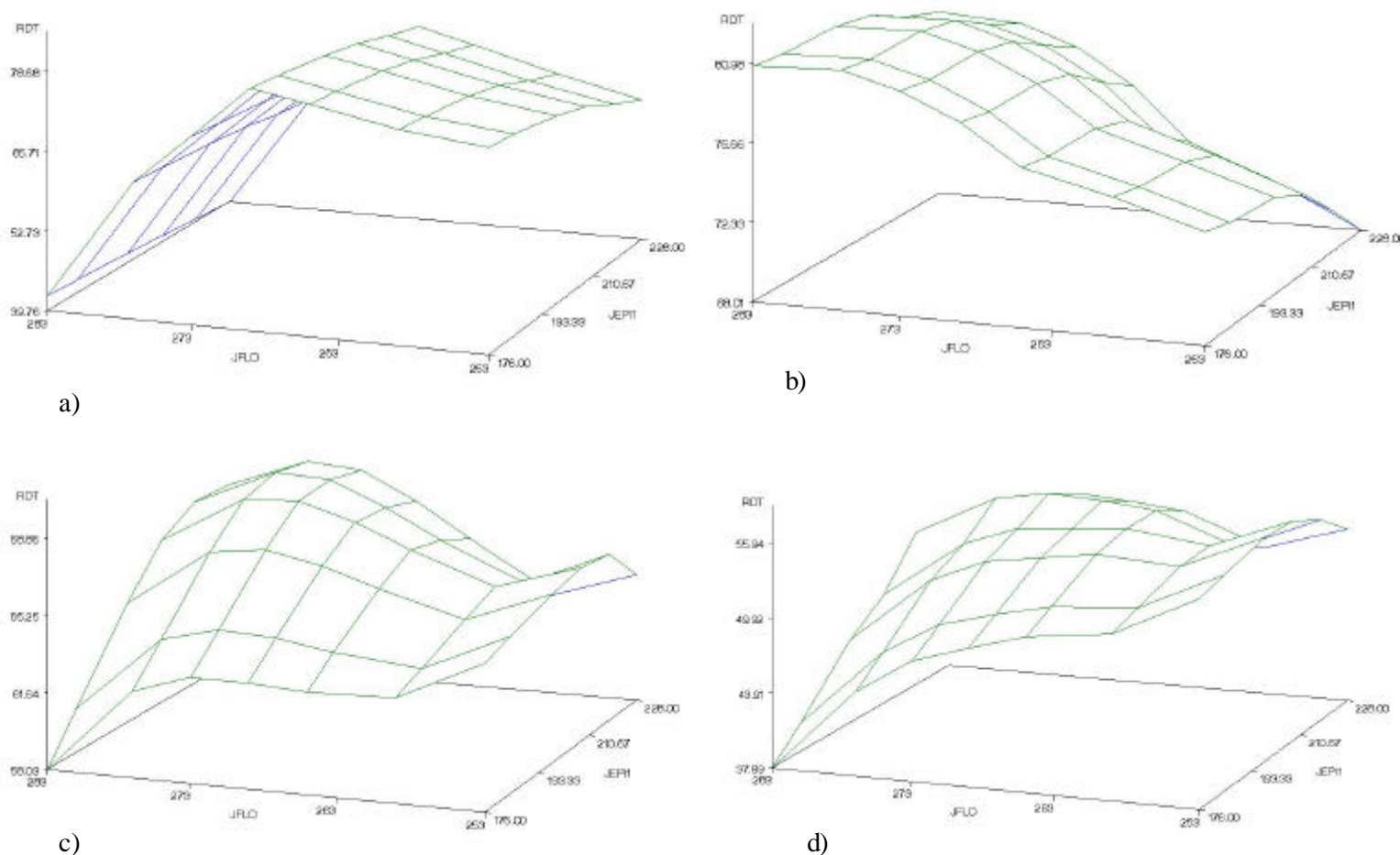


Figure 31 : Influence des facteurs JFLO et JEP1 sur les variations de rendement pour les environnements CLIN (a), LMIN (b), SRIN (c) et SRNR (d).

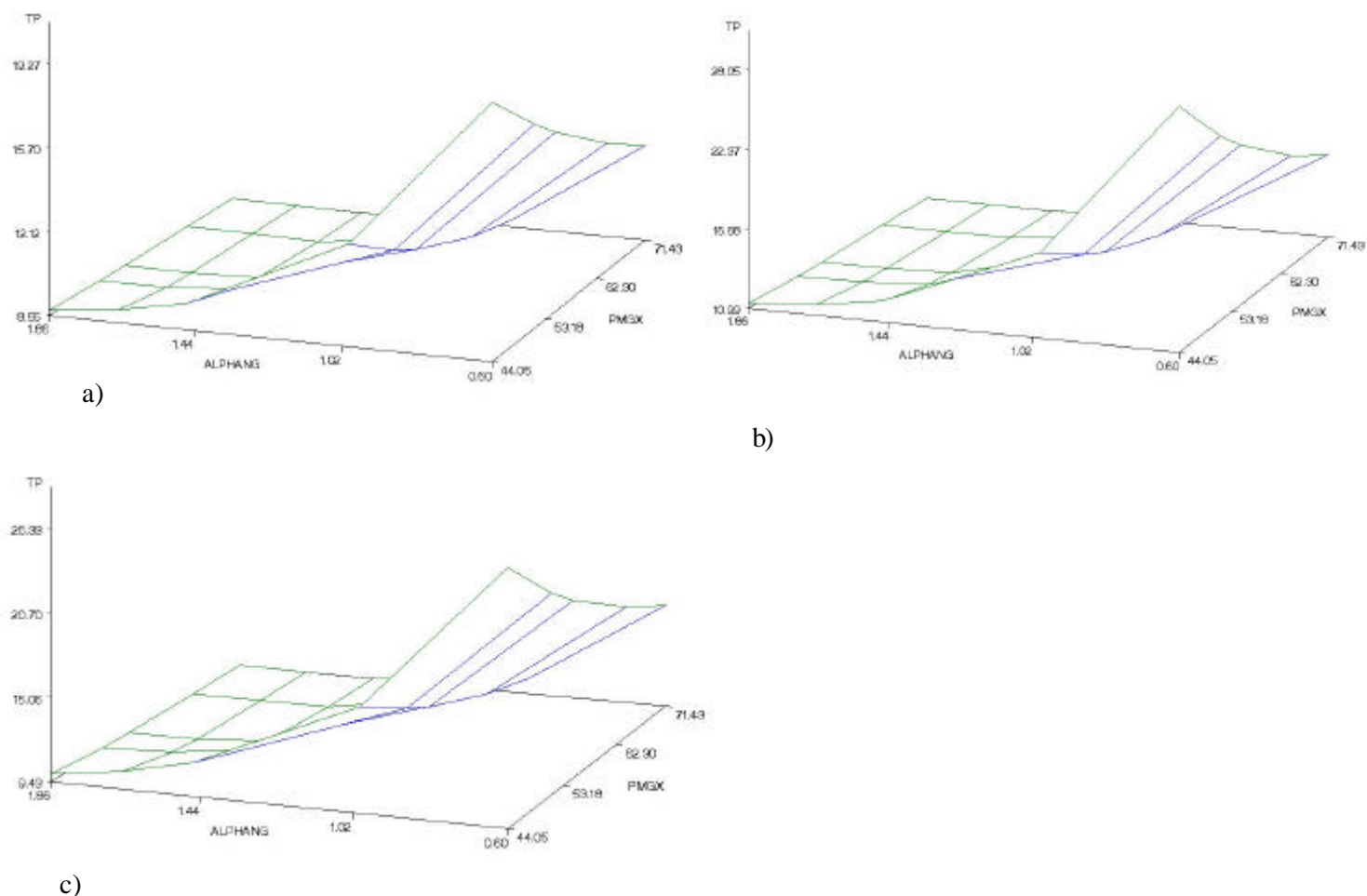


Figure 32 : Variations de la teneur en protéines des grains en fonction des facteurs AlphanG et PMGX pour les environnements CLIN (a), LMIN (b) et SRIN (c).

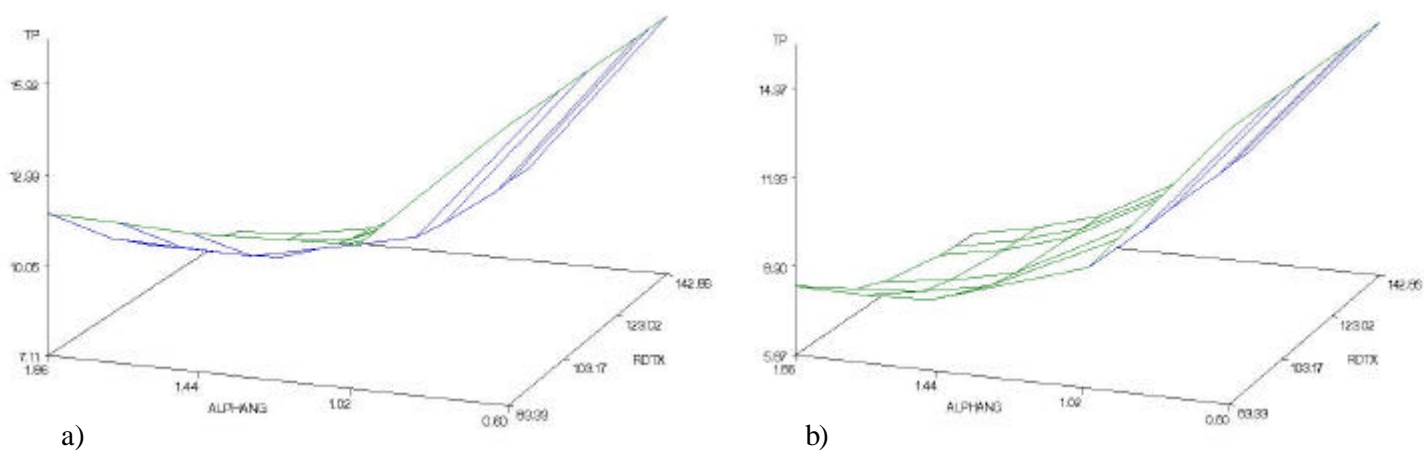


Figure 33 : Variations de la teneur en protéines en fonction des facteurs AlphanG et RDT_x pour les environnements CLIN (a) et CLNR (b).

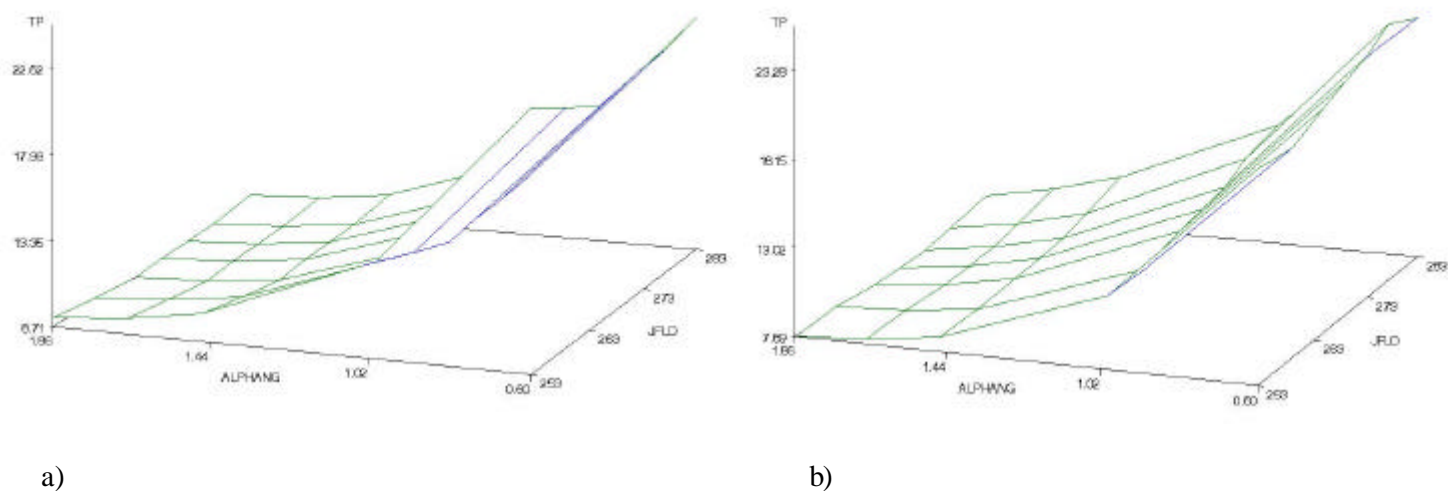


Figure 34 : Variation de la teneur en protéines en fonction des facteurs AlphanG et J_FLO pour les environnements CLIN (a) et CLNR (b).

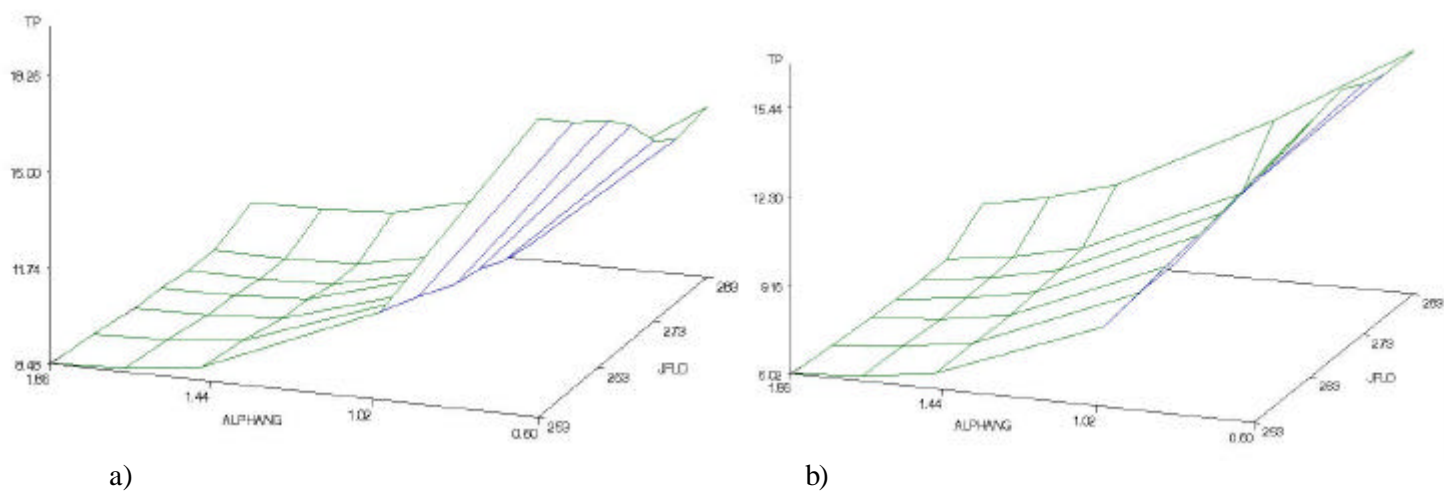


Figure 35 : Variation de la teneur en protéines en fonction des facteurs AlphanG et J_FLO pour les environnements LMNR (a) et SRNR (b).

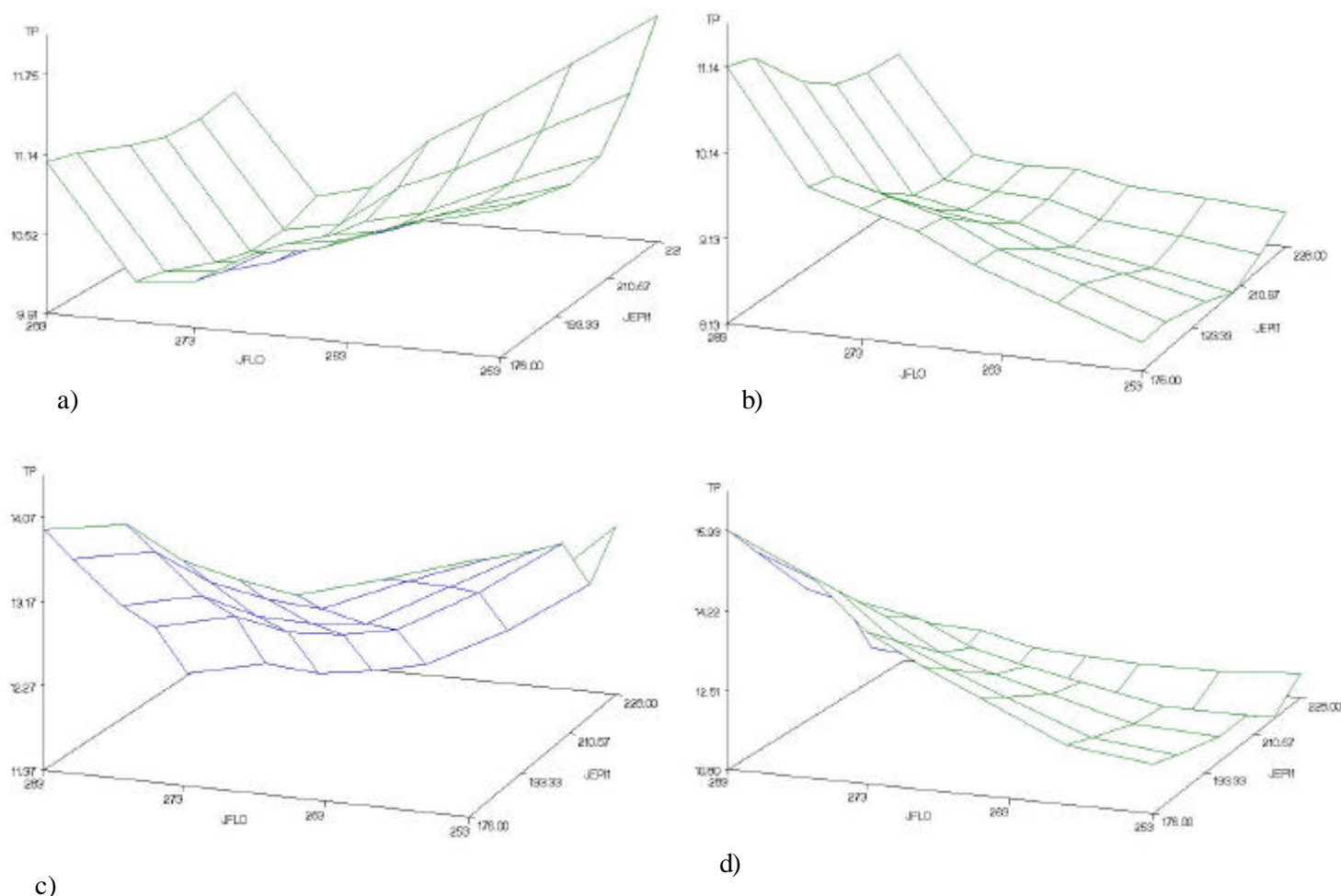


Figure 36 : Variation de la teneur en protéines en fonction des facteurs JFLO et JEIC sur les environnements CLIN (a), CLNR (b), SRIN (c) et SRNR (d).

3.3. Discussion - conclusion

3.3.1. Identification des facteurs d'adaptation

Nous avons montré ici qu'il était possible d'utiliser un modèle de culture pour identifier l'effet des facteurs variétaux, tels que ceux choisis ici sur les variations de critères quantitatifs et qualitatifs pour des conduites et des milieux variés. Une approche similaire avait été réalisée par Asseng *et al.* (2002a) sur le rendement. Les auteurs avaient montré que les coefficients génétiques du modèle utilisé, dont le poids d'un grain maximum et le nombre de grains par g de tige avaient un effet différent sur la gamme des environnements étudiés (très productifs, productifs et faiblement productifs). Les auteurs ont également montré que la combinaison des différents facteurs entre eux permettait d'augmenter significativement le rendement. Par une approche factorielle, nous avons montré dans le cadre de cette étude que les facteurs étudiés avaient pour la plupart un effet différent sur les variations de rendement et de teneur en protéines des grains pour les environnements considérés. On montre ainsi que la précocité à floraison est un facteur déterminant du niveau de rendement pour les environnements où des facteurs limitants hydrique et thermique durant le remplissage sont fréquemment observés, et ce quelque soit le niveau de productivité (Alphang) considéré. De même, le poids maximum d'un grain apparaît comme un facteur d'adaptation majeur dans les environnements avec réduction d'azote, notamment pour le site de Lille. Nous avons montré que la date du stade «épi 1 cm» jouait un rôle non négligeable sur le rendement et la teneur en

protéines, l'influence de ce facteur étant dépendant du site et du traitement considéré. Nous avons également montré que pour les situations intensives, sans facteur limitant azoté, le rendement maximum n'était pas un facteur de variation, mais une limite au potentiel de production. Les principales différences de niveau de rendement et de teneur en protéines résident dans le nombre de grains potentiel (Alphang).

Si Alphang est le facteur qui a le plus de poids sur les variations de rendement et de teneur en protéines des grains, il n'est pas, en soit, un facteur d'adaptation aux conditions particulières des différents environnements testés. Son principal rôle est de fixer le niveau de production du nombre de grain. Il est sûr alors que plus ce niveau est élevé, plus le rendement potentiel sera élevé, qu'il s'agisse des traitements « intensif » ou « azote réduit ». Par contre, les facteurs qui ont une influence plus secondaire sur le rendement et la teneur en protéines des grains, comme J_{FLO} , J_{E1C} ou PMG_X , sont des facteurs d'adaptation aux environnements. Ils permettent, soit de compenser la perte de grain inhérente aux carences azotées, principalement dans le nord (PMG_X), soit de limiter l'impact du potentiel de nombre de grains en réduisant la durée de la période de remplissage (J_{FLO}), soit de jouer sur la phase d'élaboration du nombre de grains (durée de la phase d'interception du rayonnement) et d'absorption de l'azote potentiellement remobilisable (J_{E1C}) qui va ou non correspondre à une période où l'azote minéral sera disponible pour la culture.

3.3.2. Influence des environnements considérés sur l'analyse de sensibilité

Nous avons fait le choix de réaliser l'analyse de sensibilité sur un petit nombre de milieux contrastés, tant par leur pédoclimat que par leur niveau de fertilisation azotée. Cette analyse, sur des environnements contrastés, de l'influence de différents facteurs variétaux sur des caractères quantitatifs avait également été utilisée par Asseng *et al.* (2002a). Pour sa part, Chapman *et al.* (2002) proposent une approche similaire pour des milieux variant par le niveau d'intensité du stress hydrique observé.

Il est apparu clairement que la sensibilité du modèle aux différents facteurs étudiés dépendait directement de l'environnement sur lequel était effectuée l'analyse de variance. C'est le cas notamment de l'effet de la date de floraison sur les variations de rendement et de teneur en protéines, qui a un rôle déterminant sur le site de Clermont-Ferrand, et peu d'effet sur les autres sites.

La réalisation d'un plus grand nombre d'analyses, sur des environnements ayant des caractéristiques pédoclimatiques partiellement semblables permettrait d'affiner l'analyse en identifiant plus précisément les caractéristiques génotypiques qui seraient particulièrement adaptées, non pas à un site donné comme nous l'avons réalisé ici, mais à des caractéristiques climatiques, comme proposé par Chapman *et al.* (2002). Cependant, l'utilisation de ce type de résultats (choix d'une variété adaptée à un environnement donné) suppose de bien connaître *a priori* l'effet des facteurs climatiques sur le fonctionnement de la culture, ainsi que les différents facteurs variétaux susceptibles de jouer sur les relations culture - climat. De plus, il est difficile d'estimer précisément le climat qui existera dans la situation culturale envisagée.

3.3.3. Intérêt d'une approche factorielle dans l'analyse de sensibilité

L'intérêt de l'analyse de variance pour identifier et comparer le poids relatif de chaque paramètre et variable d'entrée sur différentes sorties du modèle de culture est indéniable. La comparaison s'effectue simultanément sur l'ensemble des facteurs, ce qui permet d'identifier clairement les effets principaux et les effets d'interaction des différents facteurs entre eux. Cependant, ce type d'approche n'est réaliste que si le nombre de paramètres à traiter simultanément est faible, car le nombre de combinaisons augmente rapidement. Les méthodes du type régression (Rugé *et al.*, 2002) ou Monte Carlo tentent alors de répondre à ce problème (Naud, 2003).

En plus de l'intérêt pour l'analyse de sensibilité proprement dite, l'approche factorielle, développée ici, permet d'utiliser le modèle comme un outil d'analyse des interactions génotype × environnement en

identifiant les facteurs à l'origine des différences de comportement entre environnements. Elle autorise également, dans un cadre plus prospectif, d'étudier l'effet de différentes combinaisons de facteurs sur le rendement et la teneur en protéines des grains et d'identifier les combinaisons qui permettent de maximiser ces deux composantes simultanément pour des environnements variés.

Tableau 51: % de variation du modèle relatif à chacune des sources de variations considérées (effet principal et interaction du premier ordre) pour le rendement et la teneur en protéines.

Variable	Rendement (q/ha)						Teneur en protéines (%)					
	CLIN	CLNR	LMIN	LMNR	SRIN	SRNR	CLIN	CLNR	LMIN	LMNR	SRIN	SRNR
Alphang	44	54	60	69	74	75	65	78	68	75	76	76
PMG _X	4	8	5	8	7	12	6	9	6	8	8	10
RDT _X	13	3	17	9	6	< 1	8	1	7	2	2	< 1
J _{E1C}	1	< 1	< 1	1	1	1	< 1	1	< 1	2	2	2
J _{FLO}	26	27	2	1	< 1	3	1	3	2	< 1	1	2
MS _{SH}	< 1	< 1	< 1	< 1	1	1	4	2	2	2	2	3
Alphang*PMG _X	2	1	3	1	2	1	6	3	8	6	6	3
Alphang*RDT _X	6	2	8	5	3	< 1	3	1	3	1	1	< 1
Alphang*J _{E1C}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	1	< 1	< 1	1	1	1
Alphang*J _{FLO}	2	2	1	< 1	< 1	< 1	3	1	3	< 1	1	< 1
Alphang*MS _{SH}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	1	< 1	1
PMG _X *RDT _X	1	1	1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
PMG _X *J _{E1C}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
PMG _X *J _{FLO}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	4	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
PMG _X *MS _{SH}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
RDT _X *J _{E1C}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
RDT _X *J _{FLO}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
RDT _X *MS _{SH}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
J _{E1C} *J _{FLO}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	1
J _{E1C} *MS _{SH}	< 1	< 1	< 1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
J _{FLO} *MS _{SH}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
Model (R ² =)	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99

Tableau 52 : % de variation du modèle relatif à chacune des sources de variations considérées (effet principal et interaction du premier ordre) pour la matière sèche et la quantité d'azote absorbée à la récolte.

Variable	Matière sèche récolte (kg/m ²)						Quantité d'azote totale récolte (kg/m ²)					
	CLIN	CLNR	LMIN	LMNR	SRIN	SRNR	CLIN	CLNR	LMIN	LMNR	SRIN	SRNR
Alphang	1	1	2	2	2	2	< 1	< 1	< 1	1	< 1	< 1
PMG _X	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
RDT _X	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
J _{E1C}	15	10	7	5	8	6	13	5	21	17	9	11
J _{FLO}	61	56	73	75	64	65	5	11	15	24	7	12
MS _{SH}	22	33	17	16	25	26	81	83	61	56	80	75
Alphang*PMG _X	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
Alphang*RDT _X	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
Alphang*J _{E1C}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
Alphang*J _{FLO}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
Alphang*MS _{SH}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
PMG _X *RDT _X	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
PMG _X *J _{E1C}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
PMG _X *J _{FLO}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
PMG _X *MS _{SH}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
RDT _X *J _{E1C}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
RDT _X *J _{FLO}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
RDT _X *MS _{SH}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
J _{E1C} *J _{FLO}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
J _{E1C} *MS _{SH}	< 1	< 1	< 1	1	< 1	< 1	1	1	3	1	4	1
J _{FLO} *MS _{SH}	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
Model (R ² =)	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,98	0,98	0,99	0,99	0,99	0,99

Variables	Poids d'un grain (g)						Quantité d'azote d'un grain (g)						Nombre de grains (/m ²)					
	CLIN	CLNR	LMIN	LMNR	SRIN	SRNR	CLIN	CLNR	LMIN	LMNR	SRIN	SRNR	CLIN	CLNR	LMIN	LMNR	SRIN	SRNR
Alphang	28	9	49	32	41	14	73	83	93	92	92	89	91	95	89	93	92	90
PMGX	8	25	13	31	24	65	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	-	-	-	-	-	-
RDTX	9	5	14	13	7	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	-	-	-	-	-	-
JE1C	1	< 1	1	1	2	1	1	1	< 1	3	3	3	3	1	1	2	3	3
JFLO	41	49	5	1	2	1	18	8	5	1	2	1	3	2	8	1	1	3
MSsh	< 1	< 1	< 1	< 1	1	2	1	2	1	2	1	4	1	1	< 1	1	2	3
Alphang*PMGX	7	5	10	10	14	7	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	-	-	-	-	-	-
Alphang*RDTX	3	3	5	7	3	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	-	-	-	-	-	-
Alphang*JE1C	< 1	< 1	< 1	1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	1	1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
Alphang*JFLO	1	2	1	< 1	< 1	3	6	5	1	< 1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
Alphang*MSsh	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	1	< 1	< 1	< 1	1	< 1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
PMGX*RDTX	1	1	1	2	1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	-	-	-	-	-	-
PMGX*JE1C	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	-	-	-	-	-	-
PMGX*JFLO	< 1	1	< 1	< 1	< 1	2	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	-	-	-	-	-	-
PMGX*MSsh	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	-	-	-	-	-	-
RDTX*JE1C	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	-	-	-	-	-	-
RDTX*JFLO	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	-	-	-	-	-	-
RDTX*MSsh	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	-	-	-	-	-	-
JE1C*JFLO	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	1	1
JE1C*MSsh	< 1	< 1	< 1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	1	1	1
JFLO*MSSH	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1	< 1
Model (R²=)	0,98	0,97	0,98	0,96	0,97	0,95	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99

Tableau 53 : % de variation du modèle relatif à chacune des sources de variations considérées (effet principal et interaction du premier ordre) pour le poids d'un grain, la quantité d'azote d'un grain et le nombre de grains par mètre carré.

4. Évaluation du modèle

Dans les deux parties précédentes, nous avons estimé, pour chacun des quatorze génotypes de l'étude, les valeurs des paramètres génotypiques du modèle que l'on suppose responsables de la variabilité du rendement et de la teneur en protéines et montré l'influence des différents paramètres seuls ou en combinaison sur la variabilité du rendement et de la teneur en protéines simulées par le modèle. Notre objectif est maintenant d'évaluer le modèle pour sa capacité à rendre compte du comportement varié des génotypes face aux environnements testés.

Dans les exemples antérieurs sur l'utilisation des modèles de culture pour prévoir les interactions génotype×milieu, l'évaluation de la qualité prédictive du modèle et sa capacité à prévoir les comportements génotypiques observés est rarement réalisée, que l'adaptation des modèles aux génotypes soit basée sur des composantes phénotypiques (Hammer et Vanderlip, 1989) ou génétiques (Chapman *et al.*, 2002; Chapman *et al.*, 2003). Lorsque cette évaluation est réalisée, elle consiste généralement en une comparaison entre les données simulées et observées, pour l'ensemble des conditions testées (Hoogenboom et White, 2003 ; Hoogenboom *et al.*, 1997 ; White et Hoogenboom, 1996). Les auteurs font alors l'hypothèse implicite que la capacité du modèle à rendre compte du comportement des génotypes est liée à sa capacité prédictive et réduisent l'évaluation du modèle à cette dernière.

Dans notre étude, l'estimation des paramètres génotypiques du modèle a deux objectifs : (i) diminuer les erreurs de prédiction dues à la part «génotypique» de la réponse de la culture à l'environnement jusqu'alors rarement prise en compte dans les modèles de culture dynamiques et (ii) rendre compte des différences entre génotypes de comportement moyen et local pour des environnements variés. Cette étape devrait aider à choisir à l'aide du modèle, les génotypes répondant le mieux aux objectifs des différents utilisateurs impliqués dans le choix variétal au sein de la filière blé. Comme l'ont montré David *et al.* (2004 (sous presse)) sur l'exemple de l'utilisation de modèles de culture pour gérer la fertilisation azotée du blé, la capacité du modèle à prendre de bonnes décisions (choix des stratégies de fertilisation répondant le mieux aux objectifs des acteurs, dans l'exemple cité) n'implique pas nécessairement que le modèle ait une très bonne qualité prédictive. Il est donc nécessaire de réaliser les deux types d'évaluation, qui reposent alors sur des méthodes et des critères d'évaluation différents. Comme le montre une analyse des attentes des différents utilisateurs de variétés de l'évaluation variétale (Cazenave et Ferté, 2003), les informations attendues sur les génotypes sont très variées selon l'acteur auquel on s'adresse (sélectionneur, producteur, industriel), et selon l'étape de la vie de la variété à laquelle on s'intéresse (phase de sélection, pré-inscription, post-inscription). Nous considérerons ici deux types d'information que pourraient apporter les modèles de culture sur le comportement génotypique :

(1) L'information à laquelle on souhaite avoir accès est une information d'ordre général sur le comportement des génotypes, seuls ou relativement à d'autres. Cette connaissance correspond au classement des génotypes réalisé par le CTPS²², lors des phases d'inscription des variétés, où la performance moyenne d'une variété proposée est comparée à celle de témoins déjà connus. On cherche alors à quantifier la performance moyenne du génotype en terme de rendement et de teneur en protéines des grains sur un grand nombre de milieux dans le but de couvrir la gamme de production agricole correspondant à l'aire de culture visée pour le génotype proposé. Plusieurs acteurs de la filière sont également intéressés par la connaissance *a priori* de la stabilité du génotype sur chacune de ces deux variables dans des environnements variés. D'une part, les sélectionneurs cherchent à avoir l'adaptabilité la plus large possible pour leurs génotypes, c'est-à-

²² CTPS : Comité Technique Permanent de la Sélection végétale

dire qu'ils recherchent un niveau élevé et peu variable de leurs performances, dans une large gamme de milieux, pour viser une aire de culture très large. D'autre part, les utilisateurs tels que les meuniers, qui ne peuvent pas tester chaque année la capacité de nombreuses variétés à être incorporées dans des mélanges destinés à la fabrication de farines, souhaitent avoir des informations sur la variabilité entre lieux et entre années de la qualité des différentes variétés cultivées (Cazenave et Ferté, 2003). On s'intéresse dans ce cas à l'adaptation générale du génotype aux environnements dans lesquels il est testé, au sens donné par Gallais (1992a).

(2) Des informations relatives à la variabilité du comportement du génotype au sein de son domaine de culture. Cette information d'ordre plus local, intéresse plus généralement les producteurs et les multiplicateurs, qui doivent choisir les variétés les mieux adaptées à leurs conditions locales de production (pédoclimatiques en particulier). On cherche à quantifier non pas la réponse moyenne du génotype à une large gamme de conditions, mais la capacité du génotype à être plus performant que les autres dans un environnement donné, que l'on est capable de caractériser (par exemple un milieu à haut risque de stress hydrique pendant la montaison). On vise alors à caractériser l'adaptation spécifique du génotype (Gallais, 1992a).

Dans ce chapitre, nous avons, dans un premier temps, évalué la qualité prédictive du modèle pour le rendement et la teneur en protéines, ainsi que pour quelques variables intermédiaires.

Nous avons choisi d'évaluer le modèle sur différentes variables comprenant les variables de sortie du modèle (rendement et teneur en protéines) et des variables intermédiaires (nombre de grains, poids de mille grains, matière sèche aérienne totale, quantité d'azote totale et quantité d'azote des grains). Ces dernières nous permettront d'interpréter les éventuels dysfonctionnements du modèle. Nous chercherons également à identifier les différentes origines de l'erreur de prédiction du modèle. Au cours de ce travail, nous prendrons en compte le fait que certains environnements du réseau d'essais sont caractérisés par des facteurs limitants qui sont mal ou pas pris en compte par le modèle (notamment le stress hydrique et les maladies).

Nous avons, ensuite, analysé l'intérêt du paramétrage variétal pour améliorer cette qualité prédictive.

Nous avons, enfin, évalué la capacité du modèle à rendre compte du comportement variétal à travers les classements des différents génotypes dans chaque environnement du réseau d'essais.

Le choix d'évaluer le modèle sur des critères autres que la qualité de prédiction des variables de sortie ou des variables intermédiaires nous amène à définir des critères d'évaluation différents de ceux habituellement utilisés. Ces différents critères sont présentés et définis dans la suite de ce travail.

4.1. Méthodes d'évaluation

La comparaison des variables de sortie ou des variables intermédiaires simulées par le modèle avec les valeurs de ces mêmes variables observées, est souvent analysée en comparant la corrélation entre les valeurs simulées et les valeurs mesurées à la première bissectrice (Landau *et al.*, 1998). Les travaux de Mitchell (1997) ont montré que cette approche n'est pas nécessairement pertinente dans le cas des modèles de culture. Une valeur de coefficient de corrélation proche de 1 n'est pas suffisante, à elle seule, pour indiquer que le modèle donne de bons résultats. Il est nécessaire de considérer à la fois le biais et le coefficient de corrélation (Wallach, 2002). Dans ce cas, les hypothèses statistiques sur l'ordonnée à l'origine (biais) et la pente des droites de régression sont généralement difficiles à vérifier (Mitchell, 1997).

4.1.1. Critère d'évaluation général

Le critère proposé par Wallach et Goffinet pour évaluer la qualité prédictive d'un modèle de culture est la MSEP²³ estimée comme suit (Wallach et Goffinet, 1987) :

$$MS\hat{E}P = (1/N) \times \sum (Dn)^2 \quad [49]$$

$$Dn = \hat{Y}_n - X_n \quad [50]$$

où n représente la situation considérée (N = nombre total de situations simulées), \hat{Y}_n la valeur simulée de la variable pour la situation n et X_n la valeur de la variable observée pour la situation n.

La racine carré de la MSEP (RMSEP²⁴) est une mesure de l'erreur du modèle, exprimée dans les mêmes unités que la variable analysée. Elle est estimée par :

$$RMSEP = \sqrt{MSEP} \quad [51]$$

4.1.2. Comparaison des performances du modèle à un modèle de référence : qualité prédictive avec et sans paramétrage variétal.

Il n'est pas aisé de juger un modèle sur la simple valeur de sa MSEP, car on ne dispose généralement pas de référence de valeur seuil en deçà de laquelle la MSEP du modèle est jugée faible, et donc la qualité prédictive jugée bonne. Une première méthode consiste à comparer le ratio entre la RMSEP et la moyenne des valeurs observées (appelé RRMSEP) à l'écart type des valeurs observées, entre situations. Une deuxième méthode consiste à comparer la qualité prédictive du modèle à la qualité prédictive d'un modèle de référence dont on peut facilement calculer une MSEP pour une variable donnée. Le modèle de référence le plus simple est le modèle qui utilise la valeur moyenne des observations. La valeur du modèle moyen peut être estimée sur l'ensemble des situations sur lesquelles le modèle est évalué (Husson *et al.*, 1998), par validation croisée telle que la valeur du modèle moyen soit estimée sur l'ensemble des situations excepté celle considérée, ou pour une population indépendante de la population étudiée (Colson *et al.*, 1995b).

Afin d'évaluer la qualité prédictive du modèle sur les différents essais considérés, nous avons comparé la qualité de prédiction du modèle ajusté aux différents génotypes à l'erreur de prédiction du modèle moyen. Nous avons pour chaque cas estimé l'erreur de prédiction du modèle moyen telle que :

$$MS\hat{E}P_{moy} = \sum_{eg} (Y_{eg} - \hat{\mu}_g(-e))^2 / E \quad [52]$$

où Y_{eg} représente la valeur de la variable Y dans l'environnement e pour la variété g, E le nombre total d'environnements et $\hat{\mu}_g(-e)$, la moyenne des observations sur l'ensemble des situations, exceptée la situation e sur laquelle le modèle est évalué.

Le rapport RP_m est estimé comme le rapport des MSEP du modèle Azodyn aux MSEP²⁵ du modèle moyen pour l'ensemble des variables d'intérêt et des variables intermédiaires choisies. Plus la valeur de ce rapport est supérieure à 1, plus la pertinence du modèle sur le réseau d'essais est faible.

²³ MSEP : Mean Squared Error of Prédiction

²⁴ RMSEP : Root Mean Squared Error of Prédiction

²⁵ MSE : Mean Squared Error, erreur quadratique moyenne

Nous avons également évalué l'intérêt du paramétrage variétal du modèle, en comparant la qualité de prédiction du modèle ajusté aux différents génotypes à la qualité de prédiction du modèle sans paramétrage variétal, c'est-à-dire le modèle ajusté au génotype Soissons. L'erreur de prédiction du modèle sans ajustement variétal a été estimée telle que :

$$MS\hat{E}P_{ssajus} = \frac{\sum_{eg} (Y_{eg} - \bar{Y}_e(soi))^2}{E} \quad [53]$$

Avec Y_{eg} la valeur de la variable Y dans l'environnement e pour le génotype g, $\bar{Y}_e(soi)$ la prédiction du modèle pour la variable Y dans l'environnement e pour le génotype Soissons et E le nombre d'environnements étudiés.

Le rapport des MSEP des deux modèles définit un indice de qualité de prédiction (RP_i) comme précédemment pour RP_m .

4.1.3. Biais et Variance : décomposition de la MSE

Des valeurs élevées de MSEP signifient que le modèle réalise d'importantes erreurs de simulation. Dans le but de comprendre l'origine de ces erreurs et de proposer des solutions efficaces pour les réduire, il est possible de décomposer l'erreur du modèle en deux composantes (Kobayashi et Us Salam, 2000 ; Wallach et Goffinet, 1987) :

$$MSE = (\bar{x} - \bar{y})^2 + \frac{1}{n} \sum_{n=1}^n [(x_n - \bar{x}) - (y_n - \bar{y})]^2 \quad [54]$$

où \bar{x} et \bar{y} représentent les moyennes des x_n observations et des y_n simulations et n la situation considérée ($n = 1, 2, \dots, N$).

Le premier terme de l'équation 54 représente le biais du modèle (SB), c'est-à-dire la tendance du modèle à systématiquement surestimer ou sous-estimer les valeurs d'une variable :

$$SB = (\bar{x} - \bar{y})^2 \quad [55]$$

où \bar{x} et \bar{y} représentent les moyennes des x_n observations et des y_n simulations.

Le second terme de l'équation représente la différence entre les simulations et les mesures, compte tenu de la variation autour de la moyenne. Ce terme encore appelé MSV^{26} , représente la capacité du modèle à rendre compte de la variabilité des valeurs autour de la moyenne. La MSV est estimée par :

$$MSV = \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N [(x_n - \bar{x}) - (y_n - \bar{y})]^2 \quad [56]$$

où \bar{x} et \bar{y} représentent les moyennes des x_n observations et des y_n simulations ; x_n et y_n les valeurs observées et simulées pour la situation n et N le nombre de situations considérées ($n = 1, 2, \dots, N$).

La MSV peut également être décomposée en deux parties : une partie représentative de l'écart type de simulation SDs et une partie représentative de l'écart type des observations SDm. A partir de ces deux mesures, on peut estimer un coefficient de corrélation entre simulations et observations r, calculé comme suit :

²⁶ MSV : Mean Squared Variation

$$SDs = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{n=1}^n (xn - \bar{x})^2} \quad [57]$$

$$SDm = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{n=1}^n (yn - \bar{y})^2} \quad [58]$$

$$r = \left[\frac{1}{N} \sum_{n=1}^n [(xn - \bar{x}) \times (yn - \bar{y})] \right] / (SDm \times SDs) \quad [59]$$

où SDs représente l'écart type des simulations ; SDm l'écart type des observations et r le coefficient de corrélation entre les valeurs observées et simulées. Les autres variables sont définies comme précédemment.

On peut réécrire la MSV comme la composante de ces différents termes suivant :

$$MSV = (SDs - SDm)^2 + 2SDs \times SDm \times (1 - r) \quad [60]$$

Le premier terme [$SDSD = (SDs - SDm)^2$], représente la différence d'amplitude de variation entre simulations et observations. Plus la valeur de SDSD est élevée, plus le modèle a des difficultés à simuler l'amplitude des variations existant entre les I valeurs mesurées. Le second terme de l'équation représente essentiellement l'absence de corrélation positive pondérée par les écart-types, [$LCS = 2SDs \times SDm \times (1 - r)$]. Plus la valeur de LCS est élevée, plus le modèle a des difficultés à simuler le type de variations pour l'ensemble des N mesures.

L'erreur de simulation MSE peut donc s'écrire comme la somme des différentes composantes décrites précédemment :

$$\underline{MSE = SB + SDSD + LCS} \quad [61]$$

4.1.4. Classement des variétés

Notre objectif est d'évaluer la capacité du modèle à reproduire les interactions génotype \times environnement, c'est-à-dire les classements des différents génotypes sur les environnements retenus pour l'évaluation.

Afin de ne pas attribuer deux rangs différents à deux génotypes ayant des valeurs très proches pour la variable considérée (rendement ou teneur en protéines), il est nécessaire de définir un seuil de rendement et de teneur en protéines en deçà duquel on considère que deux génotypes auront le même rang. Les seuils ont été définis par rapport aux erreurs de prédiction des modèles d'analyse de variance avec interactions qui ont été réalisés sur le réseau d'essais pour les environnements et variables considérés (partie 1 de ce chapitre). Ils correspondent à 5 q/ha pour le rendement et 0.4 point de protéines. Nous avons dans un premier temps testé l'égalité des classements observés et simulés des différents génotypes pour chaque environnement pris individuellement. La comparaison a été réalisée en utilisant le test de rang de Spearman, comme proposé par David *et al.* (2004 (sous presse)), qui permet de comparer les classements observés et simulés. Le coefficient de corrélation est compris entre 1 (classements identiques) et -1 (classements inverses).

Dans un deuxième temps, nous avons également comparé pour chaque génotype la fréquence simulée et observée de présence du génotype dans chaque rang de classement, sur l'ensemble des environnements.

4.2. Application à Azodyn

L'évaluation du modèle pour les différentes utilisations proposées précédemment est réalisée sur une base de données *a priori* indépendante de celle utilisée pour le paramétrage. Les seules données communes aux étapes de paramétrage du modèle et d'évaluation sont celles utilisées dans l'estimation des paramètres PMG_x et RDT_x . Mais, cette courbe était établie sur une base de données plus large que celle du seul réseau d'essais pour la plupart des variétés. De plus, les paramètres de la courbe enveloppe dépendent d'un petit nombre de situations du réseau (celles qui sont au potentiel). On peut donc considérer que les deux bases de données sont indépendantes.

4.2.1. Base de données considérée

Nous avons réalisé, pour chacun des quatorze génotypes une simulation de leur comportement sur l'ensemble des traitements «in» (intensif) et «nr» (fertilisation azotée sous-optimale) sur l'ensemble des sites du réseau d'essais multilocal (décrit dans le chapitre 3). L'effet des maladies sur le fonctionnement de la culture n'étant pas intégré dans le modèle, les situations sans protection fongicide n'ont pas été considérées ici.

Les valeurs de matière sèche à la sortie hiver, les dates de stade «épi 1 cm», floraison et les valeurs de reliquat d'azote minéral dans le sol à la sortie hiver utilisées dans les simulations du modèle sont celles mesurées sur les différents sites pour chacun des génotypes (ce sont des variables d'initialisation du modèle). Les valeurs des différentes variables d'entrée relatives aux différentes conditions définies par un couple site \times années, ainsi que les valeurs des matières sèches sortie-hiver, date des stades «épi 1cm» et floraison des différents génotypes sont décrites en **annexe 8**.

4.2.2. Evaluation générale du modèle et intérêt du paramétrage variétal

Nous avons choisi dans un premier temps d'évaluer le modèle pour sa qualité de prédiction sur le rendement et la teneur en protéines bien sûr, mais également pour des variables intermédiaires telles que le nombre de grains, la matière sèche et la quantité d'azote des parties aériennes à la récolte ainsi que la quantité d'azote des grains. Cette première évaluation devrait nous permettre d'identifier les environnements pour lesquels le modèle donne de bonnes prédictions et les variables intermédiaires qui sont à l'origine des erreurs dans les autres situations. Dans un deuxième temps, nous évaluerons l'intérêt de prendre en compte un effet du génotype sur les paramètres du modèle. Nous quantifierons le gain de précision observé en ajustant les paramètres du modèle à chaque génotype, par rapport au modèle dont les paramètres initiaux (déterminés sur Soissons) sont conservés pour les simulations de tous les génotypes. En effet, l'acquisition des paramètres génotypiques induit un travail supplémentaire, assorti d'un coût expérimental, il serait donc difficile de justifier la nécessité d'un paramétrage variétal si celui-ci ne permettait pas d'augmenter la qualité de prédiction du modèle, surtout si l'utilisation du modèle est axée sur la prédiction des valeurs du rendement et de la teneur en protéines.

- Evaluation générale

Le **tableau 54** regroupe les valeurs moyennes observées et simulées pour les deux variables de sortie du modèle (rendement et teneur en protéines des grains à la récolte), et cinq variables intermédiaires. La qualité de prédiction du modèle pour la teneur en azote des parties aériennes et le poids moyen d'un grain est globalement satisfaisante (valeurs moyennes simulées proches et erreurs moyennes de prédiction de respectivement 31 kg/ha et 5mg/grain). En revanche, pour les autres variables, l'erreur de prédiction du modèle est assez élevée comme en attestent les fortes valeurs de RMSEP, de RRMSEP et les différences entre valeurs moyennes observées et simulées.

La comparaison de l'erreur de prédiction d'Azodyn à l'erreur de prédiction du modèle moyen (rapport RP_m) indique que, malgré des erreurs relatives (RRMSEP) importantes, le modèle reste plus pertinent que le modèle moyen sur l'ensemble du réseau ($RP_m \leq 1,00$), pour la prédiction du rendement, de la quantité d'azote aérienne, de la quantité d'azote des grains et du nombre de grains. En revanche, la qualité de prédiction de la matière sèche aérienne de la culture, du poids moyen d'un grain et de la teneur en protéines des grains à la récolte est plus faible que la qualité de prédiction du modèle moyen ($RP_m \geq 1,00$).

On peut émettre des hypothèses sur les sources d'erreur pour le rendement et la teneur en protéines des grains. On constate en premier lieu que le modèle surestime les valeurs de rendement. Cette surestimation est liée à la fois à une surestimation du nombre de grains par mètre carré et à une surestimation du poids de mille grains. L'analyse de la qualité de prédiction du modèle pour la matière sèche aérienne de la culture à la récolte indique que le modèle surestime également cette variable. L'erreur du modèle pour le poids de mille grains est sans doute due à une mauvaise prise en compte de facteurs qui interviennent sur les processus de production de biomasse au cours du remplissage. On constate également que le modèle sous-estime globalement la quantité d'azote des grains (biais observé - simulé = 20 kg/m²). La teneur en protéines des grains dans le modèle est estimée à partir du rapport entre la quantité d'azote des grains et la matière sèche des grains (surestimée), il n'est pas étonnant d'observer que l'on sous-estime globalement la teneur en protéines (biais de -2,8 g/100gMS).

Tableau 54 : Estimation de la qualité prédictive du modèle sur l'ensemble des environnements considérés. La qualité prédictive du modèle est représentée par : les valeurs moyennes observées et simulées, l'erreur moyenne de prédiction (RMSEP), l'erreur relative de prédiction (RRMSEP), le biais estimé comme la différence des moyennes observées et simulées et le rapport des MSE de Azodyn et du modèle moyen.

Variable		unité	Moyenne obs.	Moyenne sim.	RMSE	RRMSE	Biais	RP_m
					(unité)	(unité)		
MS	Matière sèche aérienne	kg/m ²	16485	20160	4726	29	-3675	2,10
QN	Quantité d'azote aérienne	kg/m ²	192	192	31	16	0	0,38
RDT	Rendement	q/ha	76	88	18	23	-12	0,95
QNG	Quantité d'azote des grains	kg/m ²	149	129	33	22	20	0,70
NGM ²	Nombre de grains	grains/m ²	19784	21272	3918	20	-1488	0,74
P1G	Poids moyen d'un grain	mg/grain	39	42	6	15	-3	1,47
TP	Teneur en protéines	g/g MS	11	8	2,8	28	3	4,70

Afin d'identifier les différentes sources d'erreur du modèle à maturité, nous avons décomposé la MSEP de chaque variable comme décrit par l'équation 20 (**figure 37**). Pour l'ensemble des variables, la contribution de SDSD à l'erreur de prédiction du modèle est faible, ce qui signifie que le modèle rend *a priori* bien compte des gammes de variation observées pour l'ensemble des variables. Pour quatre des sept variables, la décomposition de la MSEP indique une forte contribution du biais à l'erreur du modèle : plus de 50% de la MSEP pour les variables MS et TP et plus de 40% pour les variables RDT et P1G. La part de l'erreur du modèle liée à la répartition des points autour de la première bissectrice (LCS) est soit faible (MS et TP), soit équivalente au biais au carré (RDT et P1G), soit représente la principale source d'erreur du modèle (NGM² et QN).

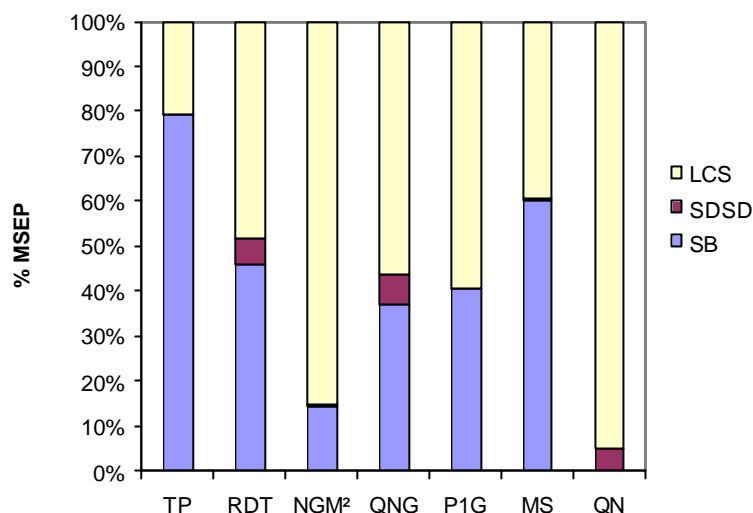


Figure 37 : Représentation des différentes sources d’erreur du modèle, calculées sur l’ensemble des situations (14 génotypes et 21 environnements) pour la teneur en protéines (TP), le rendement (RDT), le nombre de grains (NGM²), la quantité d’azote des grains (QNG), le poids d’un grain (P1G), matière sèche totale de la culture (MS) et la quantité d’azote aérienne (QN).

La comparaison des valeurs observées et simulées pour le rendement, la teneur en protéines et le nombre de grains par m² permet d’illustrer les résultats obtenus par décomposition de la MSE. Dans le cas du rendement (**figure 38a**), le modèle sous-estime les valeurs élevées observées sur la station du Moulon (valeurs observées supérieures aux potentiels de rendement maximum des différents génotypes), tandis que, dans la majorité des cas, il a tendance à surestimer les rendements, ce qui explique la valeur élevée du biais calculé.

Dans le cas de la teneur en protéines, la principale source d’erreur du modèle, identifiée comme étant un biais par la décomposition de la MSE, réside dans une sous-estimation systématique du modèle pour cette variable (**figure 38b**). Les mesures réalisées précédemment sur la quantité d’azote d’un grain et le poids moyen d’un grain avaient montré que l’erreur sur la teneur en protéines était liée à des erreurs sur ces deux variables. Le biais du modèle avait mis en évidence une tendance à surestimer les valeurs de poids d’un grain. Cette tendance est confirmée sur la **figure 38d**. Enfin la comparaison des valeurs observées et simulées pour le nombre de grains par m² indique que la dispersion des points autour de la première bissectrice va dépendre à la fois de l’environnement et du génotype (**figure 38c**).

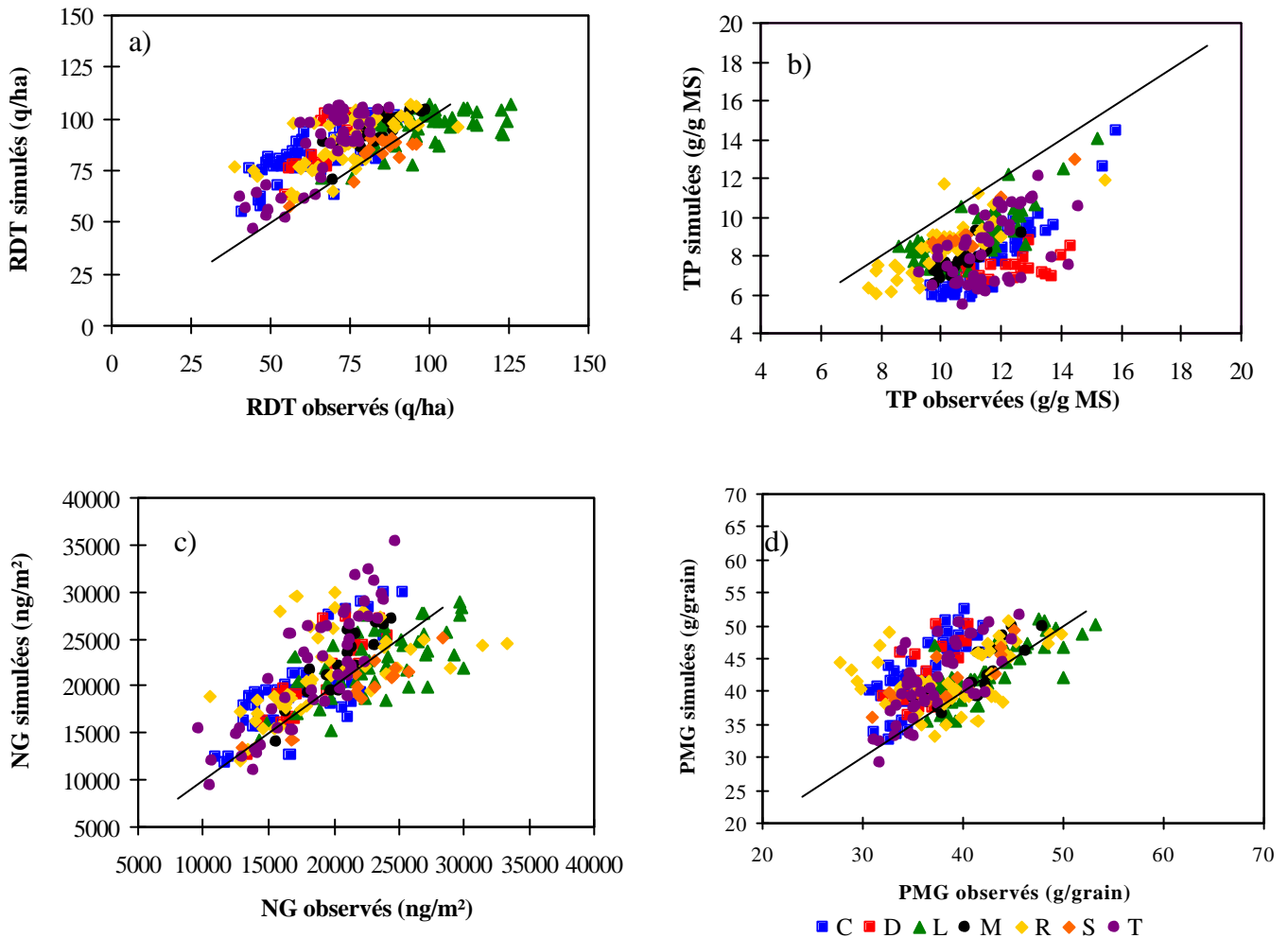


Figure 38 : Comparaison des valeurs observées et simulées pour le rendement (a), la teneur en protéines (b) le nombre de grains par m² et le poids de mille grains (d), en fonction de la station d'essai. (C=Clermont-Ferrand, D=Dijon, L= Le Moulon, M = Mons, R = Rennes, S = Serasem, T = Toulouse).

Pour aller plus loin dans l'analyse, nous avons cherché à savoir si la contribution de chaque milieu à l'erreur du modèle était équivalente ou si, en d'autres termes, l'erreur globale du modèle présentée précédemment était principalement due à certains milieux en particulier. L'erreur de prédiction du modèle pour le rendement et la teneur en protéines des grains a donc été estimée pour chaque environnement et les MSEP décomposées suivant les différents termes définis dans l'équation 61. Les résultats sont présentés dans les figures 39 et 40.

On observe que globalement les milieux pour lesquels les erreurs de prédiction du rendement et de la teneur en protéines des grains sont élevées correspondent à des milieux caractérisés par un stress hydrique de fin de cycle ou des maladies mal contrôlées (voir partie 1 de ce chapitre). Dans ces environnements, l'erreur est majoritairement liée à un biais systématique du modèle. Cette source d'erreur diminue avec l'augmentation de la qualité prédictive du modèle, particulièrement pour le rendement.

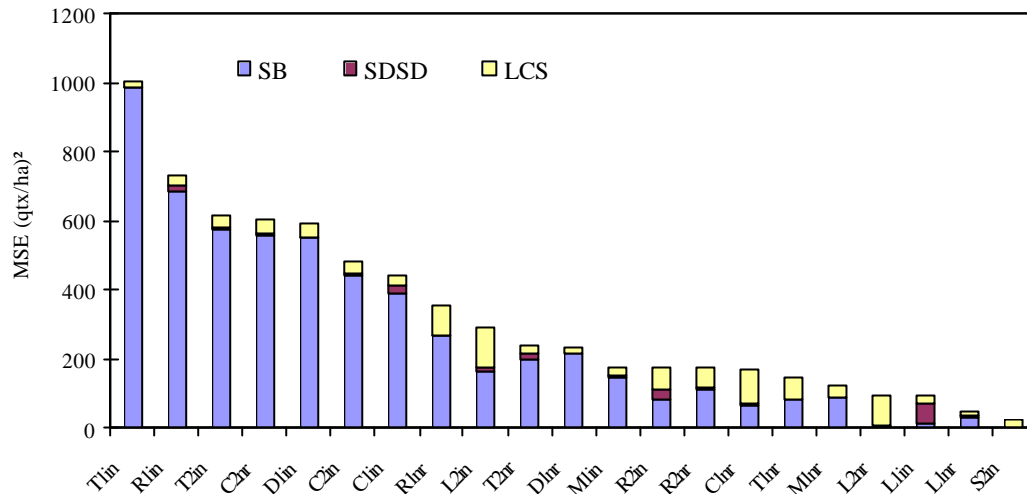


Figure 39 : Décomposition de la MSEP du modèle pour le rendement dans chaque environnement du réseau d'essais. Les différents environnements sont codés suivant la station (C=Clermont-Ferrand, D= Dijon, L=Le Moulon, M=Mons, R=Rennes, S=Lille et T=Toulouse), l'année expérimentale (1 = 2001, 2 = 2002) et le traitement (in = conduite intensive et nr=conduite avec réduction d'azote).

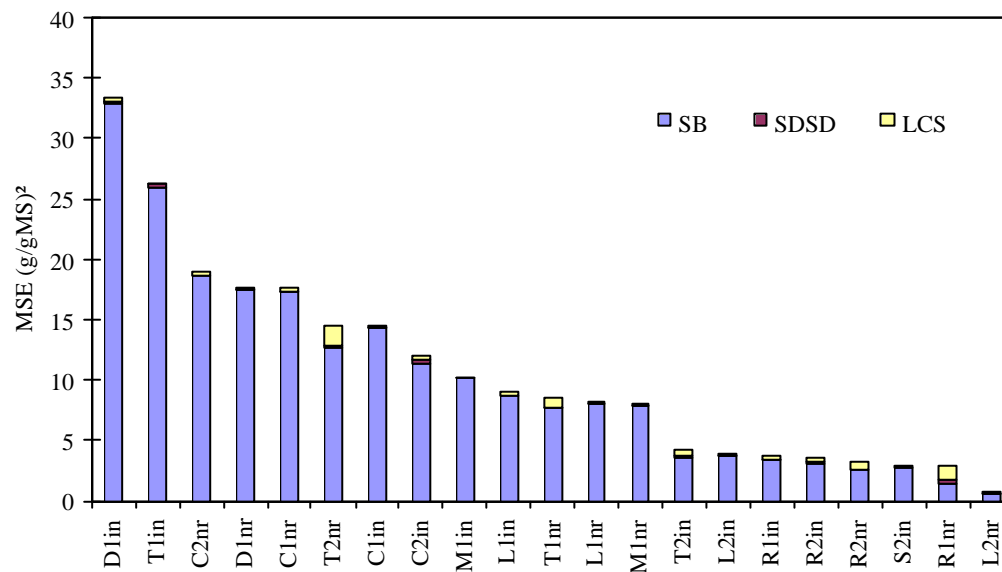


Figure 40 : Décomposition de la MSEP du modèle pour la teneur en protéines des grains dans chaque environnement du réseau d'essais. Les différents environnements sont codés suivant la station (C=Clermont-Ferrand, D= Dijon, L=Le Moulon, M=Mons, R=Rennes, S=Lille et T=Toulouse), l'année expérimentale (1 = 2001, 2 = 2002) et le traitement (in = conduite intensive et nr=conduite avec réduction d'azote).

Nous avons estimé la qualité prédictive du modèle pour deux groupes d'environnements :

- les environnements pour lesquels le diagnostic agronomique avait mis en évidence des facteurs limitants du rendement qui ne sont pas pris en compte dans le modèle (stress hydrique et maladies) (**tableau 55**).
- Les environnements dans la gamme de validité du modèle, le diagnostic agronomique n'ayant pas identifié de facteur limitant de type hydrique ou pathogène (**tableau 56**).

Les résultats de ces évaluations sont présentés dans les **tableaux 56 et 57** pour les variables de sortie et les variables intermédiaires auxquelles nous nous sommes intéressés. Les graphiques de comparaison des valeurs observées et simulées sont présentés en **annexe 9**.

Tableau 55 : Erreur de prédiction du modèle pour le rendement (RMSE RDT) et la teneur en protéines des grains (RMSE TP) sur chacun des environnements du réseau d'essais en relation avec la présence de facteurs limitants qui ne sont pas pris en compte dans les formalismes du modèle, stress hydrique et maladie.

Environnement	RMSEP RDT (q/ha)	RMSEP TP (g/100gMS)	FL hydrique flo- laiteux	Maladies
C1in	21,0	3,8	Oui	Oui
C1nr	13,0	4,2	Oui	Oui
C2in	22,0	3,5	Oui	
C2nr	24,5	4,3	Oui	
D1in	24,3	5,2	Oui	Oui
D1nr	15,3	4,2	Oui	Oui
L1in	9,7	3,1		
L1nr	6,7	2,9		
L2in	17,1	2,0		
L2nr	9,8	0,9		
M1in	13,3	3,2		
M1nr	11,1	2,8		
R1in	27,0	1,9	Oui	
R1nr	18,9	1,7	Oui	
R2in	13,3	1,9	Oui	
R2nr	13,2	1,8	Oui	
S2in	5,2	1,7		
T1in	31,7	5,1	Oui	Oui
T1nr	12,1	2,9	Oui	Oui
T2in	24,9	2,0	Oui	
T2nr	15,4	3,8	Oui	

La restriction de l'évaluation de la qualité prédictive du modèle aux seuls environnements de sa gamme de validité réduit significativement les erreurs de prédiction observées sur l'ensemble des variables, excepté la quantité d'azote des grains (RRMSEP = 23,6 % dans la gamme de validité et 19,85 % hors de la gamme de validité). L'erreur sur la quantité d'azote des grains peut être en partie expliquée par une tendance du modèle à anticiper la maturité physiologique de la culture (de 1 semaine à 15 jours) et donc à sous-estimer la quantité d'azote remobilisée vers les grains (RRMSEP = 45,5 % dans la gamme de validité et 59,7 % hors de la gamme de validité).

Tableau 56 : Qualité prédictive du modèle Azodyn estimée à partir des valeurs d'erreur de prédiction moyenne (RMSEP) et relative (RRMSEP) pour les environnements de la gamme de validité du modèle sur chacune des variables étudiées (L1in, L1nr, L2in, L2nr, M1in, M1nr, S2in).

Variable	RDT	TP	NGM ²	PMG	QNG	MS	QN
RMSEP	11,2	2,2	2894,6	3,2	42,0	2680,5	26,9
RRMSEP	12,1	21,2	12,9	7,7	23,6	14,7	11,9
Biais (moyenne observée – moyenne simulée)	-0,9	2,2	370,9	-1,3	35,5	-1450,3	15,7
Unités	(q/ha)	(g/100gMS)	(NG/m ²)	(g)	(kg/ha)	(Kg/ha)	(kg/ha)

Tableau 57 : Qualité prédictive du modèle Azodyn estimée à partir des valeurs d'erreur de prédiction moyenne (RMSEP) et relative (RRMSEP) pour les environnements hors de la gamme de validité du modèle sur chacune des variables étudiées (C1in, C1nr, C2in, C2nr, D1in, D1nr, R1in, R1nr, R2in, R2nr, T1in, T1nr, T2in, T2nr).

Variable	RDT	TP	NGM ²	PMG	QNG	MS	QN
RMSEP	20.49	3.52	4340.66	6.60	26.62	5469.66	33.31
RRMSEP	30.08	31.24	23.52	17.67	19.85	35.01	18.97
Biais (moyenne observée – moyenne simulée)	-17.81	3.17	-2418.19	-4.81	12.02	-4786.98	-6.82
Unités	(q/ha)	(g/100gMS)	(NG/m ²)	(g)	(kg/ha)	(Kg/ha)	(kg/ha)

Nous avons également voulu évaluer la capacité du modèle à rendre compte des performances moyennes et de la stabilité des différents génotypes du réseau d'essais. Les moyennes génotypiques ont été estimées sur l'ensemble des environnements considérés. Les variances environnementales pour chaque génotype ont été estimées suivant l'équation 38. Le tableau 58 présente les moyennes et les variances environnementales des différents génotypes pour la teneur en protéines et le rendement.

Le modèle a tendance à surestimer les valeurs moyennes de rendement et à sous-estimer les valeurs moyennes de teneur en protéines. Ces tendances du modèle ont été décrites plus haut.

La comparaison des variances environnementales observées et simulées montre que globalement le modèle sous-estime les valeurs de variance environnementale pour le rendement. Cette tendance du modèle à réduire l'amplitude des variations de rendement observées sur le réseau avait été mise en évidence par la part de l'erreur de prédiction pour le rendement attribuée à la SDSD.

La comparaison des variances environnementales pour la teneur en protéines montre que suivant le génotype considéré, le modèle estime correctement le niveau de stabilité (Arche, DI9714, Hynoprécia, Isengrain), surestime la variabilité de la teneur en protéines des grains (Galibier, Ornicar, Récital, Renan, Rumba, Soissons et Trémie) ou la sous-estime (Baltimor, Camp-Rémy et Oratorio).

Tableau 58 : Moyennes et variances environnementales observées (o) et simulées (S) pour les quatorze génotypes du réseau d'essais, pour le rendement (Rdt : q/ha) et la teneur en protéines des grains (Tp : g/100gMS)

Génotype	Rdto	Rdts	S ² Rdto	S ² Rdts	Tpo	Tps	S ² Tpo	S ² Tps
Arche	80,8	91,3	322,4	184,5	10,6	8,1	1,4	1,3
Baltimor	81,4	88,7	761,1	429,1	10,5	8,7	4,8	3,2
Camp-Rémy	70,0	86,3	301,3	154,3	11,6	8,4	1,7	1,3
DI9714	78,4	89,6	226,0	167,2	11,2	8,1	1,4	1,2
Galibier	58,7	66,4	370,2	389,4	14,0	11,2	4,4	7,9
Hynoprécia	82,0	91,5	340,7	158,9	10,9	8,1	1,1	1,3
Isengrain	81,5	96,2	331,9	102,1	10,4	7,6	1,2	1,4
Oratorio	81,1	90,5	590,9	151,9	11,0	8,0	2,9	1,6
Ornicar	78,9	94,7	275,6	237,2	11,0	8,2	1,7	4,2
Récital	69,6	88,8	294,8	126,0	10,9	7,6	1,0	1,7
Renan	68,3	74,4	178,0	382,7	12,4	9,9	4,2	7,6
Rumba	79,2	88,7	318,7	176,4	11,0	8,3	1,5	2,0
Soissons	74,3	90,2	255,1	96,3	11,1	7,8	1,2	1,8
Trémie	82,9	95,2	771,0	280,0	10,2	8,3	3,3	4,7
Moyenne	76,0	88,0			11,0	8,0		

Nous avons caractérisé le comportement des génotypes pour le rendement et la teneur en protéines suivant trois classes de rendement et de stabilité, estimées par la variance environnementale : élevée,

intermédiaire et faible. La caractérisation des génotypes issue de la simulation et des observations est présentée dans le **tableau 59**.

Dans l'ensemble des cas, excepté Oratorio, le modèle caractérise correctement le potentiel des génotypes par rapport à la teneur en protéines moyenne et, le niveau de stabilité des génotypes, par rapport à la gamme de variances environnementales couverte. Pour le rendement, dans 4 cas sur 14, le modèle caractérise correctement les génotypes pour les niveaux de rendement et la stabilité, et dans 9 cas sur 14, le modèle caractérise correctement le niveau de rendement par rapport à la moyenne observée. Les erreurs du modèle se situent plus sur les niveaux de stabilité, pour lesquels, il surestime le niveau de stabilité des génotypes identifiés comme intermédiaires par les mesures. Seul le génotype Renan est identifié comme instable alors que celui-ci a un rendement stable pour les environnements considérés.

Tableau 59 : Caractérisation des génotypes du réseau à partir de leurs valeurs moyennes observées et simulées pour le rendement, la teneur en protéines et la variance environnementale de ces deux caractères

Génotype	Observé		Simulé		Observé		Simulé	
	RDT	S ² RDT	RDT	S ² RDT	TPo	S ² TPo	TPs	S ² sTPs
Arche	Elevé	Intermédiaire	Elevé	Stable	Moyen	Stable	Moyen	Stable
Baltimor	Elevé	Instable	Moyen	Instable	Moyen	Instable	Moyen	Instable
Camp-Rémy	Moyen	Intermédiaire	Faible	Stable	Elevé	Intermédiaire	Elevé	Stable
DI9714	Elevé	Stable	Moyen	Stable	Moyen	Stable	Moyen	Stable
Galibier	Faible	Instable	Faible	Instable	Elevé	Instable	Elevé	Instable
Hynoprécia	Elevé	Intermédiaire	Elevé	Stable	Moyen	Stable	Moyen	Stable
Isengrain	Elevé	Intermédiaire	Elevé	Stable	Faible	Stable	Faible	Stable
Oratorio	Elevé	Intermédiaire	Elevé	Stable	Moyen	Instable	Moyen	Stable
Ornicar	Elevé	Intermédiaire	Elevé	Intermédiaire	Moyen	Intermédiaire	Moyen	Intermédiaire
Récital	Moyen	Intermédiaire	Moyen	Stable	Moyen	Stable	Faible	Intermédiaire
Renan	Faible	Stable	Faible	Instable	Elevé	Instable	Elevé	Instable
Rumba	Elevé	Stable	Moyen	Stable	Moyen	Stable	Moyen	Intermédiaire
Soissons	Moyen	Stable	Elevé	Stable	Moyen	Stable	Faible	Intermédiaire
Trémie	Elevé	Instable	Elevé	Intermédiaire	Faible	Instable	Moyen	Intermédiaire

4.2.3. Intérêt du paramétrage variétal

L'estimation des paramètres variétaux induisant un surcoût expérimental, il est indispensable de quantifier son intérêt. Nous proposons, dans cette partie, de quantifier le gain de précision obtenu, sur les différentes variables simulées par le modèle, par la prise en compte des paramètres variétaux, en comparaison avec un modèle qui ne prend pas en compte cette variabilité dans ses paramètres, c'est-à-dire Azodyn avec les paramètres de Soissons (paramètres initiaux du modèle établi sur cette variété). Nous considérons les dates des stades « épi 1 cm » et floraison et les biomasses sortie hiver comme des variables génotypiques. Le modèle « Soissons » prendra donc en compte les entrées du génotype Soissons dans chaque environnement. Nous avons estimé sur l'ensemble des situations le rapport (R_{Pi}) des MSEF du modèle ajusté aux génotypes et du modèle initial (indice i).

La **figure 41** présente les valeurs des rapports R_{Pi} pour l'ensemble des variables considérées.

Les résultats indiquent que l'apport du paramétrage variétal sur la qualité prédictive du modèle dépend de la variable considérée. Dans le cas de la matière sèche aérienne à la récolte (MS) et du poids moyen d'un grain (PIG), l'impact des facteurs génotypiques pris en compte dans le modèle est nul (R_{Pi} > 1) ; en revanche, pour toutes les autres variables analysées (quantité d'N dans les parties aériennes à la récolte, rendement, quantité d'N des grains, nombre de grains, teneur en protéines des grains), l'effet de l'introduction d'une composante génotypique dans le modèle améliore sa qualité prédictive (R_{Pi} < 1).

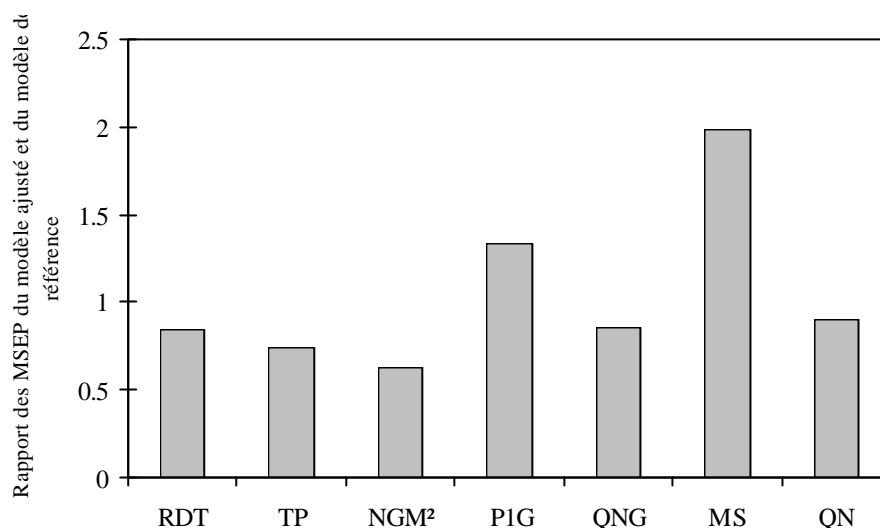


Figure 41 : Rapports des MSE du modèle Azodyn avec et sans ajustement des paramètres génotypiques pour les variables rendement (RDT), teneur en protéines (TP), nombre de grains par mètre carré (NGM²), poids moyen d'un grain (PIG), quantité d'azote des grains (QNG), matière sèche aérienne (MS) et quantité d'azote aérienne à maturité.

Nous avons quantifié l'intérêt du paramétrage variétal pour chacun des quatorze génotypes sur ces sept variables simulées. Les résultats présentés dans les **tableaux 60 à 64** montrent que :

- Les erreurs relatives de prédiction du modèle (RRMSEP) sont proches entre génotypes pour les variables quantité d'azote des parties aériennes (de 13 à 19%), quantité d'azote des grains (de 17 à 24%) et teneur en protéines des grains (20 à 23%).
- Il existe des différences de qualité de prédiction entre génotypes pour la matière sèche aérienne (RRMSEP de 15 à 37%), le rendement (de 18 à 32%), le nombre de grains par mètre carré (de 10 à 28%) et le poids de mille grains (de 8,3 à 23,2 %). Les plus faibles valeurs de RRMSEP pour le nombre de grains sont observées pour les génotypes DI9714, Galibier, Hynoprécia, Oratorio et Renan. Les génotypes ayant les erreurs relatives de prédiction du nombre de grains les plus élevées ont également des erreurs de prédiction pour le rendement les plus élevées. Il s'agit des génotypes Camp-Rémy et Récital.
- La prise en compte des caractéristiques génotypiques permet d'augmenter la qualité de prédiction du modèle pour le nombre de grains des génotypes Galibier, DI9714, Hynoprécia, Renan, Rumba et Trémie. Tous ces génotypes appartenaient à des groupes différents de celui de Soissons pour les paramètres PMG_x et RDT_x (partie 2.1.6 de ce chapitre).
- Quel que soit le génotype considéré, l'erreur de prédiction du modèle pour la matière sèche de la culture n'est pas améliorée par la prise en compte des facteurs génotypiques de précocité et de rendement.
- Pour tous les génotypes excepté Galibier et Rumba, le paramétrage variétal a permis d'augmenter la qualité de prédiction du modèle pour la quantité d'azote des parties aériennes à maturité.
- La qualité de prédiction du modèle pour la quantité d'azote des grains est améliorée par la prise en compte des caractères génotypiques, excepté pour le génotype Galibier.
- La qualité prédictive du modèle pour la teneur en protéines est améliorée par la prise en compte des paramètres génotypiques, pour l'ensemble des variétés, excepté Isengrain et Récital.
- Pour la variable poids de mille grains, l'intérêt d'un effet du génotype dans le modèle est significatif pour 4 génotypes (Baltimor, Oratorio, Ornicar et Récital). Ces quatre génotypes faisaient partie du même groupe que Soissons pour les paramètres PMG_x et RDT_x.

Variété	Matière sèche aérienne à maturité physiologique					Quantité d'azote aérien à maturité physiologique				
	Moy. obs. (kg/ha)	Moy. sim. (kg/ha)	RMSEP (kg/ha)	RRMSEP (%)	RPi	Moy. obs. (kg/ha)	Moy. sim. (kg/ha)	RMSEP (kg/ha)	RRMSEP (%)	RPi
Arche	17651	21012	4728	26,8	2,69	196	195	33	16,8	0,89
Baltimor	18063	20898	3860	21,4	4,10	200	203	25	12,6	0,84
Camp-Rémy	16622	21362	5784	34,8	3,27	189	192	35	18,2	0,91
DI9714	17125	2144	5355	31,3	3,93	199	193	32	15,9	0,90
Galibier	13931	18180	4702	33,8	0,99	191	191	32	16,7	1,17
Hynoprécia	17218	20778	4764	27,7	2,57	202	195	36	17,9	0,85
Isengrain	16581	19767	3802	22,9	1,69	190	193	29	15,1	0,79
Oratorio	16354	19487	3866	23,6	1,47	192	190	29	15,0	0,83
Ornicar	17957	19844	2810	15,6	2,14	205	199	26	12,6	0,79
Récital	14073	17711	4660	33,1	0,74	169	177	31	18,6	0,81
Renan	16498	20958	5092	30,9	2,82	198	194	29	14,7	0,80
Rumba	16866	21413	6227	36,9	4,03	193	193	34	17,4	1,20
Soissons	15626	18681	3718	23,8	-	187	184	28	14,8	-
Trémie	16531	19369	3617	21,9	1,64	191	200	34	18,6	0,98

Tableau 60 : Valeurs moyennes, RMSEP, RRMSEP et RPi des quatorze variétés du réseau d'essais pour la matière sèche de la culture à la récolte et la quantité d'azote des parties aériennes.

Variété	Rendement					Teneur en protéines				
	Moy. obs. (q/ha)	Moy. sim. (q/ha)	RMSE (q/ha)	RRMSE (%)	RPi	Moy. obs. (g/100gMS)	Moy. sim. (g/100gMS)	RMSE (g/100gMS)	RRMSE (%)	RPi
Arche	80,8	91,3	17,7	21,9	1,31	10,6	8,1	2,9	26,8	0,82
Baltimor	81,4	88,7	17,3	21,3	1,00	10,5	8,7	2,1	20,2	0,56
Camp-Rémy	70,0	86,3	21,7	31,1	0,83	11,6	8,4	3,4	29,5	0,71
DI9714	78,4	89,6	16,8	21,4	1,11	11,2	8,1	3,5	30,9	0,84
Galibier	58,7	66,4	12,7	21,6	0,14	14,0	11,2	3,4	24,2	0,32
Hynoprécia	82,0	91,5	16,6	20,3	1,10	10,9	8,1	3,1	28,2	0,82
Isengrain	81,5	96,2	18,8	23,1	1,61	10,4	7,6	3,1	29,8	1,08
Oratorio	78,9	96,2	16,3	23,6	1,04	11,0	8,0	3,3	30,0	0,89
Ornicar	80,1	94,7	18,9	20,7	1,42	11,0	8,2	3,0	27,6	0,93
Récital	69,6	88,8	22,6	32,4	0,88	10,9	7,6	3,5	31,7	1,09
Renan	68,3	74,4	12,7	18,6	0,29	12,4	9,9	3,0	23,9	0,37
Rumba	79,2	88,7	16,4	20,7	1,00	11,0	8,3	3,2	29,4	0,88
Soissons	74,3	90,2	18,9	25,4	-	11,1	7,8	3,6	32,2	-
Trémie	82,9	95,2	19,1	23,0	1,09	10,2	8,2	2,2	22,1	0,84

Tableau 61 : Valeurs moyennes, RMSEP, RRMSEP et RPi des quatorze variétés du réseau d'essais pour le rendement et la teneur en protéines.

Variété	Quantité d'azote des grains à maturité					Nombre de grains par mètre carré				
	Moy. obs. (kg/ha)	Moy. sim. (kg/ha)	RMSEP (kg/ha)	RRMSEP (%)	RPi	Moy. obs. (grains/m ²)	Moy. sim. (grains/m ²)	RMSEP (grains/m ²)	RRMSEP (%)	RPi
Arche	150,8	130,3	31,8	21,1	0,78	21311	23383	4597	21,6	1,45
Baltimor	148,3	136,9	26,3	17,7	1,05	21169	22765	4001	18,9	1,28
Camp-Rémy	142,2	128,1	31,2	21,9	0,83	19396	22194	5213	26,9	1,05
DI9714	154,3	127,5	37,3	24,1	0,90	19613	20041	2856	14,6	0,45
Galibier	144,4	131,5	33,5	23,2	1,26	14615	15406	1468	10,0	0,03
Hynoprécia	157,1	130,2	38,5	24,5	0,80	19345	20143	3212	16,6	0,49
Isengrain	149,9	128,7	31,5	21,0	0,73	21360	23077	4025	18,8	1,05
Oratorio	153,3	127,6	36,8	17,6	0,84	22423	23370	3083	13,7	1,16
Ornicar	153,4	136,9	26,9	24,0	0,83	22283	25263	4900	22,0	1,90
Récital	133,1	119,7	26,9	20,2	0,98	18916	23073	5363	28,3	1,42
Renan	148,5	129,5	29,2	19,6	0,78	15323	15069	2206	14,4	0,07
Rumba	151,8	128,8	35,1	23,1	0,91	19732	19969	3450	17,5	0,54
Soissons	145,0	124,5	30,3	20,9	-	20721	23056	4166	20,1	-
Trémie	148,4	139,1	30,8	20,7	0,78	20365	20138	3867	19,9	0,71

Tableau 62 : Valeurs moyennes, RMSEP, RRMSEP et RPi des quatorze variétés du réseau d'essais pour la quantité d'azote des grains à la récolte et le nombre de grains par mètre carré.

Variété	Poids de mille grains à la récolte				
	Moy. obs. (g)	Moy. sim. (g)	RMSEP (g)	RRMSEP (%)	RPi
Arche	37,8	39,5	3,5	9,2	1,04
Baltimor	38,4	39,4	3,2	8,3	0,95
Camp-Rémy	36,0	39,4	4,9	13,6	1,13
DI9714	40,0	45,2	6,4	16,1	4,55
Galibier	39,9	43,2	5,5	13,7	1,25
Hynoprécia	42,3	46,0	5,5	13,1	1,54
Isengrain	38,4	42,2	6,7	17,5	1,75
Oratorio	35,0	39,0	4,5	12,6	0,63
Ornicar	36,0	38,0	4,8	13,7	0,76
Récital	36,9	38,7	4,3	11,6	0,76
Renan	44,4	49,6	6,7	15,2	1,07
Rumba	40,3	44,9	6,5	16,2	2,06
Soissons	36,0	39,5	5,6	15,6	-
Trémie	40,9	47,6	9,5	23,2	2,28

Tableau 63 : Valeurs moyennes, RMSEP, RRMSEP et RPi des quatorze variétés du réseau d'essais pour le poids de mille grains à la récolte

4.3. Utilisation du modèle pour prévoir le classement des génotypes dans chaque environnement

Les responsables du choix variétal proches de la production, en particulier les producteurs eux-mêmes et les multiplicateurs, tiennent compte, dans leur décision, de la capacité des génotypes à être adaptés au milieu pédoclimatique correspondant à l'aire de production visée. Concrètement, leur objectif est de choisir le génotype le plus performant dans l'environnement considéré, pour des critères tels que le rendement et la teneur en protéines. Le choix est donc basé sur une comparaison des performances des génotypes entre eux, dans chaque milieu de production.

Dans cette partie, notre objectif est donc de tester la capacité du modèle à rendre compte des classements des différents génotypes entre eux, sur des environnements variés, en comparant les classement simulés et observés pour chaque environnement pris individuellement. Les classements sont fondés sur le rendement et la teneur en protéines des grains.

4.3.1. Comparaison des classements observés et simulés

Les génotypes ont été classés suivant les valeurs de rendement et de teneur en protéines observés dans les différents milieux suivant la méthode décrite précédemment (partie 4.1.4 de ce chapitre). Les classements observés et simulés sont présentés en **annexe 10**.

Les résultats des comparaisons des classements observés et simulés pour le rendement et la teneur en protéines pour chacun des environnements du réseau d'essais sont présentés dans le **tableau 64**, ainsi que le nombre de classes de rendement et de teneur en protéines simulé et observé pour chacun des environnements.

D'après le test de Spearman, dans 11 milieux sur 21 pour le rendement et 10 milieux sur 21 pour la teneur en protéines, le modèle classe correctement les génotypes. La capacité du modèle à rendre compte des classements des génotypes pour chacune des deux variables étudiées est donc peu élevée. Il apparaît qu'il n'y a pas de lien entre la qualité de prédiction du modèle pour le rendement et la capacité du modèle à rendre compte des classements des différents génotypes pour le rendement et la teneur en protéines, comme en témoignent les coefficients de corrélation élevés sur des environnements tels que T1in, T2nr pour le rendement et T2in pour la teneur en protéines, qui font partie des environnements ayant les RMSEP les plus élevées pour ces deux variables. Le modèle ne simule pas toujours le même nombre de classes que le nombre observé réellement, mais il n'existe pas de lien entre le nombre de rangs estimés par le modèle, le nombre de rangs observés et le coefficient de corrélation. La capacité du modèle à reproduire les classements réside donc davantage dans sa capacité à positionner correctement les génotypes dans les différentes classes que dans sa capacité à définir des classes.

Tableau 64 : Comparaison des classements observés et simulés pour le rendement et la teneur en protéines des grains pour chaque environnement. Les seuils de significativité des coefficients de corrélation sont indiqués à côté de la valeur du coefficient (*, **, * significatif à respectivement 0,10 ; 0,05 et 0,01 ; ns = non significatif). Les classements observés et simulés sont d'autant plus proches que les coefficients de Spearman sont significatifs et proches de 1. Le nombre de classes de rendement et de teneur en protéines observé (entre parenthèses) et simulé est indiqué pour chaque environnement**

Environnement	Rendement		Teneur en protéines	
	Nbr. classes	Coef. Spearman	Nbr. classes	Coef. Spearman
C1in	3 (5)	0,61*	3 (3)	0,76**
C1nr	4 (5)	0,45 ^{ns}	4 (2)	0,52 ^{ns}
C2in	4 (4)	0,29 ^{ns}	6 (6)	0,59***
C2nr	5 (4)	0,48*	4 (4)	0,52*
D1in	3 (4)	0,26 ^{ns}	4 (5)	0,42 ^{ns}
D1nr	3 (3)	0,54 ^{ns}	4 (5)	0,67**
L1in	3 (6)	0,67**	3 (4)	0,14 ^{ns}
L1nr	4 (4)	0,89***	2 (5)	0,54 ^{ns}
L2in	4 (6)	0,27 ^{ns}	5 (5)	0,79***
L2nr	4 (6)	0,35 ^{ns}	5 (5)	0,37 ^{ns}
M1in	3 (4)	0,54 ^{ns}	4 (4)	0,90***
M1nr	3 (4)	0,64**	3 (4)	0,59*
R1in	3 (5)	0,80***	3 (4)	0,28 ^{ns}
R1nr	4 (4)	0,36 ^{ns}	3 (6)	0,00 ^{ns}
R2in	4 (6)	0,62**	3 (5)	0,63**
R2nr	5 (4)	0,19 ^{ns}	5 (5)	0,42 ^{ns}
S2in	4 (5)	0,79***	4 (5)	0,39 ^{ns}
T1in	3 (3)	0,79***	3 (5)	0,52 ^{ns}
T1nr	3 (4)	0,01 ^{ns}	5 (5)	0,20 ^{ns}
T2in	4 (4)	0,52*	4 (5)	0,69***
T2nr	5 (4)	0,66***	6 (7)	0,64**

4.3.2. Comparaison des distributions observées et simulées des fréquences de présence de chaque génotype par classe

Les **figures 42 à 43** représentent les distributions des fréquences de présence de chaque génotype par classe de rendement sur l'ensemble des environnements du réseau. Les distributions pour la teneur en protéines sont présentées en **annexe 11**.

On distingue différents types de réponse du modèle en comparaison aux observations :

- les génotypes pour lesquels le modèle reproduit correctement la courbe de distribution du rendement ou de la teneur en protéines. Il s'agit des génotypes Renan et Hynoprécia pour le rendement et DI9714, Galibier, Hynoprécia, Oratorio et Renan pour la teneur en protéines.
- Les génotypes pour lesquels le modèle rend globalement compte de la courbe de distribution, mais pour lesquels le modèle surestime ou sous estime la fréquence d'observation dans certaines classes de répartition. Il s'agit de la majorité des cas pour le rendement et de Isengrain pour la teneur en protéines.
- Les génotypes pour lesquels le modèle rend compte de la courbe de distribution, mais avec un décalage d'une ou deux classes, comme par exemple Camp-Rémy dans le cas du rendement et, pour la teneur en protéines, Arche, Camp-Rémy et Trémie.
- Enfin les génotypes où le modèle ne rend pas du tout compte de la courbe de distribution. Il s'agit, pour le rendement, des génotypes Récital et Soissons, et pour la teneur en protéines de Baltimor, Ornica, Récital et Soissons.

Pour aller plus loin dans cette comparaison, nous avons comparé les erreurs de classement du modèle Azodyn aux erreurs de classement du modèle moyen de rendement et la teneur en protéines pour chacun des génotypes (moyennes estimées sur l'ensemble des environnements considérés). Nous avons calculé,

pour chaque génotype, la probabilité, sur l'ensemble des environnements, de faire une erreur de 0, 1, 2, 3 ou 4 rangs dans le classement simulé par rapport au classement observé. Les probabilités de classer correctement un génotype sont représentées dans les **tableaux 65 et 66** pour le rendement et la teneur en protéines respectivement. Les probabilités pour le modèle de référence sont représentées entre parenthèses et en bleu dans les tableaux.

Pour l'ensemble des génotypes, en moyenne, le modèle Azodyn est capable d'attribuer la bonne classe de rendement dans 1/3 des cas. Dans 76% des cas, tous génotypes confondus, le modèle Azodyn fait une erreur inférieure ou égale à 1 rang de classement. La qualité de classement du modèle est équivalente pour la teneur en protéines avec 37% et 73% de probabilité de bien classer avec respectivement 0 et 1 rang d'erreur au maximum. Pour une erreur de 2 rangs le modèle est capable de classer l'ensemble des génotypes entre eux, qu'il s'agisse de la teneur en protéines des grains ou du rendement. Les erreurs de classement les plus élevées sont observées pour les génotypes Camp-Rémy et Récital pour le rendement et Baltimor, Rumba et Trémie pour la teneur en protéines.

La comparaison des performances de classement du modèle Azodyn au modèle de référence montre que :

- dans la majorité des cas, le modèle Azodyn est aussi performant, voire plus performant, que le classement moyen pour estimer le rang de classement d'un génotype pour le rendement et la teneur en protéines, notamment pour des erreurs de classement inférieures ou équivalentes à 1 rang. Pour 13 génotypes sur 14 pour le rendement et 9 génotypes sur 14 pour la teneur en protéines, le modèle Azodyn est meilleur ou équivalent au modèle de référence pour une erreur de classement de 0 rang.
- Les génotypes pour lesquels le modèle Azodyn fait des erreurs de classement importantes sont également des génotypes pour lesquels le modèle de référence a du mal à estimer le classement dans les différents milieux.

Tableau 65 : Probabilités, sur l'ensemble des environnements, de réaliser une erreur de classement de 0, 1, 2, 3 ou 4 rangs en utilisant le modèle Azodyn adapté aux génotypes et le modèle de référence (en bleu), par rapport aux classements observés pour le rendement.

Génotype	Clt réf.	0 Rang	£ 1 rang	£ 2 rangs	£ 3 rangs	£ 4 rangs
Arche	1	0,33 (0,24)	0,81 (0,95)	1 (1)	1 (1)	1 (1)
Baltimor	1	0,44 (0,22)	0,67 (0,89)	1 (1)	1 (1)	1 (1)
Camp-Rémy	2	0,24 (0,05)	0,52 (0,48)	0,86 (0,90)	0,95 (0,95)	1 (1)
DI9714	1	0,24 (0,24)	0,76 (0,76)	1 (0,95)	1 (1)	1 (1)
Galibier	3	0,11 (0,00)	0,67 (0,56)	1 (0,67)	1 (1)	1 (1)
Hynoprécia	1	0,43 (0,52)	1 (0,95)	1 (1)	1 (1)	1 (1)
Isengrain	1	0,52 (0,52)	0,76 (0,76)	0,95 (0,95)	1 (1)	1 (1)
Oratorio	1	0,33 (0,29)	0,90 (0,57)	1 (0,95)	1 (1)	1 (1)
Ornicar	1	0,22 (0,22)	0,89 (0,89)	1 (1)	1 (1)	1 (1)
Récital	2	0,19 (0,19)	0,52 (0,57)	0,90 (0,81)	1 (1)	1 (1)
Renan	2	0,29 (0,10)	0,81 (0,48)	0,95 (0,76)	1 (1)	1 (1)
Rumba	1	0,33 (0,33)	0,71 (0,71)	0,90 (0,86)	1 (1)	1 (1)
Soissons	1	0,29 (0,00)	0,71 (0,43)	1 (0,81)	1 (1)	1 (1)
Trémie	1	0,44 (0,44)	0,89 (0,78)	1 (1)	1 (1)	1 (1)

Tableau 66 : Probabilités, sur l'ensemble des environnements, de réaliser une erreur de classement de 0, 1, 2, 3 ou 4 rangs en utilisant le modèle Azodyn adapté aux génotypes et le modèle de référence (en bleu), par rapport aux classements observés pour la teneur en protéines des grains.

Génotype	Cl. Réf.	0 Rang	£ 1 rang	£ 2 rangs	£ 3 rangs	£ 4 rangs
Arche	5	0,24 (0,29)	0,67 (0,71)	0,95 (1)	1 (1)	1 (1)
Baltimor	5	0,00 (0,67)	0,33 (0,89)	0,78 (1)	1 (1)	1 (1)
Camp-Rémy	3	0,57 (0,38)	0,86 (0,81)	1 (1)	1 (1)	1 (1)
DI9714	3	0,38 (0,29)	0,76 (0,95)	1 (1)	1 (1)	1 (1)
Galibier	1	0,78 (1)	0,89 (1)	0,89 (1)	1 (1)	1 (1)
Hynoprécia	4	0,43 (0,33)	0,71 (0,86)	0,95 (0,95)	1 (1)	1 (1)
Isengrain	5	0,24 (0,24)	0,71 (0,71)	0,86 (0,95)	0,95 (1)	1 (1)
Oratorio	4	0,48 (0,29)	0,86 (0,76)	1 (1)	1 (1)	1 (1)
Ornicar	4	0,11 (0,22)	0,89 (1)	1 (1)	1 (1)	1 (1)
Récital	4	0,38 (0,19)	0,81 (0,71)	0,90 (0,90)	0,95 (1)	1 (1)
Renan	2	0,81 (0,38)	1 (1)	1 (1)	1 (1)	1 (1)
Rumba	4	0,24 (0,48)	0,52 (0,71)	1 (0,95)	1 (1)	1 (1)
Soissons	4	0,29 (0,24)	0,62 (0,76)	0,95 (1)	1 (1)	1 (1)
Trémie	6	0,22 (0,22)	0,56 (0,67)	1 (1)	1 (1)	1 (1)

4.4. Discussion

Le modèle Azodyn adapté aux génotypes et évalué sur des environnements variés est globalement plus pertinent pour prédire le rendement que le modèle moyen qui nous sert ici de modèle de référence. Cependant, la qualité prédictive du modèle pour la teneur en protéines des grains est moins bonne que celle du rendement, et même inférieure à celle du modèle de référence sur le réseau considéré. L'importance de ces erreurs, est, entre autres, liée au fait que la teneur en protéines est simulée comme le rapport de deux variables (biomasse et azote des grains), elles-mêmes affectées d'une erreur de prédiction. Les erreurs, même faibles, combinées sur les deux variables peuvent aboutir à des erreurs importantes sur la teneur en protéines (une erreur de 10% sur chacune, ce qui reste acceptable pour un modèle de culture, peut conduire à un écart de plus de 2 points de protéines !). Cependant, les erreurs de prédiction du modèle, pour le rendement (RMSEP = 18 q/ha) et la teneur en protéines des grains (RMSEP = 2,8 g/100gMS) sont proches des valeurs rencontrées dans la littérature pour le type de réseau multilocal auquel on s'est intéressé (de 22,2 à 29,6 q/ha (Landau *et al.*, 1998) et de 1,5 à 2,0 g/100gMS pour la teneur en protéines (Asseng *et al.*, 2000 ; Asseng *et al.*, 2002b)). La qualité prédictive du modèle est meilleure dans son domaine de conception (sans facteur limitant de type maladie et stress hydrique) puisque les RMSEP diminuent alors jusqu'à respectivement 11,2q/ha et 2,4 g/100gMS.

La décomposition de la MSE en ses différents termes a permis de mettre en évidence que, pour la plupart des variables sur lesquelles a porté l'évaluation, la principale source d'erreur du modèle réside dans le biais au carré. Ce biais est nettement réduit pour les situations caractérisées par des facteurs limitants pris en compte par le modèle. Au contraire, l'évaluation du modèle sur les situations caractérisées par des facteurs limitants non pris en compte par le modèle montre un biais plus élevé. En effet, dans ces situations, le modèle a tendance à surestimer le poids moyen d'un grain et, dans une moindre mesure, le nombre de grains par m², et à sous-estimer la quantité d'azote dans les grains et donc la teneur en protéines des grains. Ces erreurs sont cohérentes avec les effets connus des maladies aériennes (Dimmock et Gooding, 2002) et d'un stress hydrique, facteurs limitants non pris en compte dans le modèle. En effet, les erreurs de prédiction du modèle, sur les situations individuelles, sont d'autant plus importantes que l'intensité de ces facteurs est élevée.

Nous avons également évalué l'intérêt de prendre en compte, dans le modèle, des paramètres génotypiques, étape qui n'est habituellement pas réalisée lors de l'adaptation des modèles de culture aux

génotypes. En effet l'objectif de l'ensemble du travail réalisé sur l'identification et l'estimation des paramètres variétaux du modèle est d'améliorer la prédiction du modèle pour les variables d'intérêt comme le rendement et la teneur en protéines. On constate que l'intérêt du paramétrage variétal est d'autant plus marqué que les valeurs prises par le jeu de paramètres des différents génotypes sont éloignées des valeurs des paramètres du modèle de référence, qui dans notre cas est le modèle Soissons. Ainsi, seuls quatre génotypes présentent une nette amélioration de la qualité prédictive du rendement. Il s'agit des génotypes Camp-Rémy, Galibier, Récital et Renan. De manière identique, pour le nombre de grains par m², plus le paramètre est éloigné du paramètre estimé pour le génotype Soissons, meilleure est la qualité de simulation comparativement au modèle initial. Nous avons montré que l'impact des paramètres génotypiques sur la qualité de prédiction du modèle est d'autant plus marquée que les génotypes appartenaient à des groupes distincts de celui où était observé le génotype Soissons pour les paramètres PMGx, RDTx et Alphan. Il est donc *a priori* plus important de pouvoir positionner correctement un génotype au sein de classes de paramètres pré-existantes, que de disposer de valeurs précises des paramètres pour chaque génotype, les génotypes appartenant au même groupe que Soissons ayant des erreurs de prédictions proches. Cela rend *a priori* plus aisée l'utilisation du modèle par les acteurs de la filière, car la connaissance du type d'élaboration du rendement (niveau de chaque composante) des variétés expérimentées est généralement connu par ces acteurs.

Nous avons par ailleurs cherché à évaluer la capacité du modèle à rendre compte des différences de comportement entre génotypes, dans une gamme d'environnements variés, caractérisés par des facteurs limitants de nature et d'intensité très variables. Très généralement, l'évaluation des modèles adaptés aux génotypes est réalisée par rapport à la qualité prédictive de celui-ci pour les variables d'intérêt : si les prédictions sont bonnes, alors le modèle reproduit *a priori* les comportements variétaux (Liu, 1989 ; Travasso et Magrin, 1998). De très rares études se sont effectivement intéressées à la capacité des modèles, ajustés aux génotypes, à rendre compte du comportement variétal. L'évaluation se fait alors par des méthodes de régression conjointe et de classement de moyennes entre génotypes (Mavromatis *et al.*, 2001), ou par comparaison des effets du génotype sur les variations des facteurs considérés (Hoogenboom *et al.*, 1997). Ces évaluations sont pourtant proches de la manière dont les acteurs responsables de choix variétal vont raisonner. Par exemple, le classement des variétés, sur la base de leurs performances moyennes sur un ensemble de milieux expérimentés, constitue la base de la cotation réalisée par le CTPS²⁷ lors des phases d'inscription des variétés. Si le modèle est capable d'en rendre compte, alors on peut imaginer réduire les essais destinés à évaluer ce classement. Les critères d'évaluation du modèle qui doivent être utilisés sont alors très différents de ceux utilisés lorsqu'on évalue la qualité prédictive du modèle. Ils doivent s'appuyer sur la manière dont les différents utilisateurs évaluent les variétés (performances moyennes, stabilité, classements entre environnements...).

Nous avons évalué la capacité du modèle à reproduire le comportement variétal à travers trois critères : (i) les performances moyennes génotypiques, (ii) les variances environnementales et (iii) le classement de chaque génotype, en le comparant au groupe de génotypes avec lesquels il est évalué, dans chaque environnement.

Les résultats des différentes évaluations du modèle réalisées ont mis en évidence que :

- Pour la gamme des environnements expérimentés, le modèle surestime globalement les valeurs de rendements des génotypes. En revanche, le classement des génotypes selon leur niveau moyen de rendement est correctement estimé par le modèle. De façon identique, si le modèle n'est pas en mesure de rendre compte des valeurs moyennes de teneur en protéines des différents génotypes, les classements entre génotypes sont globalement respectés. Une des principales sources d'erreur du modèle pour la

²⁷ CTPS : Comité Technique Permanent de la Sélection végétale

teneur en protéines réside dans un biais important. Une solution pourrait être apportée en modifiant la durée de remplissage des grains, en particulier en azote.

- La comparaison des valeurs de variance environnementale estimées et observées pour le rendement et la teneur en protéines des grains laisse apparaître une sous-estimation du modèle, mais une bonne estimation du niveau moyen de stabilité des différents géotypes les uns par rapport aux autres.

Il apparaît donc que, malgré les erreurs sur les valeurs simulées de rendement et de teneur en protéines, le modèle est capable de prévoir le niveau de stabilité d'une variété et son potentiel de production, par rapport à une moyenne estimée ou à un géotype de référence.

L'évaluation du modèle pour la prévision du comportement spécifique des différents géotypes sur le réseau d'essais a montré que les fréquences d'observation de chaque géotype dans les différentes classes étaient bien estimées, généralement à un rang près. Les résultats de Mavromatis (2001) avaient également montré que les erreurs réalisées pour le classement moyen des géotypes pour le rendement étaient de l'ordre de un à deux rangs. Le modèle de culture apparaît plus pertinent que le modèle moyen pour classer les géotypes entre eux. Le classement moyen étant généralement le critère utilisé pour choisir une variété, le modèle de culture apparaît capable d'apporter une information supplémentaire pour le choix variétal à un niveau local.

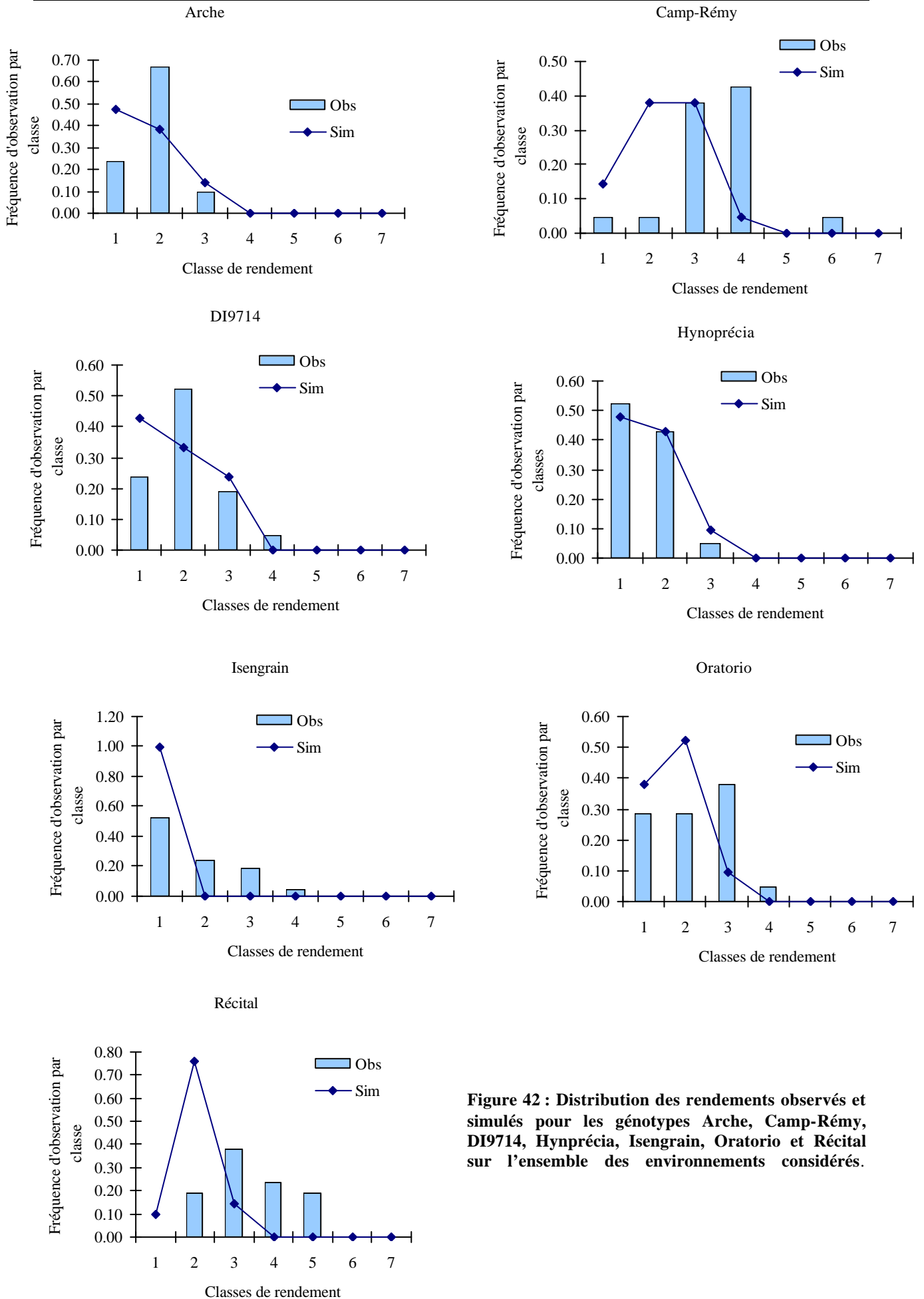
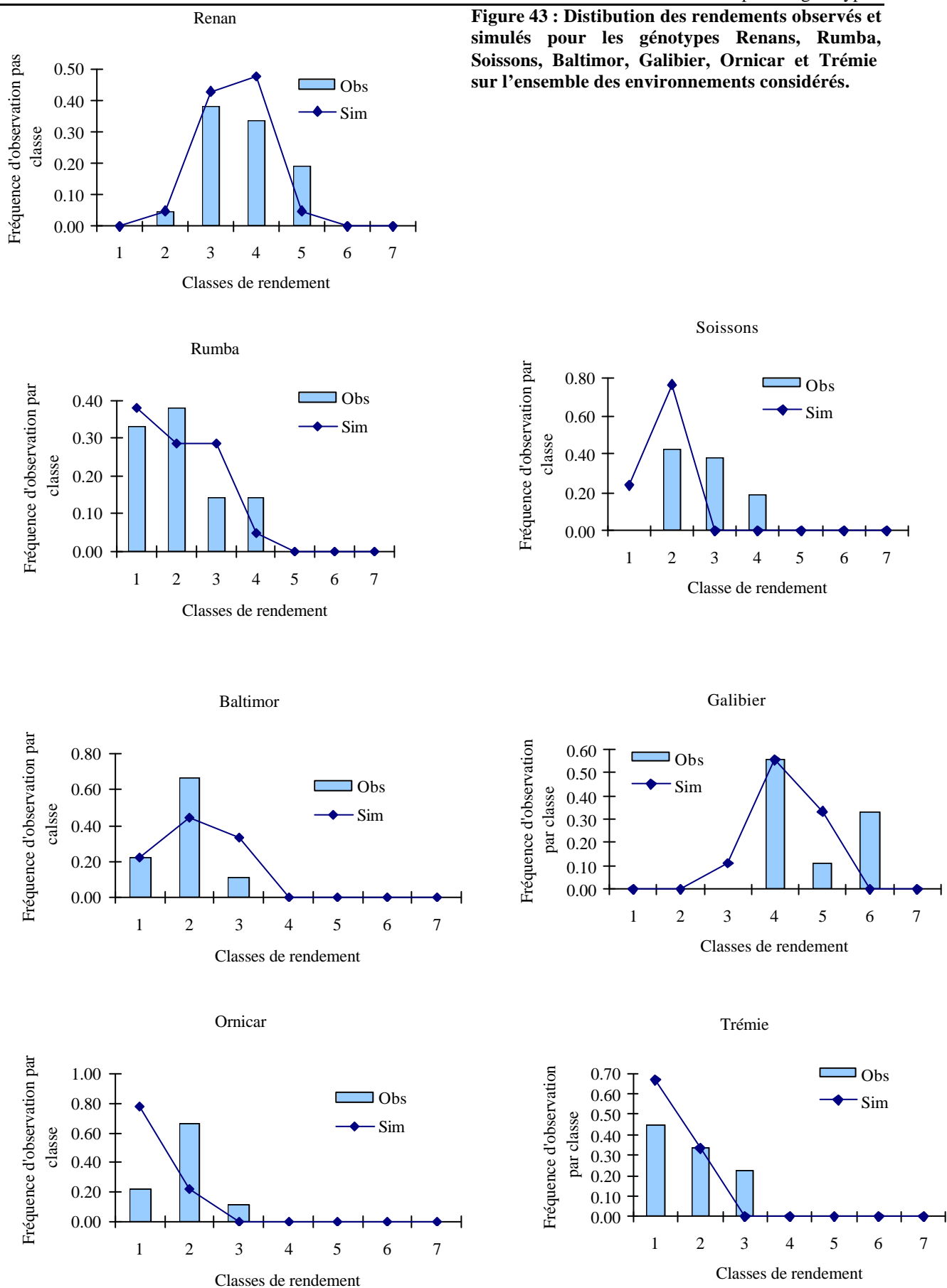


Figure 42 : Distribution des rendements observés et simulés pour les génotypes Arche, Camp-Rémy, DI9714, Hynprécia, Isengrain, Oratorio et Récital sur l'ensemble des environnements considérés.

Figure 43 : Distribution des rendements observés et simulés pour les génotypes Renans, Rumba, Soissons, Baltimor, Galibier, Ornicar et Trémie sur l'ensemble des environnements considérés.



CHAPITRE 5 : Discussion générale et conclusions

CHAPITRE V : DISCUSSION GENERALE ET CONCLUSION

Le travail réalisé avait pour objectif d'analyser les possibilités offertes par l'utilisation d'un modèle de culture pour prédire le comportement variétal et d'identifier les limites inhérentes à cette méthode. Le travail s'est appuyé sur (i) une réflexion conduisant au choix du modèle de culture, (ii) l'identification et l'estimation des caractéristiques variétales à prendre en compte dans le modèle et (iii) plusieurs types d'évaluation du modèle de culture, pour juger de sa qualité prédictive, de l'intérêt du paramétrage variétal et de ses utilisations pour prévoir le comportement variétal.

1. Discussion générale

De nombreux acteurs de la filière blé tendre réalisent une évaluation variétale, pour différents objectifs : (i) au niveau de la sélection, pour trier les génotypes qui seront gardés à l'étape suivante du processus de sélection, (ii) au niveau de la multiplication, pour identifier, parmi les variétés inscrites au catalogue, celles qui seront intéressantes à développer, (iii) au niveau de la production pour choisir les variétés qui seront mises en culture dans chaque parcelle de l'exploitation, et (iv) au niveau de l'utilisation pour repérer, à travers la variété, les lots de blé qui, *a priori*, répondront le mieux aux exigences du marché.

Cette évaluation variétale a longtemps reposé uniquement sur des expérimentations. Or, des travaux récents (Asseng *et al.*, 2002a ; Asseng *et al.*, 2003 ; Chapman *et al.*, 2002 ; Chapman *et al.*, 2003 ; Hammer et Vanderlip, 1989 ; Hammer *et al.*, 1982) ont montré l'intérêt d'utiliser les modèles de culture pour compléter, accélérer, voire réaliser *ex ante* cette évaluation.

La majorité des travaux s'est intéressée à des caractères quantitatifs (rendement en particulier) plus que qualitatifs. Pour rendre compte des différences de rendement entre génotypes, un simple modèle d'interception et de conversion du rayonnement incident, complété par un indice de récolte, peut suffire, comme l'a montré Lecoœur (2002) sur le tournesol. Dans notre cas, le souhait de rendre compte non seulement du rendement des variétés de blé, mais aussi de la teneur en protéines de leurs grains, critère incontournable de caractérisation des lots de blé récoltés, nous a conduit à utiliser un modèle simulant également le métabolisme azoté de la culture et donc le fonctionnement du sol et de la plante vis-à-vis de l'azote.

Le fonctionnement azoté de la culture ayant des conséquences directes sur la croissance aérienne de la culture, il nous a semblé nécessaire de choisir un modèle rendant bien compte des interactions existantes, tout au long du cycle de la culture et en particulier pendant la période de remplissage des grains, entre métabolismes azoté et carboné. Cette contrainte complexifie beaucoup l'étude de la variabilité génotypique, du fait du nombre beaucoup plus élevé de paramètres dans le modèle car il est alors impossible d'étudier l'existence d'une variabilité génotypique sur tous les paramètres du modèle. Un premier tri est donc nécessaire. Par ailleurs, un autre élément du cahier des charges pour le choix du modèle de culture était sa facilité à être adapté à de nouveaux génotypes, pour une utilisation ultérieure plus aisée par les acteurs responsables du choix variétal. Les paramètres génotypiques identifiés doivent être facilement accessibles aux acteurs de la filière blé, qui pourront les utiliser comme marqueurs du comportement, pour trier les génotypes qu'il conserve lors des différentes étapes de sa sélection ou pour choisir la variété adaptée à son milieu de culture.

Notre choix d'utiliser le modèle Azodyn a été motivé par ces différents éléments : (i) le fait que ce modèle intègre dans son fonctionnement les relations sol-culture pour l'azote, et les conséquences de

nutritions azotées variées sur le rendement et la teneur en protéines des grains, les deux variables qui nous intéressent, (ii) sa capacité à rendre compte de façon détaillée et fiable (pour une variété donnée) de l'accumulation d'azote dans la culture et des mécanismes de transfert d'azote vers les grains, (iii) le faible nombre de variables d'entrée qu'il nécessite et leur facilité d'accès, (iv) le fait que ses paramètres sont, pour la majorité d'entre eux et en particulier ceux qui varient entre génotypes, accessibles à la mesure et qu'ils peuvent être mesurés indépendamment les uns des autres. Ce dernier point est essentiel si l'on veut pouvoir utiliser les paramètres génotypiques comme des marqueurs du comportement variétal, accessibles aux divers utilisateurs responsables du choix variétal. De plus, ce dernier point est essentiel pour pouvoir adapter aisément le modèle sur de nouveaux génotypes et utiliser les paramètres comme critères de sélection ou de choix variétal.

Nous avons dans un deuxième temps envisagé les différentes possibilités d'intégration des différences de comportement variétal dans le modèle. Les résultats de la littérature avaient montré que l'intégration de la variabilité phénotypique dans les modèles étaient généralement réalisée à travers les paramètres du fonctionnement affectant les modules phénologiques (Colson *et al.*, 1995a ; Hammer *et al.*, 1982 ; Liu, 1989 ; Travasso et Magrin, 1998 ; Villalobos *et al.*, 1996) et les modules relatifs au fonctionnement reproductif de la culture (Agüera *et al.*, 1997). Quelques études se sont également penchées sur des paramètres relatifs au fonctionnement végétatif tel que l'efficacité de conversion (Hammer et Vanderlip, 1989). Dans leur majorité, l'estimation des valeurs des paramètres pour les différents génotypes ou groupes de génotypes considérés s'effectue par un « calage » des valeurs des paramètres par la méthode des moindres carrés, sur des variables de sortie ou des variables intermédiaires et sur tout ou partie du jeu de données. Les problèmes posés par ce type de méthodes ont été évoqués dans la partie 2 du quatrième chapitre de ce mémoire. Notre objectif était de rester le plus près possible des contraintes posées par les modèles de culture aux utilisateurs de ces modèles dans le cadre de l'évaluation variétale. Nous avons donc choisi de centrer notre étude sur des paramètres mesurables aisément, qui pouvaient représenter des marqueurs du fonctionnement directement pour des variables de sortie tel que le rendement ou pour des variables intermédiaires, tel que le nombre de grains, ou pour des fonctions d'intérêt telle que la valorisation de l'azote.

Des études spécifiques menées sur les fonctions de remobilisation et d'absorption d'azote ont mis en évidence que : (i) les analyses de variance menées sur les variables impliquées dans ces fonctions étaient généralement influencées par des effets génotypiques, mais également par les interactions génotype \times environnement ou génotype \times année, ce qui limitait la pertinence d'un ajustement variétal des paramètres impliqués dans ces fonctions ou rendait leur estimation délicate. Nous avons fait le choix de ne pas ajuster les paramètres de ces fonctions aux différents génotypes utilisés dans ce travail, limitant ainsi à six le nombre de paramètres et de variables d'entrée du modèle caractéristiques de chaque génotype utilisé. Par une approche par analyse de sensibilité, nous avons identifié les principaux paramètres et variables d'entrée explicatifs de la variabilité du rendement et de la teneur en protéines des grains dans le modèle. Il a été mis en évidence qu'une approche par analyse de variance permettait d'identifier à la fois les effets principaux et les effets des interactions dans la sensibilité totale du modèle à un paramètre ou à une variable. Il est apparu que la principale source de variation du rendement et de la teneur en protéines des grains était le potentiel de nombre de grains du génotype considéré, et ce quelque soit l'environnement considéré dans l'analyse de variance.

Peu de travaux concernant la variabilité génotypique des paramètres d'un modèle de culture montrent, par évaluation, le gain lié à la prise en compte de ces paramètres. Nous avons donc cherché à évaluer le modèle adapté aux génotypes. Dans cet objectif, nous avons, évalué la qualité prédictive du modèle dans son ensemble, en utilisant des critères tels que la MSEP, et ses différentes composantes (Kobayashi et Us

Salam, 2000 ; Wallach et Goffinet, 1987). Cette évaluation a montré que, si la qualité prédictive du modèle est bonne dans son domaine de conception (variation du rayonnement, de la température et de l'azote), les écarts entre observés et simulés augmentent dès que d'autres facteurs limitants de la production apparaissent (maladies, stress hydrique en particulier). La plus faible qualité prédictive alors observée est principalement due à la non prise en compte de ces facteurs environnementaux, plus qu'à une mauvaise prise en compte de l'effet variétal, ce qui ne remet pas en cause l'intérêt de la prise en compte des paramètres génotypiques. Il serait sans doute nécessaire d'introduire d'autres caractéristiques variétales dans le modèle pour rendre compte du comportement différencié des variétés face à ces facteurs (par exemple les notes de résistance variétale aux maladies, comme proposent Zhang et Loyce dans le modèle BETHA, travaux en cours). Les indices de tolérance aux différents facteurs du milieu, identifiés en utilisant de manière couplée le diagnostic agronomique et la régression factorielle (Lecomte, 2004 *travaux en cours*), semblent également des caractéristiques variétales faciles à acquérir et simples à utiliser pour compléter la prévision du comportement variétal, dans une plus large gamme de milieux.

D'autre part, nous avons évalué l'intérêt de complexifier le modèle en introduisant la variabilité génotypique dans certains de ces paramètres : nous avons comparé la qualité de prédiction du modèle adapté aux génotypes à celle du modèle initial, paramétré pour Soissons. Nous avons mis en évidence que plus les paramètres du génotype considéré étaient éloignés de ceux de Soissons, plus l'impact du paramétrage variétal sur la qualité de prédiction du modèle était important. Enfin, nous avons montré que le modèle Azodyn, adapté aux variétés, était apte à simuler le classement des génotypes, sur le rendement ou la teneur en protéines, pour l'ensemble des environnements expérimentés. Les erreurs de classement réalisées avec le modèle sont moins fréquentes que celles réalisées avec un modèle moyen, c'est-à-dire la moyenne des observations pour le caractère étudié. L'évaluation du modèle a donc été réalisée, non seulement dans une perspective d'amélioration de la qualité prédictive du modèle, mais également dans une optique d'aide à la décision, comme proposé par David et al. (David *et al.*, 2004 accepté). Ce type d'évaluation, rarement réalisé dans la littérature (Mavromatis *et al.*, 2001), constitue pourtant une étape indispensable avant l'utilisation des modèles de culture pour prévoir le comportement des variétés.

L'évaluation du modèle a été réalisée en partie par comparaison à un modèle de référence, modèle moyen ou modèle paramétré pour un génotype de référence. Il serait sans doute intéressant de réaliser le même type d'évaluation en utilisant d'autres types de modèles. Par exemple, l'évaluation générale du modèle pourrait être réalisée par comparaison au modèle additif qui prend en compte les effets du génotype et du milieu sur la moyenne générale ou bien encore, pour l'évaluation du paramétrage variétal, le modèle dont les paramètres seraient estimés sur l'ensemble des génotypes et non plus sur un génotype de référence. Les résultats de telles évaluations ne seraient pas nécessairement identiques à ceux observés dans notre travail. Toute la difficulté repose en fait sur l'identification de paramètres qui soient suffisamment pertinents pour discriminer des variétés dont les caractéristiques sont proches.

Nous avons montré la capacité du modèle Azodyn à rendre compte du comportement général des variétés dans une large gamme d'environnements. Cependant, la capacité du modèle à reproduire les interactions génotype \times environnement, c'est-à-dire à représenter le comportement de chaque variété dans chaque milieu, bute à la fois sur les erreurs dans l'estimation des paramètres variétaux et sur la difficulté à intégrer, à travers un coefficient fixe, la variabilité du comportement. En effet, nous avons montré l'existence d'une variabilité entre environnements des paramètres du modèle, y compris des paramètres variétaux.

La capacité du modèle à rendre compte du comportement variétal sera sans doute d'autant plus importante que l'effet du génotype sur un paramètre sera supérieur à l'effet de l'environnement sur celui-ci. Pour les raisons évoquées plus haut, en particulier notre volonté d'estimer indépendamment les paramètres, par des

mesures directes, nous avons estimé les paramètres sur des expérimentations spécifiques, réalisées sur un site (Grignon). Ce choix a peut-être conduit à une surestimation des valeurs des paramètres pour certains génotypes particulièrement bien adaptés aux conditions expérimentales rencontrées sur ce site. C'est, par exemple, le cas de Camp-Rémy ou de Récital, pour lesquels l'évaluation sur les autres environnements est moins bonne que celle des autres génotypes. Cependant, il nous semble que réaliser l'estimation des paramètres sur un petit nombre de milieux présente l'avantage non seulement de dissocier les situations utilisées pour l'estimation des paramètres et les situations utilisées pour l'évaluation, mais aussi de réduire le nombre d'expérimentations lourdes qui peuvent être nécessaires au paramétrage.

Il serait, dans le futur, intéressant de comparer la méthode que nous avons retenue à la méthode plus classiquement utilisée dans la littérature, fondée sur une estimation des paramètres sur l'ensemble des expérimentations réalisées puis sur une validation croisée. Cependant, dans ce type d'évaluation, il serait important de tenir compte des contraintes inhérentes aux utilisateurs des modèles ou des sorties des modèles, sélectionneurs, producteurs ou multiplicateurs, qui souhaitent utiliser directement les caractéristiques variétales identifiées comme pertinentes pour prévoir le comportement.

Il est également nécessaire de revenir sur les limites de notre travail relatives aux moyens utilisés. Nous avons travaillé, tout au long de cette étude, sur 14 génotypes, dont certains n'ont été expérimentés qu'une seule année. Il est clair que les résultats sont très dépendants de la gamme de génotypes utilisés, celle-ci étant relativement faible. Le principal critère qui a guidé le choix des génotypes a été leur niveau de stabilité et de performance. Si une différence marquée est effectivement apparue entre génotypes pour leur stabilité et leur performance, la gamme des valeurs de chaque paramètre n'est pas très importante, la majorité de la variabilité dans les paramètres, notamment les paramètres RDT_x , PMG_x et $Alphang$, étant issue des quatre génotypes introduits en deuxième année et du génotype extrême Renan. Il aurait sans doute été préférable de travailler sur un nombre moins élevé de génotypes, et de les choisir *a priori* pour qu'ils représentent une gamme plus large sur des critères de précocité, poids de mille grains, nombre de grains, rendement et teneur en protéines. Cependant, les paramètres variétaux du modèle n'étant pas connus *a priori*, il était difficile de mieux définir la gamme de génotypes *a priori*. La prise en compte de génotypes choisis pour leur comportement différencié et extrême vis-à-vis de l'azote (Arche et Récital en particulier) a cependant permis de montrer : (1) que ce comportement particulier ne pouvait pas être généralisé à l'ensemble des environnements expérimentés, (2) qu'il n'apparaissait pas nécessaire de prendre en compte des paramètres spécifiques à la nutrition azotée (absorption et remobilisation) pour rendre compte du comportement de ces génotypes.

Les environnements utilisés ont couvert des facteurs limitants de la production, de nature et d'intensité variées. Cependant, certains types de sols n'ont pas été explorés (sols de craie, sols humifères). De même, les niveaux de fertilisation azotée utilisés (in et nr) représentaient des situations extrêmes. Il est possible que nous ayons « écrasé » l'adaptation variétale en extrémisant le traitement nr. Pour tester la capacité du modèle à évaluer les variétés dans des situations moins extrêmes, il serait nécessaire de tester des niveaux intermédiaires de conduite, permettant l'expression plus aisée de l'adaptabilité spécifique des génotypes. Mais l'accroissement de précision des modèles pour prévoir le comportement local des variétés risque d'être accompagné d'un accroissement du nombre et de la complexité des paramètres à prendre en compte. On peut alors se demander s'il ne serait pas plus raisonnable de coupler l'utilisation d'un modèle de culture et la réalisation d'essais complémentaires, le modèle servant alors à préciser le nombre et le type d'essais à mettre en place, ainsi que les variables spécifiques à recueillir.

Les analyses de sensibilité réalisées sur différents milieux ont montré que certaines propriétés des variétés ne pouvaient être mises en évidence que dans certains milieux particuliers (par exemple le rôle important de la précocité à floraison sur le rendement et la teneur en protéines, à Clermont-Ferrand). Il apparaît

donc possible et intéressant d'utiliser le modèle pour identifier les milieux de sélection les plus aptes à discriminer des variétés par rapport à certaines caractéristiques. L'usage des modèles de culture, dans cette optique, mériterait d'être analysé dans l'avenir.

2. Conclusion

Sur la base des résultats acquis dans cette étude, nous pouvons tirer plusieurs conclusions, organisées autour des questions renvoyées vers différentes disciplines, et des collaborations nécessaires à entretenir ou à développer pour améliorer les méthodes explorées.

D'une part, il nous semble indispensable de poursuivre le rapprochement avec les généticiens. En effet, l'identification des paramètres génotypiques des modèles de culture repose nécessairement sur une connaissance *a priori* de la variabilité existante, celle-ci reposant sur une connaissance experte des ressources génétiques à explorer.

Par ailleurs, il semble indispensable de développer et d'enrichir le dialogue entre les approches traditionnelles de l'analyse de l'interaction Génotype x Environnement, reposant sur une analyse statistique de l'interaction et, l'utilisation de modèles de culture pour prévoir le comportement des variétés dans différents environnements. Les paramètres et variables responsables du comportement variétal, identifiés par les modèles de culture, peuvent ainsi devenir des variables d'intérêt dans les analyses statistiques ; les outils statistiques peuvent améliorer l'estimation des paramètres variétaux, en aidant à analyser leur variabilité entre génotypes et entre environnements ou en proposant de prendre en compte leur variabilité environnementale à travers une distribution de leurs valeurs, comme proposé par Makoswki *et al.* (2001) pour des modèles statiques plus simples.

Enfin, la hiérarchie des paramètres et variables déterminants dans la variabilité des sorties, rendue possible par l'utilisation des modèles de culture, peut aider à identifier les variables pertinentes pour une analyse génomique, comme par exemple la recherche de QTL²⁸, car leur expression apparaît importante dans les gammes des systèmes cultivés.

D'autre part, notre étude a mis en évidence certaines lacunes dans les outils statistiques à notre disposition. Ainsi, le besoin d'utiliser des analyses de sensibilité complexes pour identifier les paramètres génotypiques d'un modèle de culture est apparu comme une suite intéressante. Or, il est nécessaire que ces analyses prennent en compte un grand nombre de paramètres simultanément, en tenant compte des interactions qui existent entre eux. Des méthodes semblent *a priori* disponibles dans cet objectif, mais il apparaît nécessaire de les adapter à la complexité des modèles de culture dynamiques. Il est également nécessaire de proposer des méthodes pour évaluer les modèles, non seulement sur leur qualité prédictive, mais également sur leur qualité décisionnelle, afin de répondre à la question : le modèle permet-il de prendre la bonne décision ? de faire le bon choix ?

Enfin, l'utilisation couplée du diagnostic agronomique et de modèles de culture a été initiée à travers notre travail. D'autres potentialités offertes par ce couplage apparaissent d'ores et déjà. Ainsi, il serait sans doute possible d'utiliser le modèle de culture comme situation de référence pour améliorer l'outil de diagnostic.

Il semble judicieux de s'appuyer sur une analyse de la décision des acteurs pour construire des outils qui soient réellement utilisables par eux et qui s'insèrent dans leurs pratiques. Ainsi, il apparaît que l'utilisation directe d'un modèle de culture, comme celui sur lequel nous avons travaillé, par les acteurs

²⁸ QTL : Quantitative Trait Loci

responsables de choix variétal est peu envisageable. En revanche, la mise à disposition d'abaques représentant des typologies de variétés adaptées à certaines caractéristiques du milieu semble être un moyen efficace de valoriser les résultats acquis par les modèles de culture.

Les caractéristiques variétales représentant les paramètres du modèle, sur lesquelles seraient basées la typologie, doivent être d'accès aisé par les utilisateurs envisagés. Cet élément du cahier des charges nous a amené à éliminer certains paramètres, alors qu'ils auraient pu être utiles pour améliorer la précision du modèle dans la prévision de l'adaptation locale des variétés. Il est ici nécessaire de réaliser un compromis entre la précision offerte par le modèle ou la typologie et la faisabilité de son utilisation.

Enfin, pour favoriser l'utilisation de tels outils, leur robustesse dans une large gamme de milieux est indispensable, pour ne pas conduire à des décisions erronées dans certaines situations mal simulées par le modèle. Dans notre cas, bien que le domaine d'utilisation *a priori* du modèle Azodyn était connu et relativement restreint, il nous a semblé intéressant et nécessaire de tester sa capacité à rendre compte du comportement des variétés (en particulier classement entre variétés) dans des milieux où la qualité prédictive du modèle était mise en défaut. Cette étape, rarement réalisée dans la pratique, est une condition essentielle de l'utilisation des outils par les acteurs.

Enfin, l'utilisation des modèles de culture permettrait probablement de proposer une typologie des milieux, selon leur aptitude à obtenir des rendements élevés et des niveaux de teneur en protéines souhaités. Cette typologie, reposant non seulement sur une caractérisation pédoclimatique des milieux, mais aussi sur la connaissance des éléments des systèmes de culture qui les caractérisent, permettrait d'aller vers une gestion spatiale des variétés pour atteindre des objectifs de production donnés.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Agüera, F., F.J. Villalobos, and F. Orgaz. 1997.** Evaluation of sunflower (*Heliantus annuus*, L.) genotypes differing in early vigour using a simulation model. *European Journal of Agronomy* 7 : 109 - 118.
- Ait Sliman, S. 2002.** Adaptation d'un modèle dynamique de fonctionnement de culture "Azodyn" à différentes variétés de blé tendre d'hiver. Rapport de DAA. Institut National Agronomique Paris-Grignon, Paris.
- Akkal, N. 1998.** Pilotage de la fertilisation azotée du blé d'hiver sur la base d'une évaluation précoce de la réflectance radiométrique ou du taux de couverture du sol, en vue d'une application à l'agriculture de précision. Thèse, Institut National Agronomique Paris-Grignon 198pp + Annexes.
- Amir, J., and T.R. Sinclair. 1991.** A model of the temperature and solar radiation effects on spring wheat growth and yield. *Field Crops Research* 28:47 - 58.
- Angus, J.F., and M.W. Moncur. 1985.** Models of growth and development of wheat in relation to plant nitrogen. *Australian Journal of Agricultural Research* 36 : 537 - 544.
- Asseng, S., H. Van Keulen, and W. Stol. 2000.** Performance and application of the APSIM Nwheat model in the Netherlands. *European Journal of Agronomy* 12 : 37 - 54.
- Asseng, S., N.C. Turner, J.D. Ray, and B.A. Keating. 2002a.** A simulation analysis that predicts the influence of physiological traits on the potential yield of wheat. *European Journal of Agronomy* 17 : 123-141.
- Asseng, S., A. Bar-Tal, J.W. Bowden, B.A. Keating, A. Van Herwaarden, J.A. Palta, H.I. Huth, and M.E. Probert. 2002b.** Simulation of grain protein content with APSIM-Nwheat. *European Journal of Agronomy* 16 : 25-42.
- Asseng, S., N.C. Turner, T. Botwright, and A.G. Condon. 2003.** Evaluating the impact of a trait for increased specific leaf area on wheat yields using a crop simulation model. *Agronomy Journal* 95 : 10 - 19.
- Austin, R.B. 1985.** Modelling the effects on grain yield of genetic variation in some crop characteristics. *In* W. Day and R. K. Atkin, eds. *Wheat growth and modelling*.
- Austin, R.B. 1999.** Yield of Wheat in the United Kingdom: Recent Advances and Prospects. *Crop Science* 39 : 1604-1610.
- Austin, R.B., M.A. Ford, J.A. Edrich, and R.D. Blackwell. 1977.** The nitrogen economy of winter wheat. *Journal of agricultural Science, Cambridge* 88 : 159-167.
- Bänzinger, M., B. Feil, E. Schmid, and P. Stamp. 1992.** Genotypic variation in grain nitrogen content of wheat as affected by mineral nitrogen supply in the soil. *European Journal of Agronomy* 1 : 155-162.
- Baril, C.P. 1992a.** Factor regression for interpreting genotype-environment interaction in bread-wheat trials. *Theory and Applied Genetics* 83 : 1022-1026.
- Baril, C.P. 1992b.** Etude de la stabilité du rendement chez le blé tendre d'hiver. Thèse, Université de Paris-Sud centre d'Orsay, Paris 170 pp + Annexes.
- Baril, C.P., J.B. Denis, R. Wustman, and F.A. van Eeuwijk. 1995.** Analysing genotype by environment interaction in Dutch potato variety trials using factorial regression. *Euphytica* 82 : 149-155.
- Barré, C. 1997.** Utilisation d'un modèle d'accumulation de biomasse et d'azote dans les grains de blé tendre pour prévoir la teneur en protéines des grains et le reliquat d'azote dans le sol à la récolte. DAA Institut National Agronomique Paris-Grignon 24 pp + Annexes .
- Basset, L.M., R.E. Allan, and G.L. Rubenthaler. 1989.** Genotype*Environment Interactions on soft White Winter Wheat Quality. *Agronomy Journal* 81 : 955-960.
- Becker, H.C. 1981.** Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. *Euphytica* 30 : 835-840.

- Becker, H.C., and J. Léon. 1988.** Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding* 101 : 1-23.
- Bélanger, G., F. Gastal, and G. Lemaire. 1992.** Growth analysis of a tall fescue sward fertilized with different rates of nitrogen. *Crop Science* 32 : 1371-1376.
- Bonhomme, R. 1997.** Modélisation du fonctionnement d'une culture: caractérisation de la contrainte hydrique et prise en compte de ses effets., *In* INRA, éd. L'eau dans l'espace rural. Riou, C., Bonhomme, R., Chassin, P., Neveu, A., Papy, F., Paris.
- Boote, K.J., J.W. Jones, and N.B. Pickering. 1996.** Potential uses and limitation of crop models. *Agronomy Journal* 88 : 704-716.
- Borel, C., T. Simonneau, D. This, and F. Tardieu 1997.** Stomatal conductance and ABA concentration in the xylem sap of barley lines of contrasting genetic origins. *Australian Journal of Plant Physiology* 24 : 607 - 615.
- Boulelouah, N. 2002.** Analyse de la variabilité génotypique de l'absorption d'azote chez le blé tendre. DAA Institut National Agronomique Paris - Grignon 30 pp + Annexes.
- Brancourt-Hulmel, M. 1999.** Crop diagnosis and probe genotypes for interpreting genotype environment interaction in winter wheat trials. *Theory and Applied Genetics* 99 : 1018 - 1030.
- Brancourt-Hulmel, M. 2000.** Sélection pour l'adaptation au milieu et prise en compte des interactions génotype/milieu. *OCL* 7 : 504-511.
- Brancourt-Hulmel, M., and C. Lecomte. 1994.** Sélection et stabilité du rendement chez le blé tendre d'hiver. *Agronomie* 14 : 611-625.
- Brancourt-Hulmel, M., V. Biarnès-Dumoulin, and J.B. Denis. 1997.** Points de repères dans l'analyse de la stabilité et de l'interaction génotype-milieu en amélioration des plantes. *Agronomie* 17 : 219 - 246.
- Brancourt-Hulmel, M., C. Lecomte, and J.M. Meynard. 1999.** A diagnosis of yield-limiting factors on probe genotypes for characterizing environments in winter wheat trials. *Crop Science* 39:1798-1808.
- Brancourt-Hulmel, M., J.B. Denis, and C. Lecomte. 2000.** Determining environmental covariates wich explain genotype environment interaction in winter wheat through probe genotypes and biadditive factorial regression. *Theory and Applied Genetics* 100 : 285-298.
- Brisson, N., and B. Mary. 2002.** STICS version 5, notice concepts et formalismes. INRA.
- Brisson, N., F. Ruget, P. Gate, J. Lorgeou, B. Nicoullaud, X. Tayot, D. Plenet, M.H. Jeuffroy, A. Bouthier, D. Ripoche, B. Mary, and E. Justes. 2002.** STICS: a generic model for simulating crops and their water and nitrogen balances. II. Model validation for wheat and maize. *Agronomie* 22 : 69-92.
- Brisson, N., B. Mary, D. Ripoche, M.H. Jeuffroy, F. Ruget, B. Nicoullaud, P. Gate, F. Devienne-Barret, R. Antonioletti, C. Durr, G. Richard, N. Beaudoin, S. Recous, X. Tayot, D. Plenet, P. Cellier, J.M. Machet, J.M. Meynard, and R. Delécolle. 1998.** STICS: a generic model for the simulation of crops and their water and nitrogen balances. I. Theory and parametrization applied to wheat and corn. *Agronomie* 18 : 311-346.
- Brisson, N., C. Gary, E. Justes, R. Roche, B. Mary, D. Ripoche, D. Zimmer, J. Sierra, P. Bertuzzi, P. Burger, F. Bussièrre, Y.M. Cabidoche, P. Cellier, P. Debaeke, J.P. Gaudillère, C. Hénault, F. Maraux, B. Seguin, and H. Sinoquet. 2003.** An overview of the crop model STICS. *European Journal of Agronomy* 18 : 309-332.
- Bulman, P., and D.L. Smith. 1994.** Post-heading nitrogen uptake, retranslocation, and partitioning in spring Barley. *Crop Science* 34 : 977-984.
- Cazenave, M., and M. Ferté. 2003.** La variété de blé: entre outil de conquête des marchés et levier de négociation avec les fournisseurs. Rapport DAA. Institut National Agronomique Paris-Grignon, Paris.
- Champeil, A. 2001.** Vers une prévision opérationnelle de la teneur en protéines des grains de blé tendre d'hiver : estimation des variables d'entrées et analyse de l'effet variétal dans le modèle Problé. DEA Institut National Agronomique Paris-Grignon, Paris 30 pp.

- Chapman, S., M. Cooper, and G.L. Hammer. 2002.** Using crop simulation to generate genotype by environment interaction effects for sorghum in water-limited environments. *Australian Journal of Agricultural Research* 53 : 379 - 389.
- Chapman, S., M. Cooper, D. Podlich, and G.L. Hammer. 2003.** Evaluating plant breeding strategies by simulating gene action and dryland environment effects. *Agronomy Journal* 95 : 99-113.
- Charmet, G., F. Balfourier, C. Ravel, and J.B. Denis . 1993.** Genotype*environment interactions in a core collection of French perennial ryegrass populations. *Theory and Applied Genetics* 86 : 731-736.
- Chokmani, K., A.A. Viau, and G. Bourgeois. 2001.** Analyse de l'incertitude de quatre modèles de phytoprotection relative à l'erreur des mesures des variables agrométéorologiques d'entrée. *Agronomie* 21 : 147 - 167.
- Coïc, Y. 1956.** La nutrition et la fertilisation azotée du blé d'hiver. *Annales Agronomiques* 1 : 115-131.
- Colson, J., A. Bouniols, and J.W. Jones. 1995a.** Soybean reproductive development : Adapting a model for european cultivars. *Agronomy Journal* 87 : 1129-1139.
- Colson, J., D. Wallach, A. Bouniols, J.B. Denis, and J.W. Jones. 1995b.** Mean squared error of yield prediction by SOYGRO. *Agronomy Journal* 87 : 397-402.
- Cox, M.C., C.O. Qualset, and D.W. Rains. 1985a.** Genetic variation for nitrogen assimilation and translocation in Wheat. I. Dry matter and nitrogen accumulation. *Crop Science* 25 : 430-435.
- Cox, M.C., C.O. Qualset, and D.W. Rains . 1985b.** Genetic variation for nitrogen assimilation and translocation in Wheat. II. Nitrogen assimiltion in relation to grain yield and protein. *Crop Science* 25 : 435-440.
- Cox, M.C., C.O. Qualset, and D.W. Rains. 1986.** Genetic variation for nitrogen assimilation and translocation in Wheat. III. Nitrogen translocation in relation to grain yield and protein. *Crop Science* 26 : 737 - 740.
- Darroch, B.A., and R.J. Baker 1990.** Grain filling in three spring wheat genotypes: Statistical analysis. *Crop Science* 30 : 525-529.
- Darroch, B.A., and R.J. Baker 1995.** Two mesures of grain filling in spring wheat. *Crop Science* 35 : 164 - 168.
- David, C., M.H. Jeuffroy, S. Recous, and F. Dorsainville . 2004 (sous presse).** Adaptation and assessment of the Azodyn model for managing the nitrogen fertilization of organic winter wheat. *European Journal of Agronomy*.
- David, C., M.H. Jeuffroy, F. Laurent, M. Mangin, and J.M. Meynard. 2004 accepté.** The assesement of a decision-making tool for managing nitrogen fertilization of organic winter wheat. *European Journal of Agronomy*.
- de la Borde, I. 2000.** Des exigences de plus en plus précises. *Perspectives Agricoles* 260 : 18 - 19.
- Denis, J.B. 1980.** Analyse de régression factorielle. *Biom. Praxim* 20 : 1-34.
- Denis, J.B., and P. Vincourt. 1982.** Panorama des méthodes statistiques d'analyse des interaction génotype*milieu. *Agronomie* 2 : 219-230.
- Desclaux, D., T.T. Huynh, and P. Roumet. 2000.** Identification of soybean plant characteristics that indicate the timing of drought stress. *Crop Science* 40 : 716-722.
- Devienne -Barret, F., E. Justes, J.M. Machet, and B. Mary. 2000.** Integrated control of nitrate uptake by crop growth rate and soil nitrate availability. *Annals of Botany* 86 : 995 - 1005.
- Dhugga, K.S., and J.G. Waines. 1989.** Analysis of nitrogen accumulation and use in bread and durum Wheat. *Crop Science* 29 : 1232-1239.
- Dimmock, J., and M.J. Gooding. 2002.** The influence of foliar diseases, and their control by fungicides, on the protein concentration in wheat grain : a review. *Journal of agricultural Science, Cambridge* 138 : 349 - 366.
- Donmez, E., R.G. Sears, J.P. Shroyer, and G.M. Paulsen. 2001.** Genetic gain in yield attributes of winter wheat in the great plains. *Crop Science* 41 : 1412 - 1419.

- Doré, T., M. Sebillotte, and J.M. Meynard. 1997.** A diagnosis method for assessing regional variation in crop yields. *Agricultural Systems* 54 : 169 -188.
- Durand, R. 1967.** Action de la température et du rayonnement sur la croissance. *Annales de Physiologie végétale* 9 : 5 - 27.
- Eberhart, S.A., and W.A. Russel. 1966.** Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science* 6 : 36-40.
- Epinat-Le Signor, C., S. Dousse, J. Lorgeou, J.B. Denis, R. Bonhomme, P. Carolo, and A. Charcosset. 2001.** Interpretation of genotype*environment interaction for early maize hybrids over 12 years. *Crop Science* 41 : 663-669.
- Fargue, A. 2002.** Maîtrise des flux de gènes chez le colza :Etude *ex-ante* de l'impact de différentes innovations variétales. Thèse, Institut National Agronomique Paris-Grignon, Paris 158 pp + Annexes.
- Félix, I., C. Loyce, C. Bouchard, J.M. Meynard, M.H. Bernicot, B. Rolland, and H. Haslé. 2002.** Associer des variétés rustiques à des niveaux d'intrants réduits: Intérêts économiques et perspectives agronomiques. *Perspectives Agricoles* 279 : 30 - 35.
- Félix, I., C. Loyce, C. Bouchard, J.M. Meynard, B. Rolland, M.H. Bernicot, and H. Haslé. 2003.** Une voie pour s'adapter aux baisses de prix du blé : Des variétés rustiques conduites à faible coût. *Perspectives Agricoles* 290 : 22 - 29.
- Finlay, K.W., and G.N. Wilkinson. 1963.** The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research* 14 : 742-754.
- Fischer, R.A. 1985.** Number of kernels in wheat crops and the influence of solar radiation and temperature. *Journal of agricultural Science, Cambridge* 105 : 447 - 461.
- Fleury, A., and F. Limaux. 1987.** Comment la comparaison globale de nombreux essais a pu induire à des références régionales pour le blé en Lorraine. *BTI* 417 : 95-110.
- Foucteau, V. 2001.** Méta-analyse statistique: intégration de trois réseaux d'expérimentation pour améliorer l'efficacité de la sélection des variétés de tournesol. Thèse, Institut National Agronomique Paris-Grignon 156pp + Annexes.
- Foucteau, V., M. El Daouk, and C.P. Baril. 2001.** Interpretation of genotype by environment interaction in two sunflower experimental network. *Theory and Applied Genetics* 102 : 327-334.
- Fox, P.N., A.A. Rosielle, and W.J.R. Boyd. 1985.** The nature of genotype * environment interactions for wheat yield in western australia. *Field Crops Research* 11 : 387 - 398.
- Gallais, A. 1992a.** Adaptation et Adaptabilité en Amélioration des Plantes. *Le Sélectionneur Français* 42 : 55-57.
- Gallais, A. 1992b.** Bases Génétiques et Stratégies de Sélection de l'Adaptation Générale. *Le Sélectionneur Français* 42 : 59-78.
- Garry, G., B. Tivoli, M.H. Jeuffroy, and J. Citharel 1996.** Effects of *Ascochyta* blight caused by *Micosphaerella pinodes* on the translocation of carbohydrates and nitrogenous compounds from the leaf and hull to the seed of dried-pea. *Plant Pathology* 45 : 769 - 777.
- Gastal, F., and G. Lemaire. 1997.** Nutrition azotée et croissance des peuplements végétaux cultivés, p. 355-367, *In* INRA, ed. Assimilation de l'azote chez les plantes: aspects physiologiques, biochimiques et moléculaires. Morot-Gaudry, J.F., Paris.
- Gate, P. 1987.** Mieux comprendre l'élaboration du nombre de grains par épi chez le blé. *Perspectives Agricoles* 114 : 38 - 51.
- Gate, P. 1995.** Ecophysiologie du blé. Lavoisier TECH et DOC.
- Girard, M.L. 1997.** Modélisation de l'accumulation de biomasse et d'azote dans les grains de blé tendre d'hiver (*Triticum aestivum* L.) simulation de leur teneur en protéines à la récolte. Thèse, Institut National Agronomique Paris-Grignon 96 pp + Annexes.
- Gosse, G., C. Varley-Grancher, R. Bonhomme, M. Chartier, J. Allirand, and G. Lemaire. 1986.** Production maximale de matière sèche et rayonnement solaire intercepté par un couvert végétal. *Agronomie* 6 : 47-56.

- Greenwood, D., J. Neeteson, and A. Draycott. 1986.** Quantitative relationship for the dependence of growth rate of arable crop on their nitrogen content, dry weight and aerial environment. *Plant and Soil* 91 : 281-301.
- Habib, R., E. Triboï, M. Genard, and M. Le Bail. 1997.** INRA (*ed.*). Maîtrise de l'azote dans les agrosystèmes, Reims. Lemaire, G., Nicolardot, B.
- Halloran, G.M. 1981.** Cultivar Differences in Nitrogen Translocation in Wheat. *Australian Journal of Agricultural Research* 32 : 535-544.
- Hammer, G.L., and R.L. Vanderlip. 1989.** Genotype by Environment Interaction in Grain Sorghum. III. Modeling the impact in Field Environments. *Crop Science* 29 : 385-391.
- Hammer, G.L., P.J. Goynes, and D.R. Woodruff. 1982.** Phenology of Sunflower Cultivars. III. Models for prediction in Field Environments. *Australian Journal of Agricultural Research* 33 : 251-261.
- Hoogenboom, G., and J.W. White. 2003.** Improving physiological assumption of simulation models by using gene-based approaches. *Agronomy Journal* 95 : 82 - 89.
- Hoogenboom, G., J.W. White, J. Acosta-Gallegos, R.G. Gaudiel, J.R. Myers, and M.J. Silbernagel 1997.** Evaluation of a crop simulation model that incorporates gene action. *Agronomy Journal* 89 : 613-620.
- Hoppenot, M., M. Le Bail, and G. Martin. 1991.** Un modèle agroclimatique de la qualité du blé tendre. *Perspectives Agricoles* 158 : 51 - 59.
- Hunt, L.A., M.P. Reynolds, K.D. Sayre, S. Rajaram, J.W. White, and W. Yan. 2003.** Crop modeling and the identification of stable coefficient that may reflect significant groups of genes. *Agronomy Journal* 95 : 20 - 31.
- Husson, F., D. Wallach, and B. Vandeputte. 1998.** Evaluation of CECOL, a model of winter rape (*Brassica napus* L.). *European Journal of Agronomy* 8 : 205 - 214.
- Jamieson, P.D., and M.A. Semenov. 2000.** Modeling nitrogen uptake and redistribution in wheat. *Field Crops Research* 68 : 21-29.
- Jamieson, P.D., M.A. Semenov, I.R. Brooking, and G.S. Francis. 1998a.** *Sirius*, a mechanistic model of wheat response to environmental variations. *European Journal of Agronomy* 8 : 161-179.
- Jamieson, P.D., J. Porter, J. Goudriaan, J.T. Ritchie, H. Van Keulen, and W. Stol. 1998b.** A comparison of the model AFRCWHEAT2, CERES-Wheat, Sirius, SUCROS2 and SWHEAT with measurements from wheat grown under drought. *Field Crops Research* 55 : 23 - 44.
- Jeuffroy, M.H., and C. Bouchard. 1999.** Intensity and Duration of Nitrogen Deficiency on Wheat Grain Number. *Crop Science* 39 : 1385-1393.
- Jeuffroy, M.H., and S. Recous. 1999.** Azodyn: a simple model simulating the date of nitrogen deficiency for decision support in wheat fertilization. *European Journal of Agronomy* 10 : 129-144.
- Jeuffroy, M.H., M.L. Girard, and C. Barré. 2000a.** Blé tendre : comprendre et prévoir la teneur en protéines. *Perspectives Agricoles* 261 : 24 - 31.
- Jeuffroy, M.H., J. Lecœur, and A. Barbottin. 2002.** INRA (*ed.*). Pour une bonne utilisation des modèles de culture, Le Croisic.
- Jeuffroy, M.H., C. Barré, C. Bouchard, S. Desmotes-Mainard, F. Devienne-Barret, M.L. Girard, and S. Recous. 2000b.** Fonctionnement d'un peuplement de blé en condition de nutrition azotée sub-optimale. *In: Fonctionnement des peuplement végétaux sous contraintes environnementales.* INRA, Paris.
- Justes, E., B. Mary, J.M. Meynard, J.M. Machet, and L. Thelier-Huche. 1994.** Determination of a Critical Nitrogen Dilution Curve for Winter Wheat Crop. *Annals of Botany* 74 : 397-407.
- Katerji, N. 1997.** Les indicateurs de l'état hydrique de la plante, p. 169 - 177, *In* INRA, ed. L'eau dans l'espace rural. C. Riou, R. Bonhomme, P. Chassin, A. Neveu, F. Papy, Paris.
- Kempton, R.A., and P.N. Fox. 1997.** Statistical methods for plant variety evaluation Chapman & Hall, London.
- Keuls, M., and F. Garresten. 1982.** Statistical analysis of growth curves in plant breeding. *Euphytica* 31 : 51-64.

- Kobayashi, K., and M. Us Salam. 2000.** Comparing simulated and measured values using mean squared deviation and its components. *Agronomy Journal* 92 : 345 - 352.
- Landau, S., R.A. Mitchell, V. Barnett, J. Colls, J. Craigon, K.L. Moore, and R.W. Payne . 1998.** Testing winter wheat simulation model's predictions against observed UK grain yields. *Agricultural and Forest Meteorology* 89 : 85 - 99.
- Le Bail, M. 1997.** Maîtrise de la qualité des céréales à l'échelle du bassin d'approvisionnement d'une entreprise de collecte et de stockage. Approche agronomique. Thèse, Institut National Agronomique Paris-Grignon 238 pp + Annexes.
- Le Buanec, B. 1999.** Diversité génétique des variétés de blé tendre cultivées en France au cours du vingtième siècle. Evolution variétale, données techniques et économiques. *Comptes Rendus de l'Académie d'Agriculture de France* 85 : 37 - 63.
- Le Gouis, J., and P. Pluchard. 1996.** Genetic variation for nitrogen use efficiency in winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 92 : 221-224.
- Le Gouis, J., D. Béghin, E. Heumez, and P. Pluchard. 2000.** Genetic differences for nitrogen uptake and nitrogen utilisation efficiency in winter wheat. *European Journal of Agronomy* 12:163-173.
- Lecoœur, J. 2002.** I.-. Promosol (*ed.*). Carrefour du tournesol 2002, Clermont-Ferrand.
- Lecomte, C. 2004.** Thèse en cours, Institut national Agronomique Paris-Grignon.
- Lemaire, G., and J. Salette. 1984a.** Relation entre dynamique de croissance et dynamique de prélèvement d'azote pour un peuplement de graminées fourragères. II. Etude de la variabilité entre génotypes. *Agronomie* 4 : 431-436.
- Lemaire, G., and J. Salette. 1984b.** Relation entre dynamique de croissance et dynamique de prélèvement d'azote pour un peuplement de graminées fourragères. I. Etude de l'effet du milieu. *Agronomie* 4 : 423-430.
- Lemaire, G., and F. Gastal. 1997.** N uptake and distribution in plant canopies. In: *Diagnosis of the nitrogen status in the crop*. Springer-Verlag.
- Lemaire, G., F. Gastal, D. Plenet, and J. Le Bot. 1997.** INRA (*ed.*). Maîtrise de l'azote dans les agrosystèmes, Reims. Les colloques de l'INRA.
- Leterme, P., H. Manichon, and J. Roger-Estrade . 1994.** Analyse intégrée des rendements de blé tendre et de leurs causes de variation dans un réseau de parcelles d'agriculteurs du Thymerais. *Agronomie* 14 : 341 - 361.
- Lewicki, S., and J. Chery. 1992.** Etude de l'accumulation et de la remobilisation de l'azote chez l'orge (*Hordeum vulgare* L) : comparaison de variétés possédant ou non le gène de semi-nanisme (*sdw*). *Agronomie* 12 : 235 - 245.
- Lhuillier-Soundélé, A., N.G. Munier-Jolain, and B. Ney. 1999.** Dependence of seed nitrogen concentration on plant nitrogen availability during the seed filling in pea. *European Journal of Agronomy* 11 : 157-166.
- Limaux, F. 1999.** Modélisation des besoins du blé en azote, de la fourniture du sol et de l'utilisation de l'engrais. application au raisonnement de la fertilisation en Lorraine. Thèse, Institut National Polytechnique de Lorraine 178 pp.
- Limaux, F., S. Recous, J.M. Meynard, and A. Guckert. 1999.** Relationship between rate of crop growth at date of fertiliser N application and fate of fertiliser N applied to winter wheat. *Plant and Soil* 214 : 49-59.
- Lin, C.S., M.R. Binns, and L.P. Lefkovitch. 1986.** Stability Analysis: Where Do We Stand? *Crop Science* 26 : 894-900.
- Liu, W.T.H. 1989.** Application of CERES-MAIZE Model to Yield Prediction of Brazilian Maize Hybrid. *Agricultural and Forest Meteorology* 45 : 299 - 312.
- Loyce, C., C. Bouchard, J.M. Meynard, B. Rolland, G. Doussinault, M.H. Bernicot, and H. Haslé. 2001.** Les variétés tolérantes aux maladies : Une innovation majeure à valoriser par des itinéraires techniques économes. *Perspectives Agricoles* 268 : 50 - 56.

- Machet, J.M., P. Dubrulle, and P. Louis. 1990.** ESA (*ed.*). First congress of the European Society of Agronomy, Paris.
- Makowski, D., and M.H. Jeuffroy. 2002.** (*ed.*). Pour une bonne utilisation des modèles de culture, Le Croisic. INRA Formation-Permanente.
- Makowski, D., D. Wallach, and J.M. Meynard. 2001.** Statistical methods for predicting responses to applied nitrogen and for calculating optimal nitrogen rates. *Agronomy Journal* 93 : 531-539.
- Makowski, D., C. Naud, H. Monod, M.H. Jeuffroy, and A. Barbottin. 2004.** Global sensitivity analysis for calculating the contribution of genetic parameters to the variance of crop model prediction. *Sensitivity Ananysis Model Output*, Santa Fe, New Mexico (USA), 8 - 11 mars 2004
- Masle, J. 1985.** Elaboration du nombre de grains potentiel d'un peuplement de blé d'hiver. *Comptes Rendus de l'Académie d'Agriculture de France* 71 : 857 - 869.
- Mavromatis, T., K.J. Boote, J.W. Jones, G.G. Wilkerson, and G. Hoogenboom. 2002.** Repeatability of model genetic coefficients derived from soybean performances trials across different states. *Crop Science* 42 : 76 - 89.
- Mavromatis, T., K.J. Boote, J.W. Jones, A. Irmak, D. Shinde, and G. Hoogenboom. 2001.** Developing Genetic Coefficients for Crop Simulation Models with Data from Crop Performance Trials. *Crop Science* 41 : 40 - 51.
- Meynard, J.M., and M. Sebillotte. 1982.** INRA (*ed.*). La fatigue des sols, Versailles. 21 - 22 octobre 1982. Les colloques de l'INRA.
- Meynard, J.M., and G. David. 1987.** Diagnostic sur l'élaboration du rendement des cultures, Sorrento 1987.
- Meynard, J.M., and M.H. Jeuffroy. 2002.** Progrès génétique et agriculture durable. *Le Sélectionneur Français* 53 : 69 - 82.
- Meynard, J.M., E. Justes, J.M. Machet, and S. Recous. 1997.** Fertilisation azotée des cultures annuelles de plein champ, p. 183 -199, *In INRA, ed. Maîtrise de l'azote dans les agrosystèmes. Les Colloques de l'INRA*, Reims.
- Mitchell, P.L. 1997.** Misuse of regression for empirical validation of models. *Agricultural Systems* 54 : 313 - 326.
- Moll, R.H., E.J. Kamprath, and W.A. Jackson. 1982.** Analysis and Interpretation of Factor which Contribute to efficiency of Nitrogen Utilisation. *Agronomy Journal* 74 : 562-564.
- Monteith, J.L. 1972.** Solar radiation and productivity in tropical ecosystems. *journal of applied ecology* 9 : 747-766.
- Monteith, J.L. 1996.** The Quest for Balance in Crop Modeling. *Agronomy Journal* 88 : 695 - 697.
- Moreau, D. 2000.** Identifier des génotypes de blé tendre d'hiver au comportement contrasté. DAA Institut Supérieur d'Agriculture - INRA, Mons 44 pp+Annexes.
- Murray, A.W.A., and P.A. Nunn. 1987.** A non-linear function to describe the response of % nitrogen in grain to applied nitrogen fertiliser. *Aspects of Applied Biology* 15 : 219-225.
- Naud, C. 2003.** Comparaison de méthodes d'analyse de sensibilité pour des modèles agronomiques. DEA , Paris I - VII 45 pp.
- Noël, V. 2003.** Blés : que veulent les acheteurs? *France Agricole* : 43 - 47.
- O'Leary, G., D. Connor, and D. White. 1985.** A simulation Model of the Development, Growth and Yield of the Wheat Crop. *Agricultural Systems* 17 : 1-26.
- Olesen, J.E., J. Berntsen, E.M. Hansen, B.M. Petersen, and J. Petersen 2002.** Crop nitrogen demand and canopy area expansion in winter wheat during vegetative growth. *European Journal of Agronomy* 16 : 279-294.
- ONIC. 2001.** Une nouvelle progression des blés panifiables. *Perspectives Agricoles* 268 : 58 - 61.
- ONIC. 2002.** Les blés panifiables poursuivent toujours leur progression. *Perspectives Agricoles* 279 : 24 -28.
- ONIC. 2003.** Les blés panifiables continuent de progresser. *Perspectives Agricoles* 290 : 62 - 67.

- Palta, J.A., T. Kobata, N.C. Turner, and R. Fillery. 1994.** Remobilization of Carbon and Nitrogen in Wheat as Influenced by Postanthesis Water deficits. *Crop Science* 34 : 118-124.
- Panozzo, J.F., and H.A. Eagles. 1999.** Rate and duration of grain filling and grain nitrogen accumulation of wheat cultivar grown in different environments. *Australian Journal of Agricultural Research* 50 : 1007-1015.
- Papakosta, D.K., and A.A. Garianas. 1991.** Nitrogen and Dry Matter Accumulation, Remobilization, and Losses for Mediterranean Wheat during Grain Filling. *Agronomy Journal* 83 : 864 - 870.
- Passioura, J.B. 1996.** Simulation Models : Science, Snake Oil, Education or Engineering? *Agronomy Journal* 88 : 690 - 694.
- Piepho, H.P. 1998.** Methods for Comparing the Yield Stability of cropping Systems - A Review. *Journal of Agronomy and Crop Science* 180 : 193-213.
- Porter, J. 1993.** AFRCWHEAT2: A model of the growth and development of wheat incorporating responses to water and nitrogen. *European Journal of Agronomy* 2 : 69-82.
- Probert, M.E., J.P. Dimes, B.A. Keating, R.C. Dalal, and W.M. Strong. 1998.** APSIM's water and nitrogen modules and simulation of the dynamics of water and nitrogen in the fallow systems. *Agricultural Systems* 56 : 1 - 28.
- Prost, L., A. Gauffreteau, and D. Tristant. 2003.** Mais où s'en vont les nouvelles variétés de blé tendre ? DAA , Institut National Agronomique Paris-Grignon, Paris 27 pp.
- Przulj, N., and V. Momcilovic. 2001.** Genetic variation for dry matter and nitrogen accumulation and translocation in two-rowed spring barley. II. Nitrogen translocation. *European Journal of Agronomy* 15 : 255-265.
- Rao, M.S.S., B.G. Mullinix, M. Rangappa, E. Cebert, A.S. Bhagsari, V.T. Sapra, J.M. Joshi, and R.B. Dadson. 2002.** Genotype*environment Interaction and Yield Stability of Food-Grade Soybean Genotypes. *Agronomy Journal* 94 : 72-80.
- Recous, S. 1983.** Utilisation réelle de l'engrais azoté par une culture de blé. 4 années d'expérimentation avec l'azote 15N. INRA - ITCF.
- Recous, S., J.M. Machet, and B. Mary. 1992.** The partitioning of fertilizer-N between soil and crop: Comparison of ammonium and nitrate application. *Plant and Soil* 144 : 101-111.
- Rémy, J.C., and J. Hébert. 1977.** Le devenir des engrais azotés dans le sol. *Compte Rendus de l'Académie d'Agriculture de France* 63 : 700-714.
- Reymond, M. 2001.** Variabilité Génétique des réponses de la croissance foliaire du maïs à la température et au déficit hydrique. Combinaison d'un modèle écophysio-logique et d'une analyse QTL. Thèse, Montpellier.
- Ritchie, J.T., and S. Otter. 1984.** CERES WHEAT, A user-oriented Wheat Yield Model, Temple.
- Robert, N., and J.B. Denis. 1996.** Stability of Baking quality in bread wheat using several statistical parameters. *Theory and Applied Genetics* 93 : 172-178.
- Robert, N., S. Huet, C. Hennequet, and A. Bouvier. 1999.** Methodology for choosing a model for wheat kernel growth. *Agronomie* 19 : 405 - 417.
- Rodgers, C.O., and A.J. Barneix. 1988.** Cultivar differences in the rate of nitrate uptake by intact wheat plants as related to growth rate. *Physiologia Plantarum* 72 : 121-126.
- Roussel, P. 2001.** A nouvelles exigences techniques, nouvelles exigences qualitatives. *Perspectives Agricoles* 271 : 12 - 18.
- Royo, C., and R. Blanco. 1999.** Growth Analysis of Five Spring and Five Winter Triticale Genotypes. *Agronomy Journal* 91 : 305-311.
- Ruget, F., N. Brisson, R. Délécolle, and R. Faivre. 2002.** Sensitivity analysis of a crop simulation model, STICS, in order to choose the main parameters to be estimated. *Agronomie* 22 : 133-158.
- Saulescu, N.N., and W.E. Kronstad. 1995.** Growth Simulation Output for Detection of Differential Response to Environmental Factors. *Crop Science* 35 : 773-778.
- Sebillotte, M. 1980.** An analysis of yield elaboration in wheat, p. 25 - 32, *In C.-. GEIGY, ed. Wheat technical monograph*, Basel.

- Shorter, R., R.J. Lawn, and G.L. Hammer. 1991.** Improving genotypic adaptation in crops - A role for breeders, physiologist and modellers. *Experimental Agriculture* 27 : 155-175.
- Simpson, R.J., H. Lambers, and M.J. Dalling. 1983.** Nitrogen Redistribution during Grain Growth in Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Physiology* 71 : 7-14.
- Sinclair, T.R., and C.T. de Wit. 1976.** Analysis of the Carbon and Nitrogen Limitations to Soybean Yield. *Agronomy Journal* 68 : 319-324.
- Smith, G.P., and M.J. Gooding. 1999.** Models of wheat grain quality considering climate, cultivar and nitrogen effects. *Agricultural and Forest Meteorology* 94 : 159 - 170.
- Stöckle, C.O., and P. Debaeke. 1997.** Modeling crop nitrogen requirements : a critical analysis. *European Journal of Agronomy* 7 : 161 - 169.
- Stöckle, C.O., S.A. Martin, and G.S. Campbell. 1994.** Cropsyst, a cropping system simulation model: water and nitrogen budgets and crop yield. *Agricultural Systems* 46 : 335 - 359.
- Stöckle, C.O., M. Donatelli, and R. Nelson. 2003.** CropSyst, a cropping systems simulation model. *European Journal of Agronomy* 18 : 289 - 307.
- Travasso, M.I., and G.O. Magrin. 1998.** Utility of CERES-Barley under Argentine conditions. *Field Crops Research* 57 : 329 - 333.
- Triböi, E., J. Blanchon, and J. Magne . 1985.** Déterminisme du poids moyen du grain chez le blé. Effet sur la variation du rendement. *Compte Rendus de l'Académie d'Agriculture de France* 8 : 871-886.
- Trottet, M., and G. Doussinault. 2002.** Analyse du progrès génétique chez le blé tendre au cours du XXème siècle. *Le Sélectionneur Français* 53 : 3 - 13.
- van Eeuwijk, F.A. 1995.** Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials : I. An inventory of models. *Euphytica* 84 : 1-7.
- van Ittersum, M.K., and M. Donatelli. 2003.** Modelling cropping systems - highlights of the symposium and preface to the special issues. *European Journal of Agronomy* 18 : 187 - 197.
- Van Keulen, H., and N.G. Seligman. 1987.** Simulation of water use, nitrogen nutrition and growth of a spring wheat crop. Pudoc Wageningen, Wageningen.
- Van Keulen, H., and W. Stol. 1991.** Quantitative aspects of nitrogen nutrition in crops. *Fertiliser Research* 27 : 151-160.
- Van Sanford, D.A., and C.T. Mackown. 1986.** Variation in nitrogen use efficiency among soft red winter wheat genotypes. *Theory and Applied Genetics* 72 : 158-163.
- Van Sanford, D.A., and C.T. Mackown. 1987.** Cultivar Differences in Nitrogen Remobilization during Grain Filling in Soft Red Winter Wheat. *Crop Science* 27 : 295-300.
- Varlet-Grancher, C. 1987.** Interception des rayonnements solaires par un couvert végétal. *Comptes Rendus de l'Académie d'Agriculture de France* 73 : 37-49.
- Varlet-Grancher, C., and R. Bonhomme. 1982.** Efficience de la conversion de l'énergie solaire par un couvert végétal. *Acta OEcologica / OEcologica Plantarum* 3 : 2-26.
- Villalobos, F.J., A.J. Hall, J.T. Richie, and F. Orgaz. 1996.** OILCROP-SUN: A Development, Growth, and Yield Model of the Sunflower Crop. *Agronomy Journal* 88 : 403 - 415.
- Vos, J. 1985.** Aspects of modelling post-floral growth of wheat and calculations of the effects of temperature and radiation., *In* W. Day and R. K. Atkin, eds. *Wheat growth and modelling*.
- Wallach, D. 2002.** Evaluation d'un modèle, p. 1 - 39 *Ecole chercheur : Pour une bonne utilisation des modèle de culture*. INRA, Le Croisic.
- Wallach, D., and B. Goffinet. 1987.** Mean Squared Error of Prediction in Models for Studying Ecological and Agronomic Systems. *Biometrics* 43 : 561 - 573.
- Wallach, D., B. Goffinet, J.E. Bergez, P. Debaeke, D. Leenhardt, and J.N. Aubertot. 2001.** Parameter Estimation for Crop Models : A New Approach and Application to Corn Model. *Agronomy Journal* 93 : 757 - 766.
- Weir, A.H., P.L. Bragg, J.R. Porter, and J.H. Rayner. 1984.** A winter wheat crop simulation model without water or nutriment limitations. *Journal of agricultural Science, Cambridge* 102 : 371-382.

- Whisler, F.D., B. Acock, D.N. Baker, R.E. Fye, H.F. Hodges, J.R. Lambert, H.E. Lemmon, J.M. McKinion, and V.R. Reddy. 1986.** Crop simulation models in agronomic systems. *Advances in Agronomy* 40 : 141 - 208.
- White, J.W., and G. Hoogenboom 1996.** Simulating effects of genes for physiological traits in a process-oriented crop model. *Agronomy Journal* 88 : 416 - 422.
- Whitmore, A.P., and T.M. Addiscott. 1987.** A function for describing nitrogen uptake, dry matter production and rooting by wheat crops. *Plant and Soil* 101 : 51-60.
- Williams, J.R., C.A. Jones, J.R. Kiniry, and D.A. Spanel 1989.** The EPIC Crop Growth Model. *Transactions of the ASAE* 32 : 497-511.

ANNEXES

ANNEXES

PROTOCOLE ESSAI GRIGNON CAMPAGNE 00-01

Objectif :

Vérifier que la relation vitesse maximale d'absorption d'azote =f(MS) avant floraison est linéaire et indépendante de la variété pour des MS < 2t/ha pour une situation où l'N n'est pas limitant.

Chercher l'existence de différences variétales ou non sur le plateau atteint par Vabsmax quant la MS atteint une valeur seuil de 2t/ha pour des situations où l'azote n'est pas limitant dans le sol.

Observer le comportement des variétés en post-floraison pour des situations où l'azote est limitant ou non pour cette période (en terme d'absorption d'azote par le couvert et de remplissage des grains en MS et en N).

Vérifier s'il existe un effet variétal sur la VabsN avant floraison, dans des situations où l'N est limitant (variétés plus aptes que d'autres à valoriser l'N disponible dans le sol ?)

Mettre en évidence le caractère variétal du CAU (pour un même apport d'azote, certaines variétés ont-elles un CAU supérieur à d'autre ? Cette supériorité est-elle en relation avec la vitesse de croissance de la variété à la date d'apport ? A sa BM aérienne ? A une autre caractéristique du couvert à cette date ?

Description de l'essai :

Lieu de l'essai : Grignon, A2, précédent maïs, ante précédent colza.

Date de semis : Samedi 28 octobre 2000

Densité de semis : 250 pl/m² (objectif SH)

Variétés semées : Arche, Récital, Renan, Rumba, Soissons, Camp-Rémy, Hyno-précia, DI9714, Isengrain, Oratorio.

Protection phytosanitaire maximale pour n'avoir aucune maladie, aucune mauvaise herbe et aucun insecte limitant le fonctionnement de la culture : SURVEILLANCE INDISPENSABLE.

Irrigation indispensable si besoin pour :

faire absorber l'engrais apporté s'il ne pleut pas dans les 3 jours suivant l'apport.

maintenir le sol dans un état hydrique non limitant (déclencher irrigation quand les tensiomètres passent en dessous de 30 cbars à 40 cm de profondeur).

Raccourcisseurs de croissance indispensables pour empêcher toute verse, 2 apports en encadrant les stades sensibles. Pose de filets anti-verse si nécessaire.

Traitements expérimentaux :

10 variétés croisées avec 5 traitements azotés.

Traitement dose X + 80u (calculée suivant la méthode du bilan et ajustée au cours du cycle en fonction du suivi de l'INN) en 4 apports, dont un à floraison (objectif = azote jamais limitant jusqu'à mi-remplissage au moins et calcul du CAU d'un 4^{ème} apport).

Traitement dose X- 20 en 3 apports (objectifs = azote limitant en post-floraison et calcul du CAU du 3^{ème} apport)

Traitement 2 premiers apports seulement (calcul du CAU du 2nd apport)

Traitement 1^{er} apport seulement (calcul du CAU du 1^{er} apport)

Traitement sans azote (objectifs = mesure de l'absorption N minéral préfloraison + calcul CAU du 1^{er} apport).

Suivi plante :

Traitement 4 apports N401 :

3 prélèvements durant hiver (décembre, janvier (SH), février).

6 ou 7 prélèvements entre épi 1 cm et floraison (épi 1cm, puis tous les 15 jours jusqu'à floraison).

4 prélèvements entre floraison et récolte (avec suivi du remplissage des grains et absorption d'N post-floraison).

1 prélèvement maturité avec deux fois plus de placettes (composantes du rendement, MS et QN total pour le calcul du CAU 4^{ème} apport).

Traitement 3 apports N301 :

1 prélèvement à floraison

4 prélèvements post-floraison (avec suivi de l'absorption d'N et du remplissage des grains en situation d'azote limitant post-floraison).

1 prélèvement maturité sur 4 placettes (avec composantes du rendement + MS et QN total pour le calcul du CAU 3^{ème} et 4^{ème} apport).

Traitements 2 et 1 apports N201 et N101 :

1 prélèvement floraison et un prélèvement maturité pour chacun des traitements (avec MS et QN des différents organes, permet le calcul des CAU des 2^{ème} et 3^{ème} apports et de QN remobilisé + relations PMG/ NGM2 et Qnremob/ INNflo).

Traitement 0 apport N001 :

6 ou 7 prélèvements entre épi 1 cm et floraison (avec suivi de MS et %N total pour suivi de l'absorption d'azote minéral du sol)

1 prélèvement maturité avec 4 placettes (avec composantes du rendement + MS et QN total pour le calcul CAU 1^{er} apport)

Mesures pour chaque prélèvement :

Prélèvements effectués durant l'hiver (H1, H2, H3) : nombre. plantes/ placette, mesure sur les parties aériennes du couvert de la MS et % N, ainsi que LAI (1 organe).

Prélèvements effectués entre le stade épi 1 cm et la floraison (floraison non comprise) (traitements N401 et N001, V1 à V5 ou 6) : nombre. plantes/placettes, sur les parties aériennes du couvert, mesure de la MS et % N.

Prélèvement effectué à floraison (traitement N401, N001, N201 et N101, F) (date de prélèvement différenciées suivant la précocité des variétés) : nombre. épis/ placette, mesure de la MS et du % N dans les épis et les pailles (deux organes différenciés).

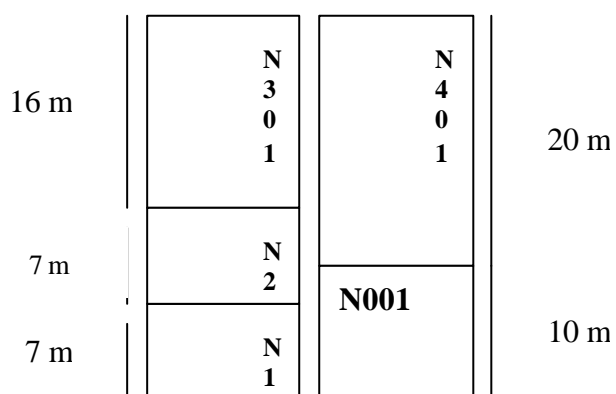
Prélèvements effectués durant le remplissage (traitements N401 et N301, RE1, RE2 et RE3) : nombre. épis/ placette, nombre. grains/placette, mesure de la MS des pailles + balles et des grains, mesure du % N des pailles + balles et des grains (deux organes différenciés).

Prélèvement maturité (traitements N401, N301, N201, N101 et N001, M) : nombre. épis/ placette, nombre. grains/ placette, mesure de la MS des pailles + balles et des grains, mesure du % N des pailles + balles et des grains (deux organes différenciés).

	Levée → E1C	E1C	E1C → Flo	Flo	Flo → maturité	Maturité
N401	Nbre. plt } MS aéri } plac %N (1 plac) LAI (5 plts)	Stade	Nbre. plt } MS aéri } plac %N (1 plac)		Nbe. E } MS E } plac MS (P+B) } Nbre. G } MS G } %N E } %N (P+B) } %N G } plac	
N001			Nbre. plt } MS aéri } plac %N (1 plac)	Nbe. E } MS E } plac MS P } %N E } %N P } plac		Nbre. E } Nbre. G } plac MS (P+B) } MS G } %NG } %N(P+B) } plac
N301					Nbe. E } MS E } plac MS (P+B) } Nbre. G } MS G } %N E } %N (P+B) } %N G } plac	
N201						
N101						

Répartition sur la parcelle :

Pour chaque variété, 2 répétitions (2 trains semis par bloc)



Estimation besoins analyses azote plantes par variété pour 1 bloc:

	Hiver	Epi 1 cm- flo	Post-floraison	Récolte	Total/ trait
N401	3 * 1 organe	5 * 1 organe 1 * 2 organes	3* 2 organes	2 * 2 organes	24
N301			3* 2 organes	2 * 2 organes	16
N201		1 * 2 organes		2 * 2 organes	1
N101		1 * 2 organes		2 * 2 organes	1
N001		5 * 1 organe 1 * 2 organes		2 * 2 organes	10
Total / période	3	18	12	18	51
Total/général	10 variétés * 3 blocs* 51 échantillons				1530

Suivi azote minéral (NO_3^- et NH_4^+) sol :

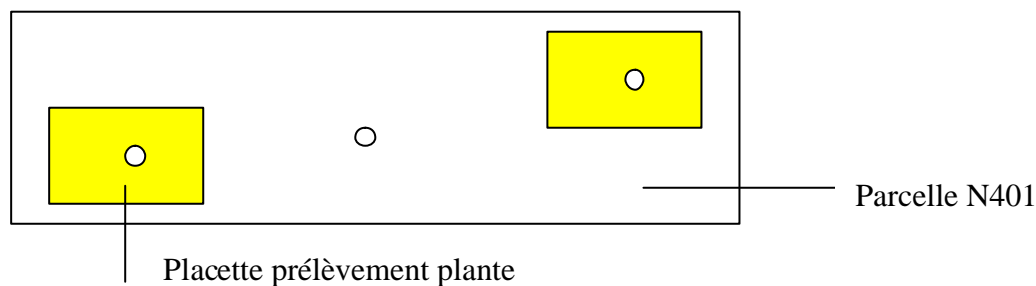
Pour s'assurer que l'N n'est pas limitant sur N401 tout au long du cycle, et savoir quand l'azote est devenu limitant sur N301, en regardant s'il existe des différences entre variétés extrêmes.

Suivi sur le traitement à 4 apports (N401) sur l'ensemble du cycle

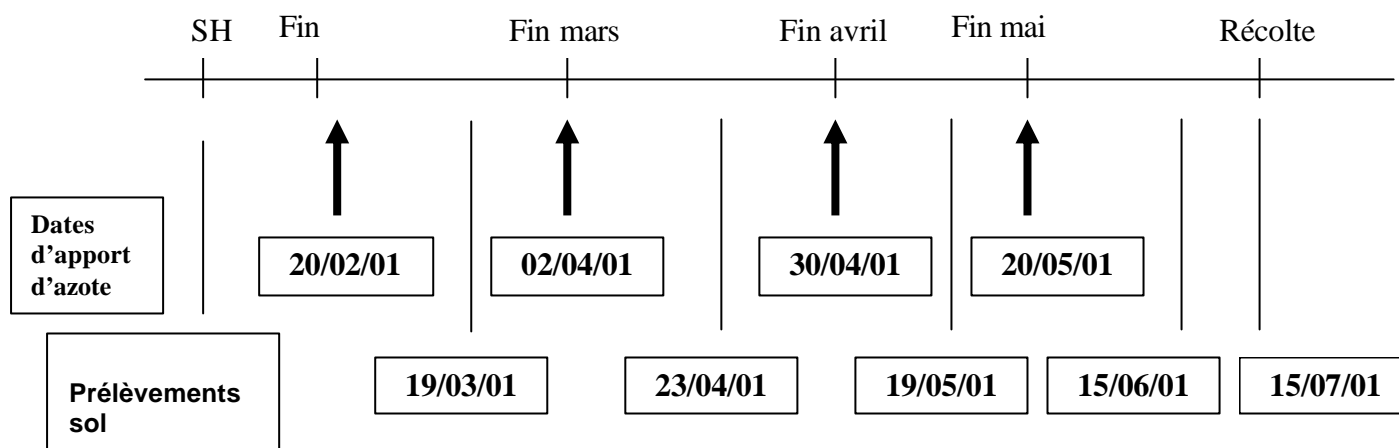
Suivi sur le traitement à 3 apports (N301) à floraison et à mi-remplissage (environ 15 jours après floraison).

Suivi réalisé sur le témoin Soissons et sur les deux variétés ayant un comportement extrême vis à vis de l'azote: Arche et Récital. Les prélèvements s'effectuent de préférence le même jour que le prélèvement de plantes sur le traitement N401, sur les horizons 0-30, 30-60, 60-90 cm pour les trois blocs de chaque variété, soit 3 hrz* 3 blocs = 9 échantillons par variété et par prélèvement.

Chaque échantillon est issu de trois trous/bloc et par variété suivie. Deux des échantillons de sol sont prélevés dans chaque placette correspondant aux prélèvements plantes, plus un au milieu de la parcelle.



Date de suivi: systématiquement 3 semaines après apport d'engrais.



Répartition des prélèvements de sols suivant les traitements.

Traitement	SH	SH – E1C - Flo	Florai	Flo – ½ Rem	Récolte
N401	×	×	×	×	×
N301	×		×	×	×
N201	×				×
N101	×				×
N001	×				×

Estimation besoins analyses azote sol :

Le suivi de l'N minéral dans le sol sera effectué sur les traitements N401 et N301.

Nombre de prélèvements :

	SH	mars	avril	mai	juin	Récolte	total
N401	1	1	1	1	1	1	6
N301				1	1	1	3
							9

Nombre d'échantillons par prélèvement :

Traitement	SH	mars	avril	mai	juin	récolte	Total
N401	3*3 hrz	3*3hrz*3va	3*3hrz*3va	3*3hrz*3va	3*3hrz*3va	3*3hrz*3va	144
N301				3*3hrz*3va	3*3hrz*3va	3*3hrz*3va	81
Total	9	27	27	54	54	54	225

Apports d'azote (date et dose) :

Les doses d'engrais sont calculées sur la base du bilan, avec un rendement objectif de 90 qt. Un premier apport sera effectué fin février sur l'ensemble des traitements sauf N001, de 60 u.

Les doses des apports suivants seront calculées à partir des reliquats sortie-hiver, et du suivi de l'INN sur le traitement N401.

Dose X calculée d'après la méthode du bilan.

Besoins :

Besoins de la culture pour un rendement objectif de 90 qt = $3 \times 90 = 270$ u

Résidus après récolte pour un sol du type de Grignon (90 cm de profondeur, peu caillouteux) = 30u

Soit un besoin estimé de 300 u

Fournitures :

Minéralisation des Résidus de récolte du précédent et de l'humus = 20 u (mais grains)

Reliquats sortie-hiver = 18u

Soit des fournitures estimées à 40 u

Dose totale à apporter = Besoins – Fournitures = $300 - 40 = 260$ u

Traitement	Sortie-Hiver	Epi 1 cm	2 Nœuds	Floraison	Dose totale
Date d'apport	20/02/01	02/04/01	20/04/01	20/05/01	
N401	60 u	100	80	100	340
N301	60 u	100	80	-	240
N201	60 u	100	-	-	160
N101	60u	-	-	-	60
N001	-	-	-	-	0

L'apport d'azote au stade floraison se fera à une même date pour toutes les variétés (si l'intervalle de précocité entre les variété est < à 1 semaine), à un stade floraison moyen (50% des variétés à floraison). Sinon, les apport d'azote s'étaleront en fonction des précocités à floraison.

PROTOCOLE DE SUIVI DES ESSAIS 2001-2002 SITE DE GRIGNON.

Les objectifs des expérimentations réalisées sur le site de Grignon en 2002 sont :

- de paramétrer le modèle de simulation Azodyn sur les 14 variétés implantées du point de vue de l'absorption d'azote (12 variétés ayant déjà fait l'objet d'expérimentations précédentes en 1999 et 2001)
- d'évaluer les potentialités d'absorption post-floraison des différentes variétés en conditions non limitantes en azote
- d'estimer les cinétiques d'absorption d'azote sur l'ensemble du cycle pour les 14 variétés en conditions non limitantes et comparer les cinétiques observées avec celles enregistrées l'année précédente
- estimer les différences variétales en terme de remplissage du grain (vitesses et quantités d'azote entre deux traitements), afin d'intégrer potentiellement ces différences dans le modèle Azodyn.

On dispose de 14 variétés implantées sur trois blocs successifs. La disposition au sein d'un bloc des différentes variétés étant réalisée semi-aléatoirement.

Les variétés sont : Arche, Baltimor, Camp-rémy, DI9714, Galibier, Hyno-précia, Isengrain, Oratorio, Ornicar, Récital, Renan, Rumba, Soissons et Trémie.

Pour des raisons pratiques sur chaque bloc, la variété Soissons ne possède qu'une seule répétition.

Traitements azotés :

Quatre traitements azotés sont réalisés afin de mesurer les coefficients d'utilisation de l'engrais des différentes variétés (paramètre d'Azodyn), d'estimer les paramètres de la relation INN floraison / QN remobilisé, ainsi que pour évaluer les différences de fonctionnement azoté post-floraison.

Ces traitements sont les suivants :

- un traitement permettant d'estimer l'absorption de l'azote minéral du sol. Ce traitement ne reçoit aucun apport d'azote. Ce traitement sans apport d'azote est identifié par le code NO (aucun apport d'azote)
- un traitement non limitant en azote jusqu'à la floraison, mais qui doit être limitant en post-floraison. La dose totale d'azote à apporter est estimée suivant la méthode du bilan. Les apports d'azote seront effectués en quatre fois, à la sortie-hiver, vers le stade épi 1 cm à 2N et à gonflement. Ce traitement est identifié par le code N (un apport d'azote toutes les 3 semaines environ).
- un traitement permettant le suivi de l'absorption post-floraison en conditions non limitantes en azote. La quantité d'azote à apporter correspond à la dose bilan à laquelle s'ajoutent 80 unités d'azote apportées à floraison de chaque variété. Les apports s'effectuent comme pour le traitement précédent (N). Ce traitement est identifié par le code N+ (un apport d'azote toutes les 3 semaines environ).
- le dernier traitement est intermédiaire entre le traitement sans apport d'azote et le traitement correspondant à la dose bilan. Il permet la mesure du CAU par variété. La dose à apporter correspond à la dose bilan moins 100 unités environ. Les apports s'effectuent à la sortie-hiver et au stade épi 1 cm. Ce traitement est identifié par le code N-.

Les dates et les doses d'azote à apporter se répartissent comme suit :

Dose X calculée d'après la méthode du bilan.

Besoins :

Besoins de la culture pour un rendement objectif de 90 qt = $3 \times 90 = 270$ u

Résidus après récolte pour un sol du type de Grignon = 30u

Soit un besoin estimé de 300 u

Fournitures :

Minéralisation des résidus de récolte du précédent et de l'humus = 20 u (maïs grains)

Reliquats sortie-hiver = 18 u

Soit des fournitures estimées à 40 u

Dose totale à apporter = Besoins – Fournitures = 300 - 40 = 260 u

	Sortie-hiver (4.03.02)	Epi 1 cm (25.03.02)	2N environ (15.04.02)	Gonflement/Epiaison (13.05.02)	Floraison par variété (vers le 25.05.02 pour les précoces)	Total
N0	-	-	-	-	-	0
N	60	80	80	40		260
N-	60	80				140
N+	60	80	80	40	80	340

Suivi des variétés par prélèvements de sortie-hiver à floraison :

Suivi de la croissance et de l'absorption d'azote de chaque variété.

Le suivi des 14 variétés s'effectue sur le traitement azoté non limitant soit le traitement N+ jusqu'à floraison. A la floraison, l'ensemble des traitements (N0, N- et N/N+) est prélevé (un seul prélèvement est effectué pour les traitements N et N+, ceux-ci n'étant pas encore différenciés).

En post-floraison, seuls deux traitements sont suivis, N+ et N.

A la maturité physiologique, l'ensemble des traitements est prélevé (N0, N, N- et N+).

Prélèvement Sortie-hiver (SH)

Sur chaque variété, à raison de deux placettes par bloc, prélever 0,5 m linéaire de blé, sur deux rangs successifs (= 1 placette) (rangs 3 et 4)

Compter le nombre de plantes par placette.

Laver les plantes.

Couper les racines au niveau du plateau de tallage.

Mettre en sac individuellement chaque placette.

Placer à l'étuve 72 h à 80 °C.

A la sortie de l'étuve, attendre 10 min. environ avant d'effectuer une pesée de la matière sèche aérienne de chaque placette.

Broyer la placette 1 avec la placette 2 de chaque bloc.

Effectuer une micro-pesée (entre 7 et 9 mg) de l'échantillon broyé après passage 1 nuit à l'étuve.

L'échantillon obtenu sera analysé par la méthode Dumas afin d'avoir une mesure de la teneur en azote des parties aériennes de la variété au moment du prélèvement.

Prélèvement Epi 1 cm (E1C)

A partir de ce prélèvement, les variétés sont suivies par groupe de précocité.

Ce prélèvement sera effectué par groupe de précocité. Un groupe étant formé de trois ou quatre variétés ayant atteint le stade épi 1 cm en même temps (soit épi 1 cm +/- 2-3 jours).

De façon identique à ce qui a été réalisé à la sortie-hiver, deux placettes de 0,5 m linéaire sur deux rangs successifs sont prélevées.

La suite du protocole de dépouillement des échantillons est identique à ce qui a été décrit précédemment.

Prélèvement stade 2 nœuds (2N).

Procéder de façon identique à ce qui a été réalisé à Epi 1 cm.

Prélèvement Epiaison (Ep).

Le prélèvement et le dépouillement s'effectuent de façon identique au stade 2 nœuds, par groupe de précocité en sous-échantillonnant.

Prélèvement Floraison (Flo).

Le prélèvement des variétés se fait par groupes de précocité (floraison +/- 3 jours maximum)

A ce stade, les traitements N et N+ ne sont pas différenciés, un seul des deux traitements sera donc prélevé.

Sur les traitements N0, N- et N/N+, deux placettes par bloc sont prélevées de façon identique à ce qui a été réalisé précédemment.

Sur chaque variété, à raison de deux placettes par bloc, prélever 1 m linéaire de blé, sur deux rangs successifs (= 1 placette).

Laver soigneusement les racines

Laisser les racines s'égoutter une nuit en chambre froide

Peser la matière fraîche de la placette

Séparer la placette en quatre lots de plantes à peu près égaux

Dans chaque lot prélever une poignée (environ 1/3 des plantes) au hasard

Peser la matière fraîche du sous-échantillon je ter le reste de la placette (ou l'utiliser pour le spad C.B.)

Couper les épis sous le dernier épillet et compter les épis du sous-échantillon

Couper les racines du sous-échantillon

Mettre en sac individuellement épis et pailles de chaque sous-échantillon.

Placer à l'étuve 72 h à 80 °C.

A la sortie de l'étuve, attendre 10 min. avant d'effectuer une pesée de la matière sèche des pailles et des épis de chaque sous-échantillon.

Broyer ensemble les sous-échantillons 1 et 2 de chaque bloc pour les épis et les pailles.

Effectuer une micro-pesée (entre 7 et 9 mg) de l'échantillon broyé après un passage d'une nuit à l'étuve.

L'échantillon obtenu sera analysé par la méthode Dumas afin d'avoir une mesure de la teneur en azote des pailles et des épis de la variété au moment du prélèvement.

Suivi des variétés par prélèvement durant le remplissage (R1 à 3) et à maturité physiologique

Les variétés sont suivies et prélevées par groupes de précocité sur les traitements N et N+.

L'objectif des prélèvements est de mettre en évidence les différences de comportements variétaux en terme d'absorption d'azote et de remplissage des grains.

Les prélèvements s'effectueront aux stades floraison + 250 °j (R1), floraison + 450 °j (R2) et floraison + 600°j (R3).

Sur chaque variété, à raison de deux placettes par bloc, prélever 1 m linéaire de blé, sur deux rangs successifs (= 1 placette).

prélever les blés sur 2 placettes de 1 m linéaire, sur deux rangs successifs.

Laver soigneusement les racines

Laisser les racines s'égoutter une nuit en chambre froide

Peser la matière fraîche de la placette

Séparer la placette en quatre lots de plantes à peu près égaux

Dans chaque lot prélever une poignée (environ 1/3 des plantes) au hasard

Peser la matière fraîche du sous-échantillon

Compter les épis du sous-échantillon les couper sous le dernier épillet

Couper les racines du sous-échantillon

Mettre en sac individuellement épis et pailles de chaque sous-échantillon.

Placer à l'étuve 72 h à 80 °C.

A la sortie de l'étuve, attendre 15 min. avant d'effectuer une pesée de la matière sèche des pailles et des épis de chaque sous-échantillon.

Broyer ensemble les sous-échnatillons 1et 2 de chaque bloc pour les pailles.

L'échantillon obtenu sera analysé par la méthode Dumas afin d'avoir une mesure de la teneur en azote des pailles de la variétés au moment du prélèvement.

Battre les épis de chaque sous-échantillon, récupérer les grains.

Etuver les grains de chaque placette 72 h à 80 °C.

A la sortie de l'étuve, attendre 10 min. avant d'effectuer une pesée de la matière sèche des grains de chaque sous-échantillon.

Broyer ensemble les sous-échantillons 1 et 2 de chaque bloc pour les grains.

L'échantillon obtenu sera analysé par la méthode Dumas afin d'avoir une mesure de la teneur en azote des grains de la variété au moment du prélèvement.

Prélèvement maturité physiologique.

Prélever les variétés suivant les précocités lorsque % H₂O des épis < 40%

Ce prélèvement s'effectue sur l'ensemble des quatre traitements azotés, à raison de quatre placettes par bloc.

Sur chaque variété, à raison de quatre placettes par bloc, prélever 1 m linéaire de blé, sur deux rangs successifs (= 1 placette).

Prélever les blés sur 4 placettes de 1 m linéaire, sur deux rangs successifs.

Laver soigneusement les racines

Laisser les racines s'égoutter une nuit en chambre froide

Peser la matière fraîche de la placette

Séparer la placette en quatre lots de plantes à peu près égaux

Dans chaque lot prélever une poignée (environ 1/3 des plantes) au hasard

Peser la matière fraîche du sous-échantillon

Compter les épis du sous-échantillon et les couper sous le dernier épillet

Couper les racines du sous-échantillon

Mettre en sac individuellement épis et pailles de chaque sous-échantillon.

Placer à l'étuve 72 h à 80 °C.

A la sortie de l'étuve, attendre 10 min. avant d'effectuer une pesée de la matière sèche des pailles et des épis de chaque sous-échantillon.

Broyer ensemble les sous-échantillons 1 et 2 de chaque bloc pour les pailles.

L'échantillon obtenu sera analysé par la méthode Dumas afin d'avoir une mesure de la teneur en azote des pailles de la variété au moment du prélèvement.

Battre les épis de chaque placette, récupérer les grains.

Etuver les grains de chaque placette 72 h à 80 °C.

A la sortie de l'étuve, attendre 15 min. avant d'effectuer une pesée de la matière sèche des grains de chaque sous-échantillon.

Compter le nombre de grains de chaque sous-échantillon suivant le protocole de sous échantillonnage (si NBG trop élevé).

Broyer ensemble les sous-échantillons 1 et 2 de chaque bloc pour les grains.

L'échantillon obtenu sera analysé par la méthode Dumas afin d'avoir une mesure de la teneur en azote des pailles et des grains de la variété à maturité.

Estimation des besoins en analyses d'azote Dumas.

	SH	E1C	2N	Ep	Flo	R1	R2	R3	MP
Pailles	42 (14*3)	42 (14*3)	42 (14*3)	42 (14*3)	126 (14*3*3)	84 (14*3*2)	84 (14*3*2)	84 (14*3*2)	168 (14*3)*4
Epis					126				
Grains						84	84	84	168
Total	42	42	42	42	252	168	168	168	336 1260

Prélèvements de sol

Un suivi de l'azote minéral du sol est effectué sur le cycle afin de s'assurer que l'on ne se trouve pas en situation limitante en azote.

Ces prélèvements sont effectués sur les variétés Arche et Renan. Les prélèvements s'effectuent sur les horizons 0-30, 30-60, 60-90 cm pour les trois blocs de chaque variété, soit 3 hrz* 3 blocs = 9 échantillons par variété et par prélèvement.

Chaque échantillon est issu de trois trous/bloc et par variété suivie.

Les prélèvements ont lieu à la sortie-hiver sur l'ensemble de la parcelle, sans distinction variétale, avant le troisième quatrième apport d'azote (vers le 15.05.02), à floraison (avant apport) et à maturité physiologique sur les traitements N, N+ et N0.

Traitement	Sortie-Hiver	13.05.02	Floraison	Maturité-phys	Total
N0				2*3*3	18
N	3*3*1	3*3*2	3*3*2	3*3*2	45
N+				3*3*2	18
					81

Suivi de stades de développement.

Afin de prélever les variétés par groupe de précocité, on réalise un suivi des stades par prélèvement et notations visuelles :

Stade épi 1 cm :

Par prélèvement d'une vingtaine de plantes, on réalise une notation de la distance entre la pointe de l'épi et la base du plateau de tallage (notation sous loupe binoculaire). Lorsque la distance moyenne des vingt plantes est de 1 cm, on considère le stade épi 1 cm comme atteint.

Stade 2 nœuds.

Notation au champ sur une vingtaine de plante. Le stade 2 nœuds est atteint lorsque les deux premiers entre-nœuds sont visibles sur le maître brin (distance entre la base de la tige et 1^{er} nœud > 1cm et distance entre 1^{er} et le 2nd nœud >2 cm).

Stade Epiaison.

Notation visuelle au champ. Le stade épiaison est atteint lorsque les épis sont dégagés à 50 % de la gaine. Faire cette notation sur une cinquantaine de plantes.

Stade floraison.

Le stade floraison est atteint lorsque 50 % des épis portent des étamines. Faire une notation visuelle au champ, éventuellement se concentrer sur une cinquantaine de plantes.

Stade maturité physiologique.

Voir protocole prélèvement maturité physiologique.

Date de prélèvement des différentes variétés, essais de Grignon 2001 et 2002 et notation des stades de développement

Prélèvement	Date	Traitement	
Hiver 1	13/12/00		Nombre de plantes
Hiver 2			Matière sèche des parties aériennes
Sortie-Hiver	21/02/01		Quantité d'azote des parties aériennes
Végétatif 1	14/03	0N	Nombre de plantes
	19/03	4N	Matière sèche des parties aériennes
Végétatif 2	26/03	0N	Quantité d'azote des parties aériennes
	02/04	4N	
Végétatif 3	09/04	0N	
	17/04	4N	
Végétatif 4	23/04	0N	
	02/05	4N	
Végétatif 5	09/05	0N	
	14/05	4N	
Floraison	25/05	REC (Tous)	Nombre d'épis
	28/05	SOI	Matières sèches des pailles et des épis
	30/05	ISE	Quantité d'azote des pailles et des épis
	31/05	HYP, ARC, ORT	
	01/06	REN	
	04/06	RUM, DI9714, CAM	
Remplissage 1	12/06	REC (3 et 4N)	Nombre d'épis
	15/06	SOI, ISE	Matières sèches des pailles et des épis et des grains
	18/06	HYP, ARC, ORT	Quantité d'azote des pailles et des grains
	20/06	REN, DI 9714	
	21/06	CAM, RUM	
Remplissage 2	22/06	REC	
	25/06	SOI, ISE	
	26/06	ORT, ARC, HYP	
	27/06	REN, DI 9714	
	28/06	CAM, RUM	
Maturité	Voir		idem
Physiologique	tableau des stades		

Date de prélèvement sur les différents traitements suivant les variétés et mesures réalisées sur la culture pour les expérimentations de 2001.

Prélèvement	Date	Trait	
Sotie hiver	6/02/02	N	
Végétatif 1	06/03 (GLB) 13/03 (REC, SOI, TRE) 20/03 (ISE, ORT) 25/03 (CAR, HYP) 27/03 (ARC, BAL, REN, ORN) 28/03 (DI, RUM)	N	
Végétatif 2	02/04 (GLB, REC, TRE) 08/04 (HYP, ISE, ORT, SOI) 12/04 (ARC, CAR, REN) 15/04 (ORN, DI) 17/04 (BAL, ORN)	N	Nombre de plantes Matière sèche des parties aériennes Quantité d'azote des parties aériennes
Végétatif 3	30/04 (GLB, REC) 06/05 (ISE, TRE) 10/05 (ORT, SOI) 13/05 (ARC, CAR, HYP) 15/05 (ORN, REN, RUM) 16/05 (BAL, DI)	N	
Floraison	17/05 (GLB, REC) 22/05 (SOI) 24/05 (ISE, ORT, TRE) 30/05 (HYP, ORN, REN) 04/06 (ARC, CAR, RUM) 05/06 (BAL, DI)	Tous	Nombre d'épis Matières sèches des pailles et des épis Quantité d'azote des pailles et des épis
Remplissage 1	07/06 (GLB, REC) 12/06 (TRE, SOI, ORT) 17/06 (ARC, HYP, ISE, ORN, REN) 19/06 (BAL, CAR, DI, RUM)	N, N+	
Remplissage 2	17/06 (GLB, REC) 24/06 (ISE, ORT, SOI, TRE) 27/06 (ARC, HYP, ORN, REN) 28/06 (BAL, CAR, DI, RUM)	N, N+	Nombre d'épis Matières sèches des pailles, des épis et des grains Quantité d'azote des pailles et des grains
Remplissage 3	24/06 (GLB, REC) 04/07 (ISE, ORT, TRE) 08/07 (ARC, BAL, CAR, DI, HYP, ORN, REN, RUM)	N, N+	
Maturité Physiologique	Voir tableau des stades	tous	idem

Date de prélèvement sur les différents traitements suivant les variétés et mesures réalisées sur la culture pour les expérimentations de 2002.

	Soissons	Arche	Récital	Oratorio	Hynoprécia	Isengrain	Camp-Rémy	Renan	Rumba	DI9714
	date	date	date	date	date	date	date	date	date	date
Epi 1 cm	24/03	31/03	23/03	25/03	25/03	25/03	28/03	26/03	06/04	06/04
Epiaison	21/05	25/05	15/05	23/05	25/05	22/05	26/05	25/05	27/05	26/05
Floraison	27/05	29/05	25/05	29/05	29/05	28/05	31/05	30/05	31/05	30/05
Maturité 0 et 1N	11/07	12/07	11/07	11/07	12/07	11/07	16/07	16/07	16/07	16/07
2N	11/07	20/07	11/07	11/07	20/07	16/07	20/07	20/07	20/07	20/07
3 et 4N	11/07	20/07	11/07	16/07	20/07	16/07	20/07	20/07	20/07	20/07

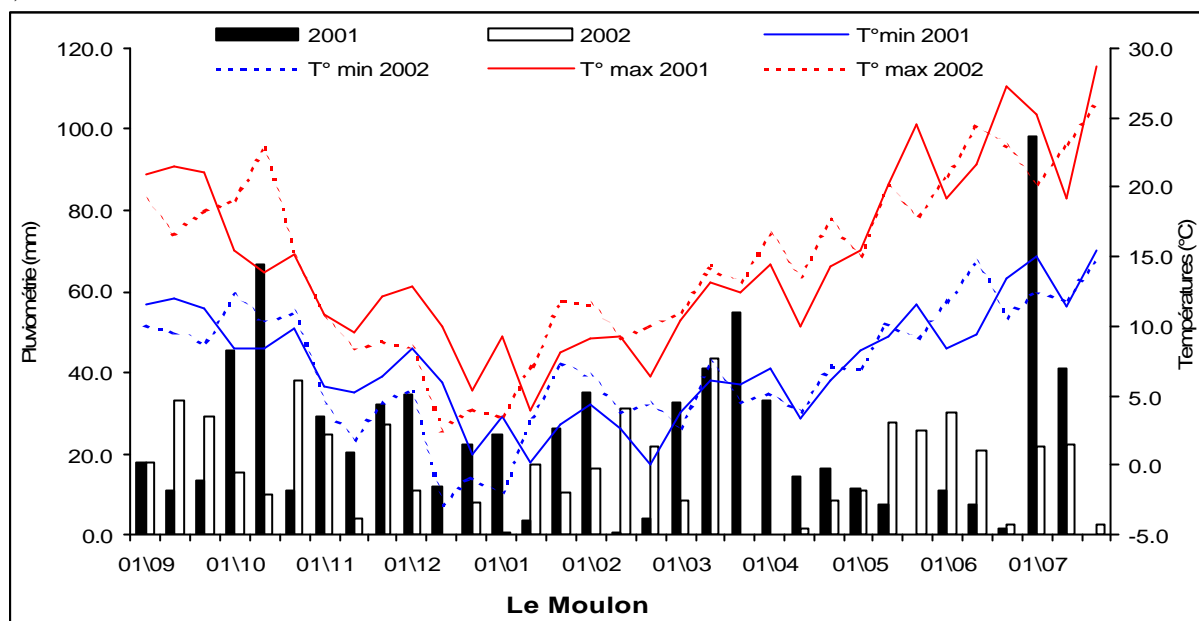
Date d'occurrence des différents stades de développement observés sur les variétés pour la campagne 2001-02.

	Arche	Baltimor	Camp-Rémy	DI9714	Galibier	Hynoprécia	Isengrain
	date	date	Date	date	date	date	date
Epi 1 cm	25/03	27/03	25/03	28/03	27/02	25/03	17/03
Epiaison	20/05	24/05	21/05	24/05	07/05	17/05	13/05
Floraison	30/05	01/06	31/05	02/06	17/05	29/05	24/05
Maturité N et N+	22/07	25/07	19/07	23/07	12/07	19/07	22/07
N- et N0	16/07	22/07	16/07	16/07	05/07	19/07	12/07

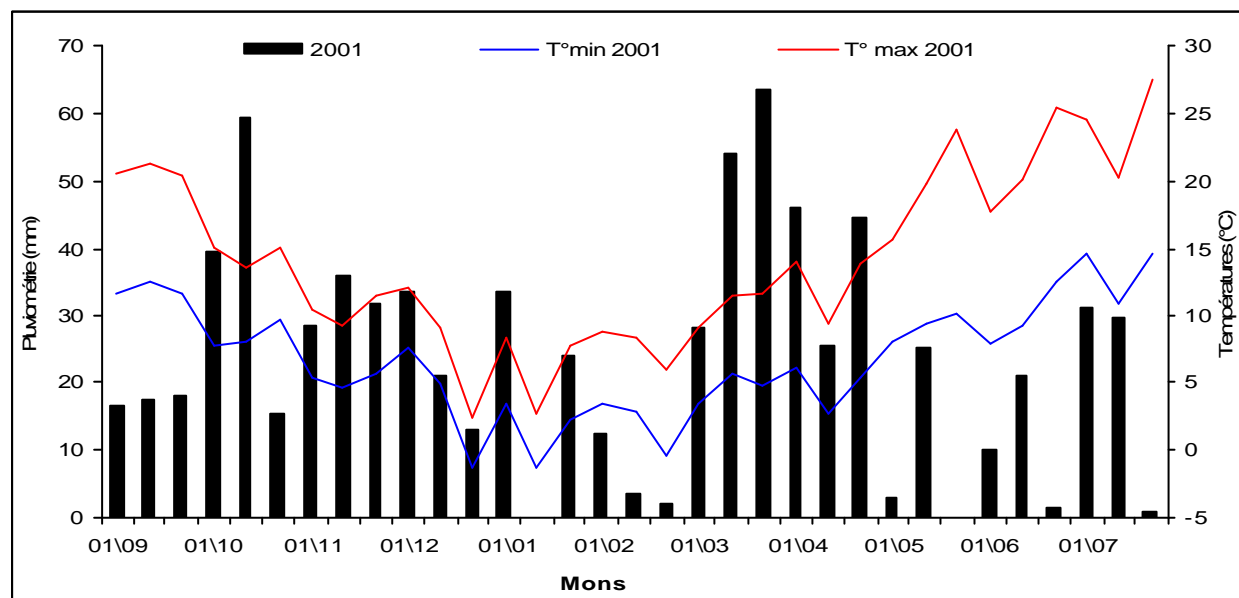
	Oratorio	Ornicar	Récital	Renan	Rumba	Soissons	Trémie
	date	date	date	date	date	date	date
Epi 1 cm	17/03	25/03	12/03	25/03	30/03	15/03	13/03
Epiaison	15/05	17/05	07/05	21/05	21/05	14/05	16/05
Floraison	24/05	29/05	17/05	29/05	31/05	22/05	24/05
Maturité N et N+	16/07	23/07	16/07	22/07	23/07	18/07	18/07
N- et N0	12/07	18/07	12/07	12/07	18/07	12/07	12/07

Date d'occurrence des différents stade de développement observés sur les variétés pour la campagne 2001-02.

a)

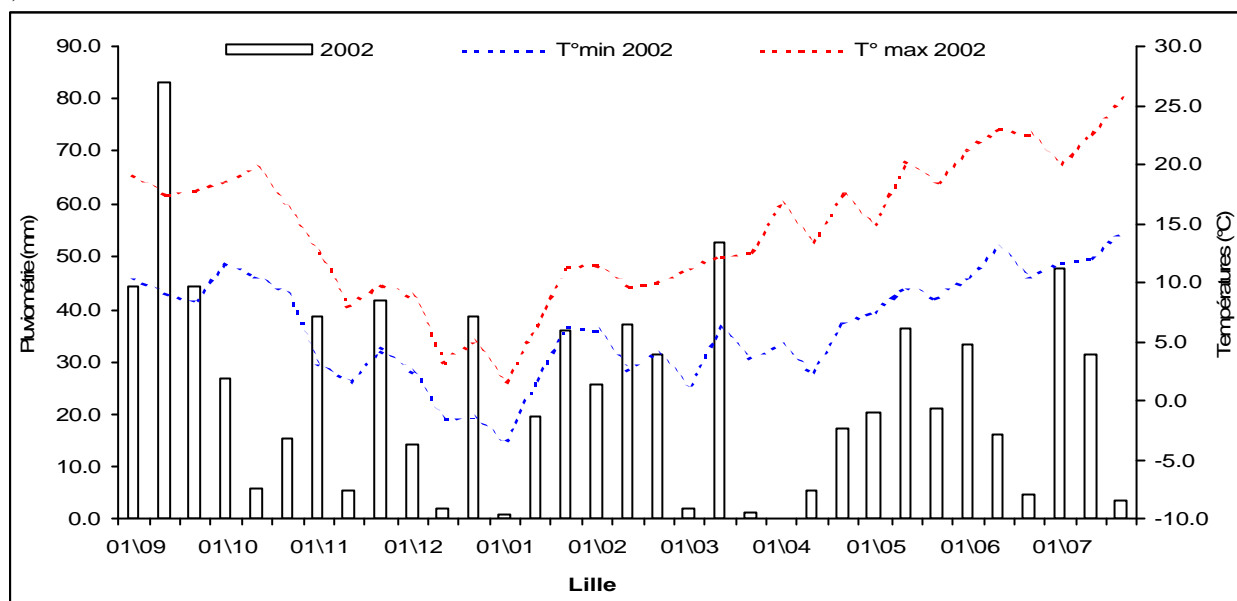


b)

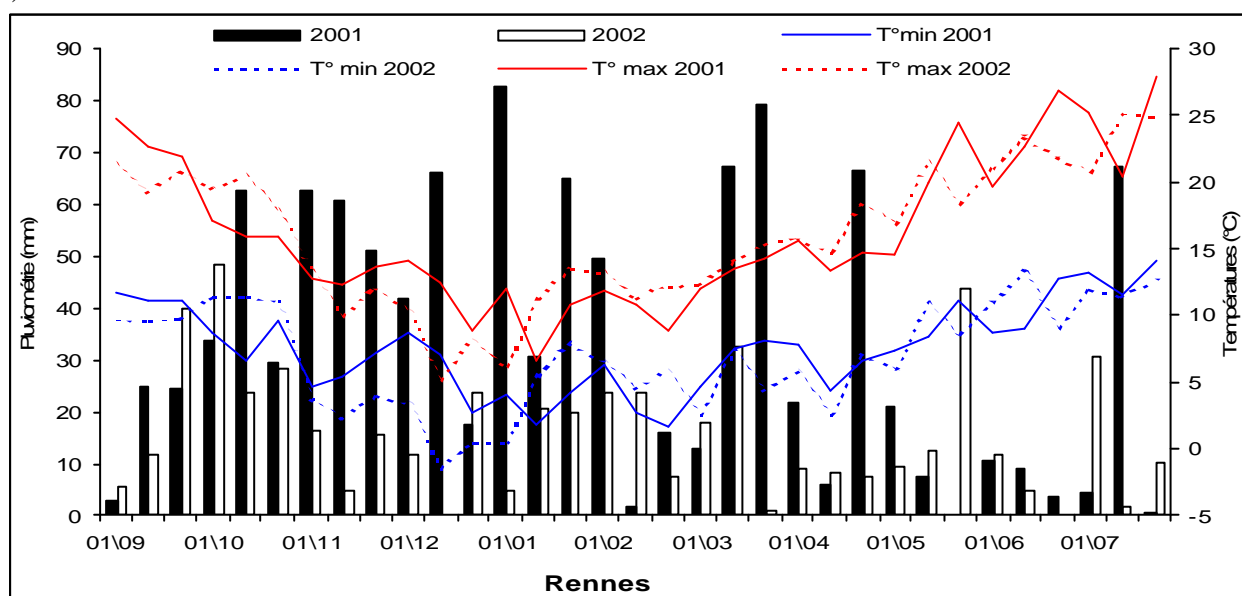


Principales variables climatiques (températures minimum, maximum et pluviométrie), relevées sur les stations météorologiques, pour les campagnes 2001 et 2002 des sites expérimentaux du Moulon (a) et de Mons (b). Les variables sont estimées par décade.

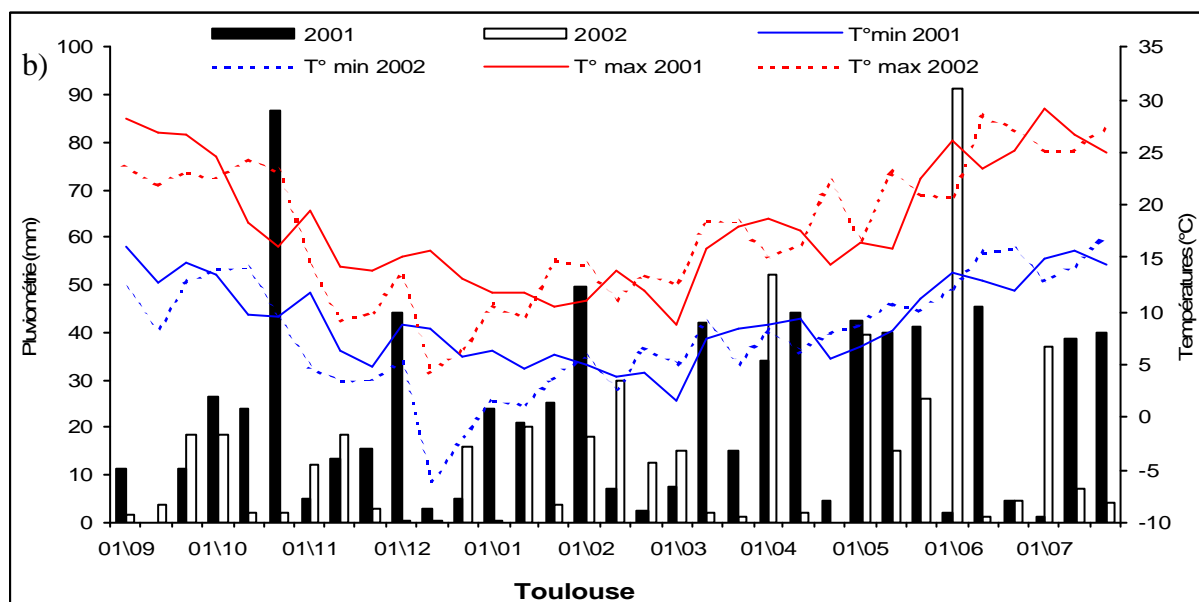
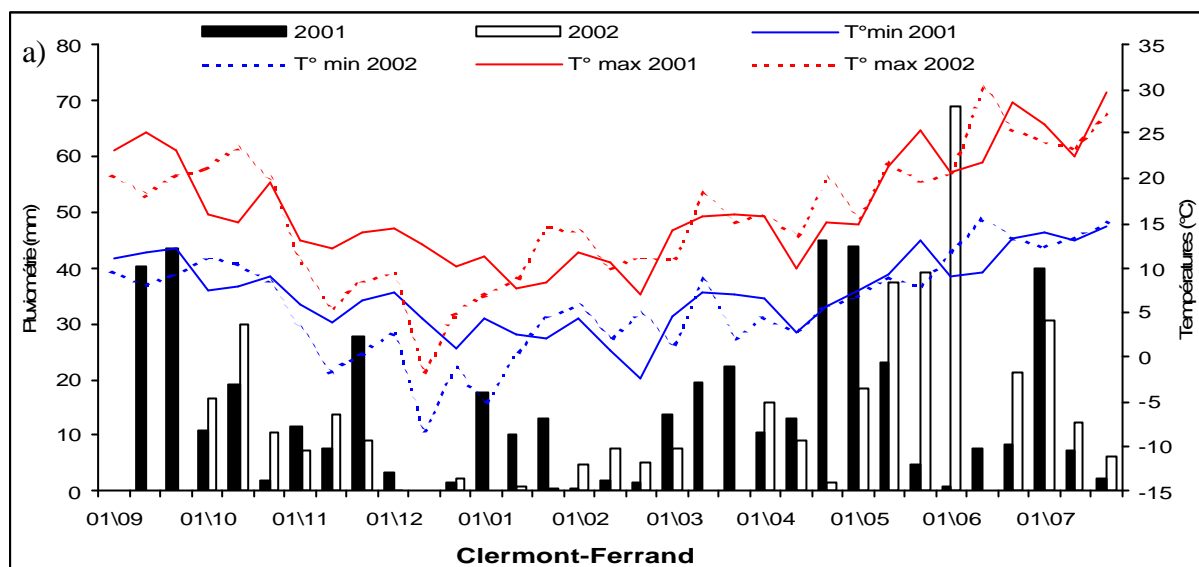
a)



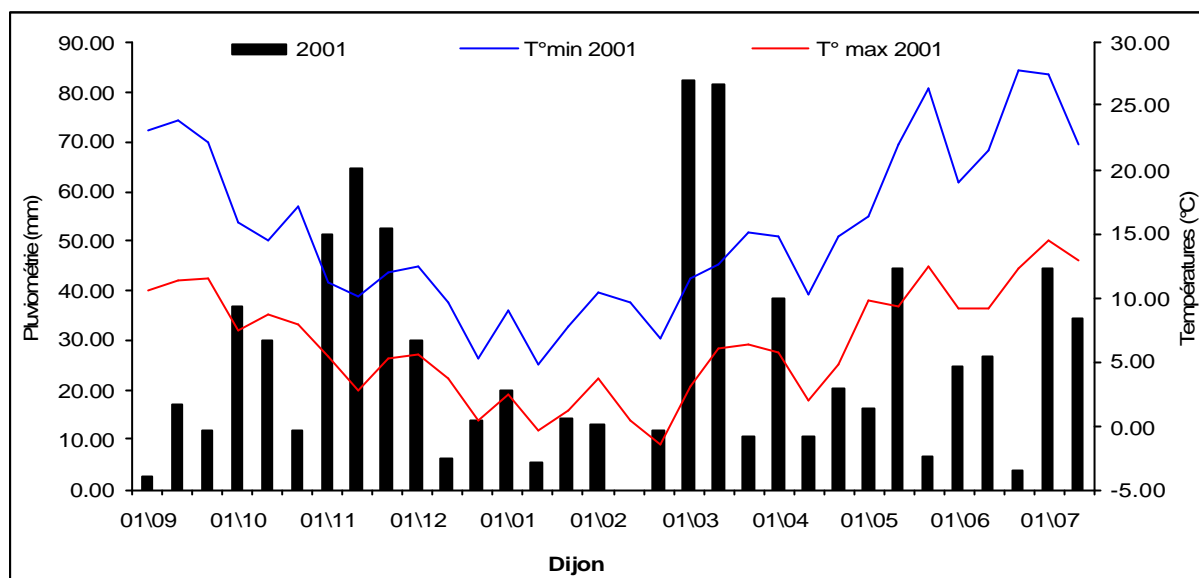
b)



Principales variables climatiques (températures minimum, maximum et pluviométrie) relevées sur les stations météorologiques des sites expérimentaux de Lille (a) et Rennes (b) pour les campagnes 2001 et 2002. Les variables sont estimées par décennie.



Principales variables climatiques (températures minimum, maximum et pluviométrie), relevées sur les stations météorologiques des sites expérimentaux, pour les campagnes 2001 et 2002 des sites expérimentaux de Clermont-Ferrand (a) Toulouse (b).



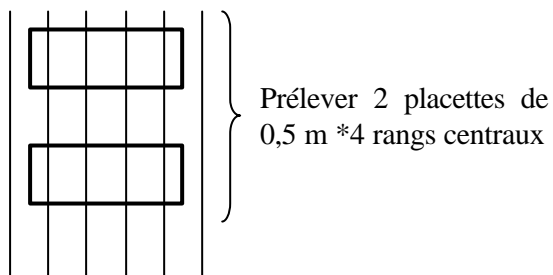
Principales variables climatiques (températures minimum, maximum et pluviométrie), relevées sur les stations météorologiques pour la campagne 2001 du site expérimental de Dijon.

Protocole de suivi des expérimentations de la campagne 2001

Prélèvement de plantes

Sortie-hiver :

Les différents traitements n'ayant pas encore été différenciés à cette époque, les prélèvements ont eu lieu sur un des traitements expérimentaux et sur les trois blocs de ce traitement. Sur chaque bloc le prélèvement est effectué comme suit :

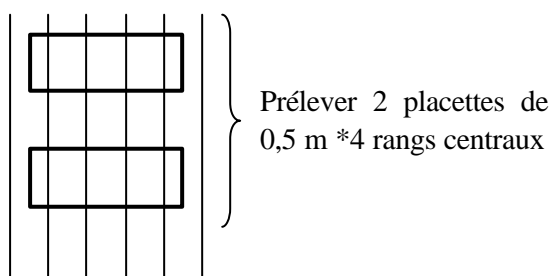


- Compter le nombre de plantes / placette
- Laver les plantes, couper les racines
- Ensacher les plantes / placette
- Passer à l'étuve 48 h à 80 °C
- Mesurer **la matière sèche de chaque placette**.
- **Broyer une des deux placettes** pour les analyses d'azote

Le volume broyé pour analyses est de 10 variétés * 3 blocs = **30 échantillons** .

Epi 1 cm :

Les traitements étant pour la plupart différenciés, **les prélèvements s'effectueront sur chaque type de traitement** (si le mode sans fongicide n'est pas encore différencié du mode standard, n'effectuer le prélèvement que sur le mode standard). Les variétés n'ayant pas toutes la même précocité, il est important de **connaître la date d'occurrence du stade épi 1 cm pour chacune** d'entre elles. Le prélèvement des plantes pour la matière sèche et l'azote peut par contre être effectué à un stade épi 1 cm moyen.



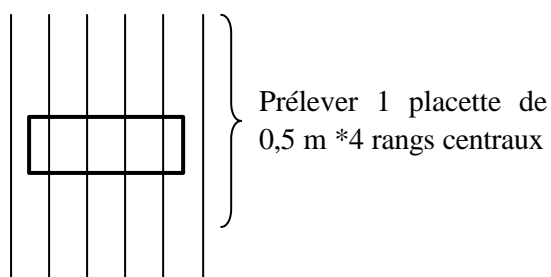
- Compter le nombre de plantes / placette
- Laver les plantes, couper les racines
- Ensacher les plantes / placette
- Passer à l'étuve 48 h à 80 °C
- Mesurer **la matière sèche de chaque placette**.
- **Broyer une des deux placettes** pour les analyses d'azote

Le volume broyé pour analyses est de 10 variétés* 3 blocs* 2 ou 3 traitements = **60 ou 90 échantillons** .

Ce prélèvement permet déjà une première appréciation des potentialités de rendement de la culture.

Floraison :

Le prélèvement s'effectue précisément au stade floraison de chaque variété. Il est donc nécessaire de connaître la date de floraison de chaque variété (dès que les étamines sont bien visibles). Les prélèvements vont donc s'espacer suivant la précocité des génotypes.



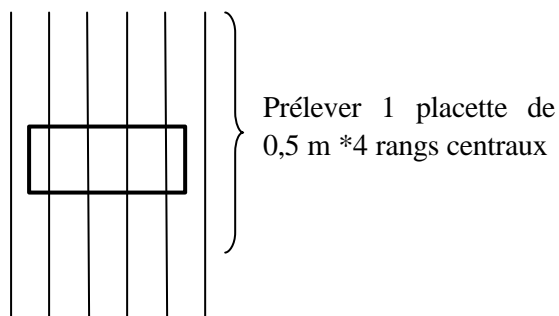
- Compter le nombre d'épis / placette
- Laver les plantes (si nécessaire), couper les racines
- Couper les épis sous le dernier épillet
- Ensacher séparément les pailles et les épis
- Passer à l'étuve 48 h à 80 °C
- Mesurer **la matière sèche des épis et des pailles séparément**
- **Broyer les épis et les pailles séparément** pour les analyses d'azote

Le volume à broyer pour analyses est de 10 variétés * 3 blocs* 2 organes (pailles et épis)* 2 ou 3 traitements = **120 ou 180 échantillons** .

Le prélèvement à floraison nous permet d'avoir accès aux potentialités de rendement (nombre d'épis par unité de surface* nombre de grains moyen), mais également aux potentialités de remobilisation de l'azote vers les grains de chaque variété.

Mi-remplissage :

Ce prélèvement correspond à 3 à 4 semaines après la floraison.



- Compter le nombre d'épis / placette
- Laver les plantes (si nécessaire), couper les racines
- Couper les épis sous le dernier épillet
- Ensacher séparément les pailles et les épis
- Passer à l'étuve 48 h à 80 °C
- Mesurer **la matière sèche des pailles et des épis séparément**
- **Battre les épis pour récupérer les grains**
- Passer des grains à l'étuve 48h à 80°C
- Mesurer **la matière sèche des grains**
- Compter le nombre de grains
- **Broyer les grains et les pailles séparément** pour les analyses d'azote

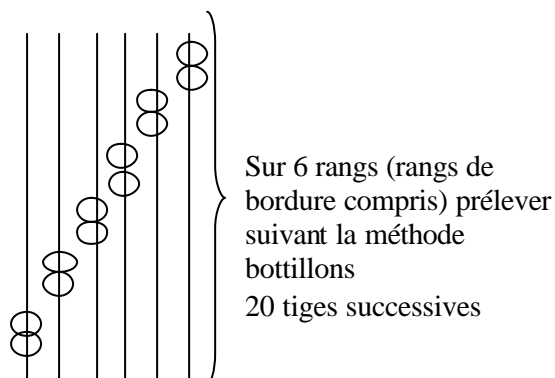
Le volume broyé pour analyses est de 10 variétés * 3 blocs * 2 organes (pailles et grains) * 2 ou 3 traitements = **120 ou 180 échantillons** .

Ce prélèvement nous permet d'avoir accès aux vitesses de remplissage des grains de chaque variété, ainsi qu'aux potentialités d'absorption de l'azote post-floraison (durée de l'absorption post-floraison pour chaque variété).

Les deux derniers prélèvements (maturité physiologique et récolte, décrits ci-dessous) sont à effectuer sur la répétition parcellaire 2 de chaque variété.

Maturité physiologique :

Ce prélèvement est à effectuer à la maturité physiologique (jaunissement du col de l'épi) de chaque variété



- Laver les plantes (si nécessaire), couper les racines
- Couper les épis sous le dernier épillet
- **Compter exactement le nombre d'épis**
- Ensacher séparément les pailles et les épis
- Passer à l'étuve 48 h à 80 °C
- Mesurer **la matière sèche des épis et des pailles séparément**
- Passer à l'étuve 48 h à 80 °C
- **Battre les épis pour récupérer les grains**
- Compter le nombre de grains
- Mesurer **la matière sèche des grains**
- **Broyer les grains et les pailles séparément** pour les analyses d'azote

Le volume à broyer pour les analyses d'azote est de 10 variétés * 3 blocs * 2 ou 3 traitements * 2 organes (pailles et grains) = **120 ou 180 échantillons**.

Ce prélèvement nous permet d'avoir accès aux composantes du rendement, ainsi qu'à la répartition de l'azote entre les grains et les pailles et à la quantité d'azote absorbé post-floraison. La comparaison des valeurs obtenues aux valeurs attendues suite au prélèvement à floraison nous permet de juger des éventuels accidents qui peuvent se produire durant la période fécondation – remplissage et qui affectent les composantes du rendement.

Récolte :

Un prélèvement machine est effectué sur la deuxième parcelle. Il permet d'avoir accès aux composantes du rendement et au taux d'humidité.

Prélèvements de sol.

Prélèvements de sol à la sortie-hiver:

Ces prélèvements servent à la mesure de la quantité d'azote minéral dans le sol à la sortie-hiver, qui est une des variables d'entrée du modèle.

Le prélèvement de sol a été effectué sur les trois blocs d'un des traitements expérimentaux pour 3 ou 4 horizons de 30 cm chacun, si l'ensemble des parcelles expérimentales sont situées sur le même lieu. Si les parcelles expérimentales servant aux différents traitements sont éloignées les unes des autres, les mesures de reliquats sortie-hiver ont été réalisées sur chaque parcelle.

Prélèvements de sol à la récolte :

Un prélèvement de sol à la récolte est à réaliser sur chacun des traitements réalisés. Ces prélèvements ne pouvant être effectués sur l'ensemble des variétés, ceux-ci seront réalisés sur les deux variétés à comportement extrême vis à vis de l'azote (Arche et Récital), ainsi que sur la variété Soissons (témoin). Ces prélèvements s'effectuent à raison de trois trous par bloc, pour chacun des horizons de 30 cm (trois ou quatre selon les sites).

Ce qui fait suivant les cas :

3 horizons* 3 blocs* 3 variétés = 27 échantillons / traitement soit pour les sites à 2 traitements 54 échantillons et pour les sites à 3 traitements 81 échantillons.

4 horizons* 3 blocs* 3 variétés = 36 échantillons / traitement soit pour les sites à 2 traitements 72 échantillons et pour les sites à 3 traitements 108 échantillons.

Profondeur d'enracinement :

Une mesure de la profondeur d'enracinement de la culture pour chaque lieu est à réaliser à l'aide d'une tarière, suivant la méthode des carottes pour deux variétés au moins, après épiaison.

Notations visuelles des maladies :

En plus des prélèvements de plantes, des notations de maladies et de verse sont à réaliser pour chaque variété et pour chaque traitement.

Echelle de notation de 1 à 9 (1= pas sensible, 9 = très sensible) (si vous utilisez le sens de notation inverse, préciser ce sens dans les fichiers de résultats).

Noter le plus précisément possible la date d'apparition de la maladie et suivre son évolution par une ou deux observations ultérieures. Pour chaque notation, bien préciser la date, ainsi que la ou les maladies considérées (oidium, rouille brune, rouille jaune, *Septoria tritici*, *Stagonospora nodorum*, piétin-verse...)

Pour toute notation de verse, garder la même échelle que celle utilisée pour les notations de maladies. Il faut pour chaque événement de verse noter la date d'apparition ainsi que les événements climatiques qui l'ont provoqué.

Notation des stades de développement.

Levée :

La date de réalisation de la levée (jours où la majorité des lignes de semis sont visibles) a été notée et un comptage des plantes à la levée a été effectué sur un des blocs à raison de 2 fois 2 m linéaires par variété. La connaissance de la date de levée et de la densité de peuplement à la levée permet entre autres de mettre en évidence d'éventuels accidents de levée.

Epiaison :

La date d'épiaison de chaque variété est demandée afin d'avoir accès aux durées écoulées entre chaque stade et donc aux éventuels accidents climatiques ou sanitaires ayant pu affecter le fonctionnement de la culture (durée entre chaque étape physiologique de la fin de cycle).

Protocole de suivi des expérimentations de la campagne 2002.

Afin de faciliter le dépouillement des échantillons, un protocole de sous-échantillonnage a été substitué au protocole qui avait été réalisé la campagne précédente.

Les 14 variétés sont à suivre par groupes de précocité (au moins 3 groupes) pour les stades floraison, mi-remplissage.

Les trois blocs d'une même variété au sein d'un traitement sont à prélever en même temps.

Les prélèvements sont à effectuer aux stades :

- Sortie-hiver (vers la fin janvier / début février)
- Epi 1 cm moyen (c'est à dire au stade épi 1 cm des variétés Oratorio et Isengrain).
- Floraison par groupes de précocité
- -Mi-remplissage par groupes de précocité (floraison + 30 jours)
- Maturité physiologique.

Protocole de prélèvement des plantes :

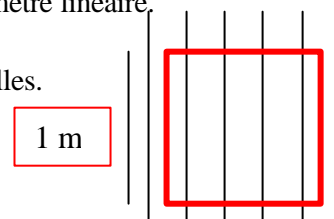
Les prélèvements sont à effectuer sur la parcelle 1

Sortie-Hiver

Prélever sur le traitement X (les trois traitements n'étant pas encore différenciés) les plantes sur 1 m linéaire et 4 rangs centraux du train de semis.

La surface prélevée doit rigoureusement se limiter aux plantes comprises dans le mètre linéaire.

- Laver soigneusement les plantes afin d'ôter la terre des racines et des feuilles.
- Compter le nombre de plantes par placette.
- Couper les racines au niveau du plateau de tallage.
- Ensacher les parties aériennes ainsi obtenues afin de les passer à l'étuve.
- Etuver 72 h à 80 °C.

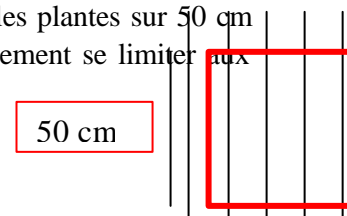


A la sortie de l'étuve et avant de réaliser la pesée laisser les échantillons 10 min à température ambiante afin que leur température puisse s'abaisser.

- Peser chacun des échantillons.
- Broyer les échantillons.
- Récupérer deux piluliers de poudre par échantillon (un que vous conservez comme double l'autre sera envoyé à Grignon pour analyse).

Epi 1 cm :

Prélever sur les traitements qui sont différenciés à ce stade (à priori X et X-100) les plantes sur 50 cm linéaire et 4 rangs centraux du train de semis. La surface prélevée doit rigoureusement se limiter aux plantes comprises dans les 50 cm linéaires.



Laver soigneusement les plantes afin d'ôter la terre des racines et des feuilles.

Compter le nombre de plantes par placette.

Couper les racines au niveau du plateau de tallage.

Ensacher les parties aériennes ainsi obtenues afin de les passer à l'étuve.

Etuver 72 h à 80 °C.

A la sortie de l'étuve et avant de réaliser la pesée, laisser les échantillons 10 min à température ambiante afin que leur température puisse s'abaisser.

- Peser chacun des échantillons.
- Broyer les échantillons.
- Récupérer deux piluliers de poudre par échantillon (un que vous conservez comme double l'autre sera envoyé à Grignon pour analyse).

Floraison :

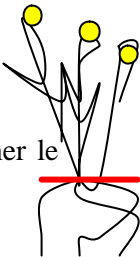
Les variétés sont à prélever par groupes de précocité (un groupe pouvant être formé de variétés ayant fleuries dans un intervalle de trois jours).

Les placettes sont à partir de ce prélèvement sous-échantillonnées lors des dépouillements.

Sur tous les traitements (X, X-100 et NT)

Prélever en coupant au ras du sol les plantes, sur 50 cm linéaire et 4 rangs centraux du train de semis.

La surface prélevée doit rigoureusement se limiter aux plantes comprises dans les 50 cm linéaires.

- Peser la matière fraîche de la placette entière (MF pla)
 - Répartir la placette en 4 tas approximativement égaux
 - Dans chacun des tas prélever une poignée au hasard puis réunir les 4 poignées pour former le sous-échantillon
- 
- Peser la matière fraîche du sous-échantillon (MF sécha)
 - Couper les épis à la base du dernier épillet
 - Compter le nombre d'épis par sous-échantillon
 - Mettre en sac séparément pailles et épis (sécha paille sécha épis)
 - Etuver 72h à 80°C

A la sortie de l'étuve et avant de réaliser la pesée laisser les échantillons 10 min à température ambiante afin que leur température puisse s'abaisser.

- Peser séparément paille et épis (MS sécha paille et MS sécha épis)
- Broyer séparément paille et épis.
- Récupérer deux piluliers de poudre par échantillon (2 pour les pailles et 2 pour les épis) (un que vous conservez comme double l'autre étant a envoyé à Grignon pour analyse).

Mi-remplissage (floraison + 30 jours)

Les variétés sont à prélever par groupes de précocité.

Sur tous les traitements (X, X-100 et NT)

Prélever en coupant au ras du sol les plantes, sur 50 cm linéaire et 4 rangs centraux du train de semis.

La surface prélevée doit rigoureusement se limiter aux plantes comprises dans les 50 cm linéaires.

- Peser la matière fraîche de la placette entière (MF pla)
- Répartir la placette en 4 tas approximativement égaux
- Dans chacun des tas prélever une poignée au hasard puis réunir les 4 poignées pour former le sous-échantillon
- Peser la matière fraîche du sous-échantillon (MF sécha)
- Couper les épis à la base du dernier épillet
- Compter le nombre d'épis par sous-échantillon
- Mettre en sac séparément paille et épis (sécha paille sécha épis)
- Etuver 72h à 80°C

A la sortie de l'étuve et avant de réaliser la pesée, laisser les échantillons 10 min à température ambiante afin que leur température puisse s'abaisser.

- Peser séparément paille et épis (MS sécha paille et MS sécha épis)
- Battre les épis (sans les repasser une seconde fois à l'étuve) pour récupérer les grains. Bien récupérer également les grains qui seraient partis avec les balles.

Si le battage s'avère difficile, il est possible de battre les épis à Grignon.

- Compter le nombre de grains du sous échantillon.
- Peser le sous échantillon de grains (MS sécha grains)
- Broyer séparément paille et grains.
- Récupérer deux piluliers de poudre par échantillon (2 pour les pailles et 2 pour les grains) (un que vous conservez comme double l'autre étant a envoyé à Grignon pour analyse).

Maturité physiologique (col de l'épi jaune ou %H₂O épi < 40%)

Les variétés peuvent être prélevées en une seule fois.

Sur tous les traitements (X, X-100 et NT)

Prélever en coupant au ras du sol les plantes, sur 50 cm linéaire et 4 rangs centraux du train de semis.

La surface prélevée doit rigoureusement se limiter aux plantes comprises dans les 50 cm linéaires.

- Peser la matière fraîche de la placette entière (MF pla)
- Répartir la placette en 4 tas approximativement égaux
- Dans chacun des tas prélever une poignée au hasard puis les réunir pour former le sous-échantillon
- Peser la matière fraîche du sous-échantillon (MF sécha)
- Couper les épis à la base du dernier épillet
- Compter le nombre d'épis par sous-échantillon
- Mettre en sac séparément paille et épis
- Etuver 72h à 80°C

A la sortie de l'étuve et avant de réaliser la pesée laisser les échantillons 10 min à température ambiante afin que leur température puisse s'abaisser.

- Peser séparément paille et épis (MS sécha paille et MS sécha épis)
- Battre les épis (sans les repasser une seconde fois à l'étuve) pour récupérer les grains. Bien récupérer également les grains qui seraient partis avec les balles.
- Compter le nombre de grains du sous échantillon (NBG sécha).
- Peser le sous échantillon de grains (MS sécha grains)
- Broyer séparément paille et grains.
- Récupérer deux piluliers de poudre par échantillon (2 pour les pailles et 2 pour les grains) (un que vous conservez comme double l'autre sera envoyé à Grignon pour analyse).

Récolte machine (parcelle 2) :

Sur la parcelle 2, à maturité récolte, réaliser une récolte machine de l'ensemble de la parcelle.

Faire une mesure du PMG (g).

Conserver un échantillon de 500 g de grains par bloc et par couple variétés*traitement en vue d'une analyse de la composition en protéines.

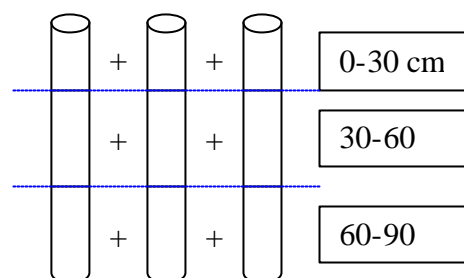
Prélèvements sol

Les prélèvements de sol sont à effectuer :

- A la sortie-hiver afin de réaliser les reliquats sortie-hiver.
- A la récolte pour une mesure des reliquats récolte.

Ces prélèvements sont à réaliser pour les trois blocs à raison de trois carottes par bloc. Au sein de chaque bloc, mélanger les différents horizons prélevés des 3 carottes :

3 blocs * 3 (4) horizons = 9 à 12 échantillons à sortie -hiver



A la récolte prélever les carottes sur les variétés :

Arche, Récital et Soissons sur les traitements X et X-100 uniquement. Suivant le même protocole.

Notations maladies

Les notations maladies sont à réaliser sur l'ensemble des traitements, avec toutefois une notation plus précise (2 notes) pour le traitement NT (suivi de l'évolution des maladies).

Pour le piétin verse, faire une notation de sa présence ou non à épi 1 cm lors du dépouillement et à floraison.

Pour l'ensemble des autres maladies, faire des passages pour notation lors des périodes critiques d'apparition.

Notation des stades :

Pour chaque variété, il faut réaliser une notation des stades Epi 1 cm et Floraison (50% des étamines visibles)

LE MOULON 2001

CARACTERISTIQUES DU SOL

Type de sol	Profondeur de sol (en cm)	Dens app 0-30 cm	N total (kg/ha)	Réserve utile (en mm)
LIMON ARGILEUX	120			

PRECEDENT

Nature	Date de semis	Fumure NPK	Date de récolte	Rendement	Travaux après récolte
AVOINE	04/11/1999	274 Kgs/Ha	3/08/200	73	17/08/00 Déchaumage et le 20/09/00

IMPLANTATION DE L'ESSAI

Préparation du sol	labour+herse rotative + tasse avant
Date de semis	25/10/2000
Date de levée	10-12 jours plus tard
Observations	
Espacement des lignes de semis	18.5
Densité de semis	275 gr/m ²

LUTTE CONTRE LES MAUVAISES HERBES

Herbicide	Date	Matière Active	Dose	Observations
1	27/10/2000	diffufénicanil+isoproturon	2.8l/ha	
2	13/04/2001	metsulfuron méthyle	20 g	

FERTILISATION AZOTEE

Traitement	NR		NT		IN	
	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)
apport1	02-avr	239	26-févr	130	26-févr	130
apport2	11-mai	105	02-avr	358	02-avr	358
apport3			11-mai	150	11-mai	150
apport 4						
N total						
Forme N	Ammonitrate 33,5%					

REGULATEUR DE CROISSANCE

Traitement	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
traitement1	02-avr	0.4l/ha	Moddus	02-avr	0.4l/ha	Moddus	02-avr	0.4l/ha	Moddus
traitement2									

LUTTE CONTRE LES MALADIES

	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
fongicide 1	17-avr	0.4l/ha+1.8l/ha	unix+evident				17-avr	0.4l/ha+1.8l/ha	unix+evident
fongicide 2	02-mai	0.7l/ha	ogam				02-mai	0.7l/ha	ogam
fongicide 3	02-mai	0.5l/ha=1/2dose 0.8l/ha=1/2	Amistar				02-mai	0.5l/ha=1/2dose 0.8l/ha=1/2	Amistar
fongicide 4	07/06/2001	dose	Epopée				07/06/2001	dose	Epopée

LUTTE CONTRE LES RAVAGEURS

date	dose	Produit
22/05/2001	0.150kgs	karaté

CLERMONT-FERRAND 2001

CARACTERISTIQUES DU SOL

Type de sol	Profondeur de sol (en cm)	Dens app 0-30 cm	N total (kg/ha)	Réserve utile (en mm)
Argilo-calcaire	80			

PRECEDENT

Nature	Date de semis	Fumure NPK	Date de récolte	Rendement	Travaux après récolte
Tournesol					

IMPLANTATION DE L'ESSAI

Préparation du sol	herse rotative _unimat
Date de semis	26/10/2001
Date de levée	05/11/2001
Observations	levee irreguliere
Espacement des lignes de semis	0,20M
Densité de semis	250 gr/m ²

LUTTE CONTRE LES MAUVAISES HERBES

Herbicide	Date	Matière Active	Dose	Observations
1	27/10/2001	defi + tersiplene	3litres /ha	
2				

FERTILISATION AZOTEE

Traitement	NR		NT		IN	
	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)
apport1	28-mars	30unites			07-mars	50 unites
apport2					28-mars	30 unites
apport3					04-avr	50 unites
apport 4						
N total						0
Forme N	Ammonitrate 33,5%					

REGULATEUR DE CROISSANCE

Traitement	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
traitement1	19-mars	2,5Litres/ha					19-mars	2,5Litres/ha	
traitement2									

LUTTE CONTRE LES MALADIES

	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
fongicide 1	28-mars	2litres/ha	tenere				28-mars	2litres/ha	tenere
fongicide 2	18-mai	1,5litre/ha	caramba				18-mai	1,5litre/ha	caramba
fongicide 3							28-mars	2litres/ha	tenere
fongicide 4									

LUTTE CONTRE LES RAVAGEURS

date	dose	Produit
20-déc	0,12Litre/ha	decis
18-mai	0,12Litre/ha	decis

MONS 2001

CARACTERISTIQUES DU SOL

Type de sol	Profondeur de sol (en cm)	Dens app 0-30 cm	N total (kg/ha)	Réserve utile (en mm)
	900	1,4	4305	210

PRECEDENT

Nature	Date de semis	Fumure NPK	Date de récolte	Rendement	Travaux après récolte
colza	31/08/1999	170-0-155	18/8 (andainage le 26/7)	41qx/ha	Aucun (Roundup)

IMPLANTATION DE L'ESSAI

Préparation du sol	25/10/2000
Date de semis	10/11/2000
Date de levée	levée régulière
Observations	0.175m
Espacement des lignes de semis	25/10/2000
Densité de semis	302 gr/m ²

LUTTE CONTRE LES MAUVAISES HERBES

Herbicide	Date	Matière Active	Dose	Observations
1	31/01/2001	Isoproturon	1	
2	31/01/2001	Metsulfuron-méthyle (20%)	0.004	

FERTILISATION AZOTEE

Traitement	NR		NT		IN	
	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)
apport1	02-avr	40	06-mars	50	06-mars	50
apport2	15-mai	40	02-avr	70	02-avr	70
apport3			15-mai	50	15-mai	50
apport 4						
N total						0
Forme N	Liquide + Ammonitrate 33,5%					

REGULATEUR DE CROISSANCE

Traitement	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
traitement1	03-avr	2.5	Mondium	03-avr	2.5	Mondium	03-avr	2.5	Mondium
traitement2									

LUTTE CONTRE LES MALADIES

	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
fongicide 1	23-avr	0.8+0.6	unix+opus				23-avr	0.8+0.6	unix+opus
fongicide 2	22-mai	0.6	amistar az				22-mai	0.6	amistar az
fongicide 3	05-juin	1	horizon ew				05-juin	1	horizon ew
fongicide 4									

LUTTE CONTRE LES RAVAGEURS

date	dose	Produit
25/10/2000	10kg/ha	Mesuroil

RENNES 2001

CARACTERISTIQUES DU SOL

Type de sol	Profondeur de sol (en cm)	Dens app 0-30 cm	N total (kg/ha)	Réserve utile (en mm)
limon	plus de 100 cm	1.3		29

PRECEDENT

Nature	Date de semis	Fumure NPK	Date de récolte	Rendement	Travaux après récolte
pois	24-févr	0-20-20 300kg/ha	31-juil	49	roundup + décompactage

IMPLANTATION DE L'ESSAI

Préparation du sol	labour + herse rotative
Date de semis	9 et 10 novembre
Date de levée	30/11/2000
Observations	50mm de pluie après le semis
Espacement des lignes de semis	13.5
Densité de semis	250 gr/m ²

LUTTE CONTRE LES MAUVAISES HERBES

Herbicide	Date	Matière Active	Dose	Observations
1	13/02/2001	isoproturon+metsulfuron métyle	1000gr+30gr	
2				

FERTILISATION AZOTEE

Traitement	NR		NT		IN	
	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)
apport1	14-févr	0	14-févr	40	14-févr	40
apport2	30-mars	0	30-mars	70	30-mars	70
apport3	23-avr	40	23-avr	40	23-avr	40
apport 4	15-mai	40	15-mai	40	15-mai	40
N total						0
Forme N						

REGULATEUR DE CROISSANCE

Traitement	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
traitement1	02-avr	2.2	cycocel CL	02-avr	2.2	cycocel CL	02-avr	2.2	cycocel CL
traitement2									

LUTTE CONTRE LES MALADIES

	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
fongicide 1	02-avr	0.8+0.5	Unix+opus				02-avr	0.8+0.5	Unix+opus
fongicide 2	26-avr	1+0.3	Ogam+fortress				26-avr	1+0.3	Ogam+fortress
fongicide 3	28-mai	1	Horizon				28-mai	1	Horizon
fongicide 4									

LUTTE CONTRE LES RAVAGEURS

date	dose	Produit

TOULOUSE 2001

CARACTERISTIQUES DU SOL

Type de sol	Profondeur de sol (en cm)	Dens app 0-30 cm	N total (kg/ha)	Réserve utile (en mm)
argilo calcaire	130		1.4	6000

PRECEDENT

Nature	Date de semis	Fumure NPK	Date de récolte	Rendement	Travaux après récolte
pois	02/12/1999	0-74-0	20/06/2000	42	cover crop

IMPLANTATION DE L'ESSAI

Préparation du sol	cultivateur vibroflex herse rotative
Date de semis	09/11/2000
Date de levée	26/11/2000
Observations	régulière
Espacement des lignes de semis	16,5 cm
Densité de semis	317 gr/m ²

LUTTE CONTRE LES MAUVAISES HERBES

Herbicide	Date	Matière Active	Dose	Observations
1	22/02/2001	celio+andiamo	0,4 + 2	
2				

FERTILISATION AZOTEE

Traitement	NR		NT		IN	
	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)
apport1	06-févr	16			06-févr	16
apport2					20-févr	113
apport3	18-avr	36			18-avr	36
apport 4						
N total						0
Forme N						

REGULATEUR DE CROISSANCE

Traitement	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
traitement1							26-mars	2	terpal
traitement2									

LUTTE CONTRE LES MALADIES

	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
fongicide 1	03-avr	0,5 + 0,4	ogam+alto				20-mars	0,8 + 0,5	unix+opus
fongicide 2	09-mai	1	opus				12-avr	0,5 + 0,4	ogam+alto
fongicide 3							16-mai	0,5 + 0,5	ogam+horizon
fongicide 4									

LUTTE CONTRE LES RAVAGEURS

date	dose	Produit

LE MOULON 2002

CARACTERISTIQUES DU SOL

Type de sol	Profondeur de sol (en cm)	Dens app 0-30 cm	N total (kg/ha)	Réserve utile (en mm)
Limon argileux	120			

PRECEDENT

Nature	Date de semis	Fumure NPK	Date de récolte	Rendement	Travaux après récolte
AVOINE		120	1/08/2001	70	Déchaumage

IMPLANTATION DE L'ESSAI

Préparation du sol	labour+herse rotative + tasse avant
Date de semis	15-16/10/2001
Date de levée	10-12 JOURS +
Observations	Levée homogène
Espacement des lignes de semis	18.5
Densité de semis	240 gr/m ²

LUTTE CONTRE LES MAUVAISES HERBES

Herbicide	Date	Matière Active	Dose	Observations
1	20/11/2002	difflufenicanil + isoproturon	2.3	
2				

FERTILISATION AZOTEE

Traitement	NR		NT		IN	
	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)
apport1	14/3/02	240	14/3/02	240	14/3/02	240
apport2	22/4/02	0	22/4/02	200	22/4/02	200
apport3	16/5/02	120	16/5/02	170	16/5/02	170
apport 4						
N total						0
Forme N						

REGULATEUR DE CROISSANCE

Traitement	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
traitement1	28/3/02	0.4	moddus	28/3/02	0.4	moddus	28/3/02	0.4	moddus
traitement2	16/4/02	0.3	moddus	16/4/02	0.3	moddus	16/4/02	0.3	moddus

LUTTE CONTRE LES MALADIES

	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
fongicide 1	19/4	0.5	unix				19/4	0.5	unix
fongicide 2	19/4	1.7	evidam				19/4	1.7	evidam
fongicide 3	18/5	0.7	ogam				18/5	0.7	ogam
fongicide 4	30/5	0.5	amistar				30/5	0.5	amistar
fongicide 5	30/5	0.5	triade				30/5	0.5	triade

LUTTE CONTRE LES RAVAGEURS

date	dose	Produit
05/11/2002	0.15	karaté
31/05/2002	1	best

CLERMONT-FERRAND 2002

CARACTERISTIQUES DU SOL

Type de sol	Profondeur de sol (en cm)	Dens app 0-30 cm	N total (kg/ha)	Réserve utile (en mm)
Argilo-calcaire	80			

PRECEDENT

Nature	Date de semis	Fumure NPK	Date de récolte	Rendement	Travaux après récolte
Tournesol					

IMPLANTATION DE L'ESSAI

Préparation du sol	herse rotative et herse a cuilleres
Date de semis	2/11
Date de levée	3/12
Observations	
Espacement des lignes de semis	0.20m
Densité de semis	250 gr/m ²

LUTTE CONTRE LES MAUVAISES HERBES

Herbicide	Date	Matière Active	Dose	Observations
1	03/11/2000	defi +tersiplene		
2	12/04/2002	bofix		

FERTILISATION AZOTEE

Traitement	NR		NT		IN	
	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)
apport1	29/4/02	40			11/3/02	50
apport2					4/4/02	70
apport3						
apport 4						
N total						
Forme N						

REGULATEUR DE CROISSANCE

Traitement	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
traitement1									
traitement2									

LUTTE CONTRE LES MALADIES

	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
fongicide 1	21/5						21/5		
fongicide 2		1.5	caramba					1.5	caramba
fongicide 3									
fongicide 4									
fongicide 5									

LUTTE CONTRE LES RAVAGEURS

date	dose	Produit
21/05/2002	0.3	Mavrik

LILLE 2002

CARACTERISTIQUES DU SOL

Type de sol	Profondeur de sol (en cm)	Dens app 0-30 cm	N total (kg/ha)	Réserve utile (en mm)
limon argileux	100		180	

PRECEDENT

Nature	Date de semis	Fumure NPK	Date de récolte	Rendement	Travaux après récolte
colza	10/10/2000	160/125/245	15/7	37	herse rotative

IMPLANTATION DE L'ESSAI

Préparation du sol	labour + herse rotative
Date de semis	16/10
Date de levée	27/10
Observations	très bonne levée rapide
Espacement des lignes de semis	17
Densité de semis	300 gr/m ²

LUTTE CONTRE LES MAUVAISES HERBES

Herbicide	Date	Matière Active	Dose	Observations
1	17/10/2001	pendimethaline+ + isoprotoron	4	
2		fluroxypyr+copyralid+2.4mcpa	4	

FERTILISATION AZOTEE

Traitement	NR		NT		IN	
	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)
apport1			18/2/02	50	18/2/02	50
apport2			28/3/02	80	28/3/02	80
apport3			6/5/02	50	6/5/02	50
apport 4						
N total						
Forme N						

REGULATEUR DE CROISSANCE

Traitement	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
traitement1				7/4/02	2.5	mondium	7/4/02	2.5	mondium
traitement2									

LUTTE CONTRE LES MALADIES

	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
fongicide 1							6/04/202	0.8+0.5	unix + opus
fongicide 2							02/05/2002	1+0.5	sulky + opus
fongicide 3							30/5	1.5	epopée
fongicide 4									
fongicide 5									

LUTTE CONTRE LES RAVAGEURS

date	dose	Produit
06/06/2002	0.125	karaté vert

RENNES 2002

CARACTERISTIQUES DU SOL

Type de sol	Profondeur de sol (en cm)	Dens app 0-30 cm	N total (kg/ha)	Réserve utile (en mm)
limon	120		67,3	

PRECEDENT

Nature	Date de semis	Fumure NPK	Date de récolte	Rendement	Travaux après récolte
Féverole	Début novembre		juillet	80qx	déchaumage

IMPLANTATION DE L'ESSAI

Préparation du sol	herse rotative
Date de semis	25-29-30 Octobre
Date de levée	4-12-13 Nov
Observations	
Espacement des lignes de semis	13.5cm
Densité de semis	250 gr/m ²

LUTTE CONTRE LES MAUVAISES HERBES

Herbicide	Date	Matière Active	Dose	Observations
1	09-janv	Allié 25gr/Ha + assèrt300 2l/Ha		
2				

FERTILISATION AZOTEE

Traitement	NR		NT		IN	
	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)
apport1			10-avr	40 U urée 40 U	10-avr	40 U urée 40 U
apport2			13-mai	ammonitrate	13-mai	ammonitrate
apport3			10-avr	40 U urée	10-avr	40 U urée
apport 4						
N total						
Forme N						

REGULATEUR DE CROISSANCE

Traitement	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
traitement1	5/3/02	2.2L/ha	CCCL	05-mars	2.2L/ha	CCCL	5/3/02	2.2L/ha	CCCL
traitement2									

LUTTE CONTRE LES MALADIES

	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
fongicide 1	22-mars	unix 0.8l/ha + opus 0.5l/ha					22-mars	unix 0.8l/ha + opus 0.5l/ha	
fongicide 2	16-avr	Ogam 1l/Ha + Fortress 0.3l/Ha					16-avr	Ogam 1l/Ha + Fortress 0.3l/Ha	
fongicide 3	16-mai	Horizon 1l/ha					16-mai	Horizon 1l/ha	
fongicide 4									
fongicide 5									

LUTTE CONTRE LES RAVAGEURS

date	dose	Produit

TOULOUSE 2002

CARACTERISTIQUES DU SOL

Type de sol	Profondeur de sol (en cm)	Dens app 0-30 cm	N total (kg/ha)	Réserve utile (en mm)
Argilo-calcaire	120			

PRECEDENT

Nature	Date de semis	Fumure NPK	Date de récolte	Rendement	Travaux après récolte
pois	11/12/2000	0-75-0	19/6	50	24/09 cover crop 19/10 cultivateur 10cm

IMPLANTATION DE L'ESSAI

Préparation du sol	herse rotative 6/11/01, sec
Date de semis	7/11
Date de levée	1/12
Observations	lit motteux très sec, roulage (sens des planches)
Espacement des lignes de semis	16.5 cm
Densité de semis	318 gr/m ²

LUTTE CONTRE LES MAUVAISES HERBES

Herbicide	Date	Matière Active	Dose	Observations
1	22/03/2002	andiamo	2	
2		celio	0.4	

FERTILISATION AZOTEE

Traitement	NR		NT		IN	
	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)	date	dose (kg/ha)
apport1						
apport2					19/3/02	120
apport3	25/4/02	60			25/4/02	60
apport 4						
N total						
Forme N						

REGULATEUR DE CROISSANCE

Traitement	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
traitement1							17/4/02	2	terpal
traitement2									

LUTTE CONTRE LES MALADIES

	NR			NT			IN		
	date	dose	produit	date	dose	produit	date	dose	produit
fongicide 1	17/4	0.5	ogam				17/4	0.5	ogam
fongicide 2		0.5	alto					0.5	alto
fongicide 3	14/5	0.6	amistar				14/5	0.6	amistar
fongicide 4		0.5	horizon					0.5	horizon
fongicide 5									

LUTTE CONTRE LES RAVAGEURS

date	dose	Produit
24/05/2002	0.12	decis micro

Variables d'entrée relatives aux différents environnements (station ´ année ´ conduite) sur lesquels le comportement des différents géotypes a été simulé. Les dates de semis sont identiques pour l'ensemble des variétés au sein d'un environnement. Les reliquats d'azote minéral à la sortie-hiver (RSH) ainsi que les caractéristiques pédologiques sont communes à l'ensemble des conduites pour une même année climatique.

station	Année	Date de semis	Date du reliquat	RSH (kg/ha)	Densité apparente	% Argile	% CaCO ₃	%N total	Précédent
Clermont-Ferrand	2001	26/10/00	06/01/01	75	1,33	33,3	16,8	1,98	Tournesol
Dijon	2002	02/11/01	23/01/02	70	1,33	26,4	24,8	1,74	Tournesol
Le Moulon	2001	17/10/00	22/01/01	41	1,25	38,4	0,03	1,45	Vesce
	2001	25/10/00	08/02/01	40	1,40	14,9	0	1,38	Orge
	2002	15/10/01	11/02/02	40	1,40	14,9	0	1,14	Orge
Lille	2002	16/10/01	04/02/02	30	1,50	22,1	0,29	1,00	Colza
Mons	2001	25/10/00	20/01/01	55	1,40	17,8	1,3	1,05	Colza
Rennes	2001	10/11/00	11/01/01	84	1,30	14,5	> 1	1,12	Pois
	2002	30/10/01	13/02/02	46	1,30	14,5	> 1	1,12	Féverole
Toulouse	2001	09/11/00	15/01/01	80	1,50	23,8	1,83 à 5	0,97	Pois
	2002	07/11/01	23/01/01	175	1,50	23,8	1,83 à 5	0,97	Pois

Dates des stades «épi 1 cm» utilisées pour les simulations pour les différents géotypes dans chacun des environnements. Les dates des stades «épi 1 cm» sont identiques entre conduites.

Géotype	Clermont-Ferrand		Dijon	Le Moulon		Lille	Mons	Rennes		Toulouse	
	2001	2002	2001	2001	2002	2002	2001	2001	2002	2001	2002
Arche	13/03	04/04	16/03	26/03	21/03	19/03	04/04	28/03	06/03	06/03	17/03
Baltimor		04/04			25/03	23/03			19/03		21/03
Camp-Rémy	14/03	04/04	16/03	01/04	25/03	22/03	07/04	26/03	11/03	10/03	17/03
DI9714	22/03	07/04	23/03	06/04	02/04	03/04	12/04	02/04	21/03	18/03	23/03
Galibier		20/03			05/03	03/12			11/02		06/03
Hynoprécia	06/03	28/03	16/03	21/03	21/03	18/03	01/04	22/03	11/03	07/03	17/03
Isengrain	08/03	02/04	16/03	28/03	21/03	19/03	03/04	22/03	25/02	10/03	16/03
Oratorio	24/02	29/03	23/03	26/03	25/03	19/03	07/04	22/03	28/02	06/03	15/03
Ornicar		05/04			21/03	20/03			14/03		19/03
Récital	08/03	27/03	19/03	23/03	11/03	15/03	03/04	19/03	24/02	07/03	13/03
Renan	03/03	30/03	23/03	27/03	25/03	19/03	06/04	28/03	14/03	09/03	17/03
Rumba	22/03	04/04	23/03	04/04	29/03	28/03	12/04	02/04	20/03	18/03	21/03
Soissons	03/03	30/03	19/03	28/03	18/03	20/03	02/04	22/03	24/02	08/03	15/03
Trémie		28/03			11/03	16/03			25/02		14/03

Dates des stades de floraison utilisés pour les simulations pour les différents géotypes dans chacun des environnements (les dates sont communes pour les différentes conduites).

	Clermont-Ferrand		Dijon	Le Moulon		Lille	Mons	Rennes		Toulouse	
	2001	2002	2001	2001	2002	2002	2001	2001	2002	2001	2002
Géotype											
Arche	26/05	27/05	26/05	01/06	23/05	01/06	07/06	30/05	23/05	21/05	21/05
Baltimor		30/05			27/05	04/06			27/05		26/05
Camp-Rémy	29/05	29/05	28/05	03/06	24/05	02/06	10/06	31/05	27/05	23/05	25/05
DI9714	31/05	30/05	29/05	03/06	27/05	04/06	09/06	31/05	27/05	25/05	27/05
Galibier		17/05			16/05	20/05			10/05		02/05
Hynoprécia	25/05	25/05	26/05	30/05	23/05	27/05	05/06	28/05	23/05	19/05	20/05
Isengrain	21/05	23/05	23/05	29/05	20/05	27/05	02/06	23/05	15/05	14/05	14/05
Oratorio	21/05	19/05	23/05	29/05	21/05	26/05	05/06	21/05	16/05	13/05	13/05
Ornicar		26/05			22/05	03/06			26/05		20/05
Récital	18/05	17/05	20/05	28/05	15/05	21/05	30/05	21/05	10/05	10/05	04/05
Renan	26/05	23/05	26/05	31/05	27/05	31/05	07/06	27/05	23/05	20/05	21/05
Rumba	27/05	24/05	28/05	01/06	24/05	04/06	07/06	26/05	27/05	22/05	21/05
Soissons	20/05	20/05	22/05	28/05	19/05	23/05	31/05	15/05	15/05	11/05	11/05
Trémie		21/05			20/05	25/05			15/05		15/05

Valeurs des matières sèches sortie-hiver (kg/ha) utilisées dans les simulations par environnement. Les valeurs des matières sèches sortie-hiver sont identiques entre conduites.

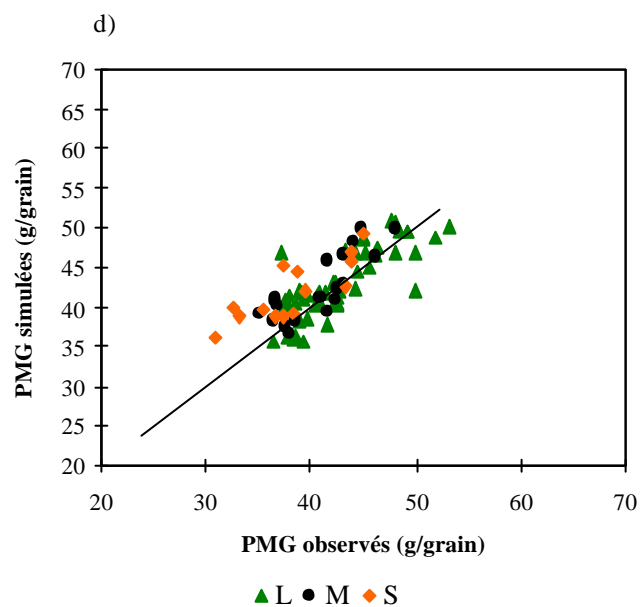
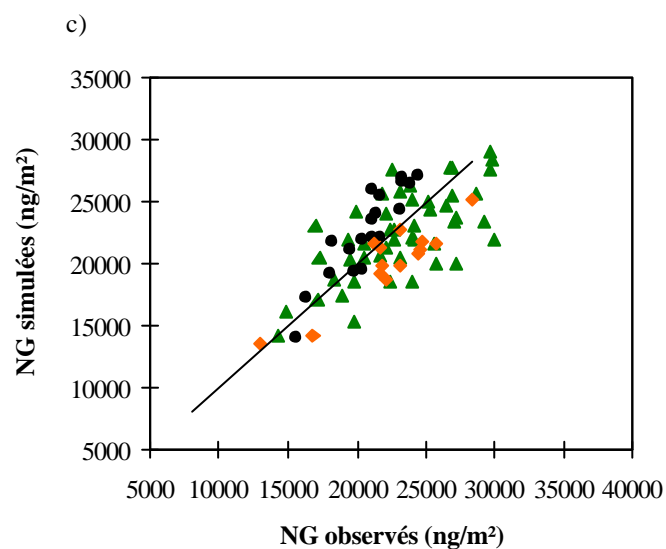
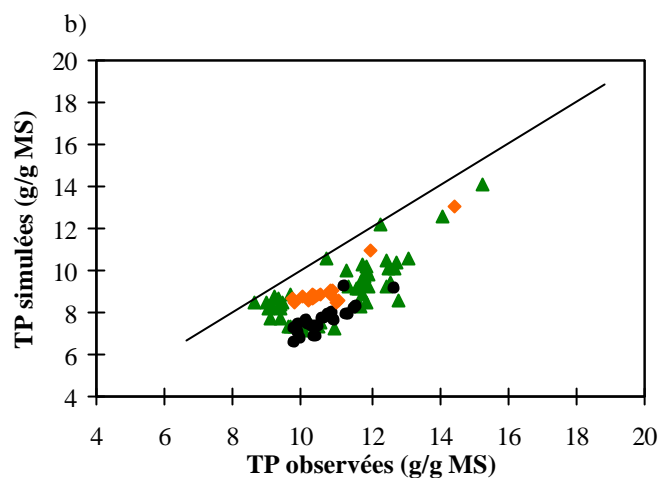
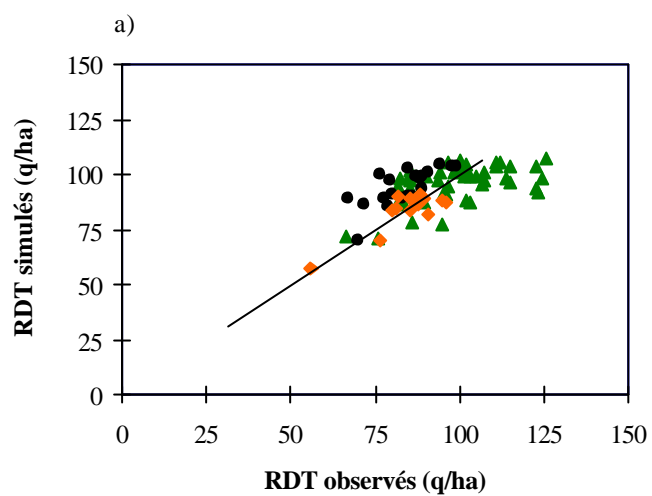
	Clermont-Ferrand		Dijon	Le Moulon		Lille	Mons	Rennes		Toulouse	
	2001	2002	2001	2001	2002	2002	2001	2001	2002	2001	2002
Géotype											
Arche	546,8	42,1	331,3	178,3	452,3	440,5	200,5	206,4	449,8	398,7	145,4
Baltimor		82,5			448,2	467,4			585,2		125,3
Camp-Rémy	462,8	87,5	400,4	108,1	392,3	362,0	170,0	160,7	458,6	400,7	118,2
DI9714	543,3	83,3	372,6	189,9	421,2	389,6	207,6	199,0	490,7	382,7	135,3
Galibier		90,8			492,8	407,8			743,2		130,3
Hynoprécia	497,1	72,9	343,3	205,4	412,2	395,9	189,9	211,5	513,0	494,0	116,6
Isengrain	684,5	44,2	414,3	208,1	434,2	391,9	226,4	221,9	682,7	450,0	123,8
Oratorio	587,6	87,5	355,2	220,9	438,3	322,1	148,1	176,3	632,7	466,7	150,9
Ornicar		63,3			379,3	449,9			499,4		118,5
Récital	320,5	47,5	210,3	103,9	345,0	322,8	71,8	114,0	376,5	237,0	128,9
Renan	533,3	103,8	337,7	164,0	454,5	417,1	134,4	208,0	561,0	473,0	144,9
Rumba	482,1	95,4	357,9	161,6	415,8	449,4	178,9	195,4	597,7	450,0	131,5
Soissons	461,4	51,3	266,3	165,9	381,1	337,4	187,8	202,4	453,7	361,0	115,3
Trémie		76,3			505,0	457,2			715,4		121,9

Site	Année récolte	de Traitements « intensif »				Total
		1er apport	2 ^{ème} apport	3 ^{ème} apport	4 ^{ème} apport	
Clermont- Ferrand	2001	50u (07/03)	30u (28/03)	50u (04/04)		130
	2002		120u (01/05)			120
Dijon	2001	60u (15/02)	90u (20/03)	40u (14/05)		190
Le Moulon	2001	40u (26/02)	120u (02/04)	50u (11/05)		210
	2002	80u (14/03)	70u (22/04)	60u (16/05)		210
Lille	2002	50u (18/02)	80u (06/04)	50u (06/05)		180
Mons	2001	50u (06/03)	70u (02/04)	50u (15/05)		170
Rennes	2001	40u (18/02)	70u (30/03)	40u (23/04)	40u (15/05)	190
	2002	40u (10/04)	40u (13/05)			80
Toulouse	2001		113u (22/02)	36u (18/04)		165
	2002	120u (26/03)	60u (05/06)			180

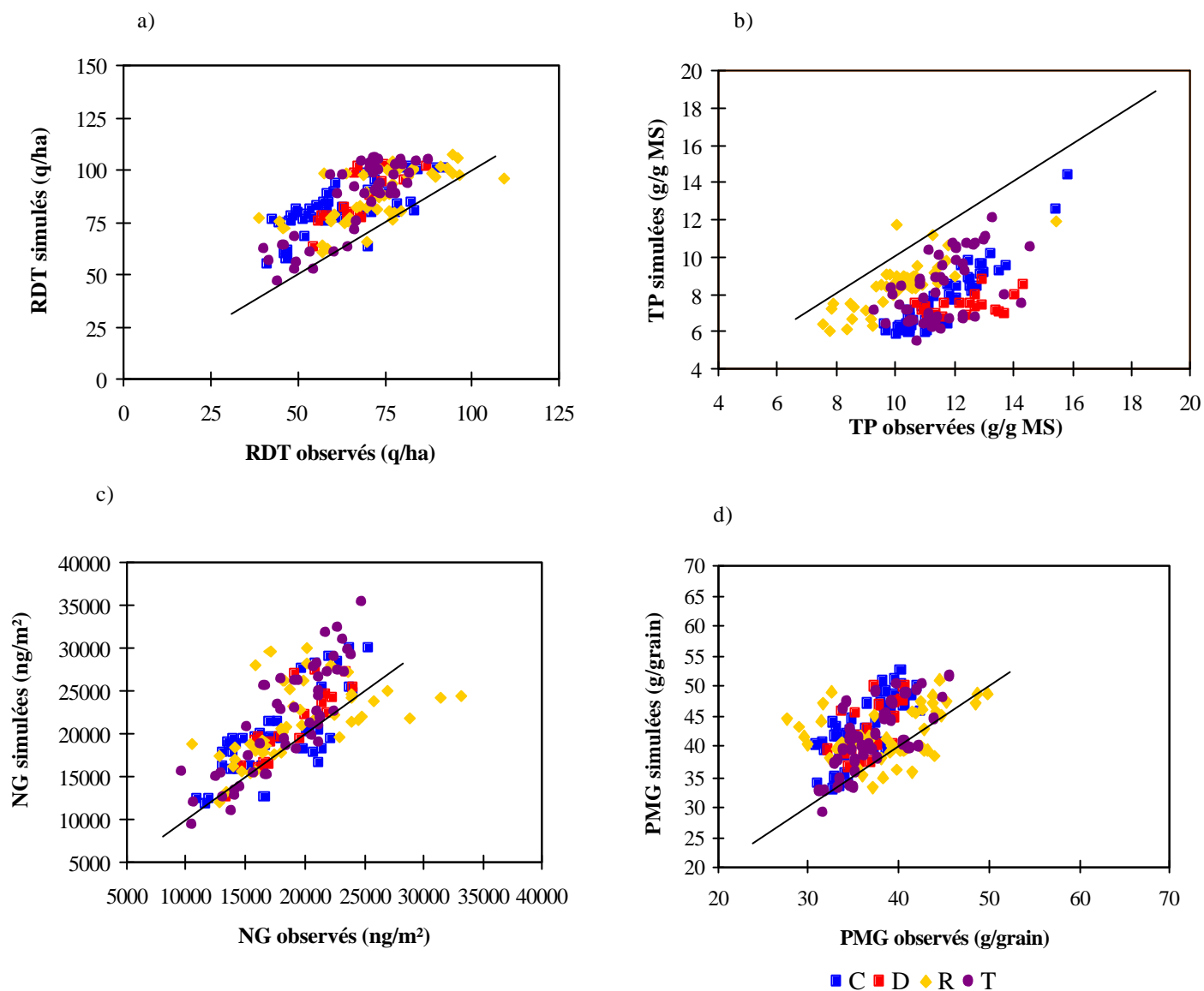
Site	Année récolte	de Traitement « azote réduit »				Total
		1er apport	2 ^{ème} apport	3 ^{ème} apport	4 ^{ème} apport	
Clermont- Ferrand	2001	-	30u (28/03)	-		30
	2002	-	40u (01/05)			40
Dijon	2001	-	60u (20/03)	40u (14/05)		100
Le Moulon	2001	-	80u (02/04)	35u (11/05)		115
	2002	80u (14/03)	-	40u (16/05)		120
Lille	2002					
Mons	2001		40u (02/04)	40u (15/05)		80
Rennes	2001	-	-	40u (23/04)	40u (15/05)	80
	2002	-	-			0
Toulouse	2001			36u (18/04)		52
	2002	-	60u (05/06)			60

Dates et doses d'azote apportées sur les différents traitements suivant le site et l'année d'essai utilisées lors des simulations d'Azodyn. Les dates et doses prennent en compte la pluviométrie et les éventuelles pertes par volatilisation. Les doses sont exprimées en unités d'N/ha.

Comparaison des valeurs observées et simulées par le modèle sur les environnements de la gamme de validité (L = Le Moulon, M = Mons, S = Serasem lille) pour a) le rendement ; b) la teneur en protéines des grains ; c) le nombre de grains et d) le poids de mille grains.



Comparaison des valeurs observées et simulées par le modèle sur les environnements hors de la gamme de validité (C=Clermont-Ferrand ; D = Dijon ; R = Rennes et T = Toulouse) pour a) le rendement ; b) la teneur en protéines des grains ; c) le nombre de grains et d) le poids de mille grains.



Classements observés et simulés, pour le rendement, des génotypes Arche, Camp-rémy, DI9714, Hynoprécia et Isengrain sur les 21 environnements qui ont été utilisés pour l'évaluation du modèle Azodyn. Les rangs de classement ont été déterminés tous les 5 q/ha à partir du génotype le plus productif de l'environnement considéré. Chaque environnement est défini par la station expérimentale, l'année de récolte et la conduite (par exemple C1in = Clermont-Ferrand, année de récolte 2001 pour le traitement « intensif »).

	Arche		Camp-Rémy		DI9714		Hynoprécia		Isengrain	
	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.
C1in	2	1	4	1	2	1	1	1	3	1
C2in	2	2	4	3	2	3	2	3	2	1
C1nr	2	2	4	3	1	2	1	2	3	1
C2nr	2	1	3	2	1	1	2	2	2	1
D1in	3	1	4	1	2	1	2	1	1	1
D1nr	2	2	3	2	2	2	1	2	1	1
L1in	2	1	6	2	3	1	2	1	1	1
L2in	2	2	1	3	3	2	1	2	4	1
L1nr	2	1	3	3	2	2	1	1	1	1
L2nr	2	2	4	3	1	3	2	2	1	1
M1in	1	1	4	2	2	1	1	1	1	1
M1nr	1	2	4	2	1	2	1	1	1	1
R1in	2	1	4	2	2	1	1	1	1	1
R2in	1	3	5	3	4	3	3	2	2	1
R1nr	1	2	3	3	2	2	1	2	1	1
R2nr	1	3	3	4	1	3	2	3	3	1
S2in	2	1	4	2	3	1	1	1	2	1
T1in	2	1	2	2	2	1	2	1	2	1
T2in	3	1	3	1	3	1	2	1	1	1
T1nr	2	3	3	3	2	3	2	2	3	1
T2nr	2	2	3	3	2	2	1	2	1	1

Classements observés et simulés, pour le rendement, des génotypes Oratorio, Récital, Renan, Rumba et Soissons sur les 21 environnements qui ont été utilisés pour l'évaluation du modèle Azodyn. Les rangs de classements ont été déterminés tous les 5 q/ha à partir du génotype le plus productif de l'environnement considéré. Chaque environnement est défini par la station expérimentale, l'année de récolte et la conduite (par exemple C1in = Clermont-Ferrand, année de récolte 2001 pour le traitement « intensif »).

	Oratorio		Récital		Renan		Rumba		Soissons	
	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.
C1in	2	1	5	2	3	3	1	1	4	2
C2in	3	2	3	2	4	4	1	3	2	1
C1nr	3	3	5	3	3	4	1	2	4	2
C2nr	4	2	2	3	3	4	1	2	3	1
D1in	2	1	2	2	4	3	4	1	3	2
D1nr	1	2	2	2	3	3	3	2	3	2
L1in	2	1	3	2	5	3	4	1	3	2
L2in	3	3	5	2	5	4	1	3	4	2
L1nr	1	1	3	2	4	4	2	2	3	2
L2nr	3	2	3	1	5	4	3	3	4	2
M1in	3	1	4	1	4	3	2	1	2	2
M1nr	3	2	4	2	4	3	2	2	2	2
R1in	1	1	5	2	3	3	1	1	2	1
R2in	3	2	4	2	5	4	3	3	2	2
R1nr	2	2	4	2	2	4	2	4	2	1
R2nr	2	2	3	3	2	5	1	3	2	2
S2in	3	2	2	2	4	3	2	1	3	2
T1in	1	1	3	2	3	3	2	1	3	2
T2in	2	1	3	2	4	2	2	1	2	2
T1nr	1	2	4	2	3	4	4	3	3	1
T2nr	1	2	3	2	3	4	2	2	2	2

Classements observés et simulés, pour le rendement, des génotypes Baltimor, Galibier, Ornicar et Trémie sur les 9 environnements qui ont été utilisés pour l'évaluation du modèle Azodyn. Les rangs de classement ont été déterminés tous les 5 q/ha à partir du génotype le plus productif de l'environnement considéré. Chaque environnement est défini par la station expérimentale, l'année de récolte et la conduite (par exemple C2in = Clermont-Ferrand, année de récolte 2002 pour le traitement « intensif »).

	Baltimor		Galibier		Ornicar		Trémie	
	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.
C2in	1	3	4	4	2	1	3	2
C2nr	2	2	4	5	1	1	2	1
L2in	2	2	6	4	2	1	1	1
L2nr	1	3	6	4	3	1	3	1
R2in	2	2	6	4	2	2	2	1
R2nr	2	3	4	5	1	2	2	2
S2in	2	1	5	4	2	1	1	1
T2in	3	1	4	3	2	1	1	1
T2nr	2	2	4	5	2	1	1	2

Classements observés et simulés, pour la teneur en protéines, des génotypes Arche, Camp-rémy, DI9714, Hynoprécia et Isengrain sur les 21 environnements qui ont été utilisés pour l'évaluation du modèle Azodyn. Les rangs de classement ont été déterminés tous les 0,4 g/100 gMS à partir du génotype le plus productif de l'environnement considéré. Chaque environnement est défini par la station expérimentale, l'année de récolte et la conduite (par exemple C2in = Clermont-Ferrand, année de récolte 2002 pour le traitement « intensif »).

	Arche		Camp-Rémy		DI9714		Hynoprécia		Isengrain	
	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.
C1in	2	2	2	2	2	2	3	3	3	2
C2in	5	5	3	4	4	5	4	4	6	6
C1nr	2	3	2	2	1	3	1	3	2	4
C2nr	5	3	3	2	2	2	4	2	4	3
D1in	3	3	1	2	2	4	3	3	4	3
D1nr	5	3	1	2	3	2	4	3	4	4
L1in	4	2	1	3	3	3	3	2	3	2
L2in	4	3	3	3	4	4	4	4	4	5
L1nr	4	2	2	2	4	2	4	2	5	2
L2nr	4	3	3	3	3	3	3	4	4	5
M1in	3	3	2	2	2	2	2	2	3	3
M1nr	3	2	2	2	2	2	3	3	3	4
R1in	4	3	2	2	2	3	3	2	4	2
R2in	4	3	3	3	4	3	3	3	5	3
R1nr	3	3	1	3	2	4	2	4	3	6
R2nr	5	3	2	2	4	2	3	3	5	5
S2in	4	3	3	3	3	4	4	4	5	4
T1in	5	2	3	2	2	2	5	2	6	2
T2in	4	3	2	2	3	2	4	3	5	4
T1nr	4	3	4	2	3	2	3	4	4	5
T2nr	5	3	3	2	4	3	5	3	6	6

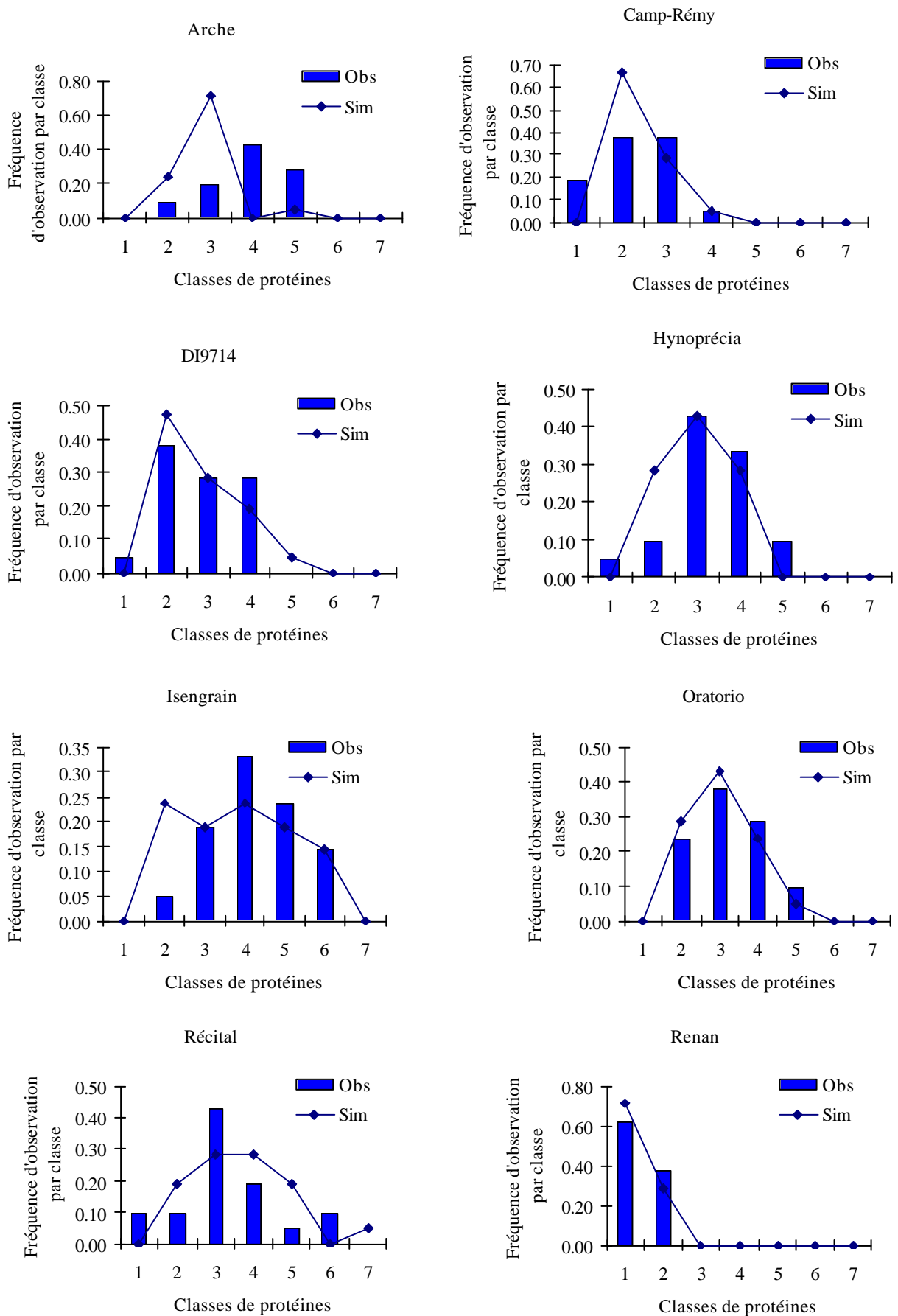
Classements observés et simulés, pour la teneur en protéines des grains, des génotypes Oratorio, Récital, Renan, Rumba et Soissons sur les 21 environnements qui ont été utilisés pour l'évaluation du modèle Azodyn. Les rangs de classement ont été déterminés tous les 0,4 g/100 gMS à partir du génotype le plus productif de l'environnement considéré. Chaque environnement est défini par la station expérimentale, l'année de récolte et la conduite (par exemple C2in = Clermont-Ferrand, année de récolte 2002 pour le traitement « intensif »).

	Oratorio		Récital		Renan		Rumba		Soissons	
	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.
C1in	2	2	3	3	1	1	3	3	3	2
C2in	4	3	4	4	2	2	5	3	3	4
C1nr	2	3	2	4	1	1	2	4	2	4
C2nr	4	3	3	2	1	1	4	2	3	3
D1in	2	4	5	4	1	1	2	4	4	4
D1nr	4	3	4	4	1	1	2	2	3	4
L1in	2	2	3	2	1	1	3	3	2	2
L2in	3	3	3	3	2	2	4	3	3	3
L1nr	3	2	3	2	1	1	4	2	3	2
L2nr	3	3	3	4	2	2	4	3	4	4
M1in	3	3	4	4	1	1	3	2	2	2
M1nr	3	2	3	3	1	1	2	2	2	3
R1in	3	2	1	2	1	1	4	2	3	1
R2in	3	3	3	3	2	2	4	3	4	3
R1nr	2	4	1	5	1	2	3	1	2	4
R2nr	4	4	4	5	2	1	4	2	3	5
S2in	3	3	3	3	2	2	4	3	4	3
T1in	4	2	5	3	1	1	2	2	5	2
T2in	4	4	6	5	2	1	4	2	3	5
T1nr	5	4	2	5	1	1	1	3	3	5
T2nr	5	5	6	7	2	1	4	3	4	6

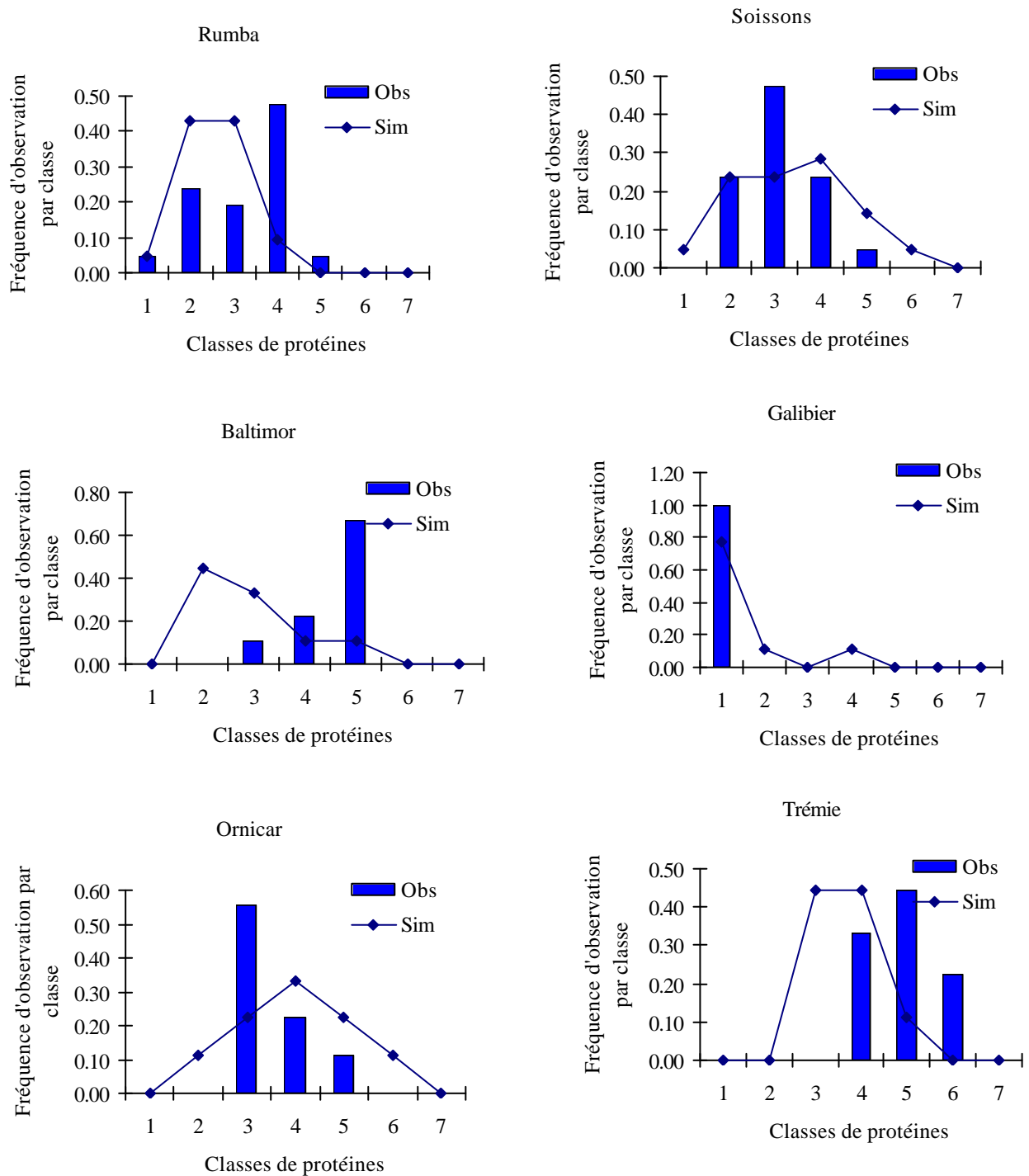
Classements observés et simulés, pour la teneur en protéines des grains, des génotypes Baltimor, Galibier, Ornicar et Trémie sur les 9 environnements qui ont été utilisés pour l'évaluation du modèle Azodyn. Les rangs de classement ont été déterminés tous les 0,4 g/100 gMS à partir du génotype le plus productif de l'environnement considéré. Chaque environnement est défini par la station expérimentale, l'année de récolte et la conduite (par exemple C2in = Clermont-Ferrand, année de récolte 2002 pour le traitement « intensif »).

	Baltimor		Galibier		Ornicar		Trémie	
	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.	Obs.	Sim.
C2in	4	5	1	1	5	6	6	4
C2nr	5	2	1	1	3	3	4	3
L2in	5	4	1	1	4	5	4	4
L2nr	5	3	1	1	3	5	4	4
R2in	5	3	1	1	4	3	5	3
R2nr	5	2	1	1	3	4	5	4
S2in	5	3	1	1	3	4	5	3
T2in	3	2	1	2	3	2	5	3
T2nr	4	2	1	4	5	4	6	5

Distributions observées et simulées suivant les différentes classes de teneur en protéines des génotypes du réseau d'essais



Distributions observées et simulées suivant les différentes classes de teneur en protéines des génotypes du réseau d'essais



Résumé

L'évolution des pratiques agricoles vers des systèmes moins intensifs nécessite d'évaluer rapidement la capacité des nouvelles variétés à valoriser ces systèmes pour des conditions pédoclimatiques variées. Les expérimentations traditionnellement réalisées dans cet objectif offrent une réponse souvent partielle, car les gammes explorées sont limitées par rapport à celles rencontrées dans la pratique agricole, et trop lente par rapport au renouvellement rapide des variétés en blé tendre. Pour accélérer cette étape d'évaluation des variétés, il est possible de s'appuyer sur de nouveaux types d'outils prévisionnels. Le travail présenté ici a pour objectif d'étudier la possibilité d'utiliser un modèle de culture pour analyser et prévoir le comportement variétal, dans une gamme d'environnements variés, pour des variétés existantes ou à créer. Nous nous sommes interrogés sur les adaptations nécessaires de ces outils pour prendre en compte le comportement variétal et nous avons proposé des pistes d'évaluation de la capacité de tels outils à choisir la variété la mieux adaptée aux conditions du milieu considéré.

Les concepts et formalismes développés dans les modèles de culture en font des outils *a priori* pertinents pour l'évaluation et la prédiction du comportement variétal, les interactions entre la culture et le milieu étant simulées. Cependant, peu d'études se sont attachées à proposer des méthodologies d'estimation des paramètres génotypiques et d'évaluation de la capacité des modèles ajustés à rendre compte du comportement variétal. A partir d'un exemple de modèle de culture, Azodyn, intégrant dans son formalisme l'élaboration du rendement et de la teneur en protéines des grains, ainsi que les différents processus d'absorption et de transfert d'azote dans le système Sol-Plante, nous avons proposé une méthodologie d'identification et d'ajustement des paramètres génotypiques des modèles de culture, ainsi que différents critères d'évaluation de la capacité de ces modèles à rendre compte du comportement variétal.

Nous avons dans un premier temps identifié, parmi tous les paramètres du modèle, ceux qui variaient en fonction du génotype, à partir d'expérimentations spécifiques, des acquis de la littérature et des connaissances d'experts. Nous avons identifié trois paramètres et trois variables d'entrée du modèle, variables entre génotypes, et susceptibles de représenter des marqueurs du comportement facilement accessibles aux différents utilisateurs de variétés. Les paramètres du modèle ont été ajustés pour un ensemble de quatorze génotypes par mesure directe de la valeur du paramètre dans des expérimentations spécifiques. Les effets des différents paramètres et variables d'entrée génotypiques sur les variations de la teneur en protéines des grains et du rendement ont été estimés par une analyse de sensibilité du modèle. Cette approche nous a permis d'identifier les principaux facteurs d'adaptation des variétés aux environnements, à savoir le poids de mille grains, les précocités à maturation et à floraison, et la capacité à fabriquer un nombre de grains élevé. Aucun paramètre spécifique à la nutrition azotée n'est apparu comme déterminant des sorties.

Nous avons ensuite évalué la capacité du modèle à rendre compte du comportement des différents génotypes expérimentés sur 21 environnements, variant par la nature et l'intensité de facteurs limitants du rendement. Nous avons montré que, sur la base de ce faible nombre de paramètres variétaux, il était possible de rendre compte des niveaux moyens de rendements et de teneurs en protéines des grains des différents génotypes, pour des environnements variés. Nous avons également montré que le modèle de culture était un outil pertinent de prédiction du comportement des génotypes, que l'on s'intéresse à la stabilité des différents génotypes ou à leur classement pour différentes conditions de culture.

Mots clés: blé, modèle de culture, variété, stabilité, interactions génotype × environnement, paramètre, évaluation.

Abstract

The change of crop management to less intensive systems requires to rapidly forecast the ability of each variety to valorise these systems for various pedo-climatic conditions. The experiments, generally conducted in this aim, often give a partial response because, the range covered are limited comparatively to the agricultural conditions in which these genotypes are able to be used, and too long in regard of the rapid change of varieties used by farmers. To accelerate this step of cultivar evaluation, it is possible to use new forecasting tools. The work presented here aims at studying the possibilities offered by the use of crop models to analyse and predict the production of different cultivars, in a large range of crop conditions, for existing or future genotypes. The questions raised focused on the necessary adaptation of these tools to give a good account of the genotype behaviour and we have proposed new tracks to evaluate the ability of such tools to choose the best variety adapted to particular conditions.

The concepts and formalisms included in the crop models make them *a priori* relevant to evaluate and predict the variability of genotype behaviour, as the interactions between crop functioning and environment status are simulated. However, few studies aimed at developing methods for estimating genotypic parameters. And few of these studies evaluated the ability of various crop models adapted to cultivars to give a good account to their various production among environments. Based on the example of one crop model, Azodyn, simulating yield elaboration and grain protein content through the different processes of nitrogen absorption and remobilisation in the crop-soil system, we have proposed a method to identify and estimate the genotypic parameters of the model, and several criteria for the evaluation of this adapted model to give an account of the cultivar behaviour.

In a first step, we identified, among all parameters of the model (around 80), those which varied among cultivars, from specific experiments, from the literature or the expertise. Thus we have identified that only three parameters and three inputs of the model which variations among genotypes were necessary to be taken into account to improve the predictive quality of the model. These genotypic characteristics act as behaviour markers and can be easily measured by the different variety users. These parameters have been estimated for fourteen genotypes, through a direct measurement on specific experiments. The influence of the parameters and input, identified as genotypic, on yield and grain protein content were quantified by a sensitivity analysis of the model. This study enabled us to propose a hierarchy between those six characteristics, which appeared variable among environments. This was then a good means to identify the adaptation factors of the varieties to the environments, which were mainly: the maximum grain weight, the precocity at the beginning of stem elongation and at flowering, and the ability to produce a high grain number. No parameters specific to nitrogen nutrition appeared as determinant in the model outputs.

Then, we have evaluated the ability of the model to give a good account of the genotype production on 21 environments, varying through the nature and the intensity of limiting factors. We showed that, taking into account only the low number of genotypic parameters, it was possible to give a good account of the mean yield and grain protein content of each genotype, for a large range of environments. We also showed that the crop model used was a relevant tool to predict the genotype variability and the classification of the various genotypes for several crop conditions.

Keywords: wheat, crop model, variety, stability, genotype by environment interaction, parameter, evaluation.