



**HAL**  
open science

**L'évaluation expérimentale des innovations variétales.  
Proposition d'outils d'analyse de l'interaction génotype -  
milieu adaptés à la diversité des besoins et des  
contraintes des acteurs de la filière semences.**

Christophe Lecomte

► **To cite this version:**

Christophe Lecomte. L'évaluation expérimentale des innovations variétales. Proposition d'outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu adaptés à la diversité des besoins et des contraintes des acteurs de la filière semences.. Agronomie. INAPG (AgroParisTech), 2005. Français. NNT : 2005INAP0016 . pastel-00003471

**HAL Id: pastel-00003471**

**<https://pastel.hal.science/pastel-00003471>**

Submitted on 28 Feb 2008

**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.



Ecole Doctorale  
ABIÉS



Institut National Agronomique  
Paris-Grignon



Institut National  
de la recherche  
Agronomique

Thèse

présentée devant

L'INSTITUT NATIONAL AGRONOMIQUE PARIS-GRIGNON

pour obtenir le titre de Docteur de l'INAPG

par

Christophe LECOMTE

***L'évaluation expérimentale des innovations variétales  
Proposition d'outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu  
adaptés à la diversité des besoins et des contraintes des  
acteurs de la filière semences***

préparée à l'Unité de Recherches sur la Génétique et l'Ecophysiologie des  
Légumineuses à Graines (URLEG) de l'INRA de Dijon

et soutenue le 27 octobre 2005 devant le jury :

Thierry Doré  
Jean Boiffin  
Gilles Charmet  
Pascal Béguin  
Philippe Lonnet  
Jean-Marc Meynard

Professeur INAPG  
Directeur de Recherches INRA PFADD  
Directeur de Recherches INRA DGAP  
Maître de conférence CNAM  
Etablis<sup>ts</sup> Florimond-Desprez  
Directeur de Recherches INRA SAD

Président  
Rapporteur  
Rapporteur  
Examineur  
Examineur  
Co-Directeur de thèse  
avec Marianne Cerf (SAD)

## Avant-propos

*"Autre celui qui sème, autre celui qui récolte"*  
(Jn, 4, 37)

Cette thèse est le fruit d'une longue histoire...

Une démarche agronomique d'analyse de l'élaboration du rendement et de diagnostic des facteurs limitants du rendement a été initiée par Michel Sebillotte à l'INAPG, dans les années 1970. Elle a été appliquée dans des études régionales, suite à l'interpellation des agronomes par des groupements d'agriculteurs (en Champagne crayeuse, dans le Noyonnais...). Elle a été progressivement appliquée à des essais variétaux de blé, notamment par Jean-Marc Meynard, et, depuis la fin des années 1980, au sein du groupe céréales du Département de Génétique et d'Amélioration des Plantes de l'INRA. Des colloques "écophysiologie du blé" se sont tenus dans les années 1980, qui ont été l'occasion de partager les questions et les savoirs, et de mettre en place des collaborations entre les sélectionneurs de l'INRA, ceux du secteur privé, les agronomes de l'INRA et des instituts techniques.

En parallèle s'est développée une démarche biométrique, qui a porté sur le thème de l'interaction entre 2 facteurs, notamment sous l'impulsion de Jean-Baptiste Denis, à la fin des années 1970. Les outils biométriques ont été progressivement appliqués à des expérimentations variétales, avec en particulier les thèses de Claire Baril (1992), Dominique Desclaux (1996), Maryse Brancourt-Hulmel (1999).

Au centre de ces deux mouvements, il y a eu la grande fécondité du groupe de travail sur les céréales, au sein de l'amélioration des plantes de l'INRA. Dans ce groupe, et autour de lui, des échanges ont eu lieu à tous les niveaux : échanges de matériel végétal tout au long du schéma de sélection, échanges de méthodes, échanges entre techniciens, entre scientifiques, entre techniciens et scientifiques,... Collaborations et échanges mis en place avec des partenaires privés (notamment au sein du GIE "Club des 5"), ou institutionnels, ont permis la circulation des idées, des interpellations, des questions de recherche, et ont permis la réalisation de travaux communs de longue durée : travaux sur les méthodes de sélection et les populations, travaux sur les blés hybrides, travaux d'écophysiologie sur la description des types de développement du blé, sur les accidents de fécondation, sur les facteurs limitants du rendement ; travaux sur la stabilité du rendement et de la qualité, sur la génétique de caractères agronomiques ou technologiques, tous demandant l'appui et les ressources d'un réseau, les compétences et la rigueur d'expérimentateurs qui ont accepté l'ajout d'observations et de contrôles qui compliquaient l'application des protocoles habituels. Que tous ces collègues de Clermont-Ferrand, Dijon, La Minière, Le Moulon, Mons, Rennes, Toulouse, dont un certain nombre sont partis en retraite, soient remerciés pour ce parcours commun de longue date.

La fécondité du groupe céréales tient beaucoup aux fortes relations d'amitié qui y règnent, et qui permettent d'aller bien au-delà de ce que le devoir impose. J'ai une grande reconnaissance pour l'animateur de ce groupe jusqu'en 1999, Gérard Doussinault, aujourd'hui décédé. C'est lui qui m'a incité à entreprendre cette thèse. Il a toujours encouragé, fait confiance à chacun. Dès le départ, il a eu l'intuition de ce que devait devenir le diagnostic agronomique appliqué aux essais variétaux, et il a progressivement impliqué les personnes et mobilisé les compétences qui ont permis de le faire aboutir. Du fait que j'étais de formation agronomique, mon recrutement procédait d'une volonté d'appliquer aux travaux du groupe les méthodes agronomiques, celui de Maryse Bancourt-Hulmel, qui apportait des compétences biométriques, de la volonté de bénéficier des acquis récents de la biométrie en matière d'explication de l'interaction génotype-milieu. Ainsi, le diagnostic agronomique est réellement le résultat de la convergence de plusieurs approches appliquées à l'amélioration des plantes. Je remercie Maryse, pour les échanges et la stimulation réciproque qui ont constitué un long et fructueux parcours commun. Cette collaboration m'a permis de voir comment pouvait aboutir le diagnostic en

terme de connaissance des variétés, et j'ai ainsi pu m'initier à l'emploi de certaines méthodes biométriques, fondamentales dans la simplification et l'automatisation de la démarche.

L'outil risquait de ne pas dépasser le stade de l'étude scientifique si Jean-Marc Meynard, co-directeur de ma thèse, correspondant en cela aux préoccupations émergentes à l'INRA depuis plus de dix ans – et contribuant à les faire grandir, ne m'avait pas suggéré d'orienter délibérément ma recherche et la construction de l'outil vers les utilisateurs. Ceci m'a conduit à aborder un vaste domaine, encore très peu connu pour moi, celui de l'ergonomie, de l'étude de la prise de décision et de la mobilisation des informations, dans lequel Marianne Cerf, co-directrice de ma thèse, m'a introduit avec la compétence qu'on lui connaît, mais aussi avec pédagogie et patience. Il en fallait. J'ai donné beaucoup de travail à Jean-Marc et Marianne, pour interpeller, réorienter, relire... mais j'espère que ce parcours leur a aussi donné l'occasion d'avancer dans leurs réflexions. Je les remercie beaucoup pour leur confiance et leurs encouragements, prodigués dès le départ. Cette thèse leur doit beaucoup.

Ce travail a mobilisé de nombreuses personnes, avec qui j'ai échangé, qui m'ont apporté des informations, que j'ai rencontrées au cours des entretiens et qui m'ont sympathiquement accueilli, qui m'ont apporté leur assistance pour transcrire les entretiens, relire des parties de mon travail, corriger les traductions, m'aider à la mise en page de ce document, à la présentation orale... :

- *collègues du groupe céréales et des groupes de travail sur l'écophysiologie du blé* : Paul Bataillon, Denis Béghin, Pierre Bérard, Marie-Hélène Bernicot, Philippe Brabant, Gérard Branlard, Gilles Charmet, Bernard Dagout, Camille Depatureaux, Louis Félix, Nathalie Gallic, Philippe Gate, Emmanuel Heumez, Jacques Legouis, Jean-Marie-Machet, Jean-Pascal Meunier, Jean-Yves Morlais, Jean-Marie Nolot, François-Xavier Oury, Maurice Pichon, Pierre Pluchard, Bernard Rolland, Michel Rousset, Guy Sausseau, Eugène Triboï, Maxime Trotter, Bernadette Trouvé, Louis Vidal

- *collègues de l'INRA de Grignon* : Aude Barbotin, Sabine Demotes, François Hochereau, Marie-Hélène Jeuffroy, Marianne Le Bail, Chantal Loyce, Lorène Prost

- *collègues de Dijon* : Véronique Aubert, Luc Biju-Duval, Catherine Bisiaux, Jean-Pierre Blanchon, François Bourgeot, Judith Burstin, Jacques Caneill, Florence Cassecuelle, Claude Compagnone, Didier Contour, Gérard Duc, Georges Durey, Marie-Jo Farmer, Vivienne Gianinazzi-Pearson, Alex Giraud, Stanislas Gora, Hervé Houtin, Myriam Huart, Pierre Mangin, Nathalie Munier-Jolain, Sergio Ochatt, Ruben Pajares, Bernadette Roy, Christophe Salon, Nathalie Schummer, Françoise Simon-Plas, Christophe Soulard, Richard Thompson, Marie-Odile Voidey

Je remercie également Pascal Béguin, Jean Boiffin, Gilles Charmet, Thierry Doré, Philippe Lonnet, Jean-Marc Meynard, qui ont accepté la lourde tâche de siéger dans le jury de ma thèse.

J'ai eu le soutien permanent d'Isabelle, mon épouse, et de chacun de mes enfants, Thomas, Pierre, Benoît, Noémie, Gabriel et Héloïse. Leurs encouragements répétés, leur aiguillon, leurs éclats de rires ou leurs interpellations musclées, leur présence tout simplement, m'ont maintenu "en éveil" et m'ont utilement "sorti" de mon travail. Souvent tiraillé entre l'ampleur de la tâche que je cherchais à accomplir et les exigences d'une famille active et remuante, je crois ne pas les avoir trop privés de ma présence tout au long de ces années.

Cela fait plus de 15 ans que les travaux d'écophysiologie dans le groupe céréales ont commencé et que je m'y suis impliqué. Même si j'ai contribué à porter ce projet, à le maintenir en vie quand on ne voyait plus bien comment le faire aboutir, et quand plusieurs se demandaient s'il servait encore à quelque chose, j'ai le sentiment de récolter là où beaucoup d'autres ont semé. Puissé-je à mon tour continuer à donner sans compter, à aider d'autres à avancer pour que finalement, ce soit notre connaissance collective qui progresse.

---

## Résumé

### **L'évaluation expérimentale des innovations variétales. Proposition d'outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu adaptés à la diversité des besoins et des contraintes des acteurs de la filière semences.**

Parmi les outils d'aide à l'évaluation expérimentale des innovations variétales mis au point par les techniciens et les chercheurs, un grand nombre n'est pas adopté dans le monde agricole, malgré leur intérêt théorique. Parti de l'hypothèse que ce manque d'appropriation résulte, au moins en partie, d'un manque d'adéquation entre les outils et les besoins réels des acteurs, le travail réalisé associe une analyse de la diversité des usages de l'expérimentation pour l'évaluation variétale et un travail de conception d'un outil d'interprétation des résultats d'essais variétaux. L'ensemble des recherches est conduit sur le cas du blé tendre d'hiver.

Dans un premier temps, des entretiens ont été effectués auprès d'une vingtaine d'acteurs impliqués dans la sélection, le développement des variétés, la multiplication, la distribution et la transformation des produits céréaliers. Ils mettent en évidence une grande diversité d'usages de l'expérimentation variétale. Quatre objectifs sous-tendent ces usages : (1) trier les génotypes, (2) les positionner géographiquement ou sur le marché, (3) acquérir une connaissance sur les génotypes, (4) et communiquer sur eux. Chaque objectif se distingue des autres par un petit nombre de critères de jugement des génotypes. Nous proposons une typologie des usages en 10 types, basée sur ces objectifs et critères, et sur les caractéristiques des réseaux expérimentaux (nombre d'essais et de génotypes, part du partenariat...). Dans chaque type, des différences peuvent être reliées à des logiques internes aux entreprises. Les entretiens mettent également en évidence un hiatus entre les informations recherchées et les informations que les acteurs tirent effectivement des expérimentations. Ce hiatus s'explique par des contraintes organisationnelles dans la mise en œuvre des réseaux expérimentaux et par des difficultés lors du traitement des données (manque de temps disponible pour traiter les résultats ; compétence requise pour l'usage d'outils d'analyse de l'interaction génotype-milieu...). Le besoin qui s'exprime le plus fortement est celui de mieux extraire l'information contenue dans les réseaux expérimentaux. Pour chacun des 10 usages, nous discutons de l'intérêt de 5 types d'outils susceptibles d'améliorer le recueil ou le traitement des données.

Afin de répondre aux souhaits de différents acteurs de valoriser l'information multilocale et d'optimiser les réseaux, un outil d'aide à l'analyse permettant d'interpréter les variations de performances des génotypes à l'échelle d'un réseau est proposé dans un second temps. Cet outil repose sur l'association d'un diagnostic agronomique, basé sur une régression linéaire multiple appliquée à des génotypes révélateurs, et d'une analyse de l'interaction par régression factorielle, appliquée à tous les génotypes. Cette association a pour but d'apporter une validation agronomique des variables explicatives de l'interaction. Selon le génotype révélateur, le diagnostic permet d'expliquer de 70 à 99% des variations de rendement pour des réseaux de 10 à 35 milieux. Chaque site expérimental est ainsi caractérisé par la nature et la contribution des facteurs limitants aux pertes de rendement. Dans l'analyse de l'interaction, les paramètres génotypiques de la régression factorielle permettent d'interpréter les variations de comportement des génotypes en terme de tolérance aux facteurs limitants. Les notes de tolérance apparaissent bien corrélées aux notes déduites des observations pour les facteurs limitants visibles comme les maladies (nous avons obtenu une corrélation de 0.9 pour la rouille brune). Cette méthode permet donc d'évaluer aussi la tolérance des génotypes aux facteurs limitants dont l'effet n'est pas facilement observable (stress hydrique, carences en azote...). En réponse aux besoins exprimés par les acteurs, et pour prendre en compte la diversité des usages de l'expérimentation variétale, nous discutons de la façon de simplifier et d'améliorer la méthode pour analyser les résultats d'essais, et nous évoquons les ajustements des pratiques actuelles d'évaluation qui pourraient être liées à l'adoption de cet outil.

**Mots-clés :** Réseaux expérimentaux, Blé, Usages de l'expérimentation variétale, Diagnostic Agronomique, Optimisation des réseaux, Interaction génotype-milieu, Régression factorielle, Tolérances variétales

## Abstract

### **Experimental evaluation of varietal innovations. Proposition of genotype - environment analysis tools adapted to the diversity of needs and constraints of the professionals of the seeds industry.**

Among the methods developed by technicians and researchers and aimed at helping experimental evaluation of new varieties, many have not been used in the agricultural sphere, despite their theoretical interest. Assuming that this lack of use results, at least partially, from lack of appropriateness between the tools and the real needs of the professionals, this work combines the analysis of the diversity of use of varietal experimentation and the conception of a tool to interpret results in variety trials. This study was carried out on winter soft wheat.

Firstly, interviews were carried out with about twenty different professionals involved in breeding, development, multiplication, variety distribution and cereal products transformation. The interviews highlighted great diversity in the use of varietal experimentation. Four objectives underlie these uses : (1) to sort the genotypes, (2) to position them, with a geographical or marketing point of view, (3) to obtain knowledge on the genotypes, (4) to transfer knowledge about them. Each objective is distinguished by a small number of criteria to evaluate genotypes. Based on these objectives and criteria, and on the experimental network characteristics (for example, trial and genotype number, partnership part), we propose a classification of the different uses in 10 categories. Differences within each category may be related to individual company strategies. The interviews also show a gap between both pursued and effectively obtained information from the experimentation. This gap can be explained by organisational constraints in the performing of trial networks and by difficulties encountered during data processing (for example, lack of available time to process the results, required competence to use the genotype x environment interaction analysis tools). The most expressed need concerned better extraction of the information contained in the experimental networks. For each of the 10 uses, we discuss the interest of 5 tool types, able to improve data collecting and processing.

Secondly, according to certain needs of professionals, a tool has been developed to improve extraction of information from multilocal trials and to optimise trial networks, by helping interpretation of genotype performance variations. This tool is based on the association of a crop diagnosis on probe genotypes, using a multiple linear regression, and an interaction analysis on all genotypes, using a factorial regression. This association aimed at validation of explicative variables of the interaction in an agronomic point of view. Depending on the probe genotype, the diagnosis explains from 70 to 99% of the yield variations for networks amounting 10 to 35 trials. Thus, each trial is characterised by the nature and the contribution of the limiting factors to the yield losses. In the interaction analysis, the genotypic parameters of the factorial regression make it possible to interpret the variations of genotype behaviour in terms of tolerance to the limiting factors. The tolerance scores appear well correlated to the scores deduced from the observations for visible limiting factors as diseases (we obtained a correlation score of 0.9 for brown rust). Thus, this method allows also evaluation of the genotype tolerance to limiting factors which effect is difficult to observe (for example, water stress, lack of nitrogen). Taking into account the needs expressed by the professionals, and the diversity of the varietal experimentation uses, we discuss the ways to simplify and improve the method in order to analyse the trial results, and we evoke adjustments of the actual evaluation practices which could result from the adoption of this tool.

**Keywords** : Multi-Environmental Trials, Wheat, Uses of the varietal experimentation, Crop Diagnosis, Optimisation of the networks, Genotype-environment Interaction, Factorial Regression, Varietal Tolerances

**L'évaluation expérimentale des  
innovations variétales.**

**Proposition d'outils d'analyse de  
l'interaction génotype - milieu adaptés à la  
diversité des besoins et des contraintes  
des acteurs de la filière semences.**

# Plan de la thèse

---

*Avant - propos*

---

*Résumé*

*Abstract*

---

*Plan de la thèse*

*p. 2*

*Signification des sigles et abréviations*

*p. 6*

---

**Introduction et problématique générale**

**p. 7**

***Introduction***

***p. 8***

***Problématique générale***

***p. 11***

<b>Partie 1. Analyse de la diversité des usages de l'expérimentation variétale dans la filière blé tendre</b>	<b>p. 15</b>
---	--------------

***1.1. Problématique de la partie 1***

***p. 16***

---

***1.2. Matériel et méthodes***

***p. 19***

***1.2.1. Méthode choisie pour le recueil des informations***

***p. 19***

***1.2.2. Construction et conduite des entretiens***

***p. 19***

***1.2.3. Choix des acteurs enquêtés au sein de la filière variétale***

***p. 20***

***1.2.4. Analyse des entretiens et présentation des résultats***

***p. 21***

---

***1.3. Résultats***

***p. 22***

***1.3.1. Quels sont les rôles de l'expérimentation variétale dans les entreprises ? Objectifs assignés à l'expérimentation et critères utilisés pour prendre les décisions***

***p. 22***

***1.3.2. Quelle place occupe l'expérimentation variétale parmi les différentes sources d'information des acteurs ?***

***p. 25***

***1.3.3. Comment sont organisés les réseaux d'expérimentation, le recueil des données et leur traitement ?***

***p. 26***

1. Configuration des réseaux expérimentaux

*p. 26*

2. Recueil des données sur les génotypes

*p. 30*

3. Recueil des données sur les milieux d'expérimentation

*p. 32*

4. Analyse et synthèse des résultats d'essais

*p. 34*

***1.3.4. Quelle correspondance existe-t-il entre l'information obtenue sur les génotypes et les critères qui permettent de les juger ?***

***p. 36***

***1.3.5. Quels outils actuels d'aide à l'évaluation des génotypes sont utilisés ?***

***p. 39***

1. L'expertise est peu instrumentée

*p. 39*

2. Utilisation des outils d'aide à l'évaluation des génotypes

*p. 40*

***1.3.6. Quelle analyse critique les acteurs font-ils de leurs pratiques de l'expérimentation variétale et du traitement des données qui en sont issues ?***

***p. 41***

1. Contraintes organisationnelles et difficultés exprimées

*p. 41*

2. Besoins d'amélioration exprimés

*p. 44*

---

***1.4. Discussion***

***p. 46***

***1.4.1. Typologie des usages de l'expérimentation variétale***

***p. 46***

1. Diversité des usages de l'expérimentation variétale

*p. 46*

2. Fondement d'une typologie des usages basée sur les objectifs et les critères de jugement des génotypes

*p. 47*



3. Amélioration de cette typologie des usages par la prise en compte de la configuration des réseaux expérimentaux	p. 49
<b>1.4.2. Correspondance entre les usages de l'expérimentation et la nature de l'information recueillie</b>	<b>p. 51</b>
<b>1.4.3. Correspondance entre les usages de l'expérimentation et l'expression des besoins concernant une amélioration de l'analyse de l'interaction génotype - milieu</b>	<b>p. 53</b>
<b>1.4.4. Analyse des raisons du faible emploi des outils de description des milieux et d'analyse de l'interaction génotype - milieu</b>	<b>p. 56</b>
1. Raisons générales	p. 56
2. Raisons inhérentes aux différents usages	p. 58
<b>1.4.5. Penser de nouveaux outils qui répondent aux besoins : du descriptif au prescriptif</b>	<b>p. 60</b>

---

**1.5. Conclusion de la partie 1** **p. 63**

<b>Partie 2. Analyse de l'interaction génotype - milieu associée au diagnostic agronomique pour l'évaluation des variétés</b>	<b>p. 66</b>
---	--------------

---

**2.1. Problématique de la partie 2** **p. 67**

**2.2. Matériel et méthodes** **p. 74**

2.2.1. Réseaux expérimentaux	p. 74
2.2.2. Génotypes évalués	p. 75
2.2.3. Analyse de l'élaboration du rendement sur les génotypes révélateurs et variables descriptives des facteurs limitants	p. 75
2.2.4. Caractérisation des milieux par les génotypes révélateurs	p. 79
2.2.5. Analyse de l'interaction génotype - milieu	p. 81

---

**2.3. Le diagnostic agronomique permet d'améliorer la connaissance des milieux** **p. 85**

<b>2.3.1. Improving environmental knowledge in networks of wheat cultivar trials using a diagnosis of crop yield limiting factors</b>	<b>p. 87</b>
<b>Introduction</b>	<b>p. 88</b>
<b>Results</b>	<b>p. 89</b>
1. Yield, Thousand Kernel Weight and Kernel Number deviations in the Multi Environment Trials	p. 89
2. Multiple linear regressions	p. 89
3. Identification of the limiting factors	p. 90
4. Correlation scores between variables involved in the regression models for yield deviations and remaining ones	p. 90
5. Contribution of the different limiting factors to the yield deviations in each trial	p. 91
6. Comparing pairs of trials differing only by one crop management characteristic	p. 91
<b>Discussion</b>	<b>p. 92</b>
1. Accuracy of the crop diagnosis method	p. 92
2. Accuracy of the limiting factors descriptors	p. 93
3. Complementarity between probe genotypes	p. 94
4. Nature of the limiting factors and characterisation of the trials	p. 94
<b>Conclusions</b>	<b>p. 95</b>
<b>2.3.2. Comparaison des diagnostics obtenus dans différents réseaux et recherche d'un modèle général de prévision des pertes de rendement</b>	<b>p. 97</b>
<b>Introduction</b>	<b>p. 97</b>
<b>Résultats</b>	<b>p. 98</b>
1. Importance des écarts de rendement observés sur les génotypes révélateurs dans les différents réseaux	p. 98
2. Parts de variation et poids des facteurs limitants dans les différents réseaux	p. 98
3. Résultats de l'application du diagnostic réalisé dans un réseau à d'autres réseaux expérimentaux	p.100
4. Mise en œuvre d'un diagnostic sur les 3 réseaux réunis	p.101
<b>Discussion</b>	<b>p.101</b>
1. Sur quelle dimension de réseau réaliser le diagnostic agronomique ?	p.101

2. La diversité des milieux est-elle une chance ou un obstacle pour la mise en évidence des facteurs limitants ?	p.102
3. Peut-on utiliser le diagnostic agronomique réalisé sur un réseau pour caractériser d'autres situations expérimentales ?	p.103
4. Peut-on obtenir une relation générale entre écarts de rendement et variables environnementales, qui serait valable pour toute situation expérimentale ?	p.104
<b>2.3.3. Conclusion de la partie 2.3</b>	<b>p.105</b>
<b>2.4. Le diagnostic agronomique permet d'optimiser les réseaux expérimentaux</b>	<b>p. 106</b>
<b>Introduction</b>	<b>p.106</b>
<b>Résultats</b>	<b>p.106</b>
1. Classification des milieux expérimentaux	p.106
2. Résultats des différents modèles de structuration de l'effet principal milieu et de l'interaction	p.107
3. Classement des génotypes dans les différents groupes de milieu	p.108
4. Caractérisation des groupes de milieux par les facteurs limitants du rendement	p.108
<b>Discussion</b>	<b>p.110</b>
1. Efficacité de la classification des milieux basée sur les variables issues du diagnostic agronomique	p.110
2. Choix du nombre de groupes de milieux	p.111
<b>Conclusion de la partie 2.4</b>	<b>p.112</b>
<b>2.5. Le diagnostic agronomique associé à la régression factorielle permet d'améliorer la connaissance des génotypes</b>	<b>p. 113</b>
<b>2.5.1. Improving genotypic knowledge in multi-environmental wheat trials: exploitation of a crop diagnosis in the assessment of Genotype x Environment Interaction analysis</b>	<b>p.114</b>
<b>Introduction</b>	<b>p.115</b>
<b>Results</b>	<b>p.116</b>
1. Variance analysis on yield with a full interactive model	p.116
2. Interaction analysis with AMMI, BIAREG and FREG	p.116
3. Assessment of the genotypic tolerance to the limiting factors	p.116
<b>Discussion</b>	<b>p.117</b>
1. Quality of the GEI partitioning by the models involving the variables selected in the crop diagnosis	p.117
2. Assessment and quality of the genotypic tolerance scores obtained with the factorial regression	p.118
3. Variable relationships between genotypic tolerance and lateness	p.120
<b>Conclusions</b>	<b>p.120</b>
<b>2.5.2. Validation de la caractérisation des génotypes dans d'autres réseaux expérimentaux</b>	<b>p.122</b>
<b>Introduction</b>	<b>p.122</b>
<b>Résultats</b>	<b>p.123</b>
1. Analyse de l'interaction : modèle interactif complet et régression factorielle	p.123
2. Variation des notes de tolérance en fonction du nombre et de la nature des covariables introduites dans le modèle de régression factorielle	p.123
3. Relation entre les notes de tolérance déduites de la régression factorielle et la précocité des génotypes	p.124
4. Relation entre les notes de résistance déduites des observations et les notes de tolérance déduites de la régression factorielle	p.124
5. Comparaison des classements des notes de tolérance calculées pour des génotypes communs aux différents réseaux	p.125
6. Incertitude sur les notes de tolérance aux facteurs limitants obtenue dans les différents modèles	p.126
<b>Discussion</b>	<b>p.126</b>
1. Pertinence des variables environnementales retenues dans le diagnostic pour expliquer l'interaction	p.126
2. Validité des notes de tolérance aux facteurs limitants déduites de la régression factorielle	p.127
3. Relation entre les notes de tolérance et la précocité	p.129
4. A quelle étape dans la régression factorielle prendre en compte les paramètres génotypiques pour estimer la tolérance des génotypes ?	p.130
<b>2.5.3. Conclusion de la partie 2.5</b>	<b>p.131</b>

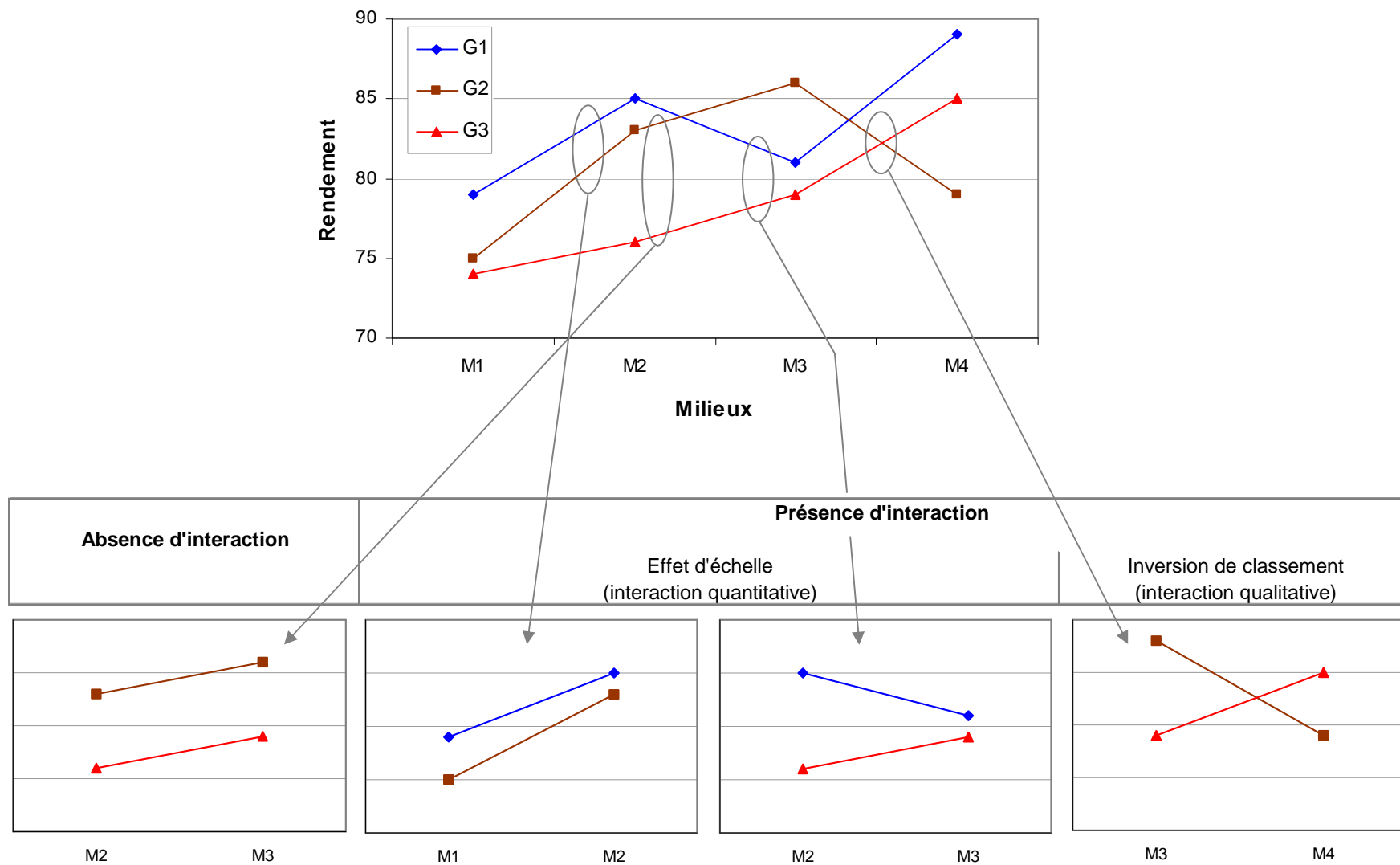
<b>2.6. Robustesse de la démarche associant le diagnostic agronomique et la régression factorielle – Perspectives pour l'améliorer et la simplifier</b>	<b>p.132</b>
<b>Introduction</b>	<b>p.132</b>
<b>2.6.1. Robustesse de la démarche vis-à-vis du nombre de milieux</b>	<b>p.133</b>
<b>Résultats</b>	<b>p.133</b>
<b>Discussion</b>	<b>p.134</b>
<b>Conclusion</b>	<b>p.135</b>
<b>2.6.2. Robustesse de la démarche vis-à-vis du nombre de génotypes</b>	<b>p.136</b>
<b>Résultats</b>	<b>p.136</b>
1. Conséquence d'une diminution du nombre de génotypes révélateurs	p.136
2. Conséquence d'une variation du nombre total de génotypes étudiés sur l'analyse de l'interaction	p.137
<b>Discussion</b>	<b>p.138</b>
1. Quel est le nombre optimal de génotypes révélateurs ?	p.138
2. Peut-on se passer des génotypes révélateurs ?	p.139
3. Influence du nombre total de génotypes évalués	p.140
<b>Conclusion</b>	<b>p.140</b>
<b>2.6.3. Possibilités d'amélioration et de simplification de la démarche</b>	<b>p.142</b>
1. Peut-on supprimer le prélèvement à maturité et la détermination des composantes du rendement (PMG, NGm <sup>2</sup> , ...) ?	p.142
2. Peut-on simplifier la description du facteur limitant azote et supprimer le prélèvement à la floraison ?	p.143
3. Peut-on supprimer le prélèvement au stade épi 1cm ?	p.143
4. Peut-on simplifier ou améliorer les variables décrivant le déficit hydrique ?	p.144
5. Peut-on améliorer les variables permettant d'identifier un déficit de rayonnement ?	p.145
6. Peut-on améliorer les variables permettant de décrire les maladies ?	p.145
<b>Conclusion</b>	<b>p.147</b>
<b>2.7. Conclusion de la partie 2</b>	<b>p.148</b>
<b>Discussion générale</b>	<b>p.152</b>
1. Un outil en réponse à des besoins clairement identifiés	p.153
2. L'alimentation de l'outil en données	p.155
3. Atouts de notre outil par rapport aux autres outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu	p.157
4. Un regard critique des acteurs sur les résultats de l'outil	p.158
5. Une co-évolution des acteurs et de l'outil	p.159
6. Elargissement de la démarche à la qualité des grains	p.161
7. Elargissement de la démarche à d'autres espèces	p.161
<b>Conclusions</b>	<b>p.162</b>
<b>Références bibliographiques</b>	<b>p.164</b>

## Signification des sigles et abréviations

- ACP** : Analyse en Composantes Principales
- AFC** : Analyse Factorielle des Correspondances
- AGPM** : Association Générale des Producteurs de Maïs
- AMMI** : Additive Main effects and Multiplicative Interaction effects, modèle multiplicatif d'analyse de l'interaction génotype x milieu (Gollob, 1968 ; Mandel, 1969, 1971 ; Gauch, 1992), voir note 10 p. 12 et partie 2.2.5 p.81
- Arvalis-Institut du végétal** : organisme technique né de la fusion entre l'ITCF (Institut Technique des Céréales et des Fourrages) et l'AGPM technique (Association Générale des Producteurs de Maïs), le 18 décembre 2002 (voir note 11 p.13)
- BAU** : Blé pour autres usages
- BIAREG** : Régression factorielle biadditive (modèle statistique d'analyse de l'interaction)
- Blocs de Fisher, Split-plots, Criss-cross, Lattices, Alpha-plans** : dispositifs expérimentaux qui permettent de contrôler de façon variable les hétérogénéités de terrain et les dimensions d'un essai (voir partie 1, notes 22, 24 p.27 et note 26 p.29)
- BPC** : Blé panifiable courant (appelé simplement depuis peu "blé panifiable")
- BPE** : Bonnes Pratiques Expérimentales. Certification assurant de la qualité de réalisation des essais, et qui correspond à un cahier des charges bien précis
- BPS** : Blé Panifiable Supérieur
- CTPS** : Comité Technique Permanent à la Sélection (voir note 4 p.8)
- CV** : Coefficient de Variation (= ETR / moyenne générale de l'essai ; sans unité), voir note 9 p.11
- DGAP** : Département de Génétique et d'Amélioration des Plantes de l'INRA
- DHS** : Distinction, Homogénéité, Stabilité
- dj** : degrés x jours, mesure du temps thermique (cumul sur une période donnée des températures journalières en °C, températures moyennes, températures au-delà ou en deçà d'un seuil, selon la variable utilisée)
- ETM** : Evapotranspiration maximale (en mm), voir note 55 p.78
- ETP** : Evapotranspiration potentielle (mesurée en mm), voir note 20 p.26
- ETR** : Evapotranspiration réelle (en mm, à distinguer selon le contexte, de ETR : Ecart-Type Résiduel), voir note 56 p.78
- ETR** : Ecart-Type Résiduel (même unité que la variable analysée ; à distinguer selon le contexte, de ETR : Evapotranspiration réelle exprimée en mm), voir note 8 p.11
- FREG** : Régression factorielle (modèle statistique d'analyse de l'interaction)
- FRR** : Facteurs de régularité du rendement
- GEVES** : Groupe d'Etude et de contrôle des Variétés et des Semences (voir note 5 p.9)
- INAPG** : Institut National Agronomique Paris-Grignon
- INN** : Indice de Nutrition azotée (le symbole chimique de l'azote est N ; sans unité)
- ITCF** : Voir Arvalis-Institut du végétal, ci-dessus
- MSI** : Matière Sèche aérienne au stade épi 1cm du brin-maître (en g/m<sup>2</sup>)
- NEm<sup>2</sup>** : Nombre d'Epis par m<sup>2</sup>
- NEP** : Nombre d'Epis par Pied
- NGE** : Nombre de Grains par Epi
- NGm<sup>2</sup> (KN)** : Nombre de Grains par m<sup>2</sup>
- NGs (KNth)** : Nombre de Grains par m<sup>2</sup> seuil
- NPm<sup>2</sup>** : Nombre de pieds par m<sup>2</sup>
- PIG** : Poids d'un Grain (en mg)
- PMG (TKW)** : Poids de 1000 Grains (en g)
- PMGx (TKWx)** : Poids de 1000 Grains maximal de la variété (en g)
- QTL** : Quantitative Trait Loci, région du génome intervenant dans la détermination d'un caractère quantitatif
- Rdt (Yld)** : rendement (exprimé en q/ha ou en t/ha)
- Rdtx (Yldx)** : rendement maximal de la variété (q/ha ou t/ha)
- VAT** : Valeur Agronomique et Technologique

# **Introduction et problématique générale**

**Figure 1.** Mise en évidence d'une interaction sur le rendement dans un réseau expérimental fictif comportant 3 génotypes dans 4 milieux (d'après Foucteau, 2001).



"Cessons de penser que l'on peut innover en ignorant la demande"  
(Michel Sebillotte, 1996)

## Introduction

Les différents géotypes<sup>1</sup> d'une espèce cultivée se distinguent par leurs caractéristiques de production comme le rendement, ou la qualité. Ces différences, qui correspondent à un effet génétique, peuvent être facilement mises en évidence et mesurées dans un milieu donné<sup>2</sup>. Mais selon les milieux, elles sont d'ampleur variable : certaines variétés ont des performances élevées dans certains milieux, mauvaises dans d'autres, alors que d'autres variétés ont un comportement inverse... les classements entre variétés en sont parfois modifiés. Cette variabilité de la réponse des géotypes au milieu, illustrée sur la figure 1, correspond à ce qu'on appelle l'interaction géotype - milieu. Comme l'effet des géotypes et l'effet des milieux, l'interaction peut être mesurée (figure 2). Par exemple, dans des réseaux d'essais variétaux de blé tendre comptant 10 à 20 milieux et un nombre de géotypes du même ordre, Baril (1992), Bernicot *et al* (1997) et Hulmel (1999) ont montré que l'effet dû aux milieux était prépondérant et représentait environ 50 à 80% de la variation totale, avec un poids particulièrement important de l'effet "année" ; l'effet dû aux géotypes et l'effet dû à l'interaction, d'ordres de grandeur comparables, représentaient 10 à 25% de la variation totale.

La réponse différentielle des variétés aux milieux complique énormément le travail des acteurs de la filière semences qui, de la sélection à l'utilisation, ont tous besoin à un moment ou à un autre d'acquérir une connaissance sur cette réponse :

- *Les obtenteurs* sélectionnent les nouvelles variétés. Cette activité mobilise beaucoup de moyens, prend du temps, donc suppose un investissement initial très important qu'il s'agit de rentabiliser au mieux. Le devenir commercial des géotypes sélectionnés est conditionné par leur inscription au catalogue officiel des variétés, et par leur aptitude à répondre à un certain nombre de besoins : ceux des agriculteurs et des différents acteurs régionaux qui commercialisent les semences, notamment dans les grandes régions de production<sup>3</sup> ; ceux des acteurs de la transformation et de la valorisation des récoltes, dont les exigences s'expriment à travers les possibilités de commercialisation des grains. La connaissance de la stabilité du comportement des géotypes qu'ils produisent face à la diversité des milieux est indispensable aux obtenteurs pour l'élaboration de leurs stratégies de proposition à l'inscription, pour le positionnement marketing des variétés inscrites et pour une réflexivité sur le processus de sélection.

- *L'organisme officiel chargé de l'inscription des variétés*, le CTPS<sup>4</sup>, est organisé en sections qui correspondent à différents groupes d'espèces. Ces sections sont paritaires, avec une représentation des

<sup>1</sup> Le **géotype** est "l'ensemble du matériel génétique chromosomique et cytoplasmique d'un organisme, transmis par les gamètes au cours de la fécondation. Il s'agit donc avant tout de *potentialités* héréditaires. L'expression des caractères d'un individu varie avec l'âge et l'environnement et ne peut être réduite à une pure et simple juxtaposition de caractères héréditaires, dont chacun résulterait d'un seul gène. La description de ces caractères, à tous points de vue (morphologique, physiologique...), constitue le **phénotype** de l'individu. La réalisation du phénotype est le résultat d'une coopération entre tous les gènes chromosomiques et cytoplasmiques, et le *milieu* dans lequel se trouve l'individu." (d'après Jean Générmont, 1985, Phénotype et géotype, *Encyclopaedia Universalis* 14, p.429).

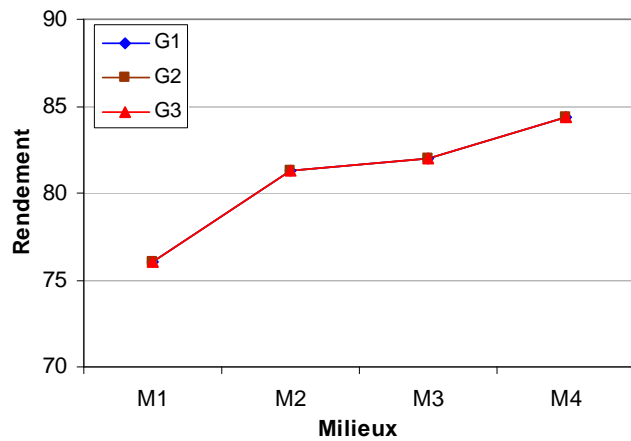
Dans la suite du texte, nous emploierons donc le terme de *géotype* pour désigner les caractéristiques d'une plante d'une espèce végétale, qui ne dépendent pas du milieu. Une *variété* est un géotype qui a été inscrit sur une liste officielle, comme celle qui constitue le catalogue des variétés françaises.

<sup>2</sup> Ici le **milieu** représente le contexte dans lequel un géotype est évalué, incluant le sol, le climat et les techniques de culture appliquées. Dans les analyses statistiques, l'effet du milieu peut être scindé en un effet lieu, un effet année, et un effet conduite de culture (voir partie 2.2.5 p.81).

<sup>3</sup> Les régions plus marginales ne font pas l'objet de programmes de sélection spécifiques.

<sup>4</sup> **CTPS** : Comité Technique Permanent de la Sélection, qui comprend un Comité Plénier d'une cinquantaine de personnalités représentatives des différentes branches du secteur public (Ministère chargé de l'Agriculture, INRA) et du secteur privé, un

**Figure 2.** Mise en évidence des effets moyens dus aux génotypes et aux milieux et de l'effet d'interaction, avec les mêmes données que la figure précédente.



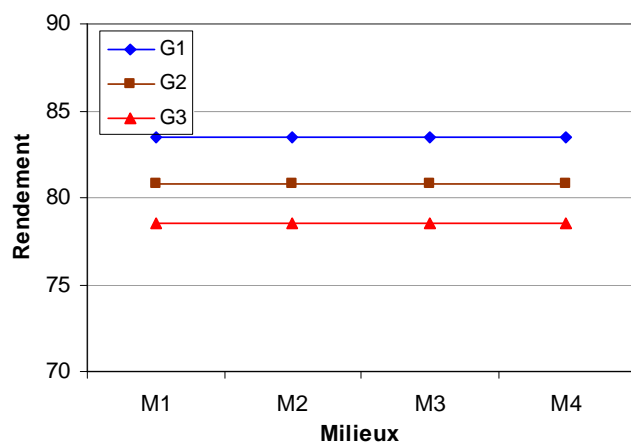
**Prise en compte de l'effet moyen des milieux seulement :**

$$M1 < M2 < M3 < M4$$

La réponse des 3 génotypes est identique.

$$E[Y_{gm}] = \mu + \beta_m$$

avec :  $E[Y_{gm}]$  = résultat attendu de chacun des génotypes dans le milieu  $m$   
 $\mu$  = moyenne générale  
 $\beta_m$  = effet moyen du milieu  $m$



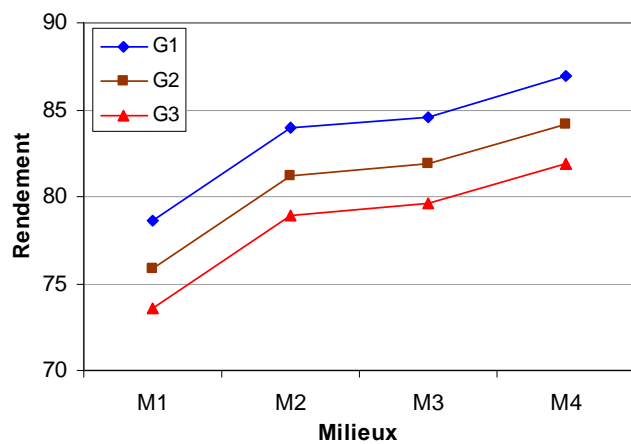
**Prise en compte de l'effet moyen des génotypes seulement :**

$$G1 > G2 > G3$$

La réponse des 3 génotypes est parallèle, et les résultats moyens obtenus dans les 4 milieux sont identiques.

$$E[Y_{gm}] = \mu + \alpha_g$$

avec :  $\mu$  = moyenne générale  
 $\alpha_g$  = effet moyen du génotype  $g$

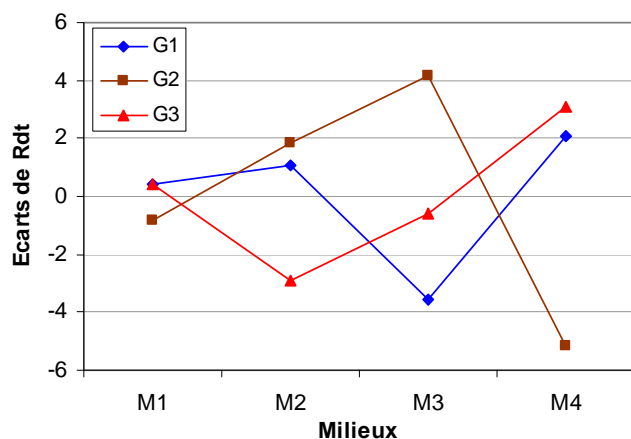


**Prise en compte simultanée de l'effet moyen des génotypes et des milieux**

La réponse des 3 génotypes est parallèle, et les résultats moyens obtenus dans les 4 milieux tiennent compte de l'effet des milieux.

$$E[Y_{gm}] = \mu + \alpha_g + \beta_m$$

**Modèle additif (sans interaction)**



**La différence entre les données observées (figure 1) et le modèle additif représente l'interaction**

$$E[Y_{gm}] = \mu + \alpha_g + \beta_m + \alpha\beta_{gm}$$

avec :  $\alpha\beta_{gm}$  = interaction du génotype  $g$  et du milieu  $m$

**Modèle interactif complet**



différents acteurs de la filière. Le CTPS propose au Ministère de l'Agriculture les nouvelles variétés à inscrire, et s'appuie pour cela sur les expérimentations conduites par le GEVES<sup>5</sup> et sur les critères d'inscription établis à l'intérieur de la section, ces critères étant le résultat d'un compromis prenant en compte les attentes des différents acteurs et les orientations voulues par le Ministère (voir annexe 1.1). Ici, la connaissance variétale est normée par les critères d'inscription.

- *Les organismes multiplicateurs et distributeurs* choisissent les variétés parmi l'offre des obtenteurs, pour les proposer aux agriculteurs, en fonction des caractéristiques des milieux de leur zone d'action. S'ils sont également collecteurs, ils intègrent dans ce choix leur connaissance des marchés, et éventuellement les accords qu'ils ont noués avec les transformateurs qui leur achèteront les grains récoltés. Ils ont donc eux aussi besoin d'évaluer les variétés, sur leur aptitude à satisfaire les agriculteurs et les transformateurs : adaptation aux milieux de la région, régularité de rendement et de qualité...

- *Les agriculteurs* ont une connaissance poussée des milieux dans lesquels ils travaillent et de leur diversité. Ils recherchent des variétés dont les performances sont stables face à la variabilité inter-annuelle du climat, ou des variétés adaptées à telle ou telle contrainte de leurs sols... Les techniciens qui les conseillent cherchent donc à caractériser l'adaptation des variétés à la diversité des milieux de leur zone d'action.

- Pour *les entreprises de valorisation et de transformation des récoltes* enfin, la variété est un élément majeur d'identification des récoltes qu'ils achètent et transforment, en particulier en matière de qualité. Connaître et évaluer les caractéristiques variétales, éventuellement associées aux conditions de production, est donc tout aussi stratégique pour ces acteurs.

L'expérimentation est un moyen particulièrement puissant, et privilégié par tous les acteurs, pour acquérir cette connaissance des variétés et de leur réponse au milieu : elle permet de quantifier avec précision les performances obtenues, dans une diversité de conditions de production (sols, histoires des parcelles, conduites de culture...). Les réseaux d'évaluation des variétés sont ainsi très nombreux et très variés : réseaux de pré-inscription mis en place par les sélectionneurs-obtenteurs pour identifier les génotypes à proposer à l'inscription et à mettre sur le marché ; réseaux d'inscription conduits ou supervisés par les instances officielles ; réseaux de post-inscription conduits par les services de développement et les organismes techniques chargés de positionner les variétés et d'apporter des conseils sur les moyens de les cultiver...

Mais si l'expérimentation apparaît comme un moyen incontournable, ses limites sont évidentes :

- D'une part, pour obtenir une information suffisamment fiable sur la diversité des comportements variétaux, il est nécessaire, dans l'état actuel de l'exploitation des informations d'un réseau expérimental, de multiplier les milieux expérimentaux et de conduire les évaluations plusieurs années. L'évaluation expérimentale des variétés impose donc une organisation complexe et coûte très cher : elle fait appel à des infrastructures importantes, à du matériel spécifique (semoirs, moissonneuses-batteuses,...), elle repose sur des personnels spécialement dédiés à cette activité, elle nécessite de rechercher des sites expérimentaux, des partenariats...

- D'autre part, il n'est pas toujours aisé de relier les variations de comportement des génotypes à des caractéristiques des milieux d'expérimentation. Les tableaux de caractères variétaux (voir annexe 2) apportent une information sur la précocité, l'alternativité, la résistance au froid, la résistance à la verse et aux maladies... facilement observables dans un réseau étendu. Mais on n'y trouve aucune information sur la tolérance au stress hydrique, aux fortes températures pendant le remplissage des grains, ou aux faibles rayonnements au voisinage de la méiose pollinique..., caractères qui ne sont pas directement observables sur des expérimentations, alors qu'ils peuvent expliquer des différences de comportement des variétés.

Pour concilier l'objectif d'acquérir une information la plus complète possible avec celui de limiter les coûts expérimentaux, tous les acteurs de la filière semences sont donc conduits, à un degré ou à un

---

Comité Scientifique de 12 personnalités scientifiques (publiques et privées), et 14 Sections spécialisées par groupes d'espèces : Arbres forestiers ; Arbres fruitiers ; Betterave et Chicorée industrielle ; Céréales à paille ; Colza et autres Crucifères ; Lin et Chanvre ; Maïs et Sorgho ; Plantes fourragères et à gazon ; Plantes ornementales ; Plantes potagères et maraîchères ; Plantes protéagineuses ; Pomme de terre ; Tournesol, Soja et Ricin ; Vigne.

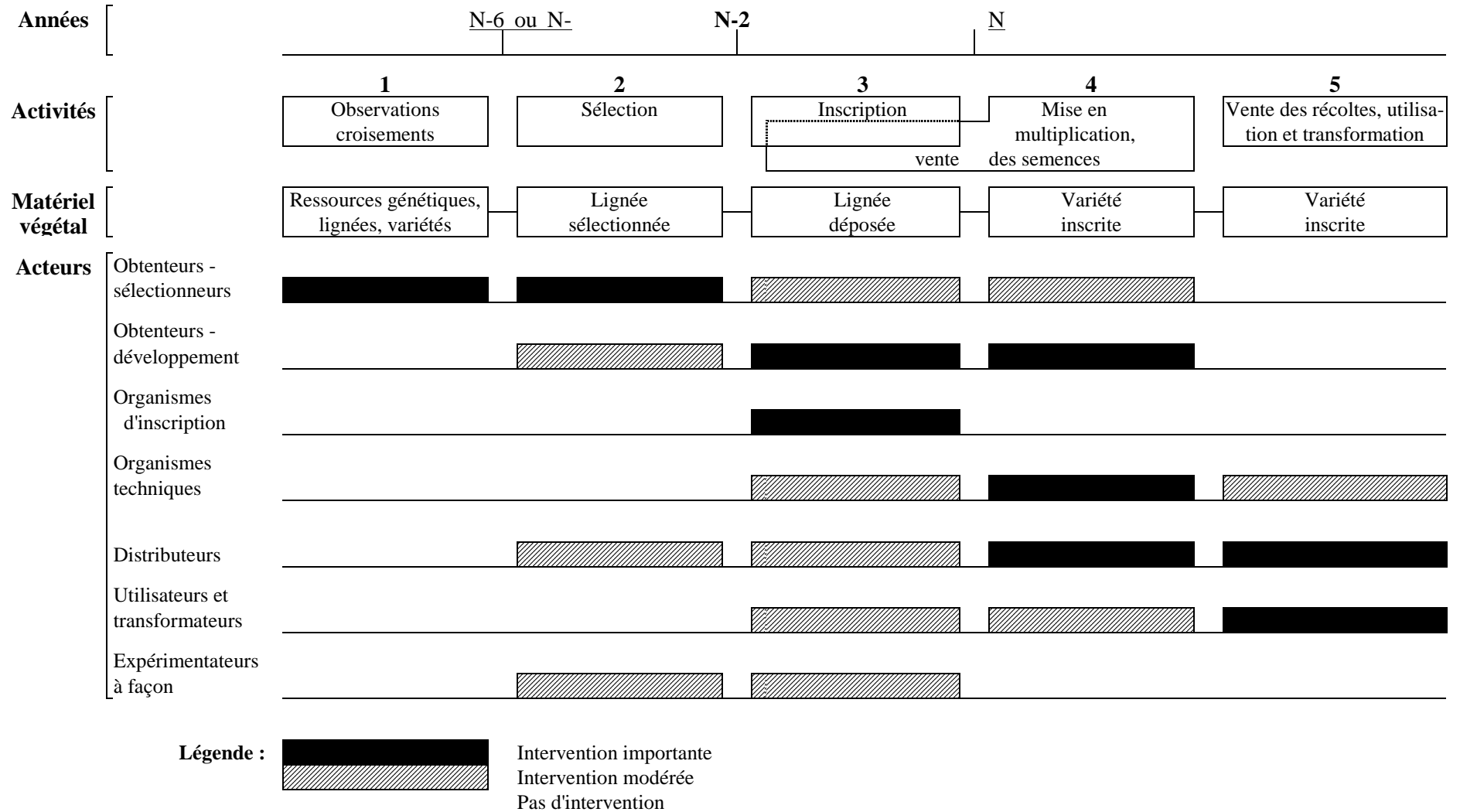
<sup>5</sup> *GEVES* : Groupe d'Etude des Variétés et des Semences, Groupement d'Intérêt Public chargé de l'évaluation des variétés proposées à l'inscription au catalogue français des variétés.

autre, à chercher à améliorer leurs pratiques de l'évaluation des variétés : optimiser leurs réseaux expérimentaux, réduire les coûts de suivi des essais, mieux exploiter leurs résultats.

La recherche agronomique joue depuis longtemps un rôle important dans l'amélioration des méthodes d'évaluation variétale (Jonard, 1951, 1964 ; Jonard et Koller, 1951 ; Paquet, 1959 ; Meynard *et al*, 1988 ; Masle *et al*, 1989). Cependant, comme le relève Michel Sebillotte (1996) "*beaucoup de chercheurs ont encore une conception descendante de la chaîne du savoir, qui ne prend pas en compte la demande des acteurs sociaux dans les préoccupations de recherche et dans la conception de ses finalités*", ce qui a conduit un certain nombre d'innovations à l'échec (Sebillotte 1996, p.159). L'identification des acteurs susceptibles d'adopter de nouveaux outils et des conditions qui permettront cette adoption, apparaît comme un préalable à toute nouvelle proposition ou à toute nouvelle conception d'outil. La prise en compte des attentes des partenaires, et plus encore l'intégration de ces partenaires dans la conception des outils, est aujourd'hui une préoccupation croissante à l'INRA.

Cette thèse se situe dans cette lignée : notre ambition est de **mettre au point un nouvel outil d'analyse de l'interaction génotype - milieu, basé sur les acquis récents de la recherche en agronomie et en statistiques appliquées, et répondant aux besoins des acteurs de la filière semences**. Cet outil est basé sur une caractérisation des milieux dans les essais variétaux par le biais du diagnostic agronomique. Il a été élaboré sur le blé tendre, qui est de loin la première espèce cultivée en France. C'est également un cas d'école, du fait des nombreuses connaissances agronomiques accumulées sur cette espèce. L'outil mis au point a vocation à aider à optimiser les réseaux d'évaluation et à améliorer la connaissance de la sensibilité ou de la tolérance des génotypes aux facteurs limitants du rendement. Pour mieux intégrer, dès la conception de l'outil, les préoccupations des acteurs, nous avons entrepris d'étudier leurs objectifs, leurs besoins et leurs contraintes.

**Figure 3.** Etapes de la vie des variétés, acteurs de leur production et de leur commercialisation.



\* N représente l'année d'inscription de la variété au catalogue officiel

## Problématique générale

### 1. Connaître le fonctionnement et l'utilisation des réseaux d'évaluation variétale pour éclairer le besoin d'outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu

Dans la première partie de la thèse, nous analysons la diversité des usages de l'expérimentation variétale dans la filière blé tendre (figure 3). Dans ce but, nous nous attachons d'abord à décrire la diversité des objectifs des acteurs qui interviennent à toutes les étapes de la production des variétés de blé tendre, et nous analysons la nature des décisions qu'ils sont amenés à prendre en matière de variétés, et qui justifient la recherche d'informations sur les comportements des variétés. Faisant l'hypothèse que le fonctionnement des réseaux expérimentaux a des effets sur la façon de recueillir, construire et mettre à disposition l'information, nous étudions également la diversité des réseaux expérimentaux et des informations qui en sont issues. Et nous cherchons à ordonner cette diversité, en effectuant une typologie des usages de l'expérimentation, de façon à évaluer si la conception d'outils peut être envisagée par catégories d'acteurs, ou s'il faut la concevoir au cas par cas.

Dans cette analyse, nous rencontrons différents outils d'aide à l'évaluation des variétés qui existent déjà. En effet, la mise au point d'outils visant à améliorer les pratiques de l'expérimentation variétale ou l'analyse de ses résultats constitue un sujet de recherche actif et ancien. Parmi ces outils, on peut citer :

- Les dispositifs expérimentaux<sup>6</sup>, dont l'amélioration vise à diminuer l'erreur expérimentale. Cette amélioration a été encouragée par les organismes de recherche, les instituts techniques et en particulier par le GEVES, qui impose au réseau de ses partenaires expérimentaux (sélectionneurs, organismes techniques, organismes de distribution...) un protocole permettant de garantir une qualité expérimentale satisfaisante.

- Les méthodes de notation dont la standardisation et la pertinence croissantes permettent de mieux distinguer les génotypes les uns des autres. Ces méthodes ont été développées notamment par le GEVES, les Instituts techniques, en particulier dans le cadre du développement des Bonnes Pratiques Expérimentales. Ces actions ont été encouragées par des contrats sous l'égide du Ministère de l'Agriculture (CTPS, 1996-1999).

- Les outils d'analyse statistique des résultats (généralisation d'outils du type StatItcf, StatBox<sup>7</sup>, développement de logiciels d'analyses statistiques "maison"). L'analyse statistique permet d'affecter les variations de résultats observés à l'effet du milieu, du génotype, ou à l'interaction (figure 2), et détermine une erreur résiduelle qui est un des éléments pour juger la qualité expérimentale (la qualité d'une expérimentation est généralement appréciée par son écart-type résiduel<sup>8</sup> ou son coefficient de variation<sup>9</sup>, qui sont issus de l'analyse statistique).

- Les outils biométriques d'analyse de l'interaction génotype - milieu, certains de ces outils datant de plus de 50 ans, par exemple la régression conjointe (Yates et Cochran, 1938). De nombreux travaux récents ont montré l'intérêt d'outils du type de la régression factorielle pour expliquer l'interaction par des caractéristiques environnementales ou génotypiques (voir § 2 ci-dessous et partie 2 p.68).

Suivant la proposition de Cerf et Meynard (à paraître), nous faisons l'hypothèse que l'utilisation (ou non-utilisation) de ces outils révélera l'effectivité du besoin de nouveaux outils, les caractéristiques qu'ils devront respecter, et les types d'usages de l'expérimentation (acteurs – objectifs - configurations des réseaux) les plus favorables à leur adoption.

<sup>6</sup> Parmi les publications récentes à ce sujet, qui intègrent de nouveaux plans d'expérience en cours de développement comme les alpha-plans (voir note 26 p.29), on peut citer l'ouvrage commun GEVES-INRA-ITCF : "Alpha-plans, carrés semi-latins et autres dispositifs en répliques : comment les utiliser ?". Ed. Lavoisier (Mars 2001), 44p.

<sup>7</sup> StatBox est une boîte à outils statistiques intégrée au logiciel Microsoft Excel, développée par l'entreprise Grimmersoft ([www.grimmersoft.com](http://www.grimmersoft.com)). Une liste de logiciels actuels d'analyses statistiques figure par exemple sur le site de "Integral software" ([www.intesoft.com/produits/prods/stat.html](http://www.intesoft.com/produits/prods/stat.html)).

<sup>8</sup> *Ecart-Type Résiduel (ETR)* : part de variation non expliquée par les effets introduits dans le modèle d'analyse de variance.

<sup>9</sup> *Coefficient de Variation (CV)* : égal à l'ETR, divisé par la moyenne générale de l'essai.

## 2. Tirer profit d'une caractérisation agronomique des milieux pour l'évaluation des variétés : Mise au point d'un outil visant à enrichir la connaissance des variétés et la planification des réseaux

De nombreux outils d'analyse statistique des réseaux d'essais ont été proposés en vue d'expliquer l'interaction génotype - milieu, c'est-à-dire d'identifier les milieux ou les génotypes responsables de l'interaction, et de quantifier leurs contributions à celle-ci :

- L'écovalence génotypique (Wricke, 1962) ou environnementale (Parisot-Baril, 1992) permet de calculer la contribution de chacun des génotypes ou de chacun des milieux à l'interaction, ce qui indique lesquels sont davantage responsables de l'instabilité.

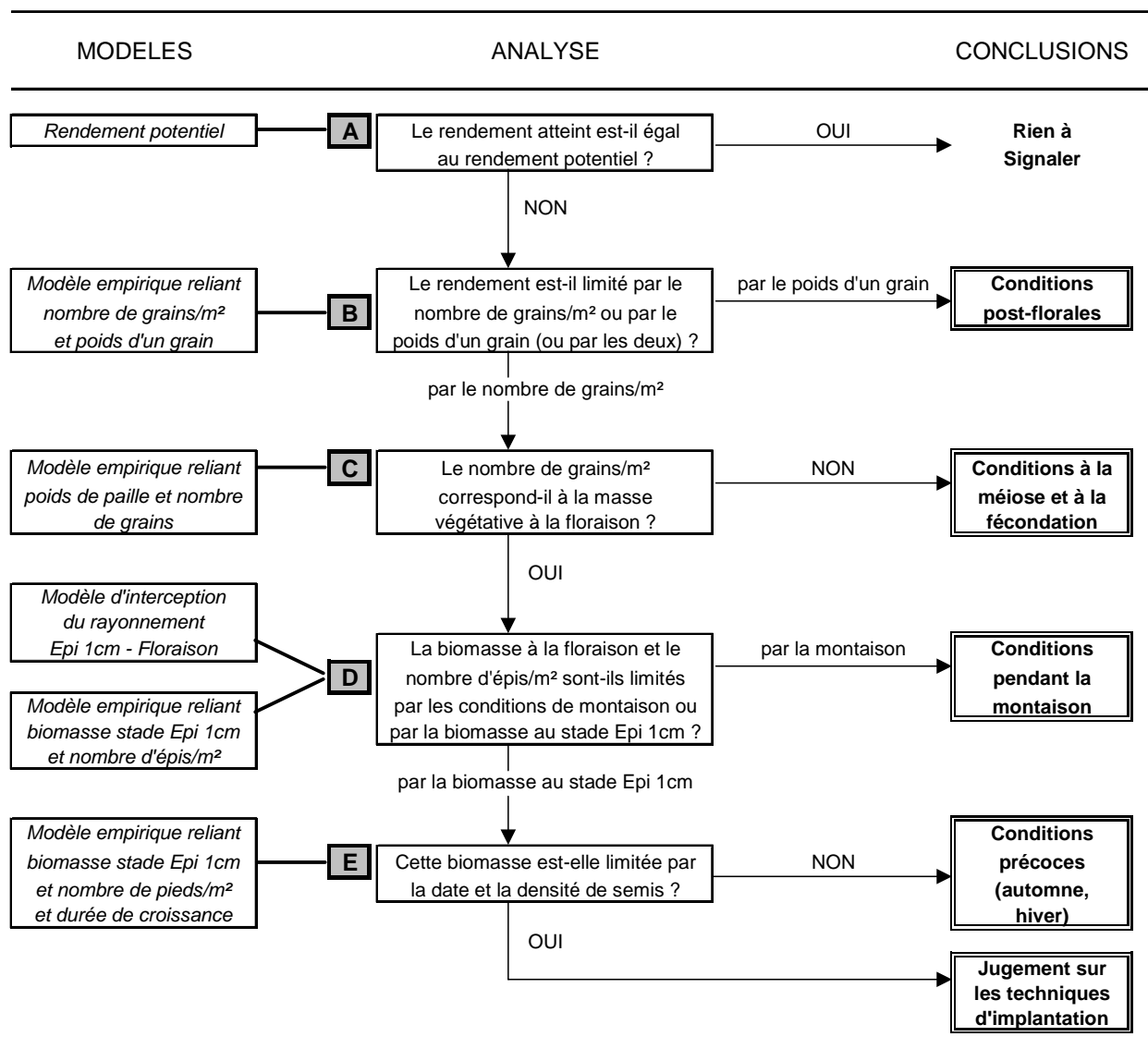
- La régression conjointe (Yates et Cochran, 1938 ; Tukey, 1949 ; Finlay et Wilkinson, 1963 ; Eberhart et Russel, 1966 ; Perkins et Jinks, 1968), qui cherche à décomposer l'interaction par la prise en compte du niveau moyen de la variable expliquée dans chaque essai, présente l'avantage de ne pas nécessiter de données supplémentaires, et de consommer très peu de degrés de liberté. Mais la part d'interaction expliquée est en général faible : de 5 à 30% en moyenne (Argillier *et al*, 1994 ; Brancourt-Hulmel et Lecomte, 1994 ; van Eeuwijk *et al*, 1995 ; Brancourt-Hulmel *et al*, 1997). De plus, l'interprétation des résultats est limitée car on ne sait pas relier les parts d'interaction expliquées à des caractéristiques du milieu autres que "milieux à faible ou fort potentiel", et on ne peut décrire les génotypes que par une estimation de leur stabilité ou par leur aptitude à bien ou mal valoriser les potentialités des milieux.

- Le modèle multiplicatif (Gollob, 1968 ; Mandel, 1969, 1971), ou AMMI<sup>10</sup>, est celui qui permet d'obtenir la décomposition de l'interaction la plus élevée : de 70 à 100% pour deux termes multiplicatifs (Crossa *et al*, 1990 ; van Eeuwijk, 1995 ; Brancourt-Hulmel *et al*, 1997). De ce fait, il a été utilisé par nombre d'auteurs, la difficulté rencontrée étant ici encore de relier les termes multiplicatifs du modèle à des facteurs génotypiques et environnementaux permettant de les interpréter.

- Seuls les modèles qui font intervenir des caractéristiques génotypiques ou environnementales quantifiées sous forme de covariables permettent réellement une interprétation biologique des variations de résultats, ainsi qu'une quantification de l'effet de chacune de ces caractéristiques (Parisot-Baril, 1992, van Eeuwijk *et al*, 1995). Dans la régression factorielle biadditive (Denis, 1988, 1991), les termes multiplicatifs du modèle AMMI correspondent à une combinaison linéaire de covariables génotypiques (pour le terme génotypique) ou environnementales (pour le terme environnemental). Dans la régression factorielle (Denis, 1980, 1988 ; van Eeuwijk, 1995 ; Brancourt-Hulmel *et al*, 1997), les termes multiplicatifs sont directement les covariables génotypiques ou environnementales disponibles. Les modèles de régression factorielle permettent d'expliquer une part de l'interaction en général inférieure à celle des modèles multiplicatifs (on obtient une décomposition de 50 à 70% d'après Brancourt-Hulmel *et al*, 1997), mais ils permettent une explication agronomique dans la mesure où, dans le cas des covariables environnementales, les paramètres génotypiques associés à ces covariables dans le modèle correspondent à une estimation de la sensibilité ou de la tolérance des génotypes aux facteurs environnementaux décrits (Denis, 1980 ; Denis et Vincourt, 1982 ; van Eeuwijk, 1995). Les études qui ont utilisé une caractérisation des milieux par la nature et l'intensité des facteurs limitants du rendement, traduits en terme de covariables environnementales dans une analyse de l'interaction génotype - milieu basée sur la régression factorielle, se sont avérées très prometteuses pour décrire et expliquer les variations de comportement des génotypes entre milieux (parmi d'autres travaux, nous pouvons citer sur le blé : Baril, 1992 ; Brancourt-Hulmel et Lecomte,

<sup>10</sup> **AMMI** : Additive Main effect and Multiplicative Interaction effect (Gauch, 1992). Modèle d'analyse des résultats d'un réseau expérimental où l'interaction génotype - milieu est décomposée en une somme de termes multiplicatifs, chaque terme étant le produit d'une valeur caractérisant les génotypes et d'une valeur caractérisant les environnements (Brancourt-Hulmel *et al*, 1997) : cf partie 2.2.5 p.83. Ces termes sont donc des variables théoriques décrivant les génotypes et les environnements, elle ne correspondent pas à des caractéristiques simples (comme par exemple une note de sensibilité génotypique à une maladie ou une variable environnementale décrivant un stress climatique). Mais il est possible dans un deuxième temps d'étudier et de représenter graphiquement les corrélations entre ces variables théoriques et les variables génotypiques ou environnementales disponibles.

**Figure 4.** Déroulement du diagnostic agronomique sur le blé (d'après Leterme *et al*, 1984).



A chaque étape (A, B, ... E), la comparaison des situations observées par rapport aux modèles permet de conclure sur la phase du cycle cultural qui est affectée. L'analyse des caractéristiques environnementales (sol, climat, accidents) qui ont prévalu au cours de cette phase permet ensuite de conclure sur la nature du ou des facteurs limitants les plus probables.

1994 ; Brancourt-Hulmel, 1999 ; Brancourt-Hulmel *et al*, 2000 ; Lecomte *et al*, 2002 ; Voltas *et al*, 2005 ; sur l'asperge : Rameau et Denis, 1992 ; sur le raygrass : Charmet *et al*, 1993 ; sur le pois : Biarnès-Dumoulin *et al*, 1996 ; sur le soja : Desclaux, 1996 ; sur le maïs : van Eeuwijk *et al*, 1995 ; Argillier *et al*, 1996 ; Epinat-Le Signor *et al* 2001 ; sur le tournesol : Foucteau *et al*, 2001).

Cependant, cette approche soulève une difficulté importante concernant la validation agronomique des covariables introduites (van Eeuwijk *et al*, 1996, 2004). On recherche logiquement à identifier les variables qui sont les plus explicatives de l'interaction, ce qui, sur le plan statistique correspond à celles qui sont les mieux corrélées aux variations de la variable expliquée. Mais une bonne corrélation avec la variable expliquée peut être fortuite. Et, si un facteur limitant qui est intervenu dans les essais n'est pas décrit, un autre facteur limitant pourra être mis en cause par erreur à sa place. Pour tenter de remédier à ce problème, il faut que tous les facteurs limitants susceptibles de se produire soient correctement décrits *a priori* pour que puissent être mis en cause ceux qui ont effectivement joué un rôle, et il faut trouver un moyen de valider les covariables introduites dans le modèle d'analyse. Pour effectuer le choix de ces covariables, ceci suppose d'adjoindre au critère statistique de la corrélation la plus élevée avec la variable expliquée, des conditions qui permettront d'assurer la validité agronomique des covariables retenues.

Une démarche de caractérisation des milieux, appelée diagnostic agronomique, est proposée par les agronomes (Sebillotte, 1980 ; Meynard et Sebillotte, 1982 ; Meynard et David, 1992 ; Leterme *et al*, 1994 ; Doré *et al*, 1997). Elle a été appliquée à l'étude des comportements variétaux (Meynard *et al*, 1988) et à des essais de comparaison de variétés dans le groupe céréales de l'INRA (Lecomte, 1994 ; Lecomte et Brancourt-Hulmel, 1996 ; Brancourt-Hulmel *et al*, 1999), notamment dans le cadre de plusieurs contrats initiés par le Ministère de l'Agriculture, et associant l'INRA et Arvalis<sup>11</sup> (contrats CTPS, 1991-1993 ; CTPS, 1994-1996 ; Lecomte *et al*, 1993 ; Bernicot *et al*, 1997). Cette démarche repose sur l'observation et l'analyse de l'élaboration du rendement de génotypes particuliers (dits "génotypes témoins" ou "génotypes révélateurs"), dont le comportement en absence de contraintes est bien connu, et qui permettent de révéler l'existence de facteurs limitants dans le milieu, de les dater et de les identifier, grâce à des contrôles réalisés sur le milieu (climat, sol). Une illustration de la démarche est donnée sur la figure 4, et nous la détaillons dans la partie 2 de ce document.

Cette méthode présente toutefois deux inconvénients : (1) Sa mise en œuvre repose sur un savoir expert d'agronome, dans le sens où elle s'appuie sur un raisonnement inductif, qui consiste à identifier, parmi les observations réalisées sur le milieu, celle qui est à même d'expliquer le comportement de la culture. Les acteurs de l'évaluation des variétés n'ont généralement pas un tel savoir-faire. (2) Une autre limite est qu'elle ne permet pas d'estimer la contribution de chacun des facteurs limitants aux pertes de performances observées, ce qui serait nécessaire pour comparer le rôle des différents facteurs limitants au sein d'un même essai, et le rôle d'un facteur limitant particulier entre différents essais.

Nous avons donc cherché à mettre au point une démarche de caractérisation des milieux sur des génotypes révélateurs, en adaptant la méthode du diagnostic agronomique (ou diagnostic des facteurs limitants), de manière à la rendre simple et rapide à mettre en œuvre, et permettant à différents expérimentateurs non experts d'aboutir aux mêmes conclusions. Le diagnostic, appliqué à un réseau d'essais, doit déboucher sur la définition de variables quantitatives décrivant les facteurs limitants qui se sont exprimés dans le réseau, et qui seront introduites dans une analyse de l'interaction génotype - milieu.

La deuxième partie de notre étude a donc pour objectif de présenter la démarche de diagnostic agronomique et d'analyse de l'interaction que nous avons développée, d'en montrer les applications correspondant à un certain nombre de besoins identifiés dans la première partie. Nous chercherons également à valider cette méthode, en montrant la pertinence agronomique des variables identifiées par le diagnostic, en montrant que les variables définies sur quelques génotypes révélateurs permettent une bonne décomposition de l'interaction observée sur un ensemble plus vaste de génotypes, et en montrant qu'on observe une meilleure stabilité des classements des génotypes à l'intérieur des groupes

<sup>11</sup> **Arvalis-Institut du végétal** : Institut technique né de la fusion entre l'ITCF (Institut Technique des Céréales et des Fourrages) et l'AGPM technique (Association Générale des Producteurs de Maïs), le 18 décembre 2002. Cet organisme réalise notamment l'évaluation en post-inscription sur la France entière de toutes les variétés nouvellement inscrites au catalogue.

de milieux déterminés par les facteurs limitants. Nous discuterons également de la validité des notes de tolérance des génotypes aux facteurs limitants obtenues par la régression factorielle. Et nous discuterons enfin de la robustesse de cette méthode et des possibilités qui apparaissent aujourd'hui pour l'améliorer ou la simplifier.

### **3. Revenir sur l'outil à la lumière de l'enquête : à quelles conditions pourra-t-il être adopté par les acteurs de l'évaluation des variétés ? Comment doit-il évoluer et que peut-il changer dans les pratiques des acteurs ?**

Dans la discussion générale, nous croiserons les résultats acquis dans les 2 parties qui font le cœur de la thèse : nous reviendrons sur les types d'acteurs de l'expérimentation variétale qui peuvent tirer profit de l'outil "diagnostic agronomique et régression factorielle", compte tenu de ce qu'il apporte et compte tenu des objectifs, des besoins et des contraintes qui ont été mis en évidence dans la première partie. A l'inverse, nous pourrions conclure sur les types d'acteurs qui ont peu de chances d'adopter un tel outil, soit parce qu'il ne répond pas à leurs objectifs, soit parce que la configuration des réseaux expérimentaux ne permet pas de l'appliquer. La confrontation des deux parties de notre étude devrait également permettre d'identifier les acteurs qui ne seraient pas loin de pouvoir utiliser un tel outil, qui pourraient éventuellement l'adopter moyennant une évolution de cet outil, ou moyennant une perception plus claire des avantages qu'ils en retireraient.

La description des usages de l'expérimentation variétale va plus loin que la description de la seule activité d'évaluation. Ainsi, au-delà des seules conclusions sur les acteurs intéressés ou non par ce nouvel outil, cette description doit permettre de proposer quelques pistes pour le faire évoluer, de façon à ce qu'il corresponde mieux aux objectifs et aux contraintes d'acteurs qui ne sont peut-être pas en mesure de l'adopter aujourd'hui. Dans le même temps, elle doit permettre d'envisager des scénarios possibles d'adoption d'un tel outil par les acteurs, et de s'interroger sur les évolutions qu'ils pourront entreprendre pour se l'approprier : utiliser cet outil pourra en effet supposer des modifications de pratiques d'évaluation. Ainsi, nous envisagerons les conséquences possibles de l'adoption de cet outil dans les pratiques expérimentales, voire dans les modes de prise de décision ou même dans les objectifs des acteurs. A ce titre, l'adoption du diagnostic agronomique et de la régression factorielle est un exemple intéressant d'étude de la convergence entre outil et acteurs.

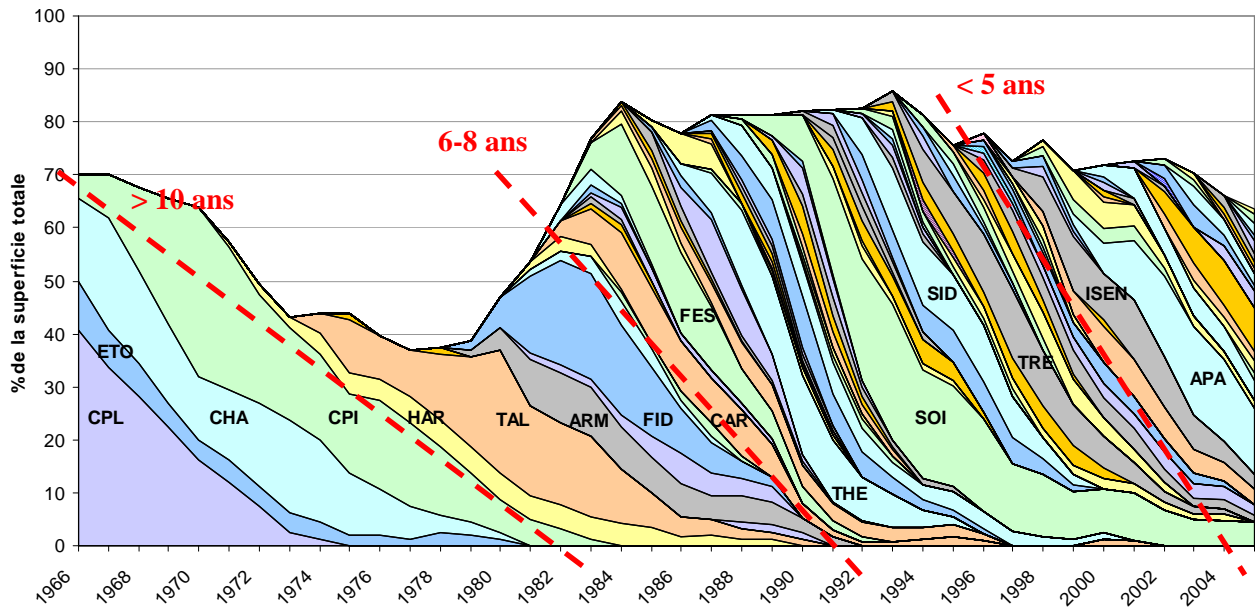
Nous évoquerons enfin les possibilités d'élargissement de la méthode de diagnostic à différents critères de production, par exemple des critères de qualité, et à d'autres espèces que le blé tendre. Ce travail devrait en effet permettre d'éclairer le cas d'autres espèces pour lesquelles une bonne connaissance agronomique est également acquise aujourd'hui.



## **Partie 1**

# **Analyse de la diversité des usages de l'expérimentation variétale dans la filière blé tendre**

**Figure 1.1.** Evolution des surfaces en multiplication des variétés de blé tendre d'hiver depuis les années 1960, en pourcentage de la surface totale. Ne figurent que les variétés dont la surface est au moins égale à 1% de la surface totale (Sources : GEVES-bulletin des variétés, Semences et Progrès, GNIS, Contrat de branche "Progrès génétique", MENESR 1994-1996).



**Légende :** CPL : Cappelle ; ETO : Etoile de Choisy ; CHA : Champlein ; CPI : Capitole ; Har : Hardi ; TAL : Talent ; ARM : Arminda ; FID : Fidel ; CAR : Camp Rémy ; FES : Festival ; THE : Thésée ; SOI : Soissons ; SID : Sidéral ; TRE : Trémie ; ISEN : Isengrain ; APA : Apache.

La pente des courbes augmente des années 1960-1970 aux années 1980, et des années 1980 aux années 1990, ce qui illustre la diminution de la durée de vie des variétés. En même temps, les courbes sont de plus en plus resserrées, ce qui montre que le nombre de variétés inscrites augmente.

## 1.1. Problématique de la partie 1

Depuis 20 à 30 ans, on observe une nette accélération du renouvellement des variétés<sup>12</sup> de blé tendre (Campariol, 1992 ; et figure 1.1) : les variétés les plus cultivées ont une durée de vie qui diminue (15 ans ou plus dans les années 60-70, moins de 10 ans depuis les années 1980), et en même temps, leur montée en puissance (période d'accroissement des surfaces cultivées) est plus rapide (3 à 4 ans aujourd'hui, pour les variétés les plus cultivées), sans que l'on puisse constater un ralentissement du progrès génétique (Calderini et Slafer, 1998 ; Evans et Fisher, 1999 ; Chloupek *et al.*, 2003 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 2003). Le peu de variétés qui gardent une longévité importante (de l'ordre de 20 ans ou plus) sont des variétés cultivées dans des niches pédo-climatiques ou sous contrat, sur des surfaces relativement réduites (par exemple : Camp-Rémy, inscrite en 1980, ou Courtot, 1974). Il est difficile d'identifier les causes de cette accélération du renouvellement des variétés. S'il semble bien que les agriculteurs cherchent à profiter le plus rapidement possible du progrès génétique, les acteurs de la transformation des récoltes de leur côté expriment davantage un besoin de stabilité du panel de variétés, avec des valeurs sûres, de qualité bien connue (Prost *et al.*, 2003).

Cette accélération peut se traduire chez tous les acteurs par une perte de sécurité en matière de connaissance du comportement des variétés et de leur *stabilité*<sup>13</sup>, d'autant plus qu'une liaison négative a été reconnue entre augmentation des rendements (ou recherche du rendement maximal) et stabilité (Gallais, 1992b ; Calderini et Slafer, 1999 ; Sinebo, 2005). Les acteurs de la filière doivent renouveler plus rapidement leurs connaissances sur les variétés, savoir évaluer dans des délais plus courts et dans une diversité de situations suffisante les innovations proposées par les sélectionneurs. Par suite, les systèmes d'évaluation des variétés, et parmi eux l'expérimentation variétale, sont davantage sollicités et doivent être de plus en plus efficaces. L'expérimentation est utilisée par tous les acteurs au cours des étapes de la sélection, de l'inscription et de la commercialisation, pour étudier les variations de comportement des variétés entre milieux d'évaluation. Elle se situe donc au cœur des préoccupations grandissantes des acteurs de la filière.

Compte-tenu des coûts que représentent les réseaux d'expérimentation et compte-tenu de l'exigence d'avoir des résultats fiables de plus en plus rapidement, on peut penser que les acteurs de la production et de la commercialisation des variétés vont se préoccuper de retirer l'information la plus complète possible des réseaux d'évaluation qu'ils mettent en place, et qu'ils vont se montrer de plus en plus ouverts à l'intérêt que représentent les différents outils d'amélioration de l'évaluation des variétés (pour optimiser les réseaux et mieux exploiter les résultats). Beaucoup d'outils de ce type ont été proposés par les chercheurs, mais l'utilisation d'une bonne partie d'entre eux reste très limitée, même s'il est possible que l'augmentation des besoins fasse évoluer cette situation (pour Sebillotte, 1996, ce constat dépasse les seuls outils destinés à améliorer l'évaluation des variétés). Ce manque d'appropriation des outils par les acteurs résulte-t-il d'une mauvaise qualité des outils proposés ? d'un manque de communication sur leur intérêt ? d'un manque d'accompagnement pour leur mise en application ? d'un manque de compétences chez les organismes qui utilisent l'expérimentation variétale pour mettre en œuvre ces outils ? ou simplement d'une non-adéquation de ces outils aux besoins réels ?

<sup>12</sup> *variété* : génotype qui a été inscrit au catalogue officiel (voir note 1 p.8).

<sup>13</sup> Le terme de *stabilité* peut recouvrir des notions assez différentes. Il peut s'agir dans l'absolu, de la stabilité d'une caractéristique de production (rendement, qualité...) d'un génotype donné, à travers un ensemble de situations. Sur le plan statistique, cette notion de stabilité est appelée *stabilité statique* par Becker et Léon (1988), ou *stabilité de type I* selon Lin *et al.* (1986). Elle est décrite par exemple par la variance environnementale (mesure de la variabilité des performances d'un génotype entre milieux). Mais souvent les acteurs comparent les résultats d'un génotype par rapport aux autres génotypes. Il s'agit ici d'une stabilité relative, appelée *stabilité dynamique* par Becker et Léon (1988). Cette notion est précisée par Lin *et al.* (1986, 1988) en stabilité de type II, III ou IV, selon le paramètre utilisé pour la décrire : le type II correspond à l'écovalence génotypique (Wricke, 1962) ; le type III aux paramètres de la régression conjointe (Yates et Cochran, 1938 ; Finlay et Wilkinson, 1963 ; voir problématique générale p.12) ; le type IV se rapporte aux variations de performances d'un génotype entre années (Brancourt-Hulmel et Lecomte, 1994).

Dans la suite du texte, nous nous efforcerons de préciser quelle notion de stabilité est employée. Nous verrons en particulier que la façon d'apprécier le rendement et la qualité conduit plutôt à s'intéresser à la stabilité relative dans le premier cas, et à la stabilité absolue dans le second.

L'expérience montre que le plus souvent, les chercheurs définissent eux-mêmes le cahier des charges des outils qu'ils conçoivent, sans consultation réelle des utilisateurs potentiels. Trop de travaux en effet *"ne voient dans les utilisateurs finaux que le prolongement non problématique du travail des innovateurs"*, alors que *"les objets et les acteurs se constituent de manière conjointe"* et que *"la constitution de l'acteur est aussi problématique que celle de l'objet"* (Akrich, 1990, 1993). Béguin et Rabardel (2000) relèvent également que, dans la conception d'instruments ou d'outils, l'approche technocentrique, où la dimension technique domine, n'est pas contradictoire avec l'approche anthropocentrique, où la priorité est l'activité psychologique et sociale, mais que la première est systématiquement privilégiée à la seconde. En conséquence, l'activité des personnes est regardée le plus souvent comme un aspect marginal ou résiduel des problèmes que l'on cherche à résoudre, alors que l'acquisition d'un nouvel outil entraîne un processus d'assimilation et d'accommodation qui peut être lent et difficile. Plusieurs auteurs ont démontré que *"les innovations sont socialement construites, ou sont coproduites avec le social"* (Mackenzie, 1990, cité par Edgerton, 1998). Edgerton (1998) indique même que *"inventions et innovations débouchent rarement sur des usages, mais un usage conduit souvent à des inventions et des innovations"*. Ces auteurs insistent sur la nécessité de décrire le mode de fonctionnement des acteurs et d'introduire l'innovation en s'appuyant sur ce mode de fonctionnement. A défaut d'avoir cherché à comprendre ce processus, l'innovation a de fortes chances de n'être pas intégrée par les acteurs à qui elle est destinée. Dubuisson et Hennion (1996) dénoncent tout autant l'image du *"producteur, créateur libre et inspiré, n'ayant souci du consommateur final, le talent et la qualité seuls forçant l'admiration et provoquant la vente"*, que l'illusion d'un consommateur parfaitement conscient de ses besoins et qu'il suffirait d'interroger pour savoir quoi lui vendre. Chez ces auteurs apparaît la nécessité d'une construction conjointe des objets, entre ceux qui les offrent et ceux qui les demandent. Dans le même sens, Darré et Hubert (1993) indiquent que nous sommes passés du mot d'ordre : *"Comment faire passer le message ?"* à la question : *"Comment assurer la coopération entre chercheurs et praticiens ?"*.

L'utilisation de l'expérimentation pour évaluer des variétés renvoie à différents choix : choix de réseaux, de partenariats, de localisation des essais, de dispositifs et de nombre de répétitions, choix sur les données que l'on veut recueillir et sur la façon d'analyser ces données. Ces choix peuvent être effectués indépendamment les uns des autres ou au contraire être reliés : une pratique d'évaluation peut être comprise comme étant la traduction concrète des choix d'un acteur. En même temps, l'activité d'évaluation est orientée vers un but propre à chaque acteur, et dépend des décisions qui doivent être prises sur les génotypes et du type d'information recherchée pour prendre ces décisions. Ainsi, il apparaît nécessaire de décrire la diversité des usages de l'expérimentation variétale dans la filière, recouvrant à la fois les objectifs des acteurs en matière de variétés (ou de génotypes), les critères de jugement des génotypes et la manière de les évaluer. La notion d'usage, comprise comme le rapport entre l'objet et l'usager (Dubuisson et Hennion, 1996), peut être décrite suivant deux dimensions :

- Une dimension "objective", correspondant à une logique décisionnelle (ou résolution de problèmes) qui décrit successivement : la définition des objectifs, la mise en œuvre de l'expérimentation sur le terrain, le traitement et l'utilisation des données qui en sont issues. Dans cette perspective, la description des usages de l'expérimentation part des objectifs et des décisions que les acteurs doivent prendre, et l'on peut regarder ensuite s'il y a cohérence entre ce qui est attendu de l'outil "expérimentation variétale" et son utilisation effective, entre les critères de jugement des génotypes et les informations effectivement recueillies dans les essais. Les incohérences peuvent notamment être le résultat de contraintes organisationnelles (pour la réalisation des expérimentations, l'échange d'informations, l'analyse des données...). Dans ce cas, de nouveaux outils ou une nouvelle organisation permettant d'améliorer l'évaluation variétale peuvent être imaginés de façon à réduire l'écart entre l'information qui est recherchée pour prendre les décisions et l'information de base qui est issue de l'expérimentation. On peut aussi regarder dans quelle mesure de nouveaux outils viendraient modifier la logique de résolution des problèmes et lever les contraintes organisationnelles. Nous nous situons principalement dans le cadre de la première de ces deux approches, qui peuvent renvoyer à des types d'outils différents.

- Une dimension "subjective", correspondant à une logique fonctionnelle (présentée par exemple par Dubuisson et Hennion, 1996, dans le cas particulier de l'activité de design), et illustrée par la façon dont les acteurs attribuent un rôle à l'expérimentation dans leur activité : l'expérimentation rentre dans

des stratégies de contacts et de partenariats, elle exerce une fonction de support à la communication, elle permet de mettre en avant une compétence ou de détenir une information clé. Ici, la description ne part pas des décisions que doivent prendre les acteurs, mais de l'outil lui-même et de son rôle stratégique pour l'entreprise ou pour l'acteur.

Selon les acteurs, ces deux dimensions sont présentes simultanément, mais avec des poids variables. Vouloir les prendre en compte de façon symétrique et approfondie conduirait à alourdir la présentation des résultats. De plus, nous avons moins exploré la deuxième dimension que la première, mais nous verrons qu'elle apparaît malgré tout et interfère avec la logique décisionnelle. Aussi avons-nous axé notre présentation selon une logique décisionnelle, en ayant conscience que cette logique permet moins bien de mettre en évidence le rôle stratégique de l'expérimentation variétale qu'une logique fonctionnelle, et nous efforçant d'identifier où et comment ces deux logiques interfèrent. Notre exposé recouvre donc la chaîne logique de questions suivantes :

1- Quels objectifs les acteurs poursuivent-ils et quelles décisions ont-ils à prendre, qui justifient d'approfondir leur connaissance des génotypes et donc de mettre en place d'un système d'évaluation ?

2- Quels sont les critères qu'ils considèrent comme étant pertinents pour prendre leurs décisions ? Et quels critères synthétiques recherchent-ils ?

3- Quelle place tient l'expérimentation variétale dans l'acquisition d'une connaissance de la variabilité de réponse des génotypes aux différents milieux, que la plupart des acteurs cherchent à acquérir ?

4- Comment est mise en place l'expérimentation variétale et quelle information en est issue ? Celle-ci répond-elle aux connaissances recherchées ? Quelles compétences, quels moyens, quels outils sont mobilisés dans l'entreprise pour mettre en place et exploiter l'expérimentation ? Quelles sont les contraintes qui apparaissent dans la mise en œuvre de l'expérimentation et dans l'exploitation de ses résultats ?

5- Quels sont les besoins d'amélioration exprimés par les acteurs, et quels sont ceux que l'on peut déduire de l'analyse, en observant en particulier la cohérence entre les connaissances recherchées, les informations recueillies et le traitement qui en est fait ?

La description des usages de l'expérimentation variétale est orientée vers la conception d'outils destinés à améliorer ou à optimiser les pratiques d'évaluation ou l'exploitation des résultats. Dans ce cadre, nous privilégions l'analyse de l'adéquation entre les informations recherchées pour répondre aux objectifs et l'information effectivement recueillie au cours de l'évaluation, ce qui permet notamment de mettre en évidence les contraintes des acteurs. Cette analyse sera reliée à la façon dont les résultats sont produits, et aux méthodes ou outils qui sont mobilisés pour cela. Nous n'avons pas participé aux campagnes d'expérimentation, ce qui a pu nous conduire à sous-estimer les usages de l'expérimentation liés à une logique fonctionnelle. Ceci a des conséquences en matière d'identification des outils pour améliorer l'évaluation des variétés, qui seront vraisemblablement plus orientés vers l'amélioration de l'extraction, de l'analyse et du transfert des informations que vers l'amélioration des pratiques expérimentales. *A priori*, cette analyse ne devrait pas non plus déboucher sur des propositions d'amélioration de la prise de décision, par exemple en fournissant de meilleurs critères de choix des génotypes.

Au cours de notre analyse, nous chercherons à mettre en évidence les liens entre plusieurs catégories de variables. Le manque de cohérence entre celles qui décrivent les critères de jugement des génotypes et celles qui décrivent les informations recueillies dans les essais sera révélateur de dysfonctionnements ou de contraintes que nous chercherons à identifier. De la même façon, nous examinerons si l'expression des contraintes et des besoins par les acteurs est reliée à la formulation des objectifs et des critères de jugement des génotypes (il s'agirait dans ce cas de contraintes et de besoins "subjectifs"), ou si cette expression est reliée à la configuration des réseaux expérimentaux (il s'agirait alors de contraintes et de besoins "objectifs"). Nous discuterons également de la possibilité de faire une typologie des acteurs, qui permettrait d'identifier des types d'outils répondant aux besoins et aux contraintes d'une catégorie d'acteurs. S'il s'avère que la diversité des acteurs ne permet pas d'en faire une typologie, il faudra en conclure que les outils doivent être imaginés et proposés au cas par cas, ou présenter des propriétés les rendant très adaptables.

## 1.2. Matériel et méthodes

### 1.2.1. Méthode choisie pour le recueil des informations

L'essentiel de l'information sur les rôles et les usages de l'expérimentation variétale a été recueilli à partir de documents et d'entretiens. Nous avons privilégié ce mode par rapport à une observation des pratiques *in situ*, qui n'était pas envisageable pour un certain nombre de situations concrètes, comme par exemple les réunions où se prennent les décisions importantes en matière de variétés. La seule observation des pratiques en outre ne permet pas toujours d'explicitier les raisonnements dont elles découlent. De plus, notre expérience de l'expérimentation rendait moins nécessaire de visualiser les travaux pour les comprendre, et facilitait l'établissement d'un questionnaire ou d'une conduite d'entretien. La méthode du questionnaire est requise quand on veut réaliser un traitement de type statistique des résultats, ce qui exige aussi une bonne représentativité des personnes interrogées (Javeau, 1982). Mais nous n'avons pas cherché à décrire de façon exhaustive les modes de fonctionnements des acteurs de la filière semences. Notre volonté d'obtenir des indications concernant les objectifs et les modes de prise de décision des interlocuteurs, ainsi que leur façon de s'appuyer sur l'expérimentation variétale, suggéraient plutôt un échange où la personne interviewée avait la possibilité de bien développer son discours, et où pouvaient apparaître des objectifs ou des contraintes non explicités clairement, reliés au contexte, à des motivations et des enjeux non pris en compte *a priori*. De plus, l'information obtenue par entretien est plus facilement vérifiable par les faits qu'une information issue d'un questionnaire (Bizeul, 1998, p.766). Comme, malgré tout, un certain nombre de renseignements précis devaient être obtenus (notamment pour la description des réseaux et des dispositifs expérimentaux), nous avons donc adopté le mode de recueil des informations par entretiens semi-dirigés (Blanchet et Gotman, 1992). Une liste précise de points à aborder a été construite au préalable, pour servir de trame à l'entretien, permettant d'éviter que celui-ci ne dérive et que des points importants ne soient oubliés (voir annexe 3). Un inconvénient du recueil d'informations par entretiens est que l'information passe par le filtre de l'interlocuteur et peut de ce fait être déformée (Bizeul, 1998). En conséquence, il n'est pas certain que nous ayons bien perçu l'ensemble des rôles de l'expérimentation variétale.

Il n'existe semble-t-il aucun document disponible décrivant les modes de prise de décision et de choix de variétés chez les différents acteurs de la filière. Pour un certain nombre d'interlocuteurs, nous avons pu nous procurer une description des directives et protocoles écrits pour la mise en place des essais. Chez la plupart d'entre eux, des comptes-rendus d'expérimentation et des tableaux de présentation des résultats sont rédigés. Quand ils nous ont été communiqués, ils ont souvent servi de support à l'échange, et ont été utilisés pour l'analyse.

### 1.2.2. Construction et conduite des entretiens

Tout entretien suppose un "contrat" (formel ou non) entre l'interviewé et l'interviewer. Dans notre cas, ce contrat portait sur l'anonymat de la personne interviewée et sur la confidentialité des informations jugées stratégiques qui auraient été communiquées. Tous les interlocuteurs ont donné leur accord pour que les entretiens soient enregistrés et transcrits. Les entretiens se sont déroulés majoritairement chez l'interviewé, ou bien dans des lieux neutres (3 cas sur 22 entretiens). La durée moyenne des entretiens a été de l'ordre de 1h30 (le plus court a duré environ 0h30, le plus long 3h00).

Chaque entretien comportait un rappel de la problématique et de l'objectif de l'étude, et s'orientait selon un guide thématique (Blanchet et Gotman, 1992) défini par les 5 grandes questions suivantes :

- 1- Quel est votre rôle dans l'entreprise et quelles décisions avez-vous à prendre ?
- 2- Pouvez-vous décrire comment cette décision est prise et quelles informations vous utilisez ?
- 3- Quels risques d'erreur vous paraissent-ils les plus graves et comment faites-vous pour les minimiser ?
- 4- Pouvez-vous décrire le dispositif actuel de l'expérimentation variétale dont vous vous occupez ou que vous utilisez ?
- 5- Quelle a été l'évolution de votre organisation, de vos pratiques, de vos dispositifs ? Et quels facteurs sont responsables de cette évolution ?

Ces questions n'ont pas nécessairement été abordées dans le même ordre au cours de chaque entretien. Comme il est souvent plus facile d'entrer en matière par une description, l'ordre des questions a plus souvent été : 4, 5, 1, 2, 3.

Le guide détaillé de points à aborder (voir § précédent et annexe 3), n'a pas été utilisé directement au cours des entretiens. Mémorisé par l'interviewer, il a servi à orienter les relances et à éviter les manques dans l'information recueillie, et également à vérifier après coup que l'essentiel de l'information a bien été recueilli, des compléments téléphoniques ou par courrier ayant pu être sollicités ensuite. Les relances ont été effectuées le plus possible en cohérence avec le discours de l'interviewé (Blanchet, 1991), le plus souvent pour faire expliciter une réponse et faire "*décrire les tâches et les objectifs des opérateurs, en faisant émerger la logique de la tâche telle que la perçoit l'opérateur*" (Blanchet et Gotman, 1992). Chercher au mieux à accéder aux conceptions de l'interlocuteur est un objectif très important mais réputé difficile à atteindre (Darré, 1993). Nous pensons que la bonne connaissance *a priori* du sujet par l'interviewer a minimisé cette difficulté. Nous avons également évité les interrogations trop répétées qui perturbent le discours de l'interviewé, celui-ci risquant alors de devenir passif et d'attendre les questions de l'interviewer (Blanchet et Gotman, 1992). Malgré tout, des questions précises ont dû être posées, notamment pour la description de l'expérimentation et de ses usages (thème n°4 ci-dessus).

Conscient de la grande importance du facteur relationnel dans le déroulement de l'entretien (Ghiglione et Matalon, 1985 ; Blanchet et Gotman, 1992 ; Bizeul, 1998), nous n'avons pas cherché à masquer notre statut de chercheur, répondant si besoin aux questions de l'interviewé, par exemple sur la pertinence de pratiques ou de choix qu'il a effectués, mais en résistant au maximum au risque de transformation de la relation d'entretien en relation d'aide (Ghiglione et Matalon, 1985, p.60), et en reportant de préférence ce type d'échanges à la fin des entretiens. L'interviewer s'est efforcé de retirer toute notion d'appréciation sur la qualité des travaux, des pratiques ou des décisions, pour se limiter le plus possible à un rôle d'observateur (Bizeul, 1998).

### 1.2.3. Choix des acteurs enquêtés au sein de la filière variétale

Les personnes enquêtées ont été choisies d'abord en fonction de leur activité (sélection, multiplication, commercialisation, développement, ...), critère *a priori* plus important que le type d'organisme d'appartenance (sélectionneur privé ou public, multiplicateur, organisme de développement, ...), même si ce second critère a aussi son importance. En effet, dans un même organisme, plusieurs objectifs peuvent être poursuivis simultanément, et cela peut impliquer des personnes et des types d'expérimentation différents.

Le choix des interlocuteurs a été effectué en commençant par des personnes connues à l'intérieur de ces différentes activités, en cherchant à identifier à chaque fois que cela a été possible le couple d'interlocuteurs constitué par : (1) la personne responsable de la décision concernant le choix des génotypes et (2) la personne effectuant la synthèse et l'interprétation des résultats de l'expérimentation variétale, et apportant les informations à la première. Ces deux fonctions nous intéressent en effet pour identifier d'une part comment l'outil "expérimentation variétale" est utilisé, quelles décisions il sert à prendre, et d'autre part comment cet outil est construit, quelles informations il fournit et comment il pourrait être amélioré. Les mêmes questions générales ont été posées aux 2 niveaux de responsabilité, la première personne étant *a priori* plus à même de donner une information sur les objectifs et les enjeux de l'expérimentation, sur la façon de choisir les génotypes retenus, l'autre sur la conception de l'expérimentation et sur ses possibilités d'amélioration.

A partir de cette base, le réseau des interlocuteurs a été enrichi par la méthode d'accès dite "de proche en proche" (Blanchet et Gotman, 1992, p.58), un couple d'interlocuteurs servant à identifier le suivant, qui est recherché à chaque fois aussi différent que possible. Ce principe est censé maximiser les différences entre les interlocuteurs et permettre ainsi d'explorer la plus grande diversité possible de comportements. Il a été prévu de suspendre les entretiens quand un nouvel entretien n'apportait plus d'information suffisamment originale par rapport à l'ensemble des entretiens précédents (c'est à dire, lorsqu'on aura extrait la variabilité). Notre échantillonnage ne prétend pas être représentatif, mais,

**Tableau 1.1.** Entreprises enquêtées et codes des entretiens.

Code de l'entretien	Type d'entreprise	N° entrepr	Echelle d'activité	Fonction de l'interlocuteur	Type de fonction
S1.1	Obtenteur	1 1	Nationale / internationale	(1) Responsable de la sélection (2) Responsable du nouveau service de développement	S (Sélection)
S2.1 S2.2 D2.3	Obtenteur	2 2 2	Nationale / internationale	Sélectionneur Directeur des programmes de sélection Responsable du développement	S ( " S ( " D (Développement)
S3.1 D3.2	Obtenteur	3 3	Nationale / internationale	Sélectionneur Responsable du développement (et animateur d'un réseau de coop)	S (Sélection) D (Développement)
I4.1 I4.2 I4.3	Organisme chargé de l'inscription des variétés	4 4 4	Nationale	Secrétaire de la section céréales Animateurs du réseau blé (1) et orge (2) Animateur du réseau oléagineux et secrétaire de la section lin	I (Inscription) I ( " I ( "
R5.1	Groupement de multiplicateurs - distributeurs	5	Nationale	Animateur d'un réseau de coop (et responsable du développement chez 2 obtenteurs)	R (Réseau de distribution)
M6.1 M6.2	Multiplicateur - distributeur	6 6	Régionale	Responsable variétés du service semences Responsable variétés du service technique	M (Multiplication M - Distribution)
M7.1	Multiplic-distrib	7	Régionale	Responsable variétés du service technique	M ( "
M8.1	Multiplic-distrib	8	Régionale	Responsable du service agronomique	M ( "
M9.1 M9.2	Multiplicateur - distributeur	9 9	Régionale	Responsable du service technique Responsable variétés du service technique	M ( " M ( "
T10.1	Groupem. d'agriculteurs	10	Locale	Ingénieur - Animateur du groupement	T (Technique)
T11.1	Groupem. départem. d'organismes techniques	11	Département.	Ingénieur - Animateur du groupement départemental	T ( "
T12.1 T12.2	Institut technique	12 12	Nationale Régionale	Responsable du réseau national d'évaluation des variétés de céréales Ingénieur régional, responsable des expérimentations	T ( " T ( "
V13.1	Transformation des récoltes	13	Nationale	Responsable technique	V (Valorisation - Transf)
P14.1	Expérimentateur à façon	14	Locale	Directeur de la station expérimentale	P (Prestation)



outre que la représentativité n'est jamais parfaitement acquise (Ghiglione et Matalon, 1985), c'est quand on veut estimer une grandeur qu'elle est importante. Cette contrainte est beaucoup moins stricte quand on cherche à décrire des processus et à vérifier des hypothèses portant sur des relations.

La figure 3 (de la problématique générale) représente de façon schématique sur un axe de temps horizontal les principales activités et les acteurs concernés au cours des étapes de la vie d'un génotype, qui devient une variété au moment de l'inscription au catalogue officiel. 5 étapes ont été identifiées, et le degré d'implication des différents acteurs est représenté par les rectangles plus ou moins sombres. Vingt-deux entretiens en tout ont été réalisés dans 14 entreprises différentes. Quatorze d'entre eux entraient dans le cadre des paires d'interlocuteurs définies plus haut (8 paires, compte tenu des fonctions multiples occupées par certains interlocuteurs). A chaque entretien a été affecté un code prenant en compte le numéro de l'entreprise et la fonction de l'acteur au sein de l'entreprise (tableau 1.1). Dans la présentation qui suit, seuls 21 entretiens ont été utilisés compte-tenu de la situation très particulière de l'acteur P14-1, prestataire de service qui n'a pas de décision à prendre concernant les variétés.

#### 1.2.4. Analyse des entretiens et présentation des résultats

Tous les entretiens ont été transcrits, avec une numérotation des répliques de l'interviewer et du (ou des) interviewé(s), qui ont été repérés par leurs initiales. Sur la base des entretiens, un tableau synoptique a été construit par grand thème ("*Objectifs*", "*Mode de prise de décision*", "*Informations recherchées*", "*Description de l'expérimentation*", "*Contraintes*", "*Besoins*"). Chaque case des différents tableaux correspond à l'intersection d'une information et d'un entretien. Comme dans l'entretien, "*ce sont les mots qui tirent leur sens des phrases et non l'inverse*" (Darré et Hubert, 1993), les cases des tableaux ont été remplies avec les mots utilisés quand ceux-ci étaient suffisants, mais plus souvent avec la ou les phrases significatives des interlocuteurs, avec indication de la référence de la phrase dans l'entretien correspondant.

Des tableaux de synthèse ont ensuite été construits pour chacun des thèmes retenus pour notre analyse, présentés selon la logique décisionnelle évoquée en introduction :

- Objectifs assignés à l'expérimentation et critères utilisés pour prendre les décisions.
- Place de l'expérimentation variétale parmi les différentes sources d'information utilisées.
- Configuration de l'expérimentation variétale et informations recueillies.
- Contraintes organisationnelles et besoins exprimés par les personnes interrogées.

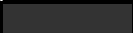


Dans ces tableaux, les colonnes correspondent à un regroupement et à un classement des réponses données par les interlocuteurs, en catégories que nous avons considérées comme étant utiles pour la conception ou la mise en œuvre d'outils d'aide au recueil et au traitement des données. La définition des colonnes des tableaux comporte donc déjà une part d'interprétation des résultats. Pour chaque colonne, les réponses ont été réparties en 3 modalités, qui peuvent correspondre par exemple à un degré de complexité croissant (degré faible / degré moyen / degré fort). Ces modalités de réponses ont été construites à partir des différences considérées *a priori* comme étant porteuses de sens, et de façon à couvrir la diversité des réponses obtenues. La signification et les limites de ces modalités sont précisées en légende des différents tableaux. Pour les thèmes "*Objectifs des acteurs*", "*Critères utilisés pour prendre les décisions*", "*Place de l'expérimentation variétale pour acquérir l'information*", "*Contraintes*" et "*Besoins exprimés*", une ligne du tableau correspond à un acteur. Pour les thèmes "*Configuration de l'expérimentation*", "*Informations sur les génotypes*", "*Informations sur les milieux*" et "*Synthèse des informations*", la ligne qui correspond à un acteur a été subdivisée en autant de lignes que l'acteur utilise de réseaux différents. Pour ces thèmes, on passe ainsi de 21 acteurs à 39 réseaux analysés. L'ordre des acteurs ou des réseaux dans les différents tableaux correspond à l'ordre retenu dans le premier tableau ("*Objectifs*"), qui permet une structuration des objectifs des différents acteurs.

Pour tenter d'établir une typologie des usages de l'expérimentation, basée sur les objectifs et les critères d'une part, et sur la configuration des réseaux d'autre part, nous avons effectué une classification automatique des acteurs (dans le premier cas) et des réseaux (dans le second cas). Pour cela, nous avons défini une matrice de distance entre les individus, calculée par la fréquence de réponses identiques parmi les différentes variables qui constituent nos tableaux, pour les thèmes

**Tableau 1.2.** Objectifs déclarés par les acteurs, faisant appel à l'expérimentation variétale (les acteurs sont regroupés par analogie d'objectifs).

	Code de l'entretien	1 L'expérimentation pour trier les génotypes <i>obtri</i> (0, 1, 2)	2 L'expérimentation pour positionner les génotypes <i>obpos</i> (0, 1, 2)	3 L'expérimentation pour connaître les génotypes <i>obcon</i> (0, 1, 2)	4 L'expérimentation comme support de communication <i>obcom</i> (0, 1, 2)
1	I4.1				
2	I4.2				
3	I4.3				
4	S1.1				
5	S3.1				
6	S2.1				
7	S2.2				
8	D2.3				
9	D3.2				
10	R5.1				
11	M6.1				
12	M6.2				
13	M7.1				
14	M8.1				
15	M9.1				
16	M9.2				
17	T10.1				
18	T11.1				
19	T12.1				
20	T12.2				
21	V13.1				
22	P14.1				

**Légende :**

-  Objectif prioritaire (2)
-  Objectif secondaire (1)
-  Objectif non exprimé (0)

"Objectifs et Critères" et "Configuration de l'expérimentation". La classification a été réalisée au moyen du logiciel SAS (SAS, 1999-2000), procédure "cluster".

Pour étudier les liens entre les variables d'un même tableau, entre les variables de tableaux différents et entre les individus (acteurs ou réseaux), nous avons réalisé un certain nombre d'AFC (Analyses Factorielles des Correspondances). Pour ce faire, chaque colonne des tableaux précédemment cités a été subdivisée en 3 colonnes correspondant chacune à l'une des 3 modalités présentes dans la colonne initiale (ce qu'on appelle un "tableau disjonctif complet") : chaque case des nouvelles colonnes a été renseignée par un "1" si cette colonne décrit la même modalité que la colonne initiale, par un "0" sinon. Les AFC ont été réalisées sous SAS, procédure "corresp". De façon à alléger la présentation des résultats, seules les AFC réalisées entre tableaux correspondant à des thèmes différents seront présentées dans le texte. Les autres sont reportées en annexe (annexe 4).

### 1.3. Résultats

#### 1.3.1. Quels sont les rôles de l'expérimentation variétale dans les entreprises ? Objectifs assignés à l'expérimentation et critères utilisés pour prendre les décisions

Le tableau 1.2 présente les quatre grands types d'objectifs et de décisions s'appuyant sur l'expérimentation variétale, qui peuvent être identifiés parmi les acteurs interrogés. Dans ce tableau, les acteurs sont triés par la nature des objectifs exprimés. Pour l'acteur P14.1 n'apparaît pas d'objectif prioritaire : cet acteur en effet ne prend pas de décision concernant les variétés. Nous l'avons donc retiré de la suite des analyses. Le tableau 1.3 présente les critères de choix des génotypes annoncés par les différents acteurs, présentés dans le même ordre que dans le tableau 1.2. Les graphes des axes 1-2 et 3-4 de l'AFC réalisée simultanément sur les objectifs et sur les critères de choix des génotypes sont représentés en annexe 4.1 (les codes utilisés pour les variables sont ceux des tableaux 1.2 et 1.3).

##### - 1<sup>er</sup> objectif : L'expérimentation permet de trier les génotypes (tableau 1.2).

Cet objectif caractérise les acteurs de l'inscription, I4.1 à I4.3, et de la sélection, S1.1, S2.1, S2.2 et S3.1 (*obtri2*). Il est présent également chez tous les acteurs de la distribution, sans être prépondérant (*obtri1*). Mais "trier" ne signifie pas la même chose chez ces différents acteurs, et cela peut s'illustrer par les critères retenus pour réaliser le tri.

Dans l'organisme I4, le tri effectué à l'inscription doit permettre de "garantir que les variétés inscrites ne présentent pas de défaut majeur", les défauts éventuels étant identifiés à travers les critères d'inscription au CTPS, (GEVES, 2000), dans lesquels la productivité<sup>14</sup>, approchée par les rendements observés, intervient en premier lieu : seuil minimal de rendement sur la moyenne des essais par zone de culture (zone nord ou zone sud), rapporté à la moyenne des 4 témoins officiels (*temctps2*), déterminé par classe de qualité (*qual2*), et modulé (bonus/malus) d'au plus 1 % en fonction des notes de résistance aux accidents et aux parasites (facteurs de régularité du rendement ou FRR : *frr2*)<sup>15</sup> (voir annexe 1.1). La position d'une variété candidate par rapport au seuil est déterminée de façon automatique, par le calcul. Mais ce qui peut être déterminant, et qui fait l'objet d'une discussion approfondie, c'est le choix des milieux<sup>16</sup> qui sont retenus pour établir la cotation des variétés (voir annexe 1.2). Le critère de stabilité des résultats n'est pas pris en compte pour l'inscription, puisque les génotypes ne sont jugés que par la moyenne de leurs performances sur l'ensemble des essais retenus. Cela signifie donc qu'ici l'approche de la productivité par la moyenne des rendements et la moyenne des écarts par rapport à des variétés de référence est jugée suffisante. Ainsi, les acteurs I4.1 à I4.3 se définissent en "négatif", par l'absence des objectifs de communication et de positionnement, et par l'absence des critères de précocité, d'adaptation, et de comparaison par rapport aux témoins que nous

<sup>14</sup> La *productivité* d'une variété est sa capacité de production en grains lorsqu'elle est placée dans des conditions optimales de culture. Le rendement est l'expression annuelle [et dans un milieu donné] de la productivité (Jonard et Koller, 1951).

<sup>15</sup> Pour l'inscription en blé tendre, il y a en plus un concours entre la première et la deuxième année, basé sur les mêmes critères, et à l'issue duquel seules 30 lignées sont retenues.

<sup>16</sup> Nous verrons plus loin que les informations obtenues sur les milieux ont un rôle très important pour ces acteurs.

**Tableau 1.3.** Critères de jugement des génotypes.

	Acteur	Productivité (a) <i>rdt (0, 2)</i>	Qualité <i>qual (1, 2)</i>	FRR (b) <i>frr (0, 1, 2)</i>	Précocité <i>prec (0, 1, 2)</i>	Autres critères d'adaptation (tallage, PMG...) <i>adap (0, 1, 2)</i>	Réponse aux techniques de culture <i>techn (0, 1, 2)</i>	Stabilité <i>stab (0, 1, 2)</i>	Critères et témoins CTPS (c) <i>temctps (0, 1, 2)</i>	Comparaison / témoins du marché (d) <i>temarch (0, 1, 2)</i>
1	I4.1									
2	I4.2									
3	I4.3									
4	S1.1									
5	S3.1									
6	S2.1									
7	S2.2									
8	D2.3									
9	D3.2									
10	R5.1									
11	M6.1									
12	M6.2									
13	M7.1									
14	M8.1									
15	M9.1									
16	M9.2									
17	T10.1									
18	T11.1									
19	T12.1									
20	T12.2									
21	V13.1									

**Légende :**

	Critère prépondérant (2)
	Critère cité mais non prépondérant (1)
	Critère non pris en compte (0)

(a) A la place de "Productivité" les acteurs utilisent le terme de "Rendement". Or, il s'agit bien ici d'aptitude des variétés à donner des rendements élevés dans un grand nombre de situations, ce qui recouvre donc une notion de stabilité des performances, même si cela n'est pas explicite.

(b) FRR : Facteurs de Régularité du Rendement (résistances aux maladies, à la verse...)

(c) CTPS : Comité Technique Permanent de la Sélection

(d) Les témoins sont différents selon l'organisme

avons appelés "témoins du marché"<sup>17</sup>, de réponse aux techniques de culture, et de stabilité. Ces caractéristiques apparaissent sur le graphe de l'AFC reliant les objectifs et les critères (annexe 4.1), sur lequel ces acteurs sont situés à droite de l'axe 1, du côté des variables *obcom0*, *obpos0*, *prec0*, *adap0*, *temarch0*, *techn0*, et *stab0*.

Pour les sélectionneurs, il s'agit également d'éliminer tout ce qui n'est pas conforme aux critères du CTPS, qui jouent donc un rôle très important (S1.1, S2.1). Mais ces critères peuvent être modulés chez certains (S2.2 parle d'un "index intuitif" associant le rendement, la qualité, les FRR, la précocité...). Ainsi, beaucoup d'autres critères interviennent, notamment en fin de sélection (tableau 1.3) : la précocité (*prec2* et *prec1*), les autres critères d'adaptation (*adap2* et *adap1*), qui permettent d'identifier l'aire de culture d'une future variété (S2.1, S2.2, S3.1), la réponse aux techniques de culture (*techn1* et *techn2*). Le critère de stabilité (voir note 13 p.16) intervient également chez les sélectionneurs, sans être prépondérant (*stab1*), car ceux-ci ont tendance à éliminer un génotype s'il s'est avéré décevant dans une de leurs situations d'expérimentation. Pour l'évaluation de la productivité, les rendements des génotypes sont comparés les uns par rapport aux autres, il s'agit donc ici d'une notion relative de la stabilité, alors que la qualité est davantage appréciée dans l'absolu.

La notion de tri apparaît aussi chez d'autres acteurs comme les distributeurs - multiplicateurs de semences, qui trient des variétés parmi l'offre des obtenteurs. Ici, "trier" signifie également éliminer, mais aussi choisir, de façon positive, les variétés qui peuvent prendre une part de marché (ce qui rejoint le second objectif présenté ci-dessous). Les critères utilisés sont un peu différents : on trouve toujours la productivité, mais par classe de qualité ou de précocité, et certains critères FRR prennent un poids plus important : résistance au froid dans l'Est, capacité de tallage dans les sols qui se réchauffent lentement (comme les sols de craie). Certains de ces acteurs rejettent systématiquement toute variété qui n'est pas au minimum BPS (blé panifiable supérieur) ou BPC (blé panifiable courant) (M7.1). Et ici, la notion de stabilité des performances est importante (*stab2*), sauf pour un seul de ces acteurs (M6.1).

- 2<sup>ème</sup> objectif : L'expérimentation permet de positionner les génotypes.

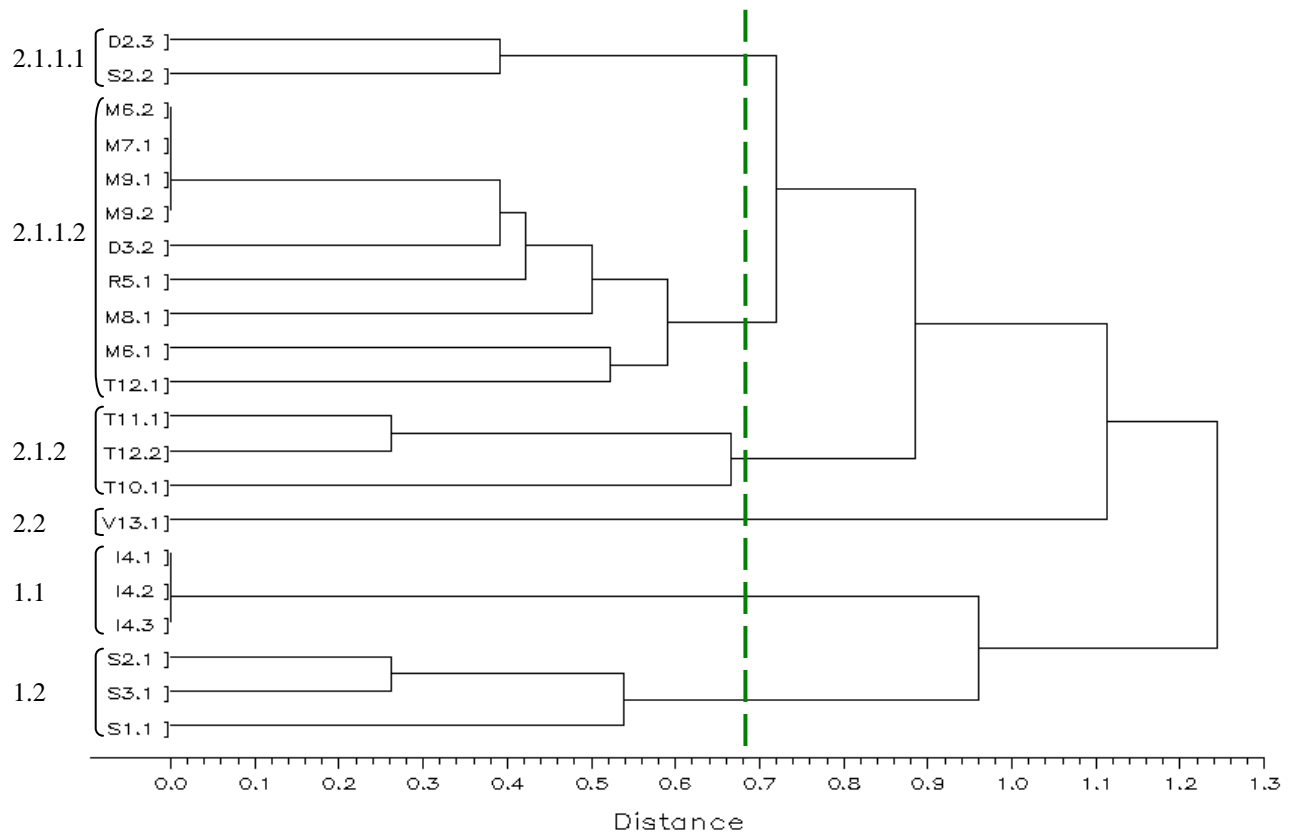
Cet objectif correspond au besoin d'identifier la zone de culture d'une future variété (positionnement géographique), mais aussi d'appréhender la part de marché que pourra prendre cette variété (positionnement marketing) et de commencer à établir des relations avec ceux qui vont l'utiliser. Il concerne d'abord les acteurs du développement des variétés (D2.3, D3.2), ceux de la sélection qui sont impliqués dans les activités de développement (S2.1 et S2.2), et l'acteur de la distribution R5.1 qui a une dimension nationale (*obpos2* : tableau 1.2). Les distributeurs de dimension régionale expriment aussi cet objectif, de façon moins marquée (*obpos1* pour M6 à M9), mais cet objectif est tout de même important quand la zone d'activité est hétérogène. Chez ces organismes, la prise de position sur une nouvelle variété (référencement) est consécutive au choix des surfaces qui sont mises en multiplication. Parmi les organismes techniques, T11.1 et T12.1 ont également l'objectif de positionner géographiquement les variétés, l'un à une échelle régionale ou départementale, l'autre à une échelle nationale. Pour T12.2, le positionnement concerne les types de milieu et de sol (plateau/plaine, sol superficiel/ sol profond).

Ce deuxième objectif est bien relié à plusieurs critères comme la comparaison par rapport aux témoins définis par l'entreprise en fonction du marché (*temarch2*), qui prend autant de place, si ce n'est plus, que la comparaison par rapport aux témoins officiels du CTPS ; on trouve aussi la précocité et les autres critères d'adaptation, comme la résistance au froid et la capacité de tallage (*prec2* et *adap2*), ainsi que la réponse à certaines techniques de culture (date et densité de semis : *techn2*)<sup>18</sup>. Elles concernent certains sélectionneurs (S2.1, S2.2, S3.1), les agents du développement et la plupart des organismes distributeurs, pour le positionnement géographique. Dans ce contexte, la notion de stabilité des performances des génotypes est présente, elle prend même une place importante pour l'acteur R5.1 et chez les organismes multiplicateurs – distributeurs (*stab2*). Le poids des facteurs de régularité du

<sup>17</sup> Nous avons distingué les *témoins officiels du CTPS*, qui correspondent aux 4 variétés les plus multipliées une année donnée, et les *témoins définis par chaque entreprise*, qui sont des variétés "cible" ou considérées comme des références sur un marché qui intéresse l'entreprise. Souvent, des variétés sont communes à ces 2 catégories de témoins (les témoins CTPS sont les variétés leader du marché national), mais la distinction permet de bien mettre en évidence les acteurs qui s'alignent sur les règles d'inscription de ceux qui s'en démarquent.

<sup>18</sup> Les liens entre ces variables sont visibles sur la gauche de l'axe 3 de la 1<sup>ère</sup> AFC présentée en annexe 4.1.

**Figure 1.2.** Classification automatique des 21 acteurs à partir des objectifs et des critères de jugement des génotypes.



La limite en pointillés permet de définir 6 groupes qui seront utilisés plus loin pour la définition des usages (voir partie 1.4.1.2 p.47).

rendement (résistance aux maladies et à la verse) est moins important que pour les activités de sélection et d'inscription, alors que la productivité et la qualité gardent un rôle prépondérant. Pour le positionnement marketing, les acteurs prennent en compte la productivité, estimée par le rendement moyen exprimé en pourcentage d'une variété de référence, par classe de précocité ou de qualité. Ici, il s'agit de déterminer l'aptitude d'une variété nouvelle à "tuer" une variété de référence déjà en place dans un créneau de qualité et de précocité donné. Cela explique pourquoi la comparaison des variétés par rapport aux témoins du marché est très importante, en particulier les comparaisons 2 à 2 (sous forme de "duels") (D2.3, D3.2, R5.1).

- 3<sup>ème</sup> objectif : L'expérimentation permet de connaître les génotypes.

Tous les acteurs, à un degré ou à un autre, cherchent à connaître les génotypes, de façon prioritaire pour la plupart (*obcon2*), secondaire pour les acteurs de l'inscription et de la sélection (*obcon1*) par rapport à l'objectif de tri (*obtri2* : ces deux variables sont strictement liées sur les graphes de l'AFC, annexe 4.1). La modalité *obcon0* n'existe pas parmi les acteurs retenus dans l'analyse (tableau 1.2). Chez les agents de la sélection, le besoin de connaissance des génotypes s'exprime moins fortement (*obcon1*) car ils l'acquièrent naturellement de par leur activité. Ils considèrent d'ailleurs que cette connaissance est bonne (mais qu'elle est très peu formalisée). Dans l'organisme I4, l'objectif premier n'est pas non plus de connaître les variétés, mais de garantir qu'aucune des variétés inscrites ne présente de défaut majeur (voir ci-dessus).

Pour certains acteurs, connaître les variétés consiste à constituer une documentation, ou un catalogue aussi exhaustif que possible des caractéristiques variétales (T12.1, T12.2), à établir un mode d'emploi comportant des aspects techniques pour effectuer du conseil ou pour diffuser une information (agents de développement : D2.3 et D3.2, agents de la distribution : R5.1 et M6 à M9, organismes techniques qui interviennent après l'inscription : T10, T11 et T12, acteur de la transformation des récoltes : V13.1). Pour tous ces acteurs, il s'agit donc aussi de faire connaître les variétés, en les situant par rapport aux témoins du marché (*temarch2*). La réponse aux techniques de culture et la notion de stabilité sont importantes (*techn2* et *stab2* : tableau 1.3). En particulier, les acteurs R5.1, T10.1 et T11.1 expriment le besoin d'identifier les variétés suffisamment stables parmi celles qui rentrent dans la catégorie de précocité/qualité/FRR recherchée. Dans toutes les situations, le critère de productivité est toujours très important, alors que la qualité peut être secondaire, en particulier dans les organismes techniques (T10.1, T11.1, T12.2, mais aussi chez l'acteur M8.1).

V13.1 est le seul acteur pour qui l'objectif de connaître les variétés est le seul objectif majeur. Cet acteur peut aussi être qualifié en négatif par l'absence des objectifs de positionnement (*obpos0*) et de support de communication (*obcom0*), par l'absence des critères productivité (*rdt0*), précocité (*prec0*), facteurs de régularité du rendement (*frr0*), ainsi que des autres critères d'adaptation (*adap0*) : voir l'AFC en annexe 4.1. Les témoins CTPS ne sont pas utilisés non plus (*temctps0*), les comparaisons n'ont lieu que par rapport à d'autres témoins du marché. Cet acteur s'intéresse à la réponse des variétés à certaines techniques de culture (fertilisation azotée) et à la stabilité de cette réponse.

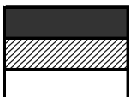


- 4<sup>ème</sup> objectif : L'expérimentation est un support de communication et de visites.

Cet objectif est très marqué chez tous les acteurs qui ont à faire connaître les génotypes à des partenaires-clients : agents de développement vers les organismes distributeurs ; sélectionneurs impliqués dans la promotion de leurs futures variétés (S2.2), agents des organismes distributeurs vers les agriculteurs (M6 à M9), agents de certains organismes techniques de post-inscription vers leurs partenaires (T11.1, T12.2), mais il est absent chez l'acteur V13.1. L'expérimentation variétale remplit la fonction de support de communication également à l'intérieur d'une même entreprise, notamment dans les entreprises de sélection, pour faciliter la transmission de la connaissance sur les génotypes entre les agents de la sélection et les agents du développement : le champ d'essai est un lieu d'échange avec un support visuel, le génotype, dont on discute (caractéristiques, dépôt ou non-dépôt, devenir commercial...).

En plus des performances (rendement, qualité) et de leur stabilité (*stab2*), l'aspect visuel des génotypes prend donc un poids particulier, et notamment les facteurs de régularité du rendement visibles (verse, maladies), d'autant plus que les configurations expérimentales sont faites pour permettre une comparaison des génotypes entre situations traitées et non traitées, entre situations avec

**Tableau 1.4.** Importance des différentes sources d'informations sur les géotypes de l'acteur, et sur les milieux dans lesquels ces géotypes sont évalués. Les sources d'information sont triées à l'intérieur de chaque catégorie (géotypes, milieu-sol, milieu-météo et milieu-facteurs limitants) par ordre de citation décroissante.

	Code de l'entretien	Informations sur les géotypes qui intéressent l'acteur				Informations sur les milieux dans lesquels se trouvent les géotypes de l'acteur									
		Acquise en interne (a)	Visites d'essais	Flux d'info (interne ou externe)	Observ. pépinière	Sol			Météo			Facteurs limitants			
						Acquise en interne (a)	Partenariat / prestation	Info. externe	Info. externe	Acquise en interne (a)	Partenariat / prestation	Visites d'essais	Acquise en interne (a)	Partenariat / prestation	Info. externe
1	I4.1														
2	I4.2														
3	I4.3														
4	S1.1														
5	S3.1														
6	S2.1														
7	S2.2														
8	D2.3														
9	D3.2														
10	R5.1														
11	M6.1														
12	M6.2														
13	M7.1														
14	M8.1														
15	M9.1														
16	M9.2														
17	T10.1														
18	T11.1														
19	T12.1														
20	T12.2														
21	V13.1														

**Légende :**  Source importante et détaillée  
 Source secondaire ou sous forme de commentaires  
 Source inexistante

(a) par l'expérimentation ou par des analyses réalisées par l'entreprise



régulateur de croissance et sans régulateur de croissance (organismes M6 à M9)<sup>19</sup>. La réponse des génotypes aux conduites de culture (dates et densités de semis) apparaît donc également comme un critère important pour cette fonction de l'expérimentation variétale (*techn2*).

La classification automatique des acteurs basée sur les objectifs et les critères de jugement des génotypes est présentée sur la figure 1.2. Quand on observe cette structuration à partir de la droite, on constate que le premier groupe d'acteurs qui se distingue correspond aux acteurs de l'inscription (I4.1 à I4.3) et à 3 acteurs de la sélection (S2.1, S3.1, S1.1), pour qui l'objectif de trier les génotypes est prépondérant, alors que l'objectif de les connaître est moins marqué que pour tous les autres acteurs (voir annexe 4.2 qui présente les tableaux 1.2 et 1.3 ordonnés suivant la classification de la figure 1.2). Ces acteurs utilisent systématiquement les témoins officiels du CTPS et attribuent une grande importance aux facteurs de régularité du rendement. Ces deux sous-ensembles se séparent ensuite assez rapidement (groupes 1.1 et 1.2), les acteurs de l'inscription se caractérisant, comme nous l'avons dit plus haut, par l'absence d'un certain nombre d'objectifs et de critères de jugement des génotypes, qui sont présents au contraire chez les acteurs de la sélection.

Dans le deuxième groupe, les objectifs de connaître les génotypes et de communiquer sur eux sont prépondérants, sauf pour S2.2 dans le premier cas, et pour V13.1 dans le second. Ce dernier acteur se distingue des autres (groupe 2.2) par l'absence d'intérêt pour d'autres critères que la qualité. Puis ce sont les acteurs techniques T10.1, T11.1 et T12.2 qui s'individualisent (groupe 2.1.2), par la prise en compte modérée d'autres critères de jugement des génotypes que la productivité. Parmi les acteurs restants, ceux qui ont une activité de développement D2.3 et S2.2 se séparent ensuite (groupe 2.1.1.1) sur l'objectif de tri des génotypes (*obtri0* ou *obtri2*) et sur la prise en compte des témoins du CTPS (*temctps2*), tandis que le groupe restant (2.1.1.2) contient tous les acteurs de la multiplication - distribution, les acteurs D3.2 et R5.1, ainsi que l'acteur technique T12.1 (*obtri1*, *temctps1*).

### 1.3.2. Quelle place occupe l'expérimentation variétale parmi les différentes sources d'information des acteurs ?

L'expérimentation variétale est très importante pour acquérir une connaissance sur les génotypes : c'est en effet la première source d'information avec les visites d'essais (tableau 1.4). Suivant les acteurs, elle est utilisée également pour acquérir une information sur les milieux dans lesquels sont évalués les génotypes. Dans ce cas, c'est la première ou la deuxième source d'information pour la connaissance des milieux, selon le type d'information.

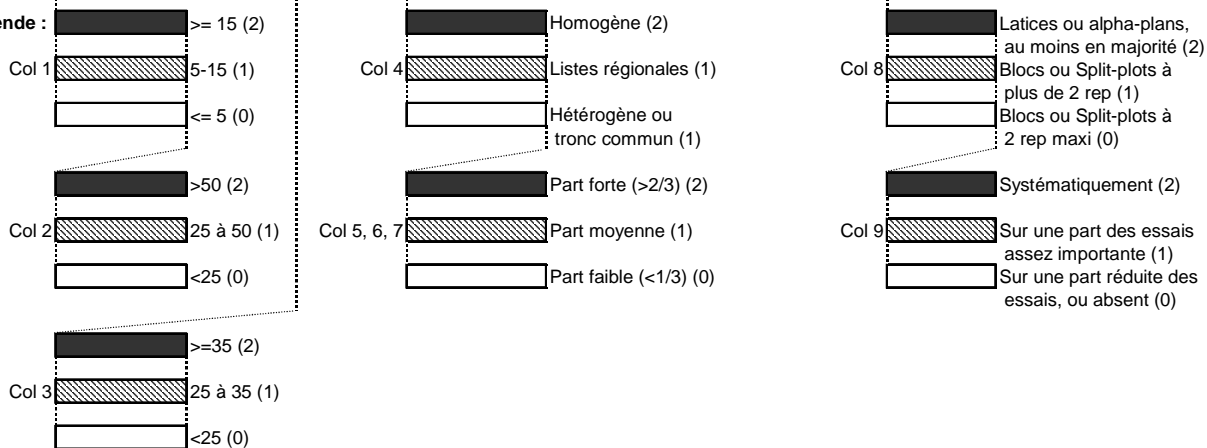
**Concernant les génotypes**, les informations issues des essais de l'entreprise sont essentielles. Mais elles peuvent être complétées par d'autres sources ou confrontées à elles. Chez les sélectionneurs, une information initiale est obtenue par les observations en pépinière (précocité, hauteur, fertilité, résistance aux maladies, ...), chez les agents de développement (D2.3 et D3.2), par les échanges avec les sélectionneurs (échanges internes à l'entreprise), et par la communication externe (résultats des essais d'inscription, presse, échanges avec les partenaires). Chez les animateurs de réseaux de distribution, les agents des organismes techniques, ainsi que pour l'acteur V13.1, l'information initiale provient également des échanges avec les obtenteurs et de la consultation des résultats des réseaux d'inscription, mais cette source est insuffisante : plusieurs acteurs (M6.2, M7.1...) affirment qu'il leur est nécessaire de reconstruire leur connaissance, à partir de leur propre expérimentation. L'information ainsi obtenue est complétée par celle qui est issue des partenariats ou des expérimentations extérieures. Les références externes ont un poids important notamment pour les analyses de qualité des grains qui peuvent être confiées à des laboratoires extérieurs. Dans le cas de l'inscription des variétés, l'information sur la qualité des génotypes fournie par les obtenteurs est déterminante pour le classement des variétés. On peut remarquer le rôle très important des visites d'essais, utilisées pour acquérir la connaissance sur les génotypes et sur leur diversité de réponses aux milieux (sélectionneurs, agents des organismes de distribution...), ou, comme évoqué ci-dessus, pour la

<sup>19</sup> Ici, il y a interférence avec une logique fonctionnelle de l'usage de l'expérimentation variétale, dans la mesure où les dispositifs sont conçus aussi pour permettre les visites (disposition des blocs et des parcelles en vis-à-vis, par exemple pour comparer une parcelle traitée avec une parcelle non traitée aux fongicides, présence d'allées désherbées).

**Tableau 1.5.** Configuration de l'expérimentation.

			1	2	3	4	5	6	7	8	9
Code de l'entretien			Nombre de sites expérimentaux <i>nbes</i> (0, 1, 2)	Nombre total de génotypes étudiés <i>nbign</i> (0, 1, 2)	Nombre de génotypes par essai <i>nbgnes</i> (0, 1, 2)	Homogénéité des listes variétales entre essais <i>homlsv</i> (0, 1, 2)	Part des essais réalisés par l'entrep. <i>pesint</i> (0, 1, 2)	Part en partenariat "proche" (a) <i>pespro</i> (0, 1, 2)	Part en partenariat distant ou en prestation (b) <i>pespst</i> (0, 1, 2)	Dispositifs <i>dispex</i> (0, 1, 2)	Conduites T/NT <i>condnt</i> (0, 1, 2)
1	I4.1	A1									
2	I4.1	A2									
3	I4.2	A1									
4	I4.2	A2									
5	I4.3	A1									
6	I4.3	A2									
7	S1.1	A1									
8	S1.1	A2									
9	S3.1	A1									
10	S3.1	A2									
11	S2.1	A1									
12	S2.1	A2									
13	S2.2	A1									
14	S2.2	A2									
15	D2.3	RR									
16	D2.3	RC									
17	D3.2	RR									
18	D3.2	RC									
19	R5.1	RP									
20	R5.1	RV									
21	M6.1	R1	2 sites								
22	M6.2	R2									
23	M7.1	R1	2 sites								
24	M7.1	RR									
25	M7.1	R2									
26	M8.1	R1	1 site								
27	M8.1	RR	2-3 sites								
28	M8.1	R2									
29	M9.1	R1	3 sites								
30	M9.1	R2									
31	M9.2	R1	3 sites								
32	M9.2	R2									
33	T10.1	R1	1 site								
34	T10.1	RP	2 sites								
35	T11.1	RP									
36	T12.1	RP									
37	T12.2	RP	2 sites								
38	T12.2	RR	2 sites								
39	V13.1	RP			(c)					(c)	

**Légende :**



A1 : premières années  
 A2 : années ultérieures ou réseau aval  
 RR : réseau de recherche ou d'acquisition de références  
 RC : réseau pour faire connaître les variétés  
 RP : réseau principal  
 RV : réseau de veille ou de surveillance  
 R1 : réseau restreint ou réseau amont  
 R2 : réseau élargi ou réseau aval

(a) Le partenariat proche est par exemple celui qui relie plusieurs sélectionneurs entre eux, sans compensation financière  
 (b) Le partenariat "distant" ou les prestations donnent lieu à une compensation, qu'elle soit financière ou en nature  
 (c) Dispositif du prestataire

transmettre (entre sélectionneurs et agents de développement, entre agents des organismes de distribution et agriculteurs).

Le plus souvent, des *informations concernant le sol* dans les essais ne sont disponibles que lorsque l'expérimentation est réalisée par l'entreprise. Ces informations sont moins détaillées dès que l'expérimentation est effectuée en partenariat ou en prestation, hormis pour l'organisme I4 qui appuie son recueil d'informations sur un important réseau de prestataires, mais qui impose un protocole précis dans lequel figure une description assez poussée du sol (voir partie 1.3.3, § 3 ci-dessous). Dans certains cas, les informations sur le sol sont issues d'études régionales réalisées par un institut (M9.1 et M9.2, T10.1).

*Concernant les données météorologiques*, la précision des informations est variable, parfois réduite aux commentaires de l'expérimentateur sur les conditions météo globales de l'année (acteurs de l'inscription et de la sélection, chez qui le besoin de données météo externes ne se fait pas sentir, bien qu'il ne soit pas difficile de se les procurer). Au contraire, tous les acteurs des organismes distributeurs interrogés achètent des informations météo issues du réseau Météo-France, notamment l'ETP<sup>20</sup>, pour compléter leurs propres informations, qui peuvent être déjà très détaillées (cas de M7.1, qui recueille des données météo journalières complètes et détaillées sur tous ses essais, à partir de stations météorologiques mobiles ; cas aussi de M8.1).

Le jugement sur les *contraintes agronomiques (ou facteur limitants)* ayant prévalu dans les essais est conduit de manière très variable par les acteurs enquêtés. Ce sont les deux organismes I4 et T12 qui poussent le plus loin leur propre analyse, en se basant surtout sur les observations des expérimentateurs de leur réseau expérimental. Pour plusieurs acteurs, ce sont les visites d'essais qui permettent de se faire une opinion sur les contraintes du milieu, mais celles-ci sont jugées de façon intuitive (S2.1, S2.2, D2.3, S3.1) : les commentaires sur les facteurs limitants ne s'appuient jamais sur une caractérisation des milieux par des variables numériques intégrées dans une analyse des résultats d'essais. Nous avons vu que les visites d'essais ont aussi un rôle très important pour la connaissance des géotypes, mais la confrontation des deux colonnes "visites d'essais" (pour les géotypes et pour les facteurs limitants) nous permet de constater que seulement quelques acteurs traduisent les observations réalisées au cours des visites en terme de facteurs limitants apparus dans les milieux.

### 1.3.3. Comment sont organisés les réseaux d'expérimentation, le recueil des données et leur traitement ?

#### 1. Configuration des réseaux expérimentaux

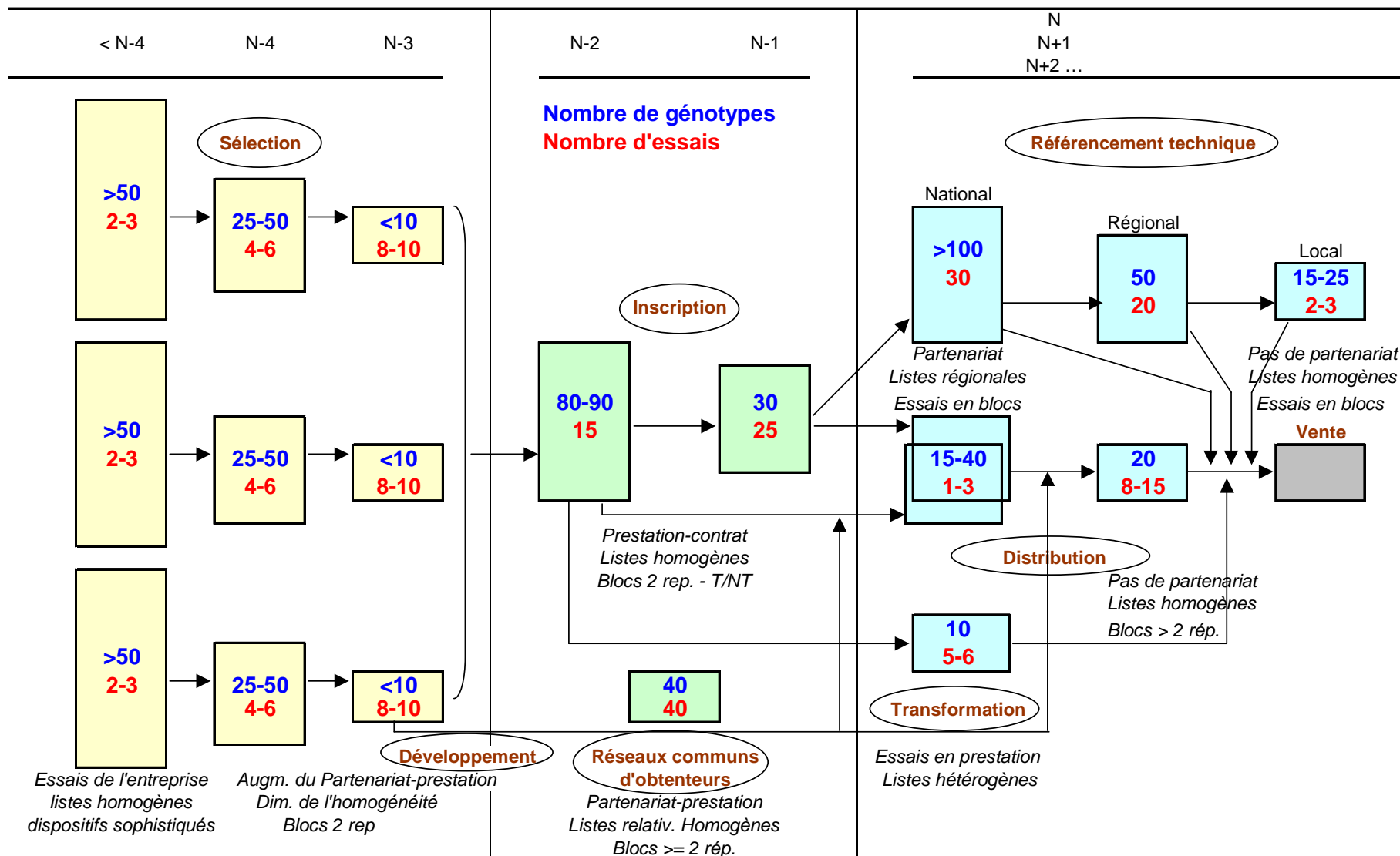
Le tableau 1.5 présente les différentes configurations des réseaux expérimentaux identifiées chez les 21 acteurs analysés, présentés dans le même ordre que pour les tableaux précédents. Du fait de l'utilisation de plusieurs réseaux par un même acteur, 39 configurations expérimentales ont été identifiées.

Les variables retenues pour décrire les configurations expérimentales ont été choisies comme étant explicatives *a priori* de la diversité des réseaux. Il s'agit tout d'abord du nombre de sites expérimentaux (*nbes*), du nombre total de géotypes étudiés (*nbtgn*), du nombre de géotypes par essai (*nbgnes*) et de l'homogénéité des listes variétales entre les essais du réseau (*homslv*)<sup>21</sup>, critères qui apparaissent très variables selon les réseaux. Puis on trouve les variables : part des essais réalisés par l'entreprise ("en interne" : *pesint*), en partenariat "proche" (*pespro*), en partenariat "distant" ou en prestation (*pespst*). Les objectifs du partenariat sont de permettre de compléter un réseau expérimental trop réduit pour accéder à une diversité suffisante de milieux, et de commencer à placer les variétés chez des futurs clients ou distributeurs. Puis figurent les deux variables : dispositifs expérimentaux

<sup>20</sup> *ETP* : Evapotranspiration potentielle. Cette variable, exprimée en mm d'eau comme les précipitations, décrit la demande en eau d'une culture en fonction des facteurs du climat (température, hygrométrie de l'air, vent). Elle ne dépend pas du stade de la culture, ni de la quantité d'eau disponible dans le sol.

<sup>21</sup> Nous verrons plus loin que cette caractéristique est très importante pour permettre l'application de certains outils d'analyse, notamment d'analyse de l'interaction géotype - milieu. L'existence d'une parcelle manquante par bloc ou par traitement peut être compensée par des formules d'estimation des valeurs manquantes (Cochran et Cox, 1957), mais au-delà la correction devient douteuse, et l'estimation des paramètres dans les modèles d'analyse devient impossible.

**Figure 1.3.** Evolution dans le temps et dans l'espace des principales caractéristiques des réseaux d'expérimentation (en particulier, du nombre de géotypes évalués et du nombre d'essais). N représente l'année d'inscription des variétés au catalogue.



(*dispex*) et conduites traitée et non traitée aux fongicides (*condnt*), qui renseignent sur la façon de prendre en compte l'antagonisme entre dimension et hétérogénéité des essais, ainsi que sur l'intérêt qui est porté à la réaction des génotypes à l'absence de traitement fongicide (pour un certain nombre d'acteurs, il y a en même temps une réduction de la dose d'azote et la suppression des régulateurs de croissance). La plupart des acteurs considèrent en effet qu'il est important d'évaluer à un moment ou à un autre les génotypes dans des conditions défavorables pour appréhender leur réaction face à des contraintes diverses.

**Pour l'inscription et la sélection**, on observe une structuration chronologique des réseaux, avec une augmentation dans le temps du nombre d'essais et une diminution du nombre de génotypes évalués, conséquence du tri réalisé parmi les génotypes disponibles pour n'en retenir qu'un petit nombre, correspondant aux objectifs fixés. Ces évolutions sont illustrées sur la figure 1.3. Mais le pas de temps est plus long pour la sélection (7-8 ans) que pour l'inscription (2 ans). Pour l'organisme I4, le nombre de sites expérimentaux en blé tendre est de 13 en première année (avec 2 essais par site) et de 23 en deuxième année (1 essai par site), alors que le nombre de génotypes étudiés est élevé en première année, de l'ordre de 80, puis restreint à moins de 40 en deuxième année. Les essais sont toujours constitués d'une liste homogène d'une quarantaine de génotypes au maximum, par grande zone expérimentale (zone nord et zone sud), et la plus grande partie des essais est réalisée par des prestataires. Les dispositifs expérimentaux sont identiques dans tous les essais. Il s'agit de blocs de Fisher ou de Split-plots à deux répétitions<sup>22</sup>, avec toujours une conduite traitée aux fongicides et une conduite non traitée (sans cumul avec d'autres variantes de l'itinéraire technique, telles que la fertilisation azotée).

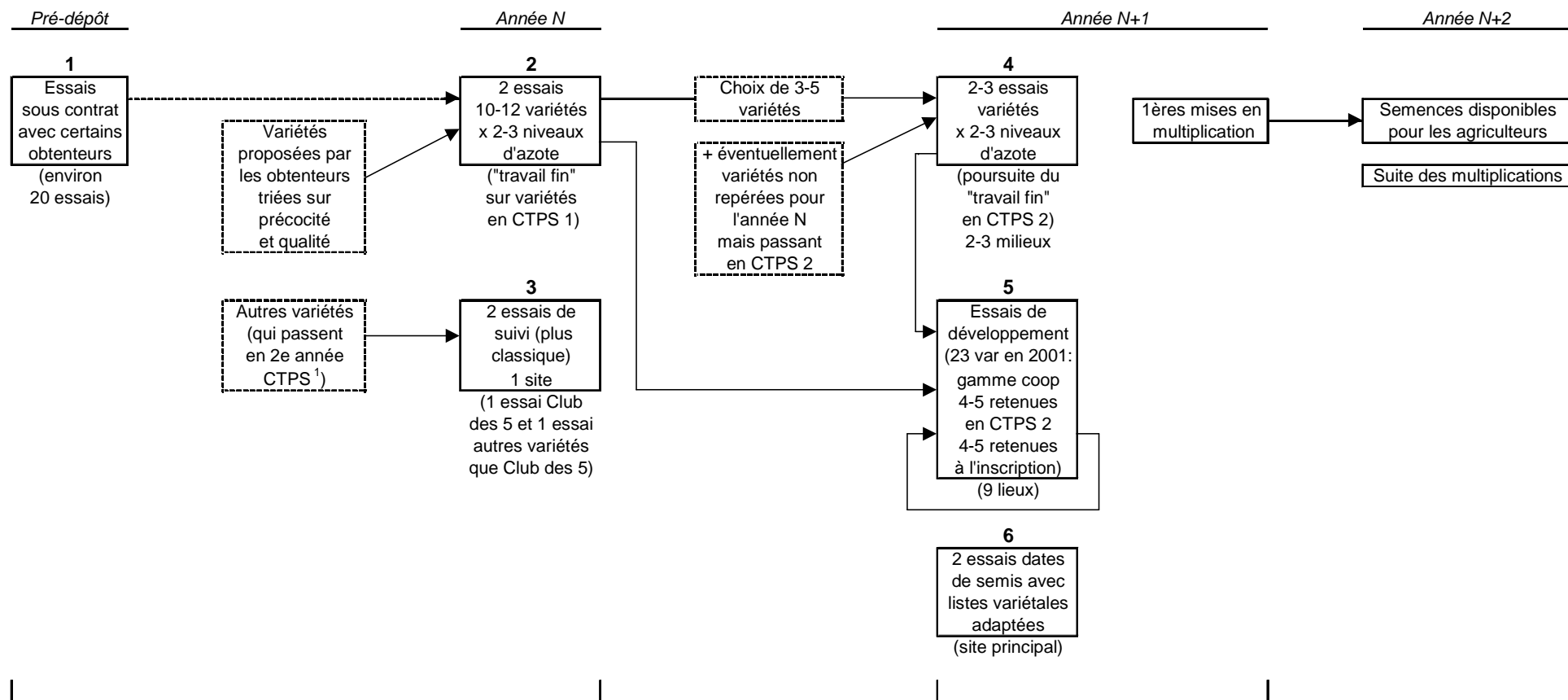
Chez les sélectionneurs S1.1, S2.1 et S3.1, il faut distinguer un réseau interne qui correspond aux premières années de sélection (jusqu'en F5 ou F6 selon les sélectionneurs), avec un faible nombre de sites (moins de 5), et un réseau en partenariat ou en prestation de service au-delà (à partir de F6 ou F7), où le nombre de sites expérimentaux augmente progressivement pour atteindre 7 à 10 l'année qui précède le dépôt à l'inscription. S2.2 a un rôle intermédiaire entre sélection et développement au sein de son entreprise. Ainsi son réseau A1 correspond aux réseaux A2 des autres sélectionneurs, et nous verrons que son réseau A2 correspond davantage à un réseau de développement. Le nombre de génotypes est très élevé au cours des premières étapes de la sélection et diminue rapidement au fil des générations pour atteindre une dizaine en fin de sélection (figure 1.3). L'homogénéité des listes variétales est variable et est à rapprocher du souhait de certains sélectionneurs de proposer des types variétaux adaptés à des grandes zones géographiques<sup>23</sup>. Compte tenu du nombre important de génotypes, notamment dans les premières années de sélection, les sélectionneurs ont adopté des dispositifs expérimentaux qui tendent à limiter les dimensions des essais pour mieux contrôler les hétérogénéités du terrain. Ils utilisent notamment des lattices<sup>24</sup> ou dispositifs dérivés (S1.1, S2.1, S2.2, S3.1), mais certains d'entre eux reviennent à des dispositifs en blocs en fin de sélection (S2.1, S2.2), en augmentant éventuellement le nombre de répétitions (S3.1A2). La comparaison des conduites traitée et

<sup>22</sup> **Les répétitions** permettent d'associer aux résultats des statistiques qui en indiquent la précision. Plus le nombre de répétitions est élevé, plus les résultats sont précis. Les **blocs de Fisher**, les **Split-plots** et les **Criss-cross**, sont des dispositifs expérimentaux en blocs complets (chacune des répétitions, ou blocs, comporte la totalité des variétés expérimentées). Les blocs sont disposés perpendiculairement à une hétérogénéité de terrain identifiée *a priori*, de façon à la contrôler. Dans les **blocs de Fisher**, les facteurs étudiés (variétés et conduites de culture par exemple) sont tirés au hasard à l'intérieur de chaque bloc. Dans les **Split-plots**, au moins deux facteurs sont étudiés (par exemple : variété et conduite de culture), et le tirage au hasard est effectué à l'intérieur des sous-blocs constitués par les différents niveaux de l'un des facteurs (par exemple les différentes conduites de culture). Dans les **Criss-cross**, les deux facteurs étudiés sont disposés en sous-blocs perpendiculaires.

<sup>23</sup> Cette préoccupation apparaît plus marquée chez les sélectionneurs du nord de la France qui sélectionnent naturellement des génotypes tardifs, et qui ont, de ce fait, plus de difficultés à proposer des génotypes adaptés à des aires de culture très étendues.

<sup>24</sup> **Lattices** : dispositif expérimental en blocs incomplets équilibrés (la liste variétale n'est pas complète à l'intérieur de chacun des blocs, mais, sur l'ensemble des blocs, toutes les variétés apparaissent le même nombre de fois). Le nombre de niveaux du facteur étudié (variété par exemple) est égal au carré de la taille des blocs incomplets (pour  $v=25$  variétés étudiées, il y a donc  $k=5$  variétés par bloc), les blocs (au nombre de  $b=k(k+1)$ , soit 30 dans notre exemple) sont arrangés en groupes de répétitions dont le nombre  $r$  est égal à la taille des blocs + 1 (dans l'exemple précédent, il y a donc 6 groupes). Quand le nombre de groupes est pair, il est possible de construire un **lattice carré équilibré** avec seulement la moitié des groupes (dans l'exemple précédent, l'essai se limite donc à 3 groupes de répétitions). L'intérêt de ces dispositifs est de réduire la dimension des blocs et de l'essai, ce qui limite les hétérogénéités de terrain recouvertes par l'essai.

**Figure 1.4.** Exemple d'enchaînement des différents types d'essais variétaux dans une entreprise de multiplication-distribution.



1, 2, 3 : Essais réalisés en milieu favorable pour limiter les facteurs limitants

4 : 1- milieu favorable  
2- milieu séchant (rendzine argilo-calcaire caillouteuse)  
3- milieu hydromorphe (limons battants)

<sup>1</sup> CTPS : Comité Technique Permanent de la Sélection

5 : 9 milieux favorables/défavorables dans des zones de précocités différentes. 1 essai commun avec Arvalis

non traitée aux fongicides n'est pas systématique dans tous les essais. Elle est même très réduite pour S1.1, qui considère qu'il a suffisamment d'informations sur le comportement des génotypes vis-à-vis des maladies dans ses pépinières d'observation.

Juste avant le dépôt à l'inscription, les génotypes commencent à être pris en charge par les **agents de développement des obtenteurs** (figure 1.3), ici D2.3 et D3.2. Ceux-ci gèrent des essais regroupant des génotypes issus de plusieurs générations (ceux qui se situent en pré-inscription ou en cours d'inscription, ainsi que des variétés déjà commercialisées), soit une quinzaine de génotypes en tout. Deux grands types de réseaux apparaissent : un réseau d'essais destinés à mieux connaître les génotypes dans une grande diversité de situations, et à approfondir la connaissance de leur comportement (*RR*), réalisés par l'entreprise, par des partenaires (autres sélectionneurs) ou des prestataires (institut technique...), et un réseau d'essais réalisés par des multiplicateurs - distributeurs, que l'on considérera plutôt comme des prestataires, destiné à la fois à acquérir de nouvelles références sur les génotypes, et à les faire connaître (*RC*). Pour un même génotype, les deux réseaux peuvent coexister (il n'y a pas de séparation chronologique nette entre eux). Au total, cela fait un grand nombre d'essais dont les configurations peuvent être très différentes : les listes variétales sont assez homogènes à l'intérieur des réseaux de partenaires, mais sont en général très hétérogènes à travers les différents réseaux des distributeurs. L'acteur R5.1 est dans le même cas, car il intervient dans plusieurs réseaux expérimentaux de sélectionneurs et de distributeurs. Mais il gère une quantité de génotypes très importante, du fait qu'il travaille pour l'ensemble de la distribution. Il a deux réseaux principaux (*RP*) qui ont la même fonction, mais avec des génotypes d'origines différentes, et un réseau de surveillance (*RV*), qui prend en compte des génotypes plus jeunes (c'est-à-dire introduits plus récemment dans les réseaux d'évaluation). Nous avons vu que pour tous ces agents (D2.3, D3.2 et R5.1), l'expérimentation réalisée par l'entreprise représente une part réduite, mais non négligeable, en terme d'apport d'information (tableau 1.4), par exemple pour ce qui concerne des comparaisons de génotypes sous différentes conduites culturales.

Les dispositifs expérimentaux sont simples (blocs de Fisher, Split-plots ou Criss-cross), avec éventuellement un nombre de répétitions supérieur à 2 (D3.2, R5.1). La comparaison des conduites traitées et non traitées est fréquente, voire systématique.

**Pour les activités de multiplication - distribution**, on retrouve une structuration chronologique des réseaux, avec, entre l'amont et l'aval, une augmentation du nombre des sites expérimentaux, qui s'accompagne d'une diversification (zone de culture, type de sol, conduites de culture), et une diminution du nombre de génotypes. Dans l'organisme M6, l'acteur M6.1 intervient en amont (pré-inscription et inscription) de l'acteur M6.2, qui s'occupe des essais de post-inscription. Le même type de découpage existe chez les autres organismes de distribution, mais c'est souvent le même agent qui supervise l'ensemble. Les réseaux *R1* comportent des essais de pré-inscription, réalisés en partenariat (dans le cadre de groupements de distributeurs), ou en prestation de service pour des sélectionneurs, et sont conduits le plus souvent sur un mode proche des essais du GEVES (essais en blocs, split-plot ou criss-cross, avec conduites traitée et non traitée aux fongicides). Mais il peut aussi s'agir d'essais officiels d'inscription, réalisés pour le compte du GEVES. Ces essais concernent donc des variétés nouvelles dont l'observation débute. Les essais *R2* sont des essais de post-inscription sur des variétés référencées et multipliées par l'entreprise de distribution, éventuellement communs avec des essais Arvalis (anciennement ITCF<sup>25</sup>), et les essais *RR* sont des essais de "recherche", moins nombreux, destinés à approfondir la connaissance des génotypes par rapport à certaines techniques ou certains facteurs limitants. Une illustration de l'enchaînement de ces différents essais est donnée sur la figure 1.4.

Dans ces organismes, le nombre total de génotypes étudiés est élevé (parfois plus de 50), notamment au cours de la phase exploratoire qui conduit à un premier choix (l'acteur M6.2 bénéficie du tri de M6.1, ce qui limite le nombre de variétés qu'il prend en compte). Le nombre de génotypes par essai est variable, important pour certains, volontairement réduit pour d'autres (par exemple, les essais réalisés sur les nouvelles variétés de l'organisme M7.1 comptent 15 variétés au maximum). Le

<sup>25</sup> **ITCF** : Institut Technique des Céréales et des Fourrages (devenu Arvalis-Institut du végétal, suite à la fusion avec l'AGPM technique, le 18 décembre 2002).

nombre d'essais variétaux réalisés par ces entreprises est en général moyen (souvent de l'ordre d'une dizaine), mais ils sont souvent intégrés dans des réseaux beaucoup plus importants, dans le cadre de collaborations régionales (groupements techniques régionaux) ou nationales (inscription, Arvalis). Pour tous ces acteurs, le nombre d'essais qui concerne la gamme variétale de l'entreprise est jugé suffisant, voire pléthorique (M6.2, M9.1) : le nombre d'essais gérés en propre n'est pas justifié ici par la diversité des situations pédo-climatiques, mais par le désir d'avoir des essais "bien répartis", qui puissent servir de support à des animations et à des visites auprès des agriculteurs (voir note 19 p.25). L'homogénéité des listes variétales est en général très bonne à l'intérieur d'une même catégorie d'essais (par exemple : essais comportant toutes les variétés référencées), mais certains (comme M8.1) définissent tout de même des listes par région ou par type de milieu, en fonction de la diversité des situations qu'ils recouvrent.

Tous les organismes multiplicateurs - distributeurs réalisent eux-mêmes l'essentiel de leurs essais, ils déterminent leurs listes variétales dans lesquelles ils accueillent un certain nombre de géotypes proposés par les obtenteurs, et ce sont eux également qui choisissent les sites et conduites culturales. Les dispositifs expérimentaux sont simples (blocs de Fisher ou Split-plots), mais comportent plus de deux répétitions, jusqu'à six pour certains. Dans les organismes M6 et M9, une répétition non traitée est systématiquement située en vis-à-vis d'une répétition traitée pour juger visuellement du comportement des géotypes par rapport aux maladies. M7.1 implante rarement une répétition non traitée dans ses essais, car il considère qu'il a suffisamment d'informations par ailleurs sur le comportement des géotypes vis-à-vis des maladies.

**Chez les organismes techniques**, les mêmes essais sont reproduits chaque année à l'identique, avec des listes variétales qui évoluent, mais il n'y a pas de structuration chronologique des réseaux. En revanche, le nombre d'essais et le nombre de variétés expérimentées sont bien reliés à l'échelle spatiale à laquelle travaille l'organisme ou l'acteur. Ainsi, les acteurs T11.1 et T12.1 gèrent à la fois un grand nombre de variétés et d'essais, répartis sur l'ensemble d'une région ou sur toute la France, avec des listes variétales hétérogènes (pour T11.1, le nombre de variétés par essai et leur nature sont variables car ils dépendent du partenaire), ou régionalisées (T12.1). A l'inverse, T10.1 et T12.2 gèrent chacun deux ou trois essais variétaux seulement, avec une liste de variétés plus réduite, mais homogène entre essais : T12.2, qui appartient au même organisme que T12.1, assure la mise en place et le suivi régional d'une sous-liste variétale homogène, définie au niveau national. Et il a, en plus du réseau principal (RP), des essais "recherche" (RR) destinés à approfondir la connaissance d'un nombre réduit de variétés (de l'ordre de 5, sur lesquelles des mesures approfondies telles que des composantes du rendement sont réalisées). T10.1 possède en plus des essais sous contrat qui rejoignent le type RI du groupe précédent.

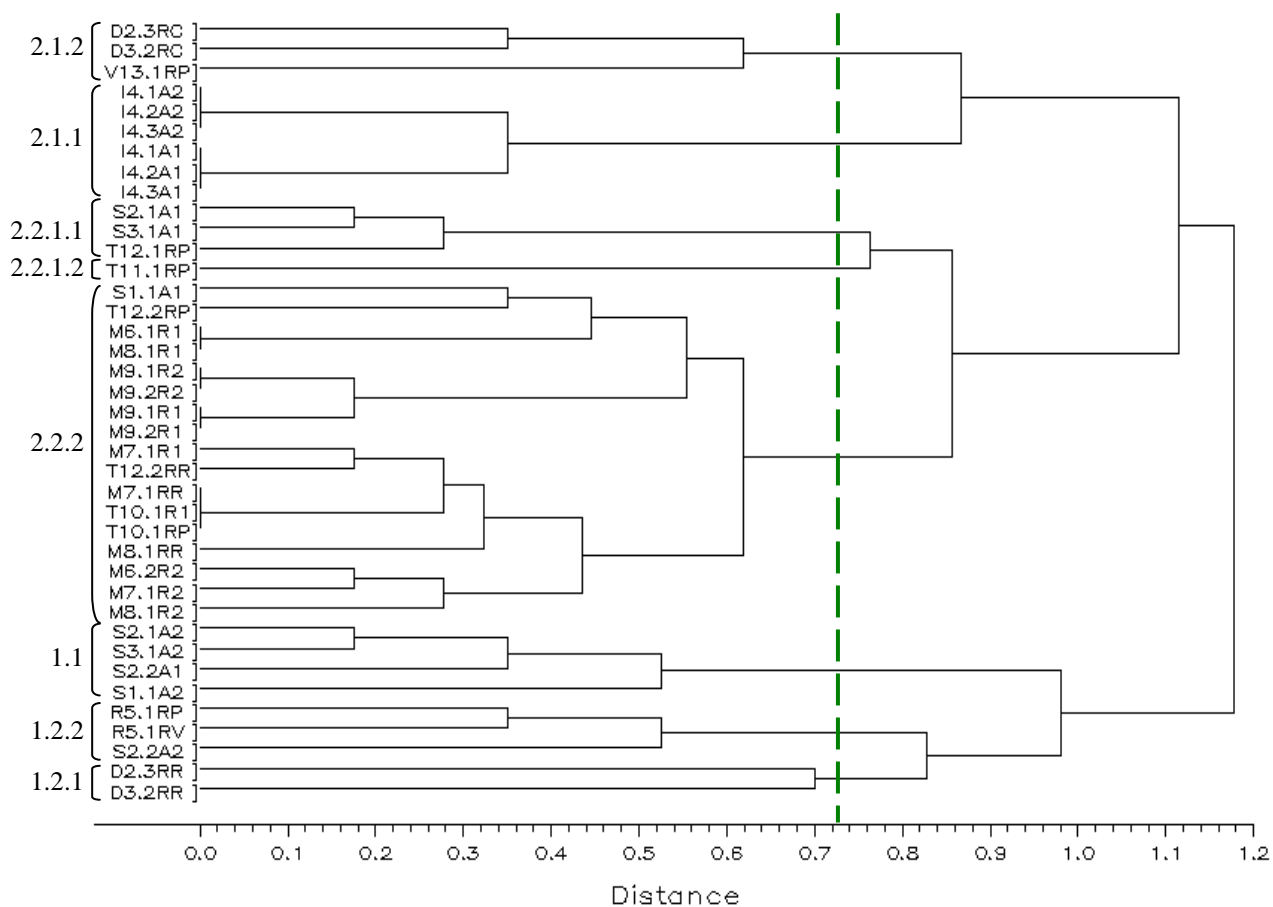
Chez tous ces acteurs, les essais sont essentiellement réalisés par l'entreprise, sauf pour T11.1, qui a un rôle d'animation d'un réseau constitué par des partenaires distributeurs ou organismes techniques agissant à l'échelle d'un département. De ce fait, il a moins de liberté de choix sur les listes variétales et les conduites de culture. Les dispositifs sont en général des essais en blocs ou split-plots à deux répétitions ou plus. Dans l'organisme T12, on cherche à améliorer la fiabilité des essais en développant des dispositifs expérimentaux comme les alpha-plans<sup>26</sup> qui permettent de mieux contrôler *a posteriori* les hétérogénéités de terrain. La comparaison des conduites traitée et non traitée est fréquente, sauf dans le réseau "recherche" de T12.2.

**Pour la transformation**, l'acteur V13.1 s'intéresse à un nombre restreint de variétés, qui sont incluses dans des listes variétales et des dispositifs expérimentaux appartenant à des prestataires de service. Les listes variétales sont donc totalement ou en grande partie déterminées par les prestataires avec qui cet acteur travaille, pourvu que les variétés qui l'intéressent y figurent. Une entente a lieu en revanche pour déterminer les conduites culturales, dans lesquelles des variations de fumure azotée sont systématiquement pratiquées. Cet acteur ne s'intéresse pas à la résistance des variétés aux maladies.

<sup>26</sup> Les **Alpha-plans** sont des dispositifs proches des blocs de Fisher, dans lesquels les blocs peuvent être définis *a posteriori*, selon l'une ou l'autre des deux dimensions perpendiculaires de l'essai. L'intérêt de ce dispositif est de permettre de mieux contrôler dans l'analyse des résultats les hétérogénéités de terrain qui auraient été mal appréhendées lors de l'implantation.



**Figure 1.5.** Classification automatique des 39 réseaux à partir des variables décrivant leur configuration.



La limite en pointillés permet de définir 8 groupes qui seront utilisés plus loin pour la définition des usages (voir partie 1.4.1.3 p.49).

La figure 1.5 montre la classification automatique des réseaux, réalisée à partir des variables du tableau 1.5, et les liens entre les variables, ou entre les individus et les variables, ont été analysés par une AFC (présentée en annexe 4.3). En annexe 4.4 est présenté le tableau 1.5 ordonné suivant la classification de la figure 1.5. On constate que les premiers réseaux qui s'individualisent (en partant de la droite de la figure) sont d'une part les réseaux de fin de sélection (S2.1A2, S3.1A2, S2.2A1, S1.1A2), et d'autre part les réseaux de développement de type *RR* (destinés à approfondir la connaissance des génotypes : D2.3RR, D3.2RR), les réseaux communs à plusieurs entreprises de distribution, et le réseau S2.2A2, qui s'avère proche d'un réseau de développement. Ces réseaux se caractérisent notamment par le rôle du partenariat dans la réalisation des essais (*pespro1*). Les deux sous-ensembles se distinguent ensuite (groupe 1.1 pour la fin de sélection, groupe 1.2 pour le développement et l'animation d'un réseau de distribution, ces deux types d'activité pouvant être séparés en deux sous-groupes 1.2.1 et 1.2.2). Ici, la séparation se fait sur le nombre de sites expérimentaux, plus faible pour les réseaux de fin de sélection que pour les réseaux de développement, et sur la part expérimentale réalisée par l'entreprise (plus importante en sélection) ou par des partenaires ou prestataires (plus importante pour le développement).

Parmi les autres réseaux, les réseaux d'inscription, les réseaux de développement commercial et le réseau de l'acteur V13.1 se distinguent (groupe 2.1) par le fait qu'ils sont intégralement réalisés dans le cadre de prestations de service (ou partenariat "distant"). Ils se séparent rapidement les uns des autres (groupe 2.1.1 pour les réseaux d'inscription, groupe 2.1.2 pour les autres réseaux), sur le nombre de génotypes total étudiés et sur le nombre de génotypes par essai, nettement plus importants dans les réseaux d'inscription. Les réseaux restants (groupe 2.2) se séparent en réseaux de sélection précoce associés à deux réseaux techniques (S2.1A1, S3.1A1 et T12.1RP qui constituent le groupe 2.2.1.1, et T11.1RP : groupe 2.2.1.2), et en réseaux des organismes de multiplication – distribution, auxquels s'ajoutent le réseau S1.1A1 et les autres réseaux des organismes techniques (T10.1R1, T10.1RP, T12.2RP, T12.2RR : groupe 2.2.2). Ici, c'est sur la nature des dispositifs expérimentaux que se fait la séparation (plus complexes dans les réseaux de sélection précoce et dans les 2 réseaux techniques du même groupe) et sur l'homogénéité des listes variétales (supérieure dans les réseaux des organismes de multiplication – distribution).

## 2. Recueil des données sur les génotypes

Le tableau 1.6 présente les données recueillies sur les essais (rendement, caractéristiques de qualité, notes de maladies et d'accidents, précocité et stades de développement), ainsi qu'un certain nombre d'informations interprétées, qui concernent essentiellement des caractéristiques d'adaptation des génotypes (adaptation à différents types de sol, à des zones ou à des techniques de culture...).

Parmi les informations recueillies sur les essais on trouve :

- **Le rendement.** Cette information est retirée des essais par tous les acteurs sauf V13.1, qui se préoccupe essentiellement des caractéristiques qualitatives des grains. La détermination du rendement s'appuie presque toujours sur une mesure précise du **taux d'humidité des grains**, mis à part chez certains sélectionneurs pour qui cette information n'est pas recueillie systématiquement<sup>27</sup>, ainsi que pour les acteurs D2.3, R5.1 et T11.1, dont les réseaux reposent fortement sur le partenariat.




- **Le poids de 1000 grains (PMG) et les autres composantes du rendement**<sup>28</sup> sont des éléments de connaissance des génotypes nettement moins pris en compte. Mais ils sont importants pour certains acteurs, qui utilisent ces informations pour positionner les génotypes dans des milieux particuliers (ex. variétés à gros grains pour les plateaux : M7.1 ; variétés à fort tallage dans les sols de craie), et aussi pour interpréter les résultats (telle variété est plus sensible au stress hydrique en fin de cycle parce que son PMG a été davantage affecté : M8.1). Le PMG est recueilli chez les agents de développement, dans presque tous les services techniques des organismes de distribution et chez certains organismes techniques. Mais cette information n'est pas systématiquement utilisée, même

<sup>27</sup> La détermination du taux d'humidité sur un grand nombre de lignées est fastidieuse, et le tri des lignées ne requiert pas un niveau de précision sur le rendement aussi élevé que les étapes ultérieures.

<sup>28</sup> Le rendement *Rdt* peut être décomposé en *Composantes du rendement* (Poids de 1000 grains, nombre de grains par m<sup>2</sup>, ...), qui s'élaborent successivement tout au long du cycle du blé (voir partie 2.2.3 p.75).

**Tableau 1.6.** Informations sur les géotypes, recueillies ou interprétées dans les réseaux expérimentaux, classées par fréquence d'obtention décroissante.

	Code de l'entretien	Informations recueillies												Informations interprétées					
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
		Rendt <i>ignrdt</i> (0, 2)	Date d'épiaison <i>igndepi</i> (0, 2)	H2O <i>ignhm</i> (0, 1)	Notations maladies <i>ignmal</i> (0, 1, 2)	Autres accidents (verse...) <i>ignres</i> (0, 1, 2)	Protéines <i>ignprot</i> (1, 2)	PS <i>ignps</i> (1, 2)	Tests indirects <i>igntind</i> (0, 1, 2)	PMG <i>ignpmg</i> (0, 1, 2)	Panification <i>ignpain</i> (0, 1, 2)	Autres stades <i>ignstd</i> (0, 1)	Autres compos. (a) <i>igncmp</i> (0, 1, 2)	Réponse aux traitements fongicides <i>ignfong</i> (0, 1, 2)	Adaptation à la zone de culture <i>ignzone</i> (0, 1, 2)	Réponse au type de sol <i>ignsol</i> (0, 1, 2)	Réponse à la fumure azotée <i>ignazot</i> (0, 1, 2)	Réponse à la date / densité de semis <i>ignsem</i> (0, 1, 2)	Réponse blé / blé <i>ignble</i> (0, 1)
1	I4.1	A1																	
2	I4.1	A2																	
3	I4.2	A1																	
4	I4.2	A2																	
5	I4.3	A1																	
6	I4.3	A2																	
7	S1.1	A1																	
8	S1.1	A2																	
9	S3.1	A1																	
10	S3.1	A2																	
11	S2.1	A1																	
12	S2.1	A2																	
13	S2.2	A1																	
14	S2.2	A2																	
15	D2.3	RR																	
16	D2.3	RC																	
17	D3.2	RR																	
18	D3.2	RC																	
19	R5.1	RP																	
20	R5.1	RV																	
21	M6.1	R1																	
22	M6.2	R2																	
23	M7.1	R1																	
24	M7.1	RR																	
25	M7.1	R2																	
26	M8.1	R1																	
27	M8.1	RR																	
28	M8.1	R2																	
29	M9.1	R1																	
30	M9.1	R2																	
31	M9.2	R1																	
32	M9.2	R2																	
33	T10.1	R1																	
34	T10.1	RP																	
35	T11.1	RP																	
36	T12.1	RP																	
37	T12.2	RP																	
38	T12.2	RR																	
39	V13.1	RP																	

**Légende :**  Donnée toujours recueillie (dans tous les essais) (2)  
 Donnée imparfaitement ou non systématiquement recueillie : sur certains essais ou certaines variétés seulement (1)  
 Donnée non recueillie (0)

(a) Ici "Autres compos" représente les autres composantes du rendement : nombre de grains par m<sup>2</sup> (NGm<sup>2</sup>), nombre de grains par épi (NGE), nombre d'épis par m<sup>2</sup> (NEm<sup>2</sup>), nombre de pieds par m<sup>2</sup> (NPM<sup>2</sup>), ou les mesures de biomasse (quantité de matière sèche) fabriquée à un stade particulier

quand elle est disponible (M7, M8, M9). M7.1 et M8.1 mesurent systématiquement d'autres composantes du rendement (NPM<sup>2</sup>, NEM<sup>2</sup>) et font figurer ces informations dans leurs synthèses.

- Concernant **les stades de développement**, la date d'épiaison est systématiquement notée dans les essais, sauf pour V13.1, alors que c'est nettement moins fréquent et beaucoup plus variable pour les autres stades. L'acteur de développement D3.2, les acteurs de la distribution M6.1 et M7.1 notent toujours la levée, le stade épi 1cm. Pour d'autres, ces notations ne sont pas réalisées systématiquement (T11.1), même si elles sont demandées : elles ne sont alors réalisées que dans certains essais ou sur certains géotypes (M6.2, M8.1, I4, T12).

- L'expérimentation est une importante source d'informations sur **la rusticité** des géotypes (résistances aux maladies, à la verse) chez tous les acteurs interrogés sauf V13.1. Le plus souvent, les notations ne sont réalisées qu'à l'occasion de l'apparition de maladies ou de verse dans les essais, et non pas systématiquement (réseaux de sélection et de développement en particulier).

- **Le taux de protéines et le poids spécifique (PS)** sont recueillis dans tous les réseaux, au moins sur certains essais, et de façon systématique chez les organismes de multiplication – distribution et les organismes techniques. Ces mesures sont facilitées par l'utilisation peu coûteuse d'analyseurs à infra-rouge. **Les tests indirects** de valeur boulangère (Hagberg, SDS, Zeleny, Pelshenke, Alvéographe Chopin), et **la panification** sont réalisés de façon quasiment systématique chez les organismes distributeurs (mais aussi chez D3.2, qui a une activité de développement), ou seulement sur certains essais chez les sélectionneurs et dans l'organisme I4 (mais S3.1 mesure les teneurs en protéines et réalise des test indirects systématiquement sur tous ses essais). Toutes les indications de qualité sont fondamentales pour V13.1.

D'autres informations concernent le comportement des géotypes sous certaines conduites de culture. Parmi elles, **la réponse des variétés aux traitements fongicides** est l'information la plus souvent recueillie. En comparaison, **la réponse des variétés à la date ou à la densité de semis, à la fertilisation azotée** (notamment pour son influence sur la qualité du grain), ou **à la nature du précédent** (quand les situations de blé sur blé sont fréquentes dans l'aire d'activité concernée) est renseignée de façon plus rare, et selon les préoccupations propres des organismes. Pour obtenir ces informations, des essais spécifiques sont mis en place, dans lesquels les variétés sont semées à différentes dates, conduites avec et sans traitement fongicide, ou soumises à différentes doses d'engrais azoté. La réponse des variétés à la nature du précédent ne fait pas l'objet d'essais analytiques (variétés cultivées avec différents types de précédents dans un même milieu), mais est interprétée à partir des résultats obtenus dans les différents essais du réseau. De même, **l'adaptation à la zone géographique de culture** et **l'adaptation au type de sol** sont des caractérisations synthétiques qui nécessitent la comparaison d'essais, une première analyse de l'interaction géotype - milieu, ou la prise en compte de certaines caractéristiques variétales comme le poids de 1000 grains ou le tallage (voir § 1.3.4).




Le tableau 1.6 témoigne de la grande diversité des réseaux pour l'information recueillie sur les géotypes, y compris à l'intérieur d'une même catégorie d'acteurs : on n'observe pas de structuration de ce tableau qui corresponde aux différents types de réseaux. Les axes de l'AFC réalisée sur ces caractères (voir figure en annexe 4.5) sont relativement peu explicatifs, et le graphe montre un grand étalement des réseaux, même à l'intérieur des types d'activité qui ont été définis *a priori*. On ne retrouve pas non plus les groupes issus de la classification des réseaux (de la figure 1.5). En revanche, des regroupements peuvent être effectués par entreprise (par exemple, les entreprises S1, S2, S3, M7, ou M9).

On ne relie pas très bien non plus l'information recueillie sur les géotypes avec la configuration des réseaux : sur le graphe de l'AFC réalisée avec les variables décrivant la configuration des réseaux et les informations obtenues sur les géotypes (annexe 4.6), on observe une grande dispersion des réseaux correspondant aux mêmes types d'activité et une interpénétration des réseaux relevant de types d'activité différents.

**Tableau 1.7.** Informations sur les milieux recueillies dans les réseaux expérimentaux, classées par fréquence d'obtention décroissante.

			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	Code de l'entretien		Type de sol <i>imlsol</i> (1, 2)	Représentativité / typologie régionale <i>imltyp</i> (1, 2)	Homogénéité <i>imlhom</i> (0, 1, 2)	Précédent <i>imlprd</i> (0, 1, 2)	Potentialités agricoles <i>imlrdt</i> (0, 1, 2)	P <i>imlpp</i> (0, 1, 2)	Tmp <i>imltmp</i> (0, 1, 2)	ETP <i>imletp</i> (0, 1, 2)	RU <i>imlru</i> (0, 1, 2)	Facteurs limitants <i>imlfl</i> (0, 1, 2)
1	I4.1	A1										
2	I4.1	A2										
3	I4.2	A1										
4	I4.2	A2										
5	I4.3	A1										
6	I4.3	A2										
7	S1.1	A1										
8	S1.1	A2										
9	S3.1	A1										
10	S3.1	A2										
11	S2.1	A1										
12	S2.1	A2										
13	S2.2	A1										
14	S2.2	A2										
15	D2.3	RR										
16	D2.3	RC										
17	D3.2	RR										
18	D3.2	RC										
19	R5.1	RP										
20	R5.1	RV										
21	M6.1	R1										
22	M6.2	R2										
23	M7.1	R1										
24	M7.1	RR										
25	M7.1	R2										
26	M8.1	R1										
27	M8.1	RR										
28	M8.1	R2										
29	M9.1	R1										
30	M9.1	R2										
31	M9.2	R1										
32	M9.2	R2										
33	T10.1	R1										
34	T10.1	RP										
35	T11.1	RP										
36	T12.1	RP										
37	T12.2	RP										
38	T12.2	RR										
39	V13.1	RP										

Légende :

-  Information importante, ou toujours recueillie, éventuellement en détail, de façon chiffrée (2)
-  Information secondaire, non systématiquement recueillie, ou sous forme de commentaires (1)
-  Information non recueillie (0)

*RU* : Réserve utile en eau du sol  
*P* : Précipitations  
*ETP* : Evapo-transpiration potentielle  
*Tmp* : Températures

### 3. Recueil des données sur les milieux d'expérimentation (tableau 1.7)

La plupart des acteurs recherchent également des informations sur les milieux d'expérimentation, notamment pour interpréter la variabilité de comportement des géotypes mis en évaluation. Les critères jugés importants pour la connaissance des milieux rejoignent souvent les critères retenus pour choisir les sites expérimentaux :

- **Le type de sol** est une des informations les plus couramment recueillies sur les milieux expérimentaux. Elle sert dans certains cas à classer les résultats expérimentaux au même titre que les zones de culture.

- **La représentativité** des milieux par rapport aux aires de culture (zones géographiques et climatiques), ou par rapport au réseau d'inscription (S3.1), sont également des informations jugées très importantes pour l'appréciation d'un milieu, en lien avec l'objectif de positionner géographiquement les futures variétés. Cette information permet aussi de juger si la stabilité des résultats observée dans le réseau est conforme à ce qui est ou pourra être observé dans l'aire de culture de la variété. Ceci s'illustre pour certains acteurs par l'importance attribuée au critère "précocité (ou tardiveté) du milieu", ou par la recherche de situations contrastées (de plaine ou de plateau...).

- **L'homogénéité du terrain** (type de sol, profondeur de sol, pente) est un critère d'appréciation des milieux très important pour toutes les personnes qui recherchent une bonne fiabilité des informations issues de l'expérimentation. Cette préoccupation est exprimée en particulier par les personnes qui ont à mettre elles-mêmes en place les essais. Elle rejoint la volonté de rechercher les meilleurs dispositifs expérimentaux permettant de contrôler des hétérogénéités du milieu (voir partie 1.3.6.2 : besoins exprimés par les acteurs).

- **Le précédent cultural** est une information fréquemment recueillie sur les essais. Elle prend beaucoup d'importance notamment pour les acteurs qui interviennent dans un secteur où les réensemencements de blé sur blé se pratiquent couramment (M6.2, M9.1, M9.2), et pour ceux qui ont le souci de répondre à cette préoccupation quand elle est exprimée par leurs partenaires ou leurs clients (D3.2).

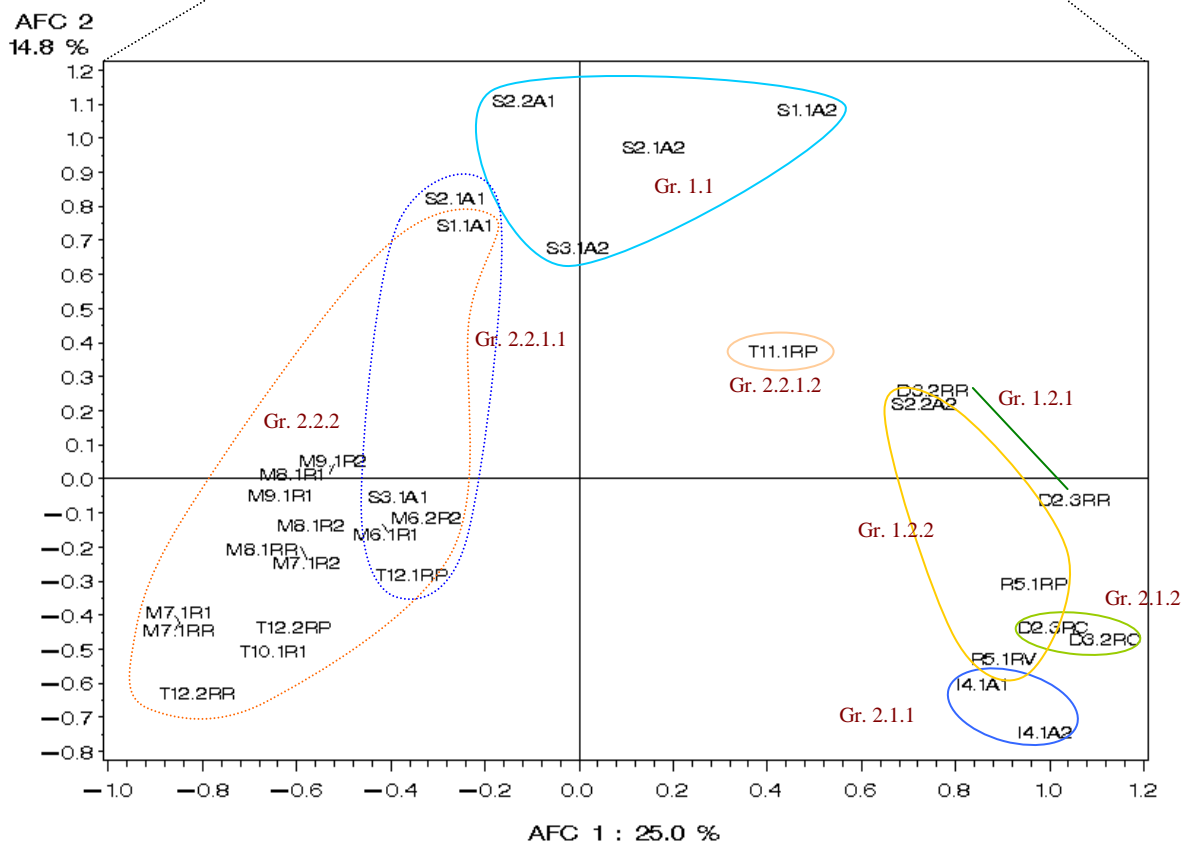
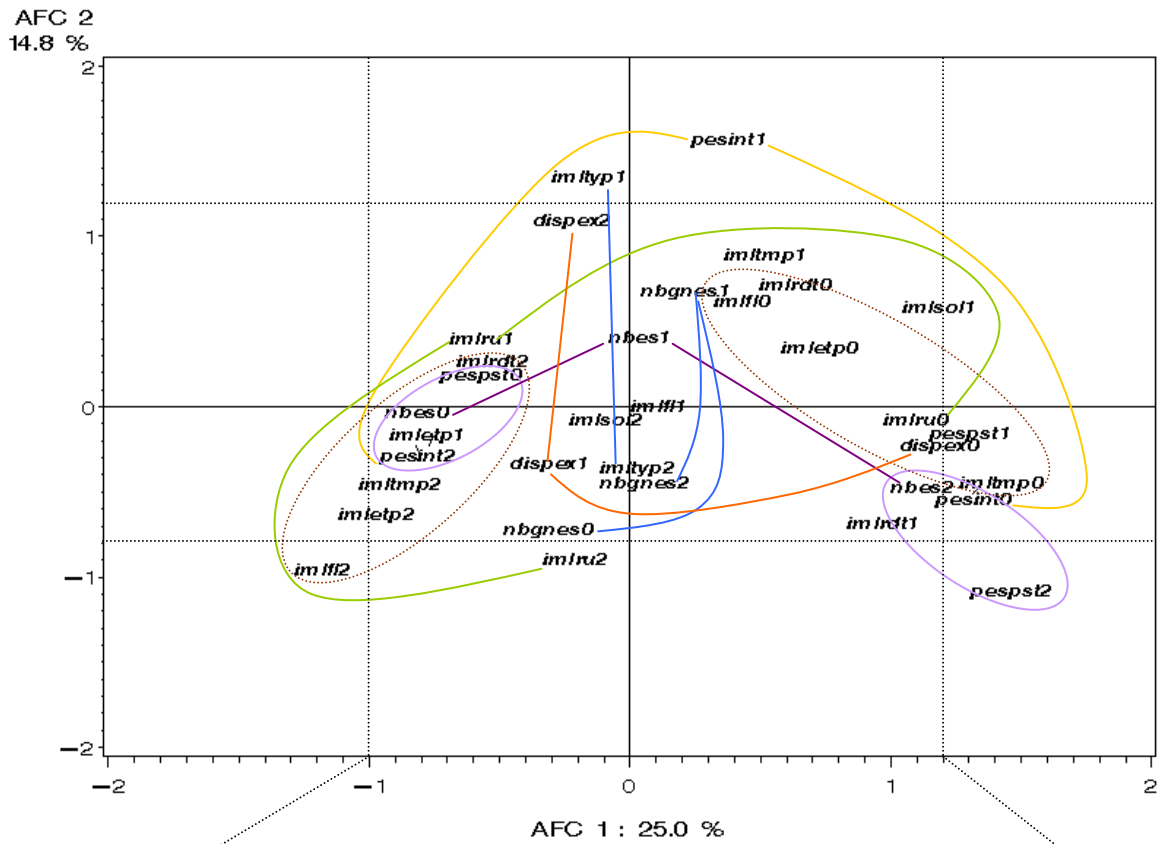
- **Les potentialités agricoles du milieu** (au sens de Boiffin et Sebillotte, 1982, c'est à dire prenant en compte l'ensemble du milieu : climat, sol et milieu biologique, mais aussi le système de culture et la souplesse d'utilisation du milieu) intéressent beaucoup les sélectionneurs, qui cherchent à juger la productivité de leurs géotypes, ainsi que la plupart des agents des organismes distributeurs, qui implantent des essais en situations favorables dans le même but. C'est également le cas pour l'organisme T12.

- Les données météorologiques les plus fréquemment recueillies sont **les précipitations et les températures**, notamment chez les organismes distributeurs (M6 à M9), ainsi que chez certains organismes techniques (T10 et T12). **L'ETP** est renseignée dans un nombre de situations plus faible, uniquement dans les réseaux de multiplication – distribution et des organismes techniques, sauf T11.1. **La réserve en eau du sol (RU)** n'est disponible de façon systématique que chez les organismes techniques T10, T12 et chez l'organisme I4 (alors même que les autres données météorologiques ne sont pas recueillies). Plusieurs considèrent que les données météo peuvent être obtenues facilement (par achat dans le réseau de Météo-France), mais personne ne les utilise de façon approfondie.

- Une partie importante des acteurs indiquent qu'ils cherchent à connaître **les facteurs limitants** apparus dans les milieux expérimentaux (par exemple le stress hydrique, les conditions hivernales, les accidents...), qui sont la cause des mauvais résultats de certains géotypes. Mais, hormis pour les facteurs limitants dont les effets sont visibles (verse, maladies), cette identification est presque toujours intuitive, elle s'appuie principalement sur les observations réalisées dans les essais, et sur la connaissance des conditions globales de l'année. Quand une quantification est entreprise, elle ne concerne que quelques facteurs limitants jugés comme étant primordiaux. Les données météo sont éventuellement consultées (pour vérifier par exemple les périodes de sécheresse ou d'excès de températures), mais aucun indicateur de stress n'est calculé à partir d'elles. Un seul acteur, T10.1, réalise un bilan hydrique systématique. Aucun n'a adopté, dans les essais variétaux, des outils de caractérisation de l'état hydrique du sol (comme les tensiomètres<sup>29</sup>), ou de l'alimentation azotée (tests

<sup>29</sup> Les *tensiomètres* (par ex. sondes Watermark ou Nardeux) sont des sondes qui mesurent la résistivité électrique du sol, qui dépend de son taux d'humidité.

**Figure 1.6.** Axes 1 et 2 de l'AFC réalisée sur 31 réseaux (après retrait de 8 réseaux redondants : I4-2 et 3, M9-1, T10-1RP, ou trop différent : V13-1), à partir de 34 variables décrivant la configuration des réseaux et les informations obtenues sur les milieux. Graphe supérieur : variables ; graphe inférieur : réseaux. Les codes des variables sont ceux des tableaux 1.5 et 1.7. Les groupes sont issus de la classification de la figure 1.5.



Jubil, Ramsès ou Hydro N-Tester<sup>30</sup>), mais ce type d'outils peut être utilisé dans des essais spécifiques voisins (ex. M7.1 utilise un Hydro N-Tester sur des essais azote, et des tensiomètres sur d'autres espèces que les céréales).

La figure 1.6 montre les graphes des axes 1-2 de l'AFC réalisée en associant les variables décrivant la configuration des réseaux et les informations recueillies sur les milieux, sur les mêmes 31 réseaux que ceux de la figure 1.5 (les graphes correspondant aux axes 3-4 sont présentés en annexe 4.8). Certaines variables sont proches les unes des autres (*pespro*, *homlsv* et *pesint*, *nbtgn* et *nbgn*, *imlpp* et *imltmp*), ou apportent relativement moins d'informations que les autres critères (*condtnt*, *imlprd* et *imlhom*). Ainsi, seules 34 variables ont été utilisées dans cette analyse. Leur code est indiqué dans les tableaux 1.5 et 1.7.

Les axes 1 et 2 expliquent 25 et 14.8% de la variation (et les axes 3 et 4, 11 et 9.8%). L'axe 1 est expliqué sur la gauche à la fois par un faible nombre d'essais (*nbes0*), associé à une part expérimentale réalisée par les entreprises (en interne) élevée (*pesint2*) et au contraire une part expérimentale réalisée par des prestataires faibles (*pespst0*). Ces caractéristiques sont opposées sur la droite du graphe (*nbes2*, *pesint0*, *pespst2*). Sur la gauche se trouvent en même temps la plupart des variables décrivant un haut degré d'information sur les milieux (*imlfl2*, *imletp2* et *imletp1*, *imltmp2*, *imlrdt2*), alors que le plus faible degré d'information se trouve dans la partie droite du graphe (*imltmp0*, *imlru0*, *imletp0*, *imlrdt0* et *imlrdt1*, *imlfl0*). Du côté droit se situent aussi les dispositifs expérimentaux les plus simples (*dispex0*). On trouve de ce côté les réseaux de développement (D : groupes de réseaux 1.2.1 et 2.1.2 de la figure 1.5), les deux réseaux du groupement d'organismes de multiplication – distribution (R5.1) et le réseau S2.2A2 (groupe 1.2.2), ainsi que les deux réseaux d'inscription (I4, en bas du graphe : groupe 2.1.1). A l'opposé, du côté gauche, se trouvent tous les réseaux correspondant au groupe 2.2.2 de la figure 1.5 : réseaux de multiplication – distribution et, légèrement en-dessous d'eux, les réseaux des organismes techniques, à l'exception du réseau T11.1RP (groupe 2.2.1.2). Le groupe 2.2.1.1 (réseaux S2.1A1, S3.1A1 et T12.1RP) recouvre en partie le groupe 2.2.2, et est étiré verticalement suivant l'axe 2.

En haut du graphique se trouvent les réseaux de fin de sélection (groupe 1.1), sauf le réseau S2.2A2, plus proche des réseaux de développement. Deux réseaux de début de sélection sont également situés à proximité (S1.1A1 et S2.1A1). Ici, le nombre d'essais est moyen (*nbes1*), les essais sont réalisés en partie seulement par l'entreprise (*pesint1*), avec un niveau d'information sur les milieux qui est plus élevé pour les critères comme les températures et les précipitations (*imltmp1*), ainsi que pour le type de sol (*imltyp1*). Les dispositifs expérimentaux les plus élaborés se trouvent dans les réseaux de début de sélection et dans le réseau T12.1RP (*dispex2*, qui correspond à l'utilisation de lattices ou d'alpha-plans ; ce lien est bien visible sur l'axe 3 de l'AFC, voir annexe 4.8).

On constate que les regroupements de réseaux qui sont visibles sur cette figure sont proches de ceux que l'on observe sur l'AFC réalisée à partir des seules informations collectées sur les milieux (annexe 4.7), et que l'on retrouve assez bien les groupes de réseaux obtenus par la classification sur la configuration des réseaux (figure 1.5). Ceci montre que les informations collectées sur les milieux sont bien reliées à la configuration des réseaux, donc qu'elles dépendent en bonne partie d'elle, contrairement aux informations recueillies sur les génotypes (voir § précédent).

La question est maintenant de savoir comment les informations recueillies sur les milieux (représentativité du milieu, type de sol...) sont utilisées pour conclure sur la réponse des génotypes aux variations de milieux, c'est à dire comment sont mises en relation les informations simples (non interprétées) sur les génotypes (par exemple : le rendement obtenu dans un essai) avec les informations recueillies sur les milieux.

<sup>30</sup> *Jubil* est une marque déposée INRA-ITCF (1993), *Ramsès* est une marque déposée du groupe In-Vivo (1992). Ces tests permettent de caractériser l'état de nutrition azotée d'un peuplement de blé, par le dosage des nitrates dans le jus de la base des tiges des plantes.

Les *chlorophyll-Meter* mesurent par réflectance la quantité de chlorophylle dans les feuilles, qui est liée à l'état physiologique des plantes. Ces appareils permettent donc de décrire des états de carence ou de stress, dus notamment à l'alimentation hydrique ou azotée. Parmi eux, le *Spad* (Minolta, 1992) et l'*Hydro N-Tester* (développé par Hydro Agri France depuis 1994) sont utilisés pour décrire les carences en azote, dans la mesure où une très bonne liaison entre les valeurs du HN-Tester et le taux d'azote dans les plantes a été identifiée. L'HN-Tester est plus discriminant que le jus de base de tige pour des carences en azote faibles, mais est moins sensible pour repérer l'entrée en carence.



**Tableau 1.8.** Analyse et synthèse des résultats, et mode de prise en compte de la stabilité.

		Analyses et synthèse de base				Mode de prise en compte de la stabilité			
		1	2	3	4	5	6	7	8
Code de l'entretien		Mode de centralisation des résultats	Type d'analyse	Mise en forme des résultats	Critères d'appréciation de la qualité expérimentale	Analyse du regroupement d'essais	Mode de regroupement des essais	Zones de regroupement et de présentation des essais	Recherche d'explications aux variations de résultats
		<i>scentr</i> (0, 1, 2)	<i>stypantl</i> (0, 1, 2)	<i>spres</i> (0, 1, 2)	<i>sqalex</i> (0, 1, 2)	<i>sanlgrp</i> (0, 1, 2)	<i>smodgrp</i> (0, 1, 2)	<i>szongrp</i> (0, 1, 2)	<i>sexplic</i> (0, 1, 2)
1	I4.1	A1							
2	I4.1	A2							
3	I4.2	A1							
4	I4.2	A2							
5	I4.3	A1							
6	I4.3	A2							
7	S1.1	A1							
8	S1.1	A2							
9	S3.1	A1							
10	S3.1	A2							
11	S2.1	A1							
12	S2.1	A2							
13	S2.2	A1							
14	S2.2	A2							
15	D2.3	RR							
16	D2.3	RC							
17	D3.2	RR							
18	D3.2	RC							
19	R5.1	RP							
20	R5.1	RV							
21	M6.1	R1							
22	M6.2	R2							
23	M7.1	R1							
24	M7.1	RR							
25	M7.1	R2							
26	M8.1	R1							
27	M8.1	RR							
28	M8.1	R2							
29	M9.1	R1							
30	M9.1	R2							
31	M9.2	R1							
32	M9.2	R2							
33	T10.1	R1							
34	T10.1	RP							
35	T11.1	RP							
36	T12.1	RP							
37	T12.2	RP							
38	T12.2	RR							
39	V13.1	RP							

**Légende :**

- Col 1
- Regroupement, et analyse centralisée (2)
  - Regroupement des résultats déjà analysés par les expérimentateurs (1)
  - Pas de regroupement, analyse sur le site expérimental (0)
- Col 2
- Analyse de variance + corrections ou covariables (2)
  - Analyse de variance systématique (1)
  - Pas d'analyse statistique systématique (0)
- Col 3
- Tableaux de résultats par essai et tableaux de regroupements (2)
  - Tableaux de résultats par essai (1)
  - Données brutes, listings (0)
- Col 4
- CV ou ETR, moy G, carto ou histog des résidus, avis expérimentateur (2)
  - CV ou ETR, moyenne Générale, avis de l'expérimentateur (1)
  - Avis de l'expérimentateur et confiance dans les résultats (0)

- Col 5
- Oui, une décomposition de l'interaction a été tentée (2)
  - Oui (lieux = blocs) (1)
  - Pas d'analyse du regroupement (0)
- Col 6
- Moyenne + variabilité (2)
  - Moyenne (1)
  - Aucun regroupement (0)
- Col 7
- Par types de milieux (2)
  - Par zones géographiques (1)
  - Regroupement global ou pas de regroupement (0)
- Col 8
- Par des observ et des variables supplém (comp. du Rdt, précocité) (2)
  - Par les observations (FRR) ou par groupement des essais (1)
  - Rarement ou jamais (0)

#### 4. Analyse et synthèse des résultats d'essais (tableau 1.8)

Dans le tableau 1.8, les 4 premières colonnes correspondent aux opérations de base qui sont réalisées lors de l'analyse des résultats. Et les 4 suivantes tentent d'apprécier comment est prise en compte la stabilité des génotypes. On observe d'emblée que les 4 premières colonnes sont mieux renseignées que les 4 dernières.

- **Centralisation des résultats.** La plupart des personnes interrogées centralisent les résultats d'essais réalisés par d'autres personnes, mais ce n'est pas le cas de T10.1 et T12.2 qui travaillent à une échelle locale ou départementale. D'une façon générale, tous les expérimentateurs font eux-mêmes l'analyse des résultats des essais, même si, dans un certain nombre de cas, la personne qui centralise les résultats du réseau refait de son côté une analyse. Pour les expérimentateurs en effet, c'est un moyen de contrôler par eux-mêmes la qualité de leur expérimentation. Dans certains cas, l'analyse réalisée par l'expérimentateur est considérée comme suffisante par la personne centralisatrice (S2.2, D2.3, D3.2, M6.2, M7.1, ainsi que S1.1 et S3.1 pour une partie de leurs essais).

- **Type d'analyse.** Seuls 2 acteurs n'effectuent pas ou n'utilisent pas une analyse statistique systématique : D3.2, pour une part seulement des essais qu'il collecte, et V13.1. Quand une analyse statistique des résultats est effectuée, il s'agit toujours d'une analyse de variance classique par essai, avec moyenne générale de l'essai, coefficient de variation (CV) et/ou écart-type résiduel (ETR), et test de Newman-Keuls, qui permet de classer les génotypes par groupes statistiques. Les corrections de données sont rares et non systématiques (sur une partie seulement des essais, M9.1 et M9.2 appliquent la formule de Yates pour corriger les valeurs en cas de données manquantes, et T12.1 corrige les résultats par les différences de hauteurs entre génotypes<sup>31</sup>).

- **Mise en forme des résultats.** La présentation des résultats est très variable entre acteurs et, pour un même acteur, selon la destination des résultats. Ainsi, le degré de synthèse et de sophistication des présentations augmente pour les résultats qui doivent être communiqués. Dans les premières générations de sélection, les résultats d'essais ne sont exploités que sous forme de listings. Pour les générations plus proches du dépôt à l'inscription, les résultats sont communiqués aux agents du développement pour fonder les décisions de dépôt. Ils sont donc présentés de façon plus élaborée : tableaux synthétiques présentant les résultats de tous les essais avec les rendements en pourcentage par rapport aux témoins, et éventuellement les principales informations issues de l'analyse de variance de chaque essai (moyenne générale, moyenne des témoins, coefficient de variation et/ou écart-type résiduel, groupes statistiques, commentaires sur l'essai). Les acteurs de l'inscription (I4.1, I4.2 et I4.3) effectuent un regroupement sur la base des essais retenus à l'issue d'une première phase de choix des essais (annexe 1.2), et les informations ne sont diffusées que sur la base du regroupement. C'est également le cas pour les acteurs du développement (D2.3, D3.2) et pour R5.1 et T12.1, qui ont besoin de présenter d'une manière synthétique l'ensemble des résultats des variétés qu'ils ont proposées à différents partenaires. Un certain nombre d'acteurs présentent les résultats de chaque essai individuellement, soit parce qu'ils ont très peu d'essais (M6.1, T10.1, T12.2), soit parce qu'ils souhaitent que leurs interlocuteurs retrouvent leurs essais dans les documents (M9, T11.1). Certains d'entre eux ajoutent des tableaux de synthèse (T11.1). Deux modes de présentation (résultats par essai ou tableaux de regroupement), peuvent aussi être retenus selon les essais concernés, ou selon les interlocuteurs (agents commerciaux ou agriculteurs pour M6.2, M7.1 et M8.1). V13.1 s'intéresse également aux résultats individuels et effectue une présentation regroupée qui n'est utilisée qu'en interne dans son entreprise.

- **Critères d'appréciation de la qualité expérimentale.** La qualité expérimentale est très importante pour un certain nombre d'acteurs qui se donnent le maximum de moyens pour la juger (I4.1 à I4.3, T12.1, T12.2), du fait que leurs conclusions sont rendues publiques et ont des conséquences importantes sur le devenir des variétés. D'autres acteurs attribuent également une très grande importance à la qualité expérimentale, soit pour maximiser l'information tout en réduisant les coûts (agents de la sélection), soit pour donner une image de rigueur et de qualité expérimentales, qui sont un gage de notoriété et de considération (M6.1, M7.1). Dans toutes ces situations, la qualité

<sup>31</sup> Des formules de correction basées sur une régression linéaire simple ont été établies sur le blé, par exemple par Arvalis ou par le GEVES. Elles prennent en compte l'écart de hauteur entre la parcelle considérée et ses deux parcelles voisines, pour augmenter (si la parcelle considérée a une hauteur plus faible que ses voisines) ou diminuer (dans le cas contraire) le poids parcellaire obtenu à la récolte.

expérimentale est jugée par les résultats de l'analyse de variance auxquels s'ajoute une description des résidus statistiques sur chacune des parcelles<sup>32</sup>. Interviennent aussi les commentaires de l'expérimentateur qui a effectué un suivi régulier de l'essai, pour identifier les problèmes éventuellement apparus en cours de campagne expérimentale. Tous les acteurs accordent une grande importance à l'avis de l'expérimentateur et/ou d'une personne qui vient noter et juger l'essai à un moment ou à un autre<sup>33</sup>. Chez la plupart des acteurs également, les résultats "standard" de l'analyse de variance permettent de porter un jugement sur la qualité des essais et la fiabilité des résultats. En revanche, D3.2, pour une part des essais qui le concernent, et V13.1, pour la totalité des essais qu'il a confiés en prestation de service, ne se basent que sur la notoriété et sur l'avis de leurs partenaires expérimentateurs.

- Parmi les colonnes suivantes, les 3 premières concernent les **Regroupements d'essais**. On constate que dans deux cas seulement (R5.1 et T12.1) une analyse statistique est effectuée sur le regroupement des essais, au moyen de logiciels comme StatItcf ou StatBox (voir note 7 p.11), en considérant les différents essais comme des blocs (colonne "*analyse du regroupement*"). Mais cela n'est réalisé que sur une partie des essais. D3.2 dispose d'un outil biométrique interne pour regrouper tous les résultats qui concernent un génotype particulier, ce qui permet de le comparer à une variété de référence choisie. Mais cet outil ne fait pas d'analyse de variance sur le regroupement. D'une façon générale, il n'y a pas d'analyse de variance globale sur le regroupement prenant en compte l'interaction, même si certains interlocuteurs disent souhaiter le faire (S2.2, T12.1).

Les agents de la sélection, ainsi que T10.1, T12.2 et V13.1, ne font pas de regroupement, c'est à dire qu'ils traitent les résultats de leurs essais individuellement. En revanche, certains d'entre eux utilisent les regroupements effectués par d'autres personnes (cas de S2.2 et de T12.2). Quand un regroupement des essais a lieu, c'est d'abord en effectuant la moyenne des résultats obtenus dans tous les essais, très souvent présentés en % par rapport aux témoins (voir annexe 1.2), qu'il s'agisse des témoins officiels ou de témoins propres (colonne "*mode de regroupement*"). Le poids attribué aux différents essais dans les regroupements est toujours identique. Quelques acteurs présentent aussi la variabilité des résultats de rendement ou de qualité pour un génotype donné, le plus souvent sous forme graphique (M7.1, M9.1 et M9.2, T11.1 et T11-2 : voir annexe 1.3). Pour ces acteurs, la prise en compte de la variabilité inter-annuelle est très importante. Six personnes enquêtées seulement utilisent un mode de regroupement ou de présentation des résultats par zone géographique (S2.2, D2.3, T11.1, T12.2) ou sur les types d'environnement (sol, altitude, exposition : D2.3 et T11.1 pour une part de leurs essais, et D3.2, T12.1). Les autres agents font un regroupement général basé sur l'ensemble de leur zone d'activité (colonne "*zone de regroupement et de présentation des essais*").

- Enfin, la dernière colonne concerne la **Recherche d'explications aux variations des résultats**. Tous les acteurs interrogés s'intéressent à un degré ou à un autre aux causes de variations des résultats des génotypes, car les variations de résultats non expliquées font peser un risque sur les décisions, que les acteurs souhaiteraient minimiser au mieux. Mais les moyens d'interprétation sont très variables. S1.1 et T11.1 ne cherchent pas à expliquer les variations de résultats, la prise en compte de la moyenne et éventuellement de la variabilité des résultats leur suffit. Dans l'organisme I4, alors que les variétés ne sont jugées que par leurs résultats moyens, une attention particulière est apportée à la recherche d'explications à d'éventuels mauvais résultats (globalement sur un essai, mais aussi pour une variété particulière), pour choisir les essais qui seront retenus pour la cotation. Nous avons vu en effet que cette étape est décisive pour la prise de décision sur les variétés.

Pour la majorité des acteurs, la recherche d'explications aux résultats s'appuie sur les observations réalisées (plusieurs acteurs insistent sur l'importance des visites d'essais, notamment chez les partenaires : S2.2, S2-3, S3.1, R5.1, M7.1), de la confrontation des résultats des essais issus de

<sup>32</sup> Le *résidu statistique*, ou erreur expérimentale, est déduit de l'analyse de variance : c'est la différence entre le rendement prévu par le modèle d'analyse de variance et le rendement observé. Une des hypothèses de base de l'analyse de variance est que l'ensemble des résidus suit une loi normale d'espérance 0 (le poids des résidus négatifs équilibre celui des résidus positifs). Leur répartition peut être représentée par un histogramme ou par une cartographie du plan d'essai, micro-parcelle expérimentale par micro-parcelle expérimentale. Cela permet d'identifier les résidus "suspects" (c'est à dire qui sortent de la loi normale) et d'en rechercher l'explication (gradients ou hétérogénéités de terrain non pris en compte dans le modèle d'analyse de variance, problèmes de récolte...).

<sup>33</sup> homologateur de l'essai dans l'organisme I4, agents de sélection ou de développement chez les obtenteurs, qui visitent les essais réalisés par leurs partenaires.

secteurs différents dont les caractéristiques pédo-climatiques sont assez bien connues (type de sol, rapidité de reprise en sortie d'hiver, pluviométrie, importance de la réserve en eau du sol...), ou d'essais spécifiques (date ou densité de semis, dose d'azote : M9.1, M9.2, T12.2). D'une manière générale, les conclusions portent surtout (1) sur l'adaptation des variétés à la zone géographique de culture, information qui est recherchée par tous les sélectionneurs et les acteurs du développement, comme premier élément de positionnement des variétés dans des grandes zones de culture, ainsi que par les agents de la distribution dont l'activité recouvre des secteurs très différents (par ex. plaine / plateau : cas de M7.1), et (2) sur l'adaptation des variétés au type de sol, que recherchent davantage les acteurs du développement que les sélectionneurs. Cette dernière information est recherchée aussi par les acteurs qui ont à cibler l'emploi des variétés dans des zones plus restreintes ou dans des milieux diversifiés (R5.1, M6.2, M7.1, M8.1, T10.1, T12.1).

Quelques personnes utilisent les composantes du rendement (D3.2, M7.1, M8.1, M9.1, M9.2), ou des variables comme la précocité des géotypes ou la verse, pour expliquer les variations de résultats (T12.1). Mais ces variables ne sont pas introduites dans un modèle d'analyse de l'interaction géotype - milieu. V13.1 met en relation les variations de la qualité des grains (notamment le taux de protéines) avec les variations de fertilisation azotée réalisées dans les essais.

**En définitive, tous les acteurs reconnaissent la difficulté d'expliquer les variations de résultats et la pauvreté de leurs moyens d'interprétation.** Plusieurs d'entre eux utilisent l'expression "on explique au feeling" (S1.1, S2-3, S3.1). Ils s'appuient donc sur leur propre expertise, conscients qu'elle est difficilement formalisable (S3.1), en se basant beaucoup sur les observations effectuées sur les essais (comme relevé au § 1.3.2 p.25, tableau 1.4). Ils tentent d'exploiter au mieux les informations de leurs partenaires ou les commentaires régionaux donnés par les instituts techniques, mais l'utilisation des informations sur les milieux pour identifier les causes de variation des résultats des géotypes est finalement relativement réduite. Plusieurs expriment une insatisfaction et un désir d'aller beaucoup plus loin à ce sujet.

L'AFC réalisée avec les seules variables décrivant l'analyse et la synthèse des résultats ne permet pas de bien structurer la variabilité (voir annexe 4.9). Il en va de même pour l'AFC qui associe les variables décrivant la synthèse des résultats et les variables décrivant la configuration des réseaux expérimentaux (voir annexe 4.10). On note seulement que certaines variables sont logiquement associées, comme le faible nombre d'essais (*nbes0*), l'absence de regroupement et de centralisation des résultats (*smodgrp0* et *scentr0*), et les formes les plus sommaires de présentation des résultats (*spres0*). Il apparaît donc que, comme pour les informations obtenues sur les géotypes, la synthèse des informations n'est pas fortement conditionnée par la configuration des réseaux.

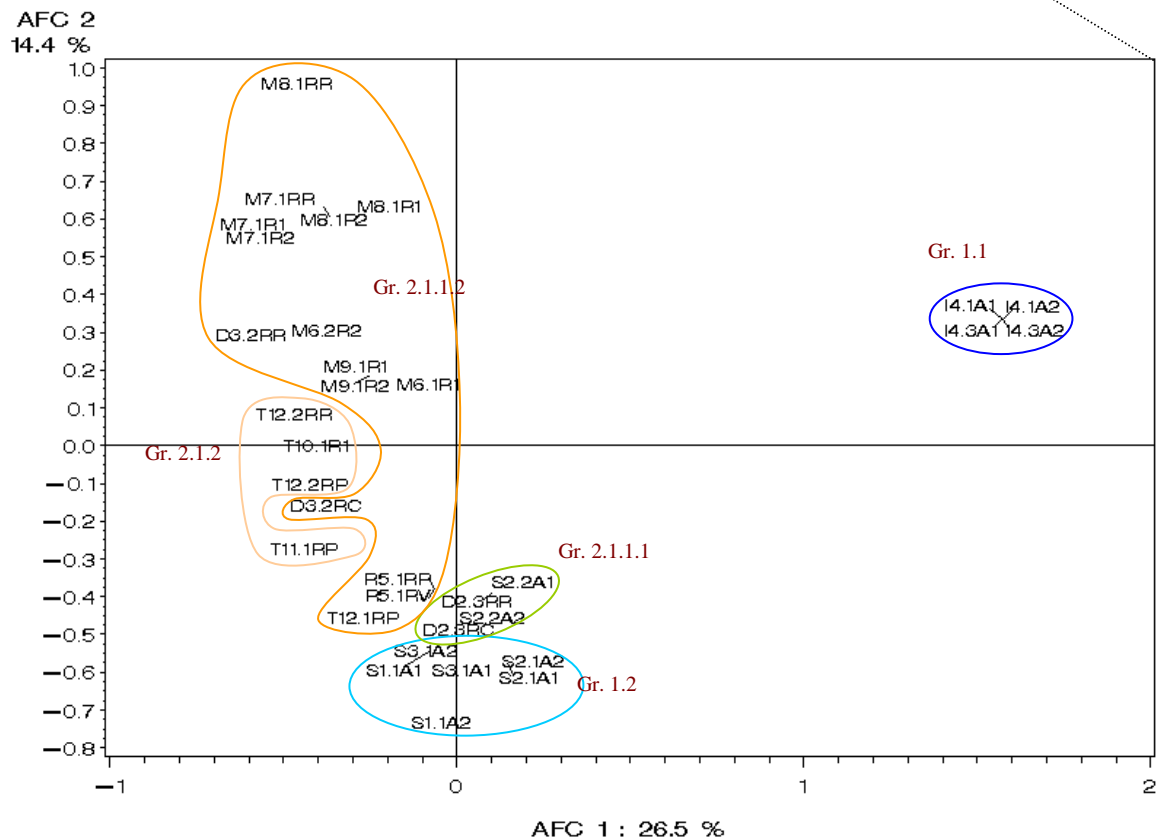
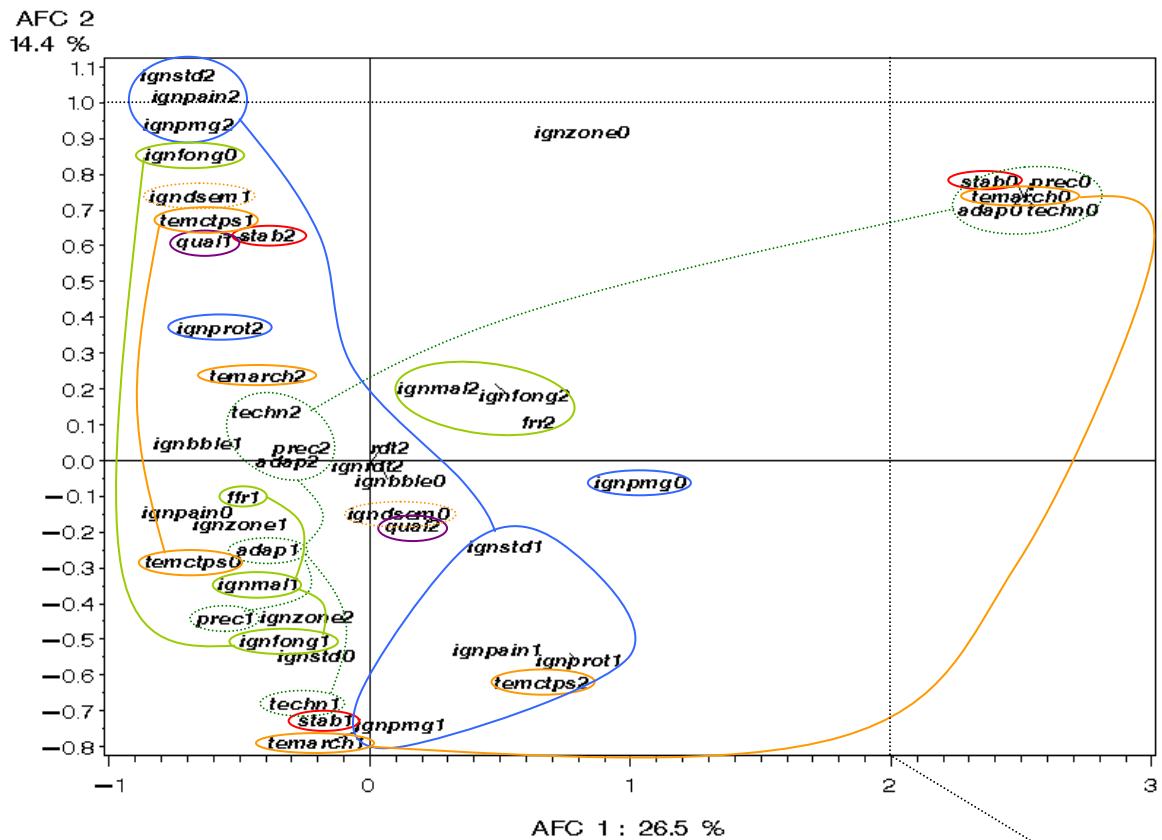
#### 1.3.4. Quelle correspondance existe-t-il entre l'information obtenue sur les géotypes et les critères qui permettent de les juger ?

L'analyse des correspondances entre les informations obtenues sur les géotypes et les critères qui permettent de les juger s'appuie d'abord sur la confrontation entre les tableaux 1.3 et 1.6, sur l'AFC réalisée avec les variables de ces tableaux (figure 1.7 et annexe 4.12), et aussi en partie sur le tableau 1.8 qui montre comment sont synthétisées les informations issues des essais. Ici, nous porterons une attention particulière à la façon dont est prise en compte et décrite la stabilité des caractères.

**Le critère de productivité** des géotypes, qui se rapporte au potentiel de rendement du géotype dans une diversité de situations (voir note 14 p.22) est fondamental pour tous les acteurs, sauf V13.1 (tableau 1.3). La question est de savoir comment les acteurs passent de l'information "rendement" obtenue dans chaque essai, au critère "productivité" qui permet de choisir les géotypes.

Pour la quasi-totalité des acteurs, nous avons vu (tableau 1.8) que ce passage est réalisé d'abord par la prise en compte de la performance moyenne de chaque géotype, exprimée en pourcentage de la performance de variétés de référence (témoins officiels de l'inscription, ou variétés du marché choisies par l'entreprise). Pour l'inscription des variétés, la synthèse s'arrête là, et les réseaux correspondants (I4.1 à I4.3) sont caractérisés par l'absence de prise en compte de la stabilité, de la précocité, des autres

**Figure 1.7.** Axes 1 et 2 de l'AFC réalisée sur 33 réseaux (les réseaux I4-2, M9-2, T10-1RP et V13-1 ont été retirés de l'analyse) avec 47 variables décrivant les critères de choix des génotypes et les informations recueillies sur les génotypes. Graphe supérieur : variables ; graphe inférieur : réseaux. Les codes des variables sont indiqués dans les tableaux 1.3 et 1.6. Les groupes sont issus de la classification de la figure 1.5.



critères d'adaptation et de la réponse aux techniques de culture, autres que les traitements fongicides (*stab0*, *prec0*, *adap0*, *techn0* : sur la droite de la figure 1.7, axes 1 et 2 de l'AFC). Tous les autres acteurs expriment le besoin de prendre en compte la stabilité des résultats, mais cela est effectué principalement par un commentaire basé sur l'observation des variations que tel ou tel génotype peut présenter entre essais : très peu d'acteurs adoptent une présentation de la variabilité des résultats (voir tableau 1.8, "mode de regroupement des essais"), très peu effectuent une analyse globale du réseau, et un seul a tenté une décomposition de l'interaction génotype - milieu au moyen de covariables décrivant les génotypes ou les milieux (tableau 1.8, "analyse du regroupement d'essais"). Sur la figure 1.7, on constate également que la recherche d'une description de la stabilité est reliée à la prise en compte dans les essais du poids de 1000 grains et des stades autres que la date d'épiaison (*stab2* est relié à *ignstd2* et *ignpmg2* en haut du graphe des axes 1 et 2 de l'AFC, alors que *stab1*, *ignstd1* et *ignpmg1*, sont proches dans la partie inférieure du graphe). Une bonne correspondance existe aussi entre les différents degrés de prise en compte de la stabilité dans le tableau 1.3 et le critère "recherche d'explication aux variations de résultats" dans le tableau 1.8. Ainsi, chez certains acteurs, l'information recueillie sur les composantes du rendement est utilisée pour tenter une interprétation des variations de résultats (M7.1, M8.1). Mais cette démarche reste limitée.

**La valeur d'utilisation des variétés** est également une notion complexe, qui ne peut être qu'approchée, par un certain nombre de variables caractérisant la qualité des grains, que nous avons synthétisées dans le tableau 1.6 : taux de protéines, poids spécifique, tests indirects et test de panification (et voir annexe 1.1). Comme indiqué dans le tableau 1.3, les informations sur la valeur d'utilisation des génotypes sont essentielles pour la plupart des acteurs, ces données étant liées à l'utilisation des variétés, c'est à dire à leur marché potentiel et à leur positionnement marketing. Mais les mesures de qualité requièrent des prélèvements et, pour les autres critères que le taux de protéines, des tests coûteux à mettre en œuvre. Ceci explique que l'information sur la qualité n'est recueillie de façon systématique que chez les acteurs de la distribution et de la transformation (par le taux de protéines, les tests indirects et, pour la plupart, par des tests de panification) et chez les organismes techniques (essentiellement par le taux de protéines). Pour l'inscription et la sélection, cette information qualité est complète (elle va jusqu'à la panification), mais les analyses ne sont réalisées que sur un sous-ensemble d'essais, ou par regroupement d'échantillons issus de différents essais, ce qui dans ce dernier cas ne permet pas de juger la stabilité de la qualité. Ainsi, la stabilité des critères de qualité cités ci-dessus n'est surtout prise en compte que chez certains organismes de multiplication - distribution, organismes techniques, et chez l'acteur V13.1, qui mettent notamment en place des essais avec des variations de fumure azotée pour étudier l'évolution de la qualité en fonction de l'alimentation azotée. Dans ces organismes, l'appréciation de la stabilité de la qualité est illustrée par une présentation des résultats sous forme de courbes de réponse à la fumure azotée, ou de graphiques montrant la variabilité des résultats autour de la moyenne, comme pour le rendement (annexe 1.3).

**Le critère de précocité** est facilement renseigné par la date d'épiaison moyenne obtenue à l'échelle d'un réseau, même s'il existe une certaine variabilité entre situations expérimentales : la correspondance entre l'information obtenue dans les essais et le critère "précocité" est plus immédiate que pour le rendement ou la qualité. Mais ce critère ne revêt pas la même importance selon les acteurs, alors que la date d'épiaison est notée dans tous les essais. La situation extrême est celle de l'inscription, où la précocité n'intervient pas comme critère de choix des variétés, alors que l'information "date d'épiaison" est bien recueillie. Ici, cette information n'est donc qu'un des éléments de connaissance des variétés, mais elle est aussi utilisée pour indiquer le caractère précoce ou tardif des différents milieux expérimentaux. Pour tous les autres acteurs, la précocité intervient, parfois de façon prépondérante, pour le positionnement géographique des variétés.

Comme indiqué ci-dessus (§ "productivité"), il apparaît que les acteurs qui recueillent plus d'informations sur les stades de développement que la seule date d'épiaison cherchent à interpréter les résultats obtenus en situant ces stades par rapport aux événements climatiques, ce qui est une façon de prendre en compte des contraintes ou des facteurs limitants qui ont agi sur les essais. Par exemple, une date de maturité précoce permet aux génotypes d'échapper aux facteurs limitants de fin de cycle ; le repérage du stade épi 1cm permet de situer une période de sécheresse ou un apport d'azote par rapport au début de la montaison du blé. Ainsi, sur la figure 1.7, les différents degrés de la variable "autres

stades" sont reliés aux mêmes degrés du critère stabilité et à l'information sur le PMG (notamment, *ignstd2* est reliée à *stab2* et *ignpmg2*).

**Le critère "facteurs de régularité du rendement"** (FRR) est pris en compte par presque tous les acteurs (la modalité *frr0*, avec son équivalent en terme d'information sur les génotypes *ignmal0*, n'existe que pour V13.1). Parmi ces facteurs figure au premier rang la résistance aux différentes maladies et à la verse. On constate que ces accidents sont effectivement notés dans tous les réseaux (mais pas nécessairement dans tous les essais). Et chez la plupart des acteurs, la recherche de l'information sur la résistance aux maladies fait l'objet d'essais intégrant des conduites traitée et non traitée aux fongicides. On observe sur la figure 1.7 que les modalités *frr1*, *ignmal1* et *ignfong1* sont bien reliés entre elles, comme les modalités *frr2*, *ignmal2* et *ignfong2*, ce qui laisse supposer que le critère FRR est bien renseigné au niveau où cela est attendu. Il n'apparaît donc pas de problème particulier pour renseigner le critère "facteurs de régularité du rendement" à partir des notations d'accidents et de maladies réalisées dans les essais.

**Les autres critères d'adaptation** sont bien reliés aux critères de précocité et de réponse aux techniques de culture (figure 1.6, axes 1 et 2 de l'AFC), mais aucun lien net n'apparaît avec les informations recueillies sur les génotypes, ni avec la réalisation de regroupements d'essais, par exemple par zone géographique ou pédo-climatique (tableau 1.8, colonne "zones de regroupement et de présentation des résultats"). Pourtant, comme indiqué au § 1.3.3.2 ci-dessus (p.30), certains acteurs mesurent des composantes du rendement (PMG, NEm<sup>2</sup>), ou notent des stades de développement pour positionner les variétés dans leur zone d'activité. Ainsi, S2.1 et S3.1 relient l'adaptation des génotypes à la culture dans le grand est, et notamment dans les sols de craie de Champagne à réchauffement lent, avec un bon tallage, élément que regarde moins l'acteur S1.1. L'acteur M8.1 relie le tallage - épi à l'aptitude des variétés à être cultivées dans les situations séchantes (les variétés qui ont besoin d'un fort tallage sont pénalisées dans de telles situations). Cet acteur mesure donc systématiquement le nombre d'épis/m<sup>2</sup> des variétés qu'il expérimente. M6.1 n'a pas besoin de connaître l'adaptation des variétés à la zone de culture, car il travaille dans un secteur réduit, mais il a besoin de connaître la résistance au froid des génotypes et leur réponse au type de sol. T10.1 a essentiellement besoin de connaître l'adaptation au type de sol. Les possibilités de renseigner ces critères d'adaptation apparaissent donc bonnes d'une façon générale. Mais pour la plupart des acteurs, ces "autres critères d'adaptation" sont renseignés par des variables simples ou par la confrontation des résultats obtenus dans des essais très différents (par leur type de sol, par la rigueur de la phase hivernale ou de la fin de cycle, par la durée du cycle...), sans que pour cela des techniques d'analyse particulières aient été développées.

Concernant la **réponse des génotypes aux techniques de culture**, cette information est recherchée de façon générale (sauf pour les acteurs de l'inscription), et de façon plus marquée pour les acteurs du développement et certains acteurs de la distribution, qui sont confrontés à des situations particulières comme la monoculture de blé. Dans l'esprit des différentes personnes interrogées, obtenir cette information passe par la mise en place d'essais spécifiques (nous verrons que ce besoin est exprimé plus loin). La réponse aux traitements fongicides est renseignée presque partout (la présence des conduites traitée et non traitée étant quasiment un standard de l'expérimentation variétale), mais pour toutes les autres techniques de culture, la mise en place d'essais spécifiques est plus lourde et n'est pas systématique. Certains acteurs, compte-tenu de leur situation particulière, font cet investissement (c'est le cas de T10.1 qui teste chaque année différentes dates de semis, et de V13.1 dont l'objectif prioritaire est de connaître la réponse des variétés à la fertilisation azotée), mais comme pour les critères d'adaptation évoqués ci-dessus, aucune méthode d'analyse globale des résultats n'est mise en œuvre pour connaître la réponse des génotypes aux différentes techniques de culture, alors même que les conduites culturales ne sont pas homogènes entre les essais du réseau expérimental, ce qui entraîne l'existence d'une variabilité qui n'est pas exploitée (notamment pour les dates et densités de semis, les niveaux d'alimentation en azote, ...).

L'étude de la correspondance entre les critères de jugement et les informations recueillies sur les génotypes dans les essais révèle le problème du passage de l'essai individuel au réseau, et donc de la

prise en compte de la diversité des réponses des génotypes aux différents milieux. Mais la conscience de cette difficulté est très variable. Elle peut être aiguë chez des acteurs appartenant à toutes les catégories que nous avons décrites, mais elle est plus particulièrement marquée chez des acteurs qui s'intéressent à une grande diversité de milieux, notamment en fin de sélection, pour le développement, chez certains organismes techniques. Sans être absente, cette préoccupation n'est pas très marquée chez des sélectionneurs qui expérimentent leurs futures variétés dans des milieux qu'ils jugent très représentatifs des aires de culture prépondérantes du blé en France. Elle n'est pas très marquée non plus à l'étape de l'inscription où les génotypes sont jugés par leur moyenne, et où il s'agit avant tout d'identifier de futures variétés qui n'ont pas de défaut majeur.

### 1.3.5. Quels outils actuels d'aide à l'évaluation des génotypes sont utilisés ?

#### 1. L'expertise est peu instrumentée

Pour Béguin et Rabardel (2000), *l'instrumentation* signifie l'appropriation d'outils par un usager, alors que *l'instrumentalisation* se rapporte à l'évolution ou à l'adaptation d'outils existants au fur et à mesure qu'ils sont utilisés. Comme cela a été évoqué précédemment, l'expertise est peu instrumentée dans le sens où les moyens de caractériser les milieux et d'expliquer les variations de résultats sont réduits (informations sur les milieux : § 1.3.3.3 p.32 et tableau 1.7 ; recherche d'explications aux variations de résultats : § 1.3.3.4 p.34 et tableau 1.8).

**Peu d'informations sur les milieux sont quantifiées** (voir § 1.3.3.3) : quand des bilans hydriques sont effectués (M8.1, T10.1), ils sont motivés par le suivi d'autres cultures plus exigeantes en eau que le blé (maïs, pommes de terre) ; aucun acteur n'utilise sur les essais variétaux des outils de caractérisation de l'alimentation en eau comme les tensiomètres, ou des outils de caractérisation de l'alimentation azotée (voir notes 29 p.32 et 30 p.33) ; d'une façon générale, la météorologie n'est décrite que sous forme de commentaires généraux, alors que la plupart des acteurs reconnaissent qu'il ne serait pas difficile de se procurer des données météo précises.

Au contraire, **les visites d'essais** sont un moyen privilégié par plusieurs acteurs pour acquérir une connaissance sur le comportement des génotypes, pour expliquer les causes d'éventuelles contre-performances ou pour transmettre la connaissance sur les génotypes (voir § 1.3.3.4). Ce moyen est très important pour plusieurs sélectionneurs, car il permet de voir les génotypes sélectionnés dans des situations différentes et de juger leur réaction à des contraintes qu'ils identifient rapidement par l'observation et par l'échange avec l'expérimentateur. Les visites d'essais sont très importantes également pour les agents du développement que nous avons rencontrés, pour qu'ils acquièrent une connaissance des génotypes expérimentés chez un grand nombre de partenaires, et pour qu'ils les situent par rapport à des variétés concurrentes. Ces acteurs insistent en particulier sur l'importance des rencontres avec les agents de la sélection sur les lieux d'essais. Pour les techniciens des organismes de distribution, les visites d'essais jouent également un rôle très important, car ils jugent ainsi l'adaptation des variétés au contexte pédo-climatique dans lequel ils travaillent. Les plates-formes expérimentales sont un support essentiel pour la transmission de l'information, en direction des agents commerciaux de leur propre entreprise, mais aussi en direction des agriculteurs, qui se font ainsi une opinion personnelle des variétés. Le même point de vue apparaît chez certains agents des organismes techniques (T11.1 : "*il faut que les agriculteurs voient et touchent les variétés...*").

**Les sélectionneurs acquièrent la connaissance initiale sur les génotypes**, par l'observation année après année des lignées en cours de sélection, et par la mémorisation progressive de leurs caractéristiques, sans que cette connaissance soit intégralement retranscrite, ou retranscrite d'une façon communicable. Les sélectionneurs considèrent avoir "la meilleure connaissance disponible sur les génotypes", mais certains admettent que cette connaissance a besoin d'être complétée, qu'elle est trop intuitive et peu formalisée (S3.1). Nous avons vu que, dans les premières années de la sélection, les résultats des différents essais sont examinés un par un, et ce n'est qu'en fin de sélection, pour constituer un dossier en vue du dépôt à l'inscription, que des tableaux synthétiques sont construits. A ce moment, les agents du développement commencent à prendre en charge les génotypes.



**Pour les agents de développement, les premières sources d'information sur les géotypes sont les échanges avec les sélectionneurs**, notamment au cours des visites d'essais communes, dont l'importance est mise en avant autant par les sélectionneurs que par les agents du développement. Les informations sur les géotypes sont ensuite complétées par les résultats des essais suivis par les acteurs du développement. Ces essais sont analysés surtout individuellement, mais il existe des tentatives d'analyse en regroupement (R5.1). Peu d'éléments de caractérisation des milieux sont utilisés : la caractérisation des milieux repose essentiellement sur la région, le type de sol, et des commentaires météorologiques réalisés par l'expérimentateur. Davantage que les sélectionneurs, les agents du développement cherchent le moyen de **mettre en forme cette connaissance**, car une de leurs fonctions importantes est de communiquer sur les variétés, et de donner aux utilisateurs (notamment les techniciens des organismes de distribution) des informations sur le mode d'emploi des variétés, même s'ils ne peuvent entrer totalement dans cette démarche (D3.2 insiste sur ce point). Dans ce but, certains d'entre eux ont déjà développé des outils de présentation sophistiqués, permettant de synthétiser toute l'information accumulée sur chacune des variétés, et permettant aussi de les confronter aux principales concurrentes.

**Les agents des organismes de distribution** utilisent les informations différentes, des obtenteurs et du GEVES pour faire un premier choix des géotypes qu'ils vont mettre en expérimentation (en utilisant surtout les informations : précocité, qualité, productivité). Ils indiquent qu'ils **doivent se constituer une connaissance sur le comportement des géotypes dans les milieux qui les intéressent**, connaissance que leurs premières sources d'information n'ont pas été en mesure de fournir. Pour cela, ils donnent un poids particulier à leur propre réseau expérimental, mais ici encore, les éléments d'analyse et de compréhension des variations de résultats des géotypes restent le plus souvent classiques : analyse de variance par essai, et commentaires généraux sur les conditions de réalisation des essais.

**Les acteurs techniques reconstruisent également leur propre connaissance**, alors que les mêmes géotypes ont été évalués dans le réseau national d'inscription avant l'intervention des organismes techniques. La nécessité de reconstruire la connaissance sur les géotypes à chaque nouvelle prise en charge témoigne d'un problème de communication des informations sur les variétés à l'intérieur de la filière, dont la cause peut être de deux natures : un manque d'échanges entre acteurs, ou une difficulté à formaliser la connaissance, notamment celles qui concerne l'adaptation des géotypes à des contextes pédo-climatiques ou à des techniques culturales différentes (voir partie 1.3.6 p.41 : difficultés et besoins exprimés). Ainsi, une meilleure exploitation des informations contenues dans les réseaux d'essais va de pair avec une meilleure formalisation, une meilleure transmission de la connaissance, et une meilleure intégration des informations issues de plusieurs années ou de plusieurs réseaux.

## 2. Utilisation des outils d'aide à l'évaluation des géotypes

Dans ce contexte, on constate qu'un certain nombre d'outils d'aide à l'évaluation des géotypes mis au point par les chercheurs ont été progressivement adoptés par les acteurs. Les **dispositifs expérimentaux**, qui permettent d'améliorer la fiabilité des expérimentations en contrôlant les hétérogénéités de terrain, ont été progressivement adoptés, notamment sous l'impulsion des instituts techniques et du GEVES (qui impose au réseau de partenaires expérimentaux un protocole permettant de garantir une qualité expérimentale satisfaisante) : ainsi les dispositifs en blocs de Fisher ou en Split-plots<sup>34</sup>, avec au moins deux répétitions, sont généralisés, et plusieurs acteurs ont augmenté le nombre de répétitions pour améliorer la précision des résultats. D'autres ont adopté des dispositifs plus complexes comme les lattices<sup>35</sup>, qui permettent de diminuer l'encombrement des essais (et donc de diminuer les risques d'hétérogénéités), en réduisant le nombre de répétitions, tout en améliorant la précision expérimentale. Aujourd'hui, certains des organismes de dimension nationale (I4, T12)

<sup>34</sup> **Blocs de Fisher** et **Split-Plots** : voir note 22 p.27.

<sup>35</sup> **Lattices** : voir note 24 p.27.

encouragent les dispositifs en alpha-plans<sup>36</sup>, qui permettent de définir *a posteriori* les blocs en fonction des hétérogénéités de terrain, mais l'adoption de ces dispositifs dans la pratique est encore très limitée.

Des **méthodes de notation** précises et standardisées ont été généralisées. Il en résulte une meilleure homogénéité des notations, permettant de mieux comparer les situations expérimentales entre elles, même si les variations d'appréciations dues aux expérimentateurs restent importantes. Les organismes qui se sont engagés dans une démarche de certification (M6, M7, T12) ont eux-mêmes fortement encadré leurs méthodes et échelles de notation.

Certains **outils d'analyse statistique** des résultats ont vu leur emploi généralisé : exemple du logiciel StatItcf, progressivement remplacé par StatBox (note 7 p.11). L'appropriation par les acteurs des concepts de l'analyse de variance est illustrée également par le développement très important de logiciels d'analyses statistiques "maison". L'analyse de variance permet d'affecter les variations de résultats observés à un des effets introduits dans le modèle d'analyse (effet milieu, effet génotype, interaction génotype - milieu, erreur expérimentale), et elle permet de juger la qualité expérimentale (essentiellement par les critères : écart-type résiduel ou coefficient de variation de l'essai).

La **méthode du bilan azoté prévisionnel** (Rémy et Hébert, 1977) est bien passée dans la pratique de l'expérimentation et de la conduite des cultures. Très vite adoptée par l'ITCF, les chambres d'Agriculture et l'INRA, elle est aujourd'hui généralisée et est considérée comme la méthode de référence pour la conduite de la fertilisation azotée.

En revanche, parmi les **méthodes de diagnostic en temps réel** mises au point depuis environ 10 ans (pour le diagnostic de nutrition azotée : *Jubil*, *Hydro N-Tester*, *Ramsès* : pour le diagnostic de l'alimentation en eau : tensiomètres (mesures dans le sol)<sup>37</sup>, aucune n'est utilisée dans les essais variétaux "standard", comportant un nombre de génotypes relativement important. Certaines de ces méthodes sont utilisées dans des essais spécifiques annexes ou sur d'autres espèces (par exemple pour l'acteur M7.1 : *Hydro N-Tester* sur des essais avec variations de fumure azotée, sur quelques variétés seulement ; tensiomètres sur des essais sur légumes). Ces outils sont vendus sous forme de kits, aux techniciens du monde agricole ou directement aux agriculteurs. Ils sont donc facilement accessibles. Leur but est de caractériser certaines conditions environnementales pour prendre des décisions techniques sur les essais en cours de cycle cultural (apport d'azote, irrigation). Mais ils pourraient aussi être utilisés pour caractériser les milieux *a posteriori*, et expliquer les résultats.

Les **outils biométriques d'analyse de l'interaction génotype - milieu** (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997, voir problématique générale, § 2 p.12) ne sont utilisés par aucun acteur, bien que certains d'entre eux datent de plus de 50 ans. Ni le calcul des écovalences, ni la régression conjointe, qui sont pourtant relativement aisés à mettre en œuvre, car ils ne requièrent aucune information additionnelle sur les essais autre que la variable analysée, ni la régression factorielle, qui vise à expliquer l'interaction par des caractéristiques environnementales ou génotypiques et permettrait de tirer des conclusions sur la sensibilité ou la tolérance des génotypes aux contraintes du milieu (voir problématique générale p.12 et partie 2 p.68), ne sont cités dans les enquêtes.

### 1.3.6. Quelle analyse critique les acteurs font-ils de leurs pratiques de l'expérimentation variétale et du traitement des données qui en sont issues ?

#### 1. Contraintes organisationnelles et difficultés exprimées (tableau 1.9)

La contrainte majeure qui apparaît chez presque tous les acteurs (sauf V13.1) est le **temps disponible entre la récolte des essais et la restitution des résultats** (colonne 1), certains ne disposant parfois même pas d'un délai de 2 jours pour centraliser, analyser et commencer à diffuser ou à exploiter les résultats. Cette contrainte très forte limite les possibilités d'investigation pour expliquer davantage les résultats d'essais, et impose des procédures de traitement des données les plus automatisées possibles. Plusieurs acteurs ont manifesté leur intérêt pour des méthodes d'analyse des résultats qui leur permettraient de retirer davantage d'informations de leur réseau expérimental, mais

<sup>36</sup> *Alpha-plans* : voir note 26 p.29.

<sup>37</sup> Tests *Jubil*, *Ramsès* et *Hydro N-tester* : voir note 30 p.33 ; *tensiomètres* : voir note 29 p.32.

**Tableau 1.9.** Contraintes et difficultés exprimées en lien avec l'activité expérimentale, classés par ordre de citation décroissante.

		1	2	3	4	5	6	7
	Code de l'entretien	Temps disponible entre récolte et remise des résultats <i>ctmprec</i> (0, 2)	Difficulté à interpréter les résultats et leurs variations <i>cinterp</i> (0, 1, 2)	Coût des réseaux expérimentaux et des analyses <i>ccout</i> (0, 1, 2)	Contraintes expérimentales (matériel, semences...) <i>cexpe</i> (0, 1, 2)	Temps disponible pour reprendre les résultats ultérieurement <i>ctmphiv</i> (0, 1, 2)	Partenariat <i>cpart</i> (0, 1, 2)	Difficulté à formaliser et à transmettre la connaissance <i>cform</i> (0, 1, 2)
1	I4.1							
2	I4.2							
3	I4.3							
4	S1.1							
5	S3.1							
6	S2.1							
7	S2.2							
8	D2.3							
9	D3.2							
10	R5.1							
11	M6.1							
12	M6.2							
13	M7.1							
14	M8.1							
15	M9.1							
16	M9.2							
17	T10.1							
18	T11.1							
19	T12.1							
20	T12.2							
21	V13.1							

**Légende :**

	Contrainte forte (2)
	Contrainte modérée (1)
	Contrainte non exprimée (0)

soulignent que ces informations arriveraient trop tard par rapport aux délais dans lesquels ils doivent prendre leurs décisions pour la nouvelle campagne expérimentale.

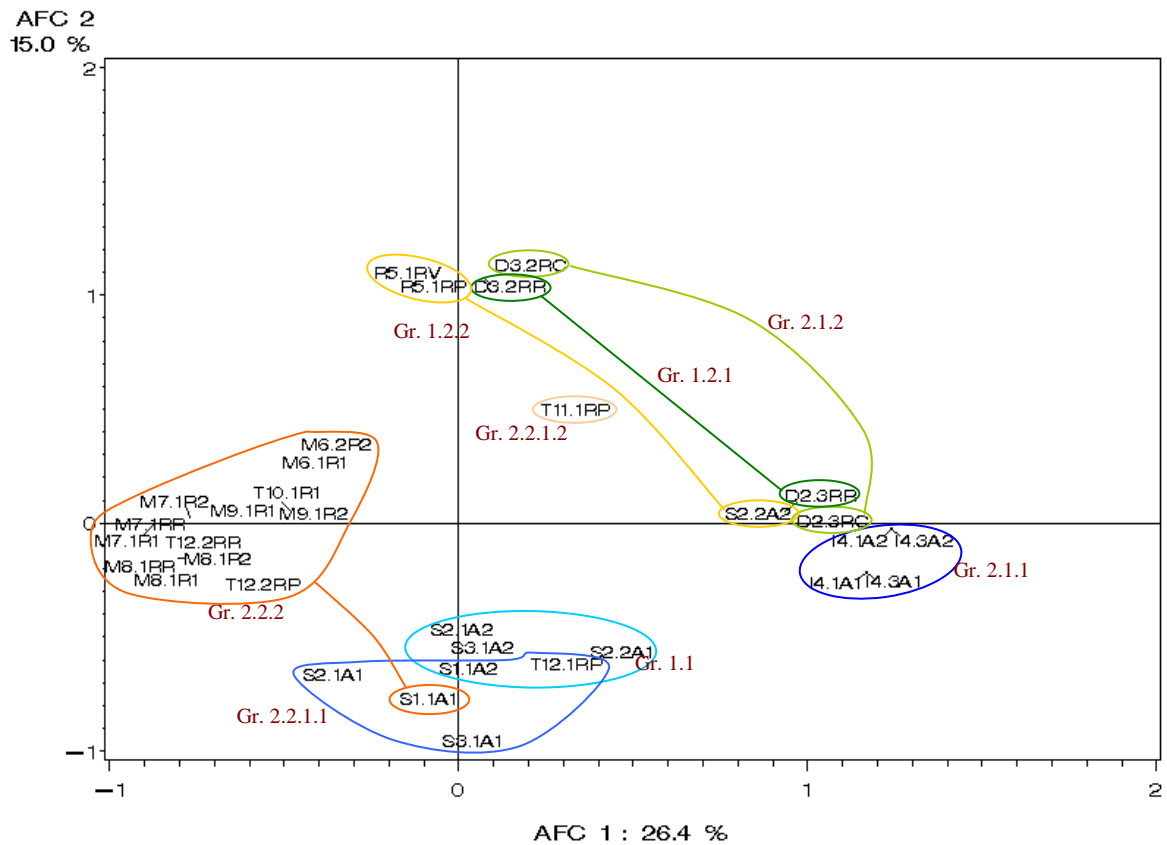
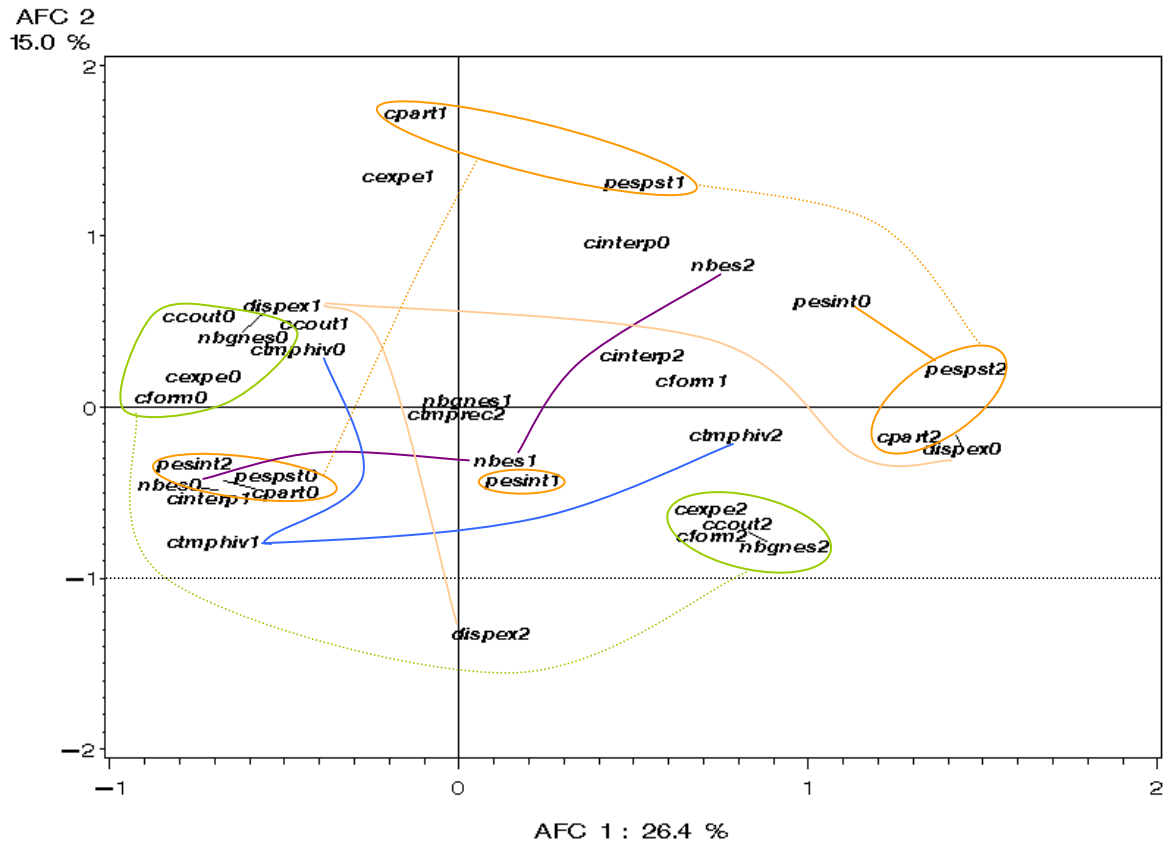
Les *possibilités de reprendre les résultats* après les périodes de forte charge de travail (donc surtout en hiver) sont variables (colonne 5) : une partie non négligeable des personnes interrogées auraient cette possibilité, mais, comme évoqué au point précédent, ce retour n'est pas opérationnel pour les décisions de la campagne qui suit l'obtention des résultats (par exemple, pour le choix des génotypes à semer : cette décision doit être prise peu après la récolte). Il ne peut correspondre qu'à un désir d'approfondissement de l'analyse, justifié par exemple par la volonté d'accumuler une information pluriannuelle sur le comportement des génotypes. Mais plusieurs acteurs n'ont pas cette possibilité, et cela augmente pour eux l'intérêt d'outils d'analyse automatisés et faciles à mettre en œuvre (I4.1 à I4.3, qui parle d'outil "presse-bouton" ; S2.2, D2.3, T10.1, T11.1, T12.1, T12.2).

La *difficulté à interpréter les résultats et leurs variations* (colonne 2) est ressentie par la plupart des acteurs, mais moins fortement chez les organismes techniques. Elle n'est pas nécessairement liée à un manque de compétence, car elle est exprimée par des personnes qui ont déjà cherché à développer des compétences assez poussées pour l'interprétation des résultats (I4.3, S3.1, S2.2, D3.2, T12.1). Ces personnes ressentent fortement la nécessité de mieux comprendre les variations de résultats pour avoir une connaissance plus fiable des génotypes. Les acteurs qui n'expriment pas cette difficulté, ou qui l'expriment plus faiblement, se contentent souvent des informations dont ils disposent, soit que cette information est déjà assez riche, alors qu'elle pourrait être parfois davantage exploitée (M7.1, M8.1), soit qu'ils se contentent de conclure sur la stabilité ou l'instabilité des génotypes sans chercher nécessairement à en comprendre les causes (T11.1, S1.1).

Le *coût des réseaux expérimentaux* (colonne 3) est ressenti comme une contrainte forte pour les agents de l'organisme I4, pour tous les agents relevant des entreprises de sélection (sélectionneurs et agents de développement), et pour l'agent T12.1. Le réseau administré par ce dernier acteur est un réseau interne, et son coût est donc totalement supporté par l'entreprise, contrairement à T11.1 qui anime et coordonne un réseau de partenaires qui supportent chacun le coût de leurs propres essais, utilisés par ailleurs dans des buts propres. Pour ce dernier acteur, le problème de coût correspond davantage à un faible budget de fonctionnement. M6.1 et M6.2, comme V13.1, évoquent les coûts liés aux analyses de qualité des grains (notamment les tests de panification), qu'ils font l'effort de réaliser sur la plus grande partie possible des échantillons issus du réseau expérimental. Le coût des analyses est évoqué aussi par M9.1 et M9.2. D'une façon générale, le coût du réseau expérimental n'est pas considéré comme une contrainte chez les acteurs de la distribution, ni chez D3.2, qui appartient à un service de développement assez indépendant des activités de sélection, constitué depuis longtemps, et qui a lui-même accès à un réseau de distribution. Dans ces situations, l'activité expérimentale est considérée comme étant stratégique (il faut donc y mettre les moyens : D3.2, M7.1, M8.1), ou elle est soutenue par les services commerciaux qui l'utilisent comme plates-formes de démonstration et de communication auprès des agriculteurs (M6.2, M9.1, M9.2 : voir § 1.3.1 p.24). Dans ce dernier cas, le réseau est jugé pléthorique, l'acteur enquêté sait qu'une information équivalente pourrait être extraite d'un réseau plus petit, mais l'objectif de communication justifie des coûts plus élevés.

Les *contraintes expérimentales* viennent en 4<sup>e</sup> position des contraintes citées, et concernent d'abord les quantités de semences disponibles, qui limitent le nombre de conduites ou de sites expérimentaux, et la taille des parcelles (chez les sélectionneurs et les agents de développement). Pour T10.1, les contraintes portent sur la nécessité de travailler avec du matériel "agriculteur", du fait de la petite structure de l'entreprise, qui ne lui permet pas d'acquérir un équipement expérimental suffisamment adapté. Les acteurs I4.1 à I4.3 évoquent aussi les quantités de semences limitées, et les problèmes d'interprétation et de qualité expérimentale liés aux hétérogénéités de terrain. D'autres acteurs (M6.1, M6.2) évoquent la contrainte de juger selon un même protocole expérimental (dates de semis et d'interventions communes) des génotypes de précocités différentes, certains d'entre eux se trouvant favorisés par des dates d'intervention correspondant bien à leur cycle de développement, alors que d'autres sont défavorisés. Tous les acteurs appartenant à des structures importantes (organismes de distribution, T12) n'évoquent pas de contraintes liées au matériel expérimental : leurs

**Figure 1.8.** AFC de 33 réseaux (les réseaux I4-2, M9-2, T10-1RP et V13-1 ont été retirés de l'analyse) avec 34 variables décrivant la configuration des réseaux et les contraintes exprimées par les acteurs. Graphe supérieur : variable ; graphe inférieur : réseaux. Les codes des variables sont indiqués dans les tableaux 1.5 et 1.9. Les groupes sont issus de la classification de la figure 1.5.



entreprises ont mis les moyens pour s'équiper de façon satisfaisante. C'est le cas aussi de ceux qui s'appuient sur des réseaux de partenaires ou de prestataires (T11.1, V13.1).

Le *partenariat* (colonne 5) représente une contrainte dans la mesure où ce type d'organisation limite les possibilités de modifier les protocoles ou les règles de jugement des génotypes (I4, T12.1), et réduit les libertés de manœuvre pour introduire des génotypes nouveaux dans les listes variétales déjà constituées par le partenaire (S2.2, D2.3, T11.1). Dans ce mode d'organisation, toute notation supplémentaire doit en général être supportée par l'organisme qui a commandé l'expérimentation, au cours des visites de contrôle qu'il a l'habitude d'effectuer, ou qu'il devra mettre en place, et non par le partenaire expérimentateur. Pour T10.1, la contrainte liée au partenariat ne porte pas sur la mise en place ou la conduite des essais, mais sur l'obtention des semences pour essais, dans la mesure où les organismes distributeurs du secteur chez qui il s'approvisionne font des choix de gammes variétales assez différents des siens.

La *difficulté à formaliser et à transmettre la connaissance* (colonne 7) n'est pas exprimée par tous les acteurs, mais plus particulièrement par ceux qui cherchent à améliorer la transmission de leur connaissance. S3.1 exprime fortement ce besoin, qui est perceptible aussi chez S1.1 et S2.2 (impliqués dans des activités de développement). D2.3 l'exprime aussi très fortement, D3.2 un peu moins, car il a déjà développé des outils informatiques de synthèse et de mise en forme des résultats qui lui apportent satisfaction : ces deux acteurs prennent en charge les génotypes peu avant le dépôt à l'inscription, et ils ont le sentiment d'avoir à constituer une connaissance complètement nouvelle sur les futures variétés, alors qu'elles sont déjà bien connues par les agents de la sélection (cf. § 1.3.5.1 p.39). Ainsi, les agents du développement seraient les premiers bénéficiaires d'une amélioration de la formalisation et de la transmission des connaissances acquises par les sélectionneurs. Une des missions principales de l'acteur T12.1 est de synthétiser et de présenter la connaissance acquise sur les variétés. Il ressent donc plus particulièrement la difficulté à constituer une connaissance fiable qui prenne en compte l'instabilité des variétés, et à la présenter. Il est à noter que, d'une façon générale, les acteurs de la distribution sont globalement assez satisfaits de leur façon de présenter et de diffuser leurs résultats (M6.1 et M6.2 expriment tout de même le besoin de mettre au point un mode de présentation plus synthétique).

Nous avons cherché à identifier si l'expression des contraintes pouvait être reliée à la formulation des objectifs et des critères de choix des génotypes (il s'agirait dans ce cas de contraintes "subjectives") ou à la configuration des réseaux expérimentaux (il s'agirait alors de contraintes "objectives"). L'AFC qui associe les contraintes exprimées avec les objectifs et les critères de jugement des génotypes (annexe 4.13) ne met pas en évidence de lien net entre ces deux types de variables. Au contraire, l'AFC qui associe les contraintes exprimées avec les variables décrivant la configuration des réseaux (figure 1.8 et annexe 4.14) permet de mettre en évidence le lien, sur l'axe 1, entre d'une part le nombre d'essais, la part expérimentale confiée à des prestataires et le nombre de génotypes étudiés, et d'autre part un fort degré d'expression de l'ensemble des contraintes (hormis la contrainte de temps disponible à la récolte, *ctmprec2*, qui est forte dans tous les réseaux). Suivant l'axe 1 de l'AFC, on trouve à gauche les réseaux des organismes de multiplication – distribution et de certains organismes techniques, qui expriment un faible degré de contraintes expérimentales (*cexpe0*), de temps disponible en hiver (*ctmphiv0*), de contraintes liées aux coûts des réseaux (*ccout0* et *ccout1*) et à la formalisation des connaissances (*cform0*). Ces réseaux s'opposent aux réseaux d'inscription, de l'agent de développement D2 et au réseau S2.2A2. Dans la partie supérieure du graphique, se trouve le degré 1 des contraintes de partenariat (*cpart1*, très bien relié à la part expérimentale en partenariat *pespst1*) et des contraintes expérimentales (*cexpe1*), alors que la partie inférieure du graphique correspond à une augmentation des contraintes expérimentales (*cexpe2*), de coût des essais (*ccout2*) et de la difficulté à formaliser et transmettre la connaissance sur les génotypes (*cform2*). Ces variables sont également reliées à l'augmentation du nombre de génotypes par essai (*nbgnes2*). Dans cette partie inférieure, on trouve les réseaux de sélection (les réseaux de sélection précoce étant toujours caractérisés par des dispositifs expérimentaux plus sophistiqués : *dispex2*), et le réseau T12.1RP, qui s'opposent aux réseaux de développement de l'agent D3.2 et aux deux réseaux R5.1RV et R5.1RP.

**Tableau 1.10.** Besoins exprimés pour l'amélioration des usages de l'expérimentation variétale, classés par ordre de citation décroissante.

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	Code de l'entretien	Mieux valoriser l'information existante <i>bvalinf</i> (0, 1, 2)	Expérimenter en pluriannuel et le plus tôt possible <i>bpluran</i> (0, 1, 2)	Mettre en place de nouveaux essais ou de nouvelles conduites <i>bnves</i> (0, 1, 2)	Améliorer la rapidité de traitement des résultats <i>brapid</i> (0, 1, 2)	Optimiser les réseaux <i>boptim</i> (0, 1, 2)	Améliorer la qualité expérimentale (dispositifs, matériels...) <i>bqalex</i> (0, 1, 2)	Améliorer l'accessibilité aux données <i>baccessd</i> (0, 1, 2)	Analyser les regroupements d'essais <i>banlgrp</i> (0, 1, 2)	Acquérir de nouvelles compétences <i>bcomp</i> (0, 1, 2)	Collecter de nouvelles informations sur les essais ou à l'extérieur <i>bnvinf</i> (0, 1, 2)
1	I4.1										
2	I4.2										
3	I4.3										
4	S1.1										
5	S3.1										
6	S2.1										
7	S2.2										
8	D2.3										
9	D3.2										
10	R5.1										
11	M6.1										
12	M6.2										
13	M7.1										
14	M8.1										
15	M9.1										
16	M9.2										
17	T10.1										
18	T11.1										
19	T12.1										
20	T12.2										
21	V13.1										

**Légende :**

	Besoin fortement exprimé (2)
	Besoin secondaire (1)
	Besoin non exprimé (0)

## 2. Besoins d'amélioration exprimés (tableau 1.10)

L'enrichissement de la connaissance des génotypes apparaît comme un besoin prioritaire, et passe d'abord par une meilleure valorisation de l'information issue des réseaux expérimentaux (colonne 1), puis par l'expérimentation pluriannuelle (colonne 2) et la mise en place de nouveaux essais ou de nouvelles conduites (colonne 3), mais moins par la collecte de nouvelles informations sur les essais existants (dernière colonne).

Seuls 2 acteurs n'expriment pas le besoin de *mieux valoriser l'information* (S2.1 et T11.1). Tous les autres considèrent avoir déjà beaucoup d'informations sur les essais, dont une partie est insuffisamment exploitée. Il est à noter que, même s'il y a une forte prise de conscience de l'importance de l'information non exploitée contenue dans les réseaux expérimentaux, la façon de mieux valoriser cette information n'est en général pas très bien définie. Quelques acteurs évoquent les outils biométriques permettant d'analyser l'interaction génotype - milieu, en utilisant éventuellement des covariables décrivant les milieux ou en travaillant au regroupement des essais (I4.1, I4.3, S2.2, T12.1). Beaucoup jugent les visites d'essais incontournables pour porter un jugement sur ce qui s'est passé (I4, S2.1, S2.2, D2.3, S3.1, D3.2, R5.1, M6.1, M7.1, T11.1). Le besoin d'une meilleure valorisation rejoint aussi le besoin d'outils pour améliorer la présentation des résultats, notamment en prenant mieux en compte leur variabilité (M6.2). Ceci rejoint le constat que nous avons fait au paragraphe 1.3.5.1 (p.39).

La nécessité de *conduire les expérimentations plusieurs années ou le plus tôt possible* dans la vie d'une variété est évoquée de façon quasi unanime. Ceci doit permettre de prendre position le plus tôt possible sur les génotypes, ou de fiabiliser les décisions par l'observation des comportements répétés sur plusieurs années. L'expérimentation pluriannuelle est souvent citée comme le principal moyen de limiter les risques d'erreurs dans les décisions : sélectionneurs, agents du développement et de la distribution. Les agents I4.1 à I4.3, pour qui l'expérimentation est conduite réglementairement deux années de suite, n'expriment pas ce besoin. Pour les épreuves d'inscription, ce besoin est pourtant exprimé par d'autres acteurs (V13.1), en ce qui concerne l'évaluation de la qualité (qui ne repose que sur une année d'évaluation actuellement).

Le besoin de *mettre en place de nouveaux essais ou de nouvelles conduites* est énoncé par un grand nombre de personnes interrogées et correspond au besoin de compléter la connaissance acquise sur les génotypes, dans des situations agronomiques particulières, ou en réponse aux demandes des utilisateurs (réaction à la dose de fertilisation azotée : D2.3, R5.1, M8.1, T10.1 ; à la date ou à la densité de semis : S1.1, D2.3, M6.2 ; à la réduction des intrants : S2.1, M8.1, T10.1 ; aux situations de blé sur blé : S1.1, M6.2...). Ce besoin est marqué en particulier chez les agents du développement. Mais il se heurte à la contrainte de coût des réseaux expérimentaux : souvent il y a un choix à faire entre des essais variétaux classiques, dans une gamme de milieux diversifiés, et des essais où un nombre plus faible de génotypes est évalué pour sa réaction à des techniques de culture.

Un certain nombre de personnes interrogées souhaitent compléter leurs possibilités d'interprétation des résultats en *recueillant de nouvelles informations sur les essais*, comme les composantes du rendement (D3.2, T10.1), la caractérisation du statut azoté des plantes par des appareillages comme le Hydro N-tester (voir note 30 p.33 ; R5.1, M6.2, T12.1) plutôt que par des mesures d'azote absorbé par les plantes (cette mesure est lourde), la caractérisation du déficit hydrique par le bilan hydrique (D3.2, M9.1, M9.2, T10.1) ou par des tensiomètres (M7.1). *Collecter des données extérieures* comme les données météorologiques, qui permettraient d'améliorer la caractérisation des milieux (S3.1, R5.1, M9.1, M9.2) est la voie d'amélioration la moins citée. Mais certains acteurs font déjà beaucoup (M7.1, M8.1), plus que ce qu'ils peuvent traiter ensuite, soit par manque de temps, soit par manque d'outils ou de compétence pour exploiter l'information accumulée.

Trois types de besoins s'expriment en rapport avec la rapidité de traitement des résultats, l'accessibilité des données et la qualité expérimentale (colonnes 4, 7 et 6).

*Améliorer la rapidité de traitement des résultats et l'accessibilité aux données* apparaît comme un besoin important chez les acteurs de l'inscription. La rapidité de traitement des résultats est également un besoin important chez certains sélectionneurs et chez les acteurs de la multiplication – distribution (y compris l'acteur R5.1). Il est moins exprimé par un certain nombre d'acteurs d'organismes



techniques (T11.1, T12.2), par D3.2, pour qui une évolution a progressivement permis d'améliorer la rapidité de traitement des données, et par l'acteur V13.1, qui n'a pas à communiquer rapidement des données avant qu'il ne les ait lui-même traitées ou mises en forme. L'accessibilité aux données est importante également pour des acteurs qui interviennent dans le développement (D2.3 et, dans une moindre mesure, S2.2), ainsi que pour l'acteur R5.1.

**Améliorer la qualité expérimentale** apparaît comme une nécessité pour différents acteurs : ceux dont le travail conduit à une appréciation publique des variétés (I4, T12.1) ; ceux pour qui l'image de rigueur expérimentale est importante et qui n'ont pas encore opéré toutes les mutations requises (organisation, matériels, protocoles) : cas de M6.1 et M6.2 dont l'organisme est en cours de certification BPE<sup>38</sup>. En comparaison, M7.1 a déjà effectué cette mutation et n'évoque pas la nécessité de poursuivre l'amélioration de la qualité expérimentale.

Un autre ensemble de besoins est exprimé ensuite, concernant l'optimisation des réseaux expérimentaux (colonne 5) et l'analyse des regroupements d'essais (colonne 8).

**Optimiser les réseaux expérimentaux**<sup>39</sup> est un besoin caractéristique des gestionnaires de grands réseaux expérimentaux. Il répond à la contrainte de coût (I4, T12), ou à la difficulté à extraire l'information (réseaux déséquilibrés, partenaires trop nombreux, listes variétales trop fragmentées : S2.2, D3.2, R5.1, T11.1). Cette recherche d'optimisation peut aussi refléter le besoin de mieux choisir les sites expérimentaux de façon à avoir une information plus riche ou plus complète (S1.1, S2.1, S3.1, T12.2). Dans ces perspectives, les réseaux pourraient être restreints à des lieux révélateurs et bien ciblés (S2.2, R5.1, T12). Nous constatons qu'il y a un lien entre l'expression du besoin d'optimiser les réseaux et celui d'**analyser les regroupements d'essais** (I4.3, S2.2, D3.2, T12.1 : tableau 1.10).

Enfin, pour un petit nombre de personnes interrogées, les progrès espérés doivent passer par une **amélioration des compétences** en matière d'analyse et d'interprétation des résultats d'essais (colonne 9), que cela concerne les personnes déjà en place, ou que cela résulte du recrutement d'une personne spécialisée, dans les critères agronomiques de description des milieux, ou dans l'utilisation des outils biométriques pour analyser les résultats expérimentaux. Certains acteurs estiment que la valorisation des informations issues des réseaux expérimentaux devrait être confiée à une personne spécialement affectée à l'analyse des résultats d'essais, quelqu'un qui soit à la fois "biométricien, sélectionneur et agronome" (cette triple compétence est nécessaire selon S2.2). Dans les entreprises de sélection, ce rôle est confié plus ou moins explicitement à l'activité de développement. On peut constater que les personnes qui expriment le besoin d'acquisition de nouvelles compétences, notamment les acteurs du développement, sont bien informées des possibilités offertes par les moyens d'analyse biométrique de l'interaction (I4.3, S3.1, S2.2, D3.2). L'acteur T12.1 considère que les compétences nécessaires sont déjà disponibles dans son entreprise. Il peut donc y avoir un décalage entre les besoins exprimés par les acteurs et les améliorations qui s'avèreraient utiles ou nécessaires, mais qui ne sont pas perçues. L'expression par les acteurs de leurs besoins peut ainsi être considérée comme révélatrice de la compétence qu'ils ont déjà acquise (ceci rejoint et confirme l'une des hypothèses que nous avons émises en introduction : voir problématique générale, § 1, p.11). Il est

<sup>38</sup> **BPE** : Bonnes Pratiques Expérimentales.

<sup>39</sup> Une certaine idée de la représentativité des réseaux ou de leur diversité est sous-jacente à une démarche d'optimisation (Rosielle et Hamblin, 1981) : il peut s'agir de la représentativité par rapport aux zones de culture ou aux pratiques agricoles (Schott, 2000), ou par rapport aux contraintes environnementales, pour lesquelles une information est recherchée. L'optimisation peut donc poursuivre trois objectifs différents :

- 1- Améliorer la représentativité du réseau. Pour certains sélectionneurs, cette représentativité est jugée par la proximité des résultats obtenus par rapport au réseau d'inscription.
- 2- Maximiser l'information qui peut être obtenue par le réseau, et notamment l'information sur la diversité des réponses des génotypes aux milieux.
- 3- Réduire les coûts du réseau expérimental en limitant le nombre d'essais.

Les deux premiers critères vont dans le sens d'une augmentation de la diversité des situations. Le troisième au contraire impose que cette diversité n'entraîne pas une multiplication des situations expérimentales. L'optimisation comporte donc une notion implicite d'équilibre à rechercher entre la diversité suffisante des situations expérimentales et la réduction de la lourdeur et du coût du réseau, la situation d'équilibre pouvant être considérée comme correspondant à un réseau dans lequel les situations sont aussi différentes et complémentaires que possible. Une démarche d'optimisation devrait comporter en outre une étude de la fréquence d'apparition des contraintes environnementales, ou de la fréquence des liaisons entre essais, pour identifier les situations redondantes ou sous représentées.

possible aussi que les personnes qui expriment moins fortement la difficulté à interpréter les résultats minimisent cette difficulté parce qu'ils ont moins de temps à consacrer pour l'interprétation des résultats, ou parce qu'ils se contentent de procédures d'analyse et de présentation standards.

Comme nous l'avons évoqué à plusieurs reprises ci-dessus, les besoins exprimés correspondent pour une part aux contraintes perçues par les acteurs. Quand on étudie les liens entre les contraintes et les besoins exprimés (annexe 4.15), on remarque ainsi que tous les niveaux élevés d'expression des contraintes sont regroupés ensemble, sur la gauche de l'axe 1 de l'AFC, et sont également regroupés avec 6 variables décrivant le niveau 2 des besoins (*bvalinf2*, *boptim2*, *banlgrp2*, *brapid2*, *baccessd2*, *bqalex2*).

On constate par ailleurs que la correspondance entre les configurations expérimentales et les besoins exprimés par les acteurs (annexe 4.17) est moins bonne que celle que l'on observe entre les configurations expérimentales et les contraintes (annexe 4.14), alors que le lien avec les objectifs et les critères de jugement des génotypes est meilleur (annexe 4.16). En particulier, on observe un lien entre le besoin de juger la stabilité des performances des génotypes (degrés de la variable *stab*), leur réponse aux techniques de culture (variable *techn*), et le besoin d'expérimenter les génotypes plusieurs années (*bpluran*). Ces variables sont reliées aussi à l'utilisation des témoins du marché (*temarch*). Pour une part donc, l'expression des besoins dépend des objectifs que se donnent les acteurs. La part de subjectivité dans l'expression des besoins apparaît plus importante que pour l'expression des contraintes.

## 1.4. Discussion

### 1.4.1. Typologie des usages de l'expérimentation variétale

#### 1. Diversité des usages de l'expérimentation variétale

Nous avons constaté une diversité qui porte sur tous les éléments que nous avons répertoriés : objectifs et critères de jugement des génotypes ; sources d'information (pour lesquels apparaît le caractère fondamental de l'information issue de l'expérimentation variétale, pour la quasi-totalité des acteurs) ; nature et homogénéité des informations sur les génotypes et sur les milieux ; configuration de l'expérimentation et mode d'exploitation des résultats. Le constat de cette diversité contraste avec la description qui est faite habituellement de l'expérimentation variétale, dans les études qui ont cherché à interpréter la variabilité des résultats au sein d'un réseau ou à optimiser les réseaux : dans les nombreux travaux consacrés à ce sujet (voir par ex. la revue bibliographique de Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997), les auteurs se sont le plus souvent efforcés de travailler sur des réseaux homogènes, comportant les mêmes sites expérimentaux d'une année sur l'autre, les mêmes listes variétales entre essais (en restreignant au besoin à une liste commune le nombre de génotypes introduits dans l'analyse), et dans lesquels des mesures et contrôles identiques ont été effectués. La recherche d'optimisation telle qu'elle est envisagée (Parisot-Baril, 1992 ; Schott, 2000), repose sur une vision idéale du réseau expérimental, réseau homogène dans lequel les mêmes contrôles ont pu être réalisés partout. Dans la réalité, cela est très difficile à atteindre. On constate par exemple que même dans le réseau d'inscription, où un protocole très strict est imposé aux partenaires (listes variétales homogènes, conduites et observations rigoureusement définies), il s'avère que les modes d'implantation, les conduites, et les observations peuvent différer.

Peu de travaux se sont appuyés sur le constat de la diversité des réseaux expérimentaux, ou ont cherché à proposer des pistes pour intégrer les résultats issus de ces différents réseaux. Ceci a toutefois été entrepris récemment sur l'espèce tournesol par Foucteau (2001), qui a pris en compte l'hétérogénéité des listes variétales dans les réseaux d'évaluation du tournesol. Cette hétérogénéité pouvait résulter de la répartition géographique des génotypes par groupes de précocité (phénomène nettement plus marqué que chez le blé, notamment dans le réseau d'inscription), ou d'une évolution dans le temps, liée à la prise en charge successive d'un même génotype par des acteurs différents (sélection, inscription, post-inscription).

Cette diversité est visible entre les entreprises, mais aussi entre acteurs à l'intérieur d'une même entreprise. Et un même acteur est parfois rattaché à plusieurs usages. On constate ainsi des différences importantes au sein des entreprises de sélection, entre les acteurs de la sélection (S1.1, S2.1, S3.1) et les acteurs du développement (D2.3 et D3.2). Certains acteurs peuvent intervenir dans ces deux activités (S2.2), mais l'identification des services de développement dans les organigrammes des entreprises (il y a une douzaine d'années pour l'une des trois entreprises enquêtées, 5 et 3 ans pour les deux autres) témoigne de la reconnaissance de la spécificité des activités de sélection et de développement. Dans la description des configurations expérimentales (tableau 1.5), nous avons dû distinguer la sélection précoce et la fin de sélection, ainsi que deux types de réseaux de développement. Dans les entreprises de distribution, nous avons aussi distingué des acteurs impliqués en amont (jusqu'à l'inscription, par ex. M6.1), plus proches de la problématique des sélectionneurs ou des agents du développement, et des acteurs plus proches de l'utilisation des variétés (post-inscription : M6.2). Mais d'autres acteurs exercent les deux fonctions. Dans ces deux exemples, les acteurs se différencient au sein d'une même entreprise par le moment où ils interviennent dans la vie des variétés. Dans d'autres entreprises, les acteurs se différencient selon l'échelle géographique de leur action : c'est le cas des acteurs techniques T12.1, de dimension nationale, et T12.2, de dimension régionale, bien que tous deux appartiennent au même organisme, et des acteurs T11.1, de dimension régionale, et T10.1, qui agit à l'échelle d'une petite région, avec un réseau expérimental en partie commun avec T11.1.

## 2. Fondement d'une typologie des usages basée sur les objectifs et les critères de jugement des génotypes

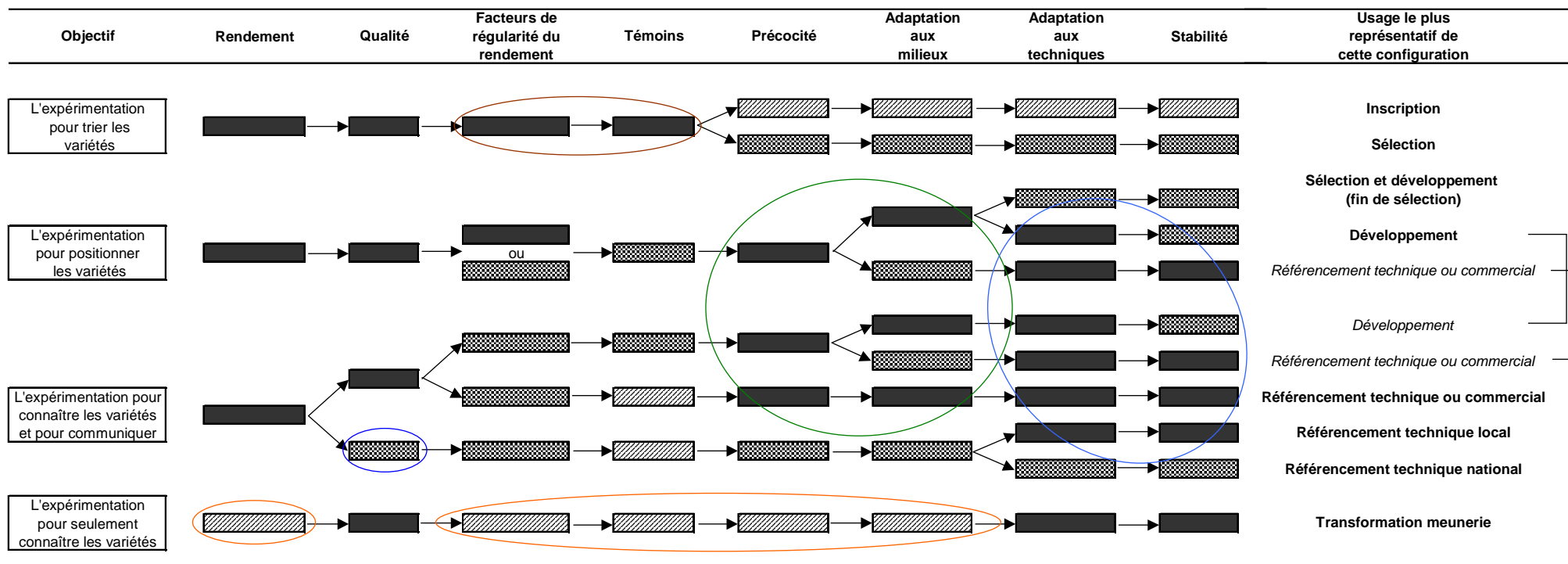
Dans la classification automatique des acteurs présentée sur la figure 1.2, si l'on établit une limite dans la structuration à 6 groupes, on retrouve assez bien les catégories d'acteurs que nous avons constituées *a priori*, et qui ont d'ailleurs servi à coder les entretiens. De plus, la bonne correspondance que nous avons observée entre les objectifs annoncés par les acteurs et les critères de jugement des génotypes (voir en annexe 4.2 les tableaux 1.2 et 1.3 ordonnés suivant les groupes de la figure 1.2) permet de proposer une première typologie des usages basée sur ces deux catégories de variables :

- Dans l'usage "**Inscription**" (groupe 1.1 de la figure 1.2) l'expérimentation a pour objectif essentiel de **Trier les variétés**, l'objectif de les connaître intervenant à un moindre degré. Les critères utilisés pour atteindre cet objectif sont : l'utilisation des seuls **Témoins CTPS**, le poids prépondérant du **Rendement**, de la **Qualité** et des **Facteurs de régularité du rendement**. Ni l'**Adaptation des variétés** à un milieu ou à une technique de culture, ni la **Stabilité** des résultats ne sont prises en compte.




- L'usage "**Sélection**" (groupe 1.2) est caractérisé également par l'objectif premier de **Trier les génotypes**, mais les autres objectifs (**Positionner**, **Connaître** et **Communiquer**) interviennent également à des degrés variables. En particulier, **Positionner les génotypes** prend de l'importance en fin de sélection. Les critères sont proches de ceux utilisés pour l'inscription : ce sont d'abord les **Témoins CTPS** qui sont utilisés, les témoins du marché intervenant en second lieu ; le **Rendement**, la **Qualité** et les **Facteurs de régularité du rendement** ont un poids prépondérant, mais la **Précocité**, les **Autres critères d'adaptation** et la **Réponse aux techniques de culture** interviennent également avec une importance plus ou moins marquée selon les acteurs, plus forte en fin de sélection. La **Stabilité** est prise en compte de façon modérée.

- L'originalité de l'usage "**Développement**" (groupe 2.1.1.1) par rapport à tous les autres usages est de chercher à **Positionner les futures variétés**. Mais les deux objectifs de **Connaître** les génotypes et de **Communiquer** sur eux sont très importants aussi. Pour cela, à la fois les **Témoins CTPS** et les **Témoins du marché** sont utilisés. Le **Rendement** et la **Qualité** gardent un rôle prépondérant, mais les **Facteurs de régularité du rendement** ont un poids plus moyen. L'intérêt pour l'**Adaptation des génotypes** et leur **Réponse aux techniques de culture** est fort, celui pour la **Stabilité** reste moyen.




**Figure 1.9.** Grands objectifs identifiés, critères de jugement des génotypes qui permettent de les caractériser, et usages correspondants (les ellipses mettent en évidence les caractéristiques qui distinguent certains usages ou groupes d'usages par rapport aux autres).



**Légende : Critères**

-  Fortement pris en compte
-  Moyennement pris en compte
-  Faiblement ou non pris en compte

**Témoins**

-  CTPS<sup>1</sup> seulement
-  Témoins CTPS et du marché
-  Témoins du marché

<sup>1</sup> CTPS : Comité Technique Permanent de la Sélection

- Un autre usage pourrait être intitulé "**Référencement technico-commercial**" (groupe 2.1.1.2). Il est identifié chez la plupart des acteurs des organismes de multiplication – distribution, chez un acteur que nous avons qualifié de "technique" (T12.1), et chez les acteurs D3.2 et R5.1. Chez ces deux derniers acteurs, l'objectif de **positionner les variétés** est marqué, mais le rôle des *facteurs de régularité du rendement*, de la *précocité* ou de l'*adaptation des variétés* sont moins marqués que dans l'usage précédent ("**Développement**"), et les *témoins CTPS* peuvent aussi avoir un rôle moindre. Il apparaît donc ici que le positionnement marketing ou commercial prend le dessus sur le positionnement technique. Chez les autres acteurs de ce groupe, l'objectif de **positionner les variétés** est secondaire par rapport à l'objectif de les **connaître** et de **communiquer** sur elles. Les **Témoins du marché** sont prépondérants, tout comme le **Rendement** et la **Qualité**. Les **Facteurs de régularité du rendement** ont un rôle en général moyen, mais qui peut être fort chez certains acteurs. L'intérêt pour l'**Adaptation aux milieux ou aux techniques** et pour la **Stabilité** est élevé chez la plupart des acteurs qui relèvent de cet usage, un peu moins chez les deux acteurs M6.1 et T12.1.

- **Le Référencement technique** (groupe 2.1.2) constitue un usage distinct du précédent, cette distinction témoignant de l'assez grande hétérogénéité qui existe à l'intérieur du groupe "**Organismes techniques**" que nous avons constitué *a priori*. Les objectifs communs aux différents acteurs concernés sont de **Connaître les variétés** et de **Communiquer** sur elles, mais certains acteurs gardent l'objectif secondaire de trier les variétés ou de les positionner. Le **Rendement** est un critère toujours prépondérant, alors que la **Qualité** a un rôle globalement moins important, comme la *Précocité*, les *Facteurs de régularité du rendement* et les critères d'*Adaptation au milieu*. Globalement, le rôle des *Témoins du CTPS* est faible par rapport aux **Témoins du marché**, et les acteurs concernés se distinguent par l'intérêt moyen ou fort qu'ils portent à la **Réponse des variétés aux techniques de culture** et à la **Stabilité**.

- Enfin, **la Transformation-meunerie** (groupe 2.2) apparaît comme un usage très particulier, d'autant plus que l'acteur interrogé s'intéresse exclusivement à la valeur en panification des variétés de blé. D'autres caractéristiques auraient pu apparaître avec d'autres types de transformateurs. Ici l'objectif quasiment exclusif est de **Connaître les variétés**, et, en second lieu, d'*effectuer un tri*. Pour cela, seuls des **Témoins du marché** sont utilisés, ni le **Rendement** ni les *Facteurs de régularité du rendement* ne sont des critères de choix des variétés, alors que la **Qualité** est essentielle. Un intérêt marqué est porté à l'**Adaptation à certaines techniques** (fertilisation azotée), et à la **Stabilité** de la qualité.

La relativement bonne correspondance entre objectifs et critères de jugement des génotypes, que nous avons constatée dans la partie 1.3.1, est illustrée sur la figure 1.9 :

Quand l'objectif prioritaire est de **Trier les génotypes**, 2 critères apparaissent spécifiquement : les *Facteurs de régularité du rendement* et l'*Utilisation des témoins CTPS*. Et les usages les plus représentatifs de cet objectif sont l'inscription et la sélection.

L'objectif de **Positionner les génotypes** est plus difficile à caractériser, mais la prise en compte de la *Précocité* et de l'*Adaptation au milieu* apparaît tout de même déterminante. Les usages les plus caractéristiques de cet objectif sont d'abord le développement, en partie la fin de sélection, et le référencement technique et commercial, des acteurs reliés à cet usage partageant aussi cet objectif.

On ne trouve pas de critère spécifique pour décrire l'objectif de **Connaître les génotypes**. Nous avons vu en effet que cet objectif était partagé par la totalité des acteurs, même s'il n'est pas prioritaire pour tous (tableau 1.2). Mais les usages de l'expérimentation variétale qui répondent à cet objectif peuvent tout de même être distingués par le degré de prise en compte de certains critères. Ainsi, la prise en compte plus ou moins marquée de la **Qualité** correspond au degré d'implication commerciale de l'acteur : ce critère joue un rôle moindre pour le référencement technique des variétés, car il est pris en compte comme les autres critères de connaissance des variétés, alors qu'il est primordial quand l'évaluation est liée à l'avenir commercial de la variété. Quand sont pris en compte, la *Précocité* et l'*Adaptation au milieu*, on rejoint l'objectif de positionner les génotypes qui a été précédemment décrit, la prise en compte de la **Réponse des variétés aux techniques de culture** correspond aux usages du développement et du référencement technico-commercial, et la prise en compte de la **Stabilité** rejoint plus spécifiquement le référencement technico-commercial.

Enfin, parmi les acteurs que nous avons étudiés, l'objectif de seulement **Connaître les génotypes** est caractérisé par l'absence simultanée des critères *Rendement*, *Facteurs de régularité du rendement*, *Précocité* et *Adaptation aux milieux*. Cet usage est représenté par le seul acteur du secteur de la transformation que nous avons étudié. Il apparaît donc comme étant très particulier, et sans doute non représentatif de l'ensemble des activités de transformation.

Cette discussion illustre la difficulté de traduire des objectifs en terme de critères de jugement des génotypes, d'autant plus que les objectifs sont souvent combinés. Cette difficulté est inhérente à l'analyse, mais apparaît dans le discours des acteurs eux-mêmes, qui ne relie pas des objectifs simples à une pratique d'évaluation qui permettrait d'alimenter facilement les décisions. De plus, la complexité que nous observons se traduit par une grande diversité de réseaux expérimentaux, notamment pour ce qui concerne les objectifs de positionnement et de connaissance des génotypes. Nous allons donc maintenant voir s'il est possible de relier cette typologie des usages à la classification des réseaux expérimentaux que nous avons réalisée.

### 3. Amélioration de cette typologie des usages par la prise en compte de la configuration des réseaux expérimentaux

Les deux classifications que nous avons obtenues (figure 1.2 et figure 1.5) sont en partie superposables, mais pas totalement. Certains des usages que nous venons d'identifier renvoient en fait à plusieurs réseaux expérimentaux qui sont complémentaires, soit dans le temps, soit dans la réponse qu'ils apportent aux objectifs des acteurs, ou parce qu'ils concernent des échelles d'action différentes. Nous avons vu que, dans leur dimension "objective" (correspondant à une logique décisionnelle), les usages de l'expérimentation doivent être caractérisés non seulement par des objectifs et des modalités d'utilisation des données, mais aussi par des modalités de mise en œuvre sur le terrain. Dans cette perspective, nous avons cherché à affiner notre première typologie en la confrontant à la classification des réseaux présentée sur la figure 1.5. Nous intégrons ainsi dans la notion d'usage les objectifs, les critères de jugement des génotypes et les différents types de configuration des réseaux expérimentaux.

- L'usage "**Inscription**" est caractérisé à la fois par des objectifs et des critères de jugement des génotypes propres et par une configuration expérimentale particulière. En effet, les **réseaux d'inscription de 1<sup>ère</sup> et de 2<sup>ème</sup> année** présentent de nombreuses spécificités communes. Malgré l'augmentation du nombre d'essais (de 10 à 15 en 1<sup>ère</sup> année, plus de 15 en 2<sup>ème</sup> année), et la diminution du nombre total de génotypes étudiés (supérieur à 50 en 1<sup>ère</sup> année, 25 à 50 en 2<sup>ème</sup> année), ces deux réseaux gardent des caractéristiques proches. Les listes variétales sont homogènes, les essais sont réalisés essentiellement par des prestataires, les dispositifs expérimentaux sont simples (blocs ou split-plots à 2 répétitions), et la comparaison des conduites traitée et non traitée est systématique.

- Au contraire, la grande différence entre les réseaux expérimentaux, nous conduit à distinguer, au sein de l'usage "Sélection", un usage **Sélection précoce** et un usage **Fin de sélection**". Ces deux usages poursuivent globalement les mêmes objectifs et utilisent les mêmes critères de jugement des génotypes. Mais, *en début de sélection*, le nombre de sites expérimentaux est faible (moins de 5), le nombre total de génotypes étudiés et le nombre de génotypes par essai sont élevés (plus de 50 et plus de 35), les listes variétales sont régionales ou homogènes, et les essais sont essentiellement réalisés en interne, par l'entreprise. Les dispositifs expérimentaux sont sophistiqués (emploi de lattices ou d'alpha-plans), la comparaison des conduites traitée et non traitée n'est pas systématique, elle est même absente pour certains de ces réseaux. *En fin de sélection*, le nombre d'essais est plus important, sans être très élevé (entre 5 et 15), alors que le nombre de génotypes étudiés diminue (de 25 à 50 au total, 25 à 35 génotypes par essai), les listes variétales sont homogènes ou régionalisées, et la réalisation des essais est partagée entre l'entreprise et le partenariat (il y a très peu d'essais confiés à des prestataires). Les dispositifs expérimentaux sont divers, certains pouvant être sophistiqués, et la comparaison des conduites traitée et non traitée n'est pas systématique, mais fréquente.

- De la même façon, la prise en compte de la structure des réseaux conduit à affiner la définition de l'usage "Développement", en distinguant un usage "**Développement - collecte de références**" et un usage "**Développement commercial**". Le premier est associé aux réseaux que nous avons appelés réseaux de recherche, ou de collecte de références (RR), caractérisés par un nombre d'essais important (plus de 15), un nombre total de génotypes étudiés réduit (moins de 25), mais un nombre de génotypes par essai moyen (de 25 à 35). Les listes variétales sont régionalisées, les dispositifs expérimentaux sont simples (blocs ou split-plots), avec des différences possibles sur le nombre de répétitions et sur la part expérimentale réalisée par l'entreprise ou confiée à des partenaires. La comparaison des conduites traitée et non traitée est fréquente ou systématique. L'usage "Développement commercial" est associé à des réseaux (RC) caractérisés par un nombre d'essais important (plus de 15), un nombre total de génotypes étudiés et un nombre de génotypes par essai faibles (moins de 25 pour les deux critères). Mais ces essais sont essentiellement réalisés par des prestataires de service, les listes variétales sont hétérogènes et les dispositifs expérimentaux sont simples, avec des nombres de répétitions variables. Ici aussi, la comparaison des conduites traitée et non traitée est fréquente ou systématique.

Les deux acteurs initialement qualifiés "d'agents de développement", qui sont des salariés d'entreprises d'obtention variétale, se retrouvent finalement associés à ces deux usages. En terme d'objectifs, l'un insiste davantage sur le positionnement technique des variétés, l'autre sur le référencement technique et commercial. L'acteur R5.1, quant à lui, utilise des réseaux dont les caractéristiques sont comparables à celles qui correspondent à l'usage "Développement - collecte de références", notamment pour le nombre élevé de sites expérimentaux, l'importante part expérimentale réalisée en partenariat, et pour l'hétérogénéité des listes variétales. Nous choisissons donc de rattacher cet acteur à l'usage du "développement – collecte de références", bien que les préoccupations commerciales soient plus marquées chez cet acteur.

- L'usage "**Référencement technico-commercial**" correspond à des configurations de réseaux peu variables. En effet, à l'exception du nombre de génotypes étudiés, les caractéristiques sont assez comparables : les nombres d'essais sont faibles (parfois 1 ou 2 sites seulement) ou moyens (5 à 15). Les listes variétales sont homogènes, éventuellement régionalisées, et les essais sont réalisés essentiellement par l'entreprise. Les dispositifs expérimentaux sont simples, mais comportent plus de 2 répétitions (jusqu'à 6), la comparaison des conduites traitée et non traitée est variable : systématique, ou présente à l'échelle du réseau, ou totalement absente.

- Au sein de l'usage "**Référencement technique**", nous avons constaté une certaine diversité d'objectifs et de critères de jugement des variétés. S'y ajoutent des différences de configuration des réseaux, qui nous conduisent à distinguer en définitive 3 usages différents, que l'on peut relier à l'échelle géographique d'activité, et que nous appelons "**Référencement technique national**" (représenté par l'acteur T12.1), "**Coordination technique régionale**" (acteur T11.1) et "**Référencement technique local**" (acteurs T10.1 et T12.2). Les deux premiers divergent peu en terme de caractéristiques des réseaux (bien que, dans le réseau T11.1RP, le nombre de génotypes soit plus faible, et les listes variétales plus hétérogènes), mais nous avons vu qu'ils se distinguent sur les objectifs et les critères de jugement des variétés (T12.1 garde l'objectif de tri des variétés inscrites, s'intéresse davantage à la qualité et utilise davantage les témoins CTPS que T11.1 qui, de son côté, affiche plus fortement la stabilité des performances comme critère de jugement des variétés). Pour le référencement technique local, les réseaux correspondants s'avèrent proches des réseaux dédiés à l'usage "**Référencement technico-commercial**". La principale caractéristique de ces réseaux est le faible nombre d'essais, le nombre de génotypes est important (T12.2RP) ou faible (pour les autres), mais les listes variétales sont homogènes, contrairement aux activités régionales ou nationales.

- L'usage de **Transformation-meunerie**, bien individualisé en terme d'objectifs et de critères, s'appuie sur un réseau expérimental dont les caractéristiques sont proches de celles des réseaux de développement commercial : le nombre d'essais est moyen (5 à 15), ils sont essentiellement réalisés par des prestataires. Le nombre de génotypes étudiés est faible, et le nombre de génotypes par essai est variable, car il dépend de la liste variétale de l'organisme qui réalise les essais. Les listes variétales sont hétérogènes entre essais, mais comportent un tronc commun de variétés qui intéressent l'acteur concerné. Les dispositifs expérimentaux sont variables, car ils dépendent du partenaire, la comparaison

des conduites traitée et non traitée aussi, mais est sans intérêt pour l'exploitation des résultats de ce réseau.

Il existe donc une certaine correspondance entre objectifs et critères d'une part, et réseaux d'autre part. Ainsi, nous avons observé que les réseaux destinés à trier les génotypes (qui concernent l'inscription, la sélection, surtout les premières années, et certains réseaux de distribution) apparaissent différents des réseaux mis en place pour connaître les génotypes ou pour communiquer sur eux (développement, référencement technique, distribution), dans le sens où ils comportent moins d'essais et plus de génotypes. Hormis pour l'inscription, ces réseaux sont réalisés surtout par l'entreprise. Les réseaux destinés à positionner les génotypes (qui concernent notamment la fin de sélection et le développement), comportent au contraire un grand nombre d'essais, avec une part de partenariat importante, ce qui est cohérent avec le fait que ces réseaux servent en même temps à connaître et à faire connaître les génotypes.

Mais la formulation des objectifs et des critères par les acteurs n'est pas effectuée par réseau expérimental, ce qui complique la recherche de la correspondance entre objectifs – critères, et configuration des réseaux. Un même objectif peut être poursuivi en s'appuyant sur des réseaux expérimentaux différents : nous venons de le voir pour la sélection et pour le développement, ce qui nous a conduit à identifier plusieurs usages. En cas d'objectifs multiples, les acteurs utilisent les différents réseaux qu'ils ont à leur disposition, plutôt l'un ou plutôt l'autre selon l'objectif (par exemple, parmi les organismes de distribution, le tri des variétés est effectué dans les premiers essais mis en place, le positionnement et la communication dans les essais suivants). A l'inverse, un même type de réseau peut être utilisé pour des objectifs différents. Par exemple, plusieurs réseaux des organismes techniques et la totalité des réseaux des entreprises de multiplication – distribution ont pu être réunis dans un même groupe (groupe 2.2.2 de la figure 1.5). Ces réseaux, relativement proches en terme de configuration, répondent aux deux objectifs principaux de connaître les génotypes et de communiquer sur eux, mais sont aussi utilisés pour trier (acteurs "amont" de la distribution) ou pour positionner les variétés.

La diversité que nous avons mise en évidence repose sur 21 entretiens réalisés auprès d'interlocuteurs aussi différents que possible, appartenant aux grands secteurs d'activités de la filière semences. Nous avons observé très peu de redondance entre les différents interlocuteurs rencontrés pour chacune des activités décrites : 3 entreprises de sélection ont été étudiées, et le fonctionnement de ces trois entreprises a montré un certain nombre de différences, ce qui peut nous laisser supposer que nous n'avons pas exploré toute la diversité des fonctionnements des activités de sélection. En revanche, il aurait sans doute été possible de retirer de l'étude un des organismes de multiplication – distribution, bien que chacun d'entre eux ait montré des particularités. Les organismes techniques étudiés ont montré des différences et un certain nombre de similitudes, qui nous permettent de penser que nous avons assez bien appréhendé leur diversité. En revanche, un seul interlocuteur a été rencontré dans les activités de transformation. Pour porter un jugement plus complet sur la diversité des usages et des besoins dans ce type d'activité, il aurait été nécessaire d'étudier d'autres entreprises du même secteur.

#### **1.4.2. Correspondance entre les usages de l'expérimentation et la nature de l'information recueillie**

Nous avons observé que **l'information recueillie sur les milieux est assez bien reliée à la configuration des réseaux** (partie 1.3.3.3 p.32 et figure 1.6). Ce résultat a une conséquence importante par rapport à la conception de méthodes ou d'outils d'aide à l'évaluation des génotypes : si la mise en œuvre d'une méthode nécessite d'acquérir des informations complémentaires ou plus précises sur les milieux, la facilité d'obtention de ces informations dépendra du type de réseau expérimental. En effet, moins d'informations sur les milieux sont obtenues dans les réseaux où la part en prestation ou en partenariat "distant" est importante (par exemple, dans les réseaux de développement, les réseaux des groupements de distributeurs). L'information recueillie sur les milieux dans les réseaux de sélection est partielle, et diminue entre le début de la sélection et la fin de



sélection, du fait que les acteurs ont peu de temps à investir dans le recueil de ce type de données (en particulier pour certaines données météorologiques, et pour la réserve en eau du sol).

Cette conclusion doit néanmoins être tempérée par le fait que plusieurs acteurs ont déclaré qu'il serait facile de se procurer certaines informations comme les données météorologiques, mais que "le besoin ne s'en fait pas sentir". D'autres ont indiqué ne pas utiliser la totalité des informations sur les milieux dont ils disposent. De plus, nous avons aussi mis en évidence des choix individuels qui ne sont pas reliés à la configuration des réseaux : l'acteur M7.1 a mis en place un grand nombre de mesures et de contrôles systématiques sur les essais variétaux, qui ne sont pas tous pleinement valorisés. On retrouve un peu la même chose chez les acteurs M9.1 et M9.2. Ceci peut s'expliquer par la volonté de développer une image de qualité expérimentale, utile pour inciter des acteurs extérieurs à confier des génotypes à expérimenter.

En revanche, nous avons observé que **l'information recueillie sur les génotypes est nettement moins bien reliée aux groupes d'acteurs ou de réseaux** qui ont permis de définir les usages (partie 1.3.3.2 p.30). Des regroupements sont possibles, mais surtout entre réseaux relevant d'une même entreprise. Ainsi, la recherche d'informations sur les génotypes correspond davantage à des pratiques individuelles ou d'entreprise, dans lesquelles des stratégies de compensation des configurations expérimentales défavorables sont développées, par un investissement individuel plus ou moins important. Par exemple, dans des réseaux où la part expérimentale réalisée par des partenaires est importante, il y a une difficulté à faire réaliser des notations particulières, au-delà du protocole standard. Pour remédier à cet obstacle, certains sélectionneurs ou agents de développement entreprennent des visites systématiques de tous les essais dans lesquels sont évalués les génotypes qu'ils ont sélectionnés.

Nous avons relevé (partie 1.3.5.1 p.39) que la connaissance sur les génotypes doit être reconstruite à chaque nouvelle prise en charge, ce qui révèle un problème de communication des informations sur les variétés à l'intérieur de la filière. Le même constat a été réalisé par Prost *et al.* (2003), et ressort d'une consultation des acteurs effectuée dans le cadre d'une action participative ("Impact des innovations variétales", 2001-2004<sup>40</sup>). Il nous semble que cette mauvaise communication ne provient que pour partie d'un manque d'échanges entre acteurs (de multiples occasions existent ou sont créées pour cela, à l'intérieur des entreprises, et entre acteurs relevant d'entreprises différentes), mais provient aussi de la difficulté à mettre en forme les informations, notamment celles qui concernent l'adaptation des génotypes à des contextes pédo-climatiques ou à des techniques culturelles différentes (ce sont en effet ces informations qui sont citées comme devant le plus être reconstruites). Pour aller dans le même sens, Foucteau *et al.* (2001) ont montré qu'une amélioration de la mise en forme des connaissances peut être simultanée à une meilleure intégration des connaissances acquises par les différents acteurs successifs.

**L'information recueillie sur les génotypes n'est pas bien reliée non plus au mode d'analyse et de synthèse des résultats** qui est pratiqué dans les différents réseaux. Nous avons vu (partie 1.3.3.4 p.34) que même s'il y a une certaine cohérence des modes d'analyse et de synthèse des résultats par type de réseaux (sélection, développement), l'étude de la diversité de ces modes mettait surtout en évidence les pratiques particulières qui existent dans certains réseaux (notamment D3.2RC, T12.1RP, M9). Et l'analyse regroupant les variables décrivant la synthèse des informations et les informations recueillies sur les génotypes ne permet pas de bien structurer la variabilité (annexe 4.11). L'analyse et la synthèse des résultats ne fournissent en fait qu'une information "standard" sur les génotypes (essentiellement le classement de la productivité des génotypes les uns par rapport aux autres, ou le classement des écarts "traité – non traité") mais ne sont pas destinées à apporter un surcroît d'information, en particulier sur les variations de leur comportement selon les conditions agronomiques. Ce surcroît d'information est apporté par d'autres sources, comme les visites d'essais. Le perfectionnement des analyses consiste en fait à faire des regroupements d'essais, qui peuvent

<sup>40</sup> Séminaire "Impact des variétés" des 16 et 17 décembre 2004. "Propositions de scénarios d'évolution des pratiques d'échange d'informations pour l'évaluation des variétés de blé tendre", Travail collectif réalisé par différents acteurs de la création, de l'inscription et de l'utilisation des variétés de blé tendre, Marianne Cerf et François Hochereau, 17 p. Ce travail est né de la mise en place en 2001 à l'INRA d'actions structurantes interdisciplinaires, intitulées "Impact, acceptabilité et gestion des innovations variétales".

affiner l'interprétation, ou à augmenter la fiabilité ou la précision des résultats en effectuant des corrections de variables.

Comme nous l'avons relevé dans la partie 1.3.4 p.36, la construction de la connaissance sur les génotypes se réalise finalement par ajout des informations les unes aux autres, et non pas par une prise en compte globale de la diversité des réponses des génotypes aux milieux. Et la difficulté que nous avons identifiée, pour passer de l'information "rendement" au critère de jugement des génotypes "productivité", pour évaluer la réponse des génotypes à des techniques de culture comme les variations de densité et de date de semis, illustre la difficulté d'appréhender les résultats de tous les essais globalement, et non pas un par un. Aujourd'hui, les différents acteurs tentent d'interpréter les variations de résultats diversement, par une expertise individuelle, dont la diversité ne correspond pas aux groupes d'usages que nous avons définis.

### 1.4.3. Correspondance entre les usages de l'expérimentation et l'expression des besoins concernant une amélioration de l'analyse de l'interaction génotype - milieu

Nous avons vu que tous les acteurs constatent que les résultats des génotypes sont variables entre les milieux d'évaluation (partie 1.3.3.4 p.35 et tableau 1.8). Mais l'importance attribuée à la stabilité et à l'adaptation des génotypes, qu'elle soit appréciée à partir des critères de jugement des génotypes annoncés par les acteurs, ou à partir des modes d'analyse et de présentation des résultats, est variable selon les acteurs. Nous avons vu également que la notion de stabilité n'est pas toujours employée dans le même sens, selon l'acteur, selon le critère considéré (productivité ou qualité...), et que son mode de description varie (voir note 13 p.16), chacun cherchant à résoudre du mieux possible l'opposition, signalée par la littérature, entre performance maximale et stabilité (Gallais, 1992b ; Calderini et Slafer, 1999 ; Sinebo, 2005). Les différentes façons de prendre en compte la stabilité peuvent en partie être reliées aux différents types d'usages que nous avons définis, et dans la perspective de mise au point et de proposition d'un outil qui permet d'expliquer la stabilité, il est intéressant de les confronter à l'expression des besoins par les acteurs (tableau 1.10).

**Quand l'objectif des acteurs est de trier les génotypes**, il apparaît que le besoin de connaissance de la variabilité des réponses est réduit, voire inexistant. *Pour l'inscription*, le critère de stabilité n'est pas un élément de jugement des génotypes, dans la mesure où le mode de traitement des résultats ne prend pas en compte leur variabilité, et bien que la cotation des variétés intègre les "facteurs de régularité du rendement" par un système de bonification ou de pénalité. Nous avons vu que l'objectif premier de l'inscription n'est pas de connaître les variétés, même si cet objectif n'est pas absent (Schott, 2000), mais de garantir qu'elles ne présentent pas de défaut majeur. En ce sens, les règles de l'inscription privilégient la sécurité à la performance (Sinebo, 2005). Un autre souci majeur des acteurs de l'inscription des variétés est de *limiter les contestations* de la part des obtenteurs, qui concerneraient le choix des essais. Aussi cherchent-ils tout de même à *expliquer les mauvais résultats* éventuels de tel ou tel génotype et à justifier au mieux les décisions de retenir ou d'exclure un essai dans le regroupement. Ils utilisent pour cela les notations FRR réalisées sur les essais, les commentaires empiriques des expérimentateurs sur les facteurs limitants qui ont pu se produire (mais ceux-ci ne sont pas quantifiés), et les visites d'essais qui ont un rôle très important dans ce cadre, notamment par la personne chargée d'homologuer l'essai (voir annexe 1.2 : exemple de regroupement et de décision sur les essais). Ainsi, dans l'expression des besoins, nous avons vu que, outre la *valorisation de l'information*, des préoccupations importantes sont exprimées en rapport avec la *qualité expérimentale* et *l'optimisation des réseaux expérimentaux*, non pas tant dans le but de réduire le nombre d'essais, mais dans le but de mieux les répartir entre situations agronomiques différentes, en privilégiant *a priori* la diversité des zones de cultures.

L'usage que nous avons appelé "*Sélection précoce*" a également pour objectif principal de trier les génotypes, et nous avons constaté que les règles d'inscription ont une forte influence sur les critères retenus pour la sélection. En même temps, le nombre d'essais est réduit, ce qui limite les possibilités de mettre en évidence une variabilité de résultats. Les résultats sont souvent regardés individuellement, en pourcentage du résultat de variétés de référence (témoins officiels du CTPS, éventuellement autres

variétés-phares du moment). Mais d'éventuels résultats défavorables dans un essai sont pris en compte pour éliminer les génotypes trop instables, présentant un défaut important en un lieu. Le jugement de la stabilité a donc lieu au cas par cas. La recherche d'explications est limitée, parfois totalement absente (pour l'acteur S1.1, "si le génotype chute dans un essai, il n'est pas bon, cela suffit"). Dès cette étape, certains sélectionneurs ont pour objectif de sélectionner des génotypes adaptés à des aires de culture spécifiques (par exemple : les sols de craie de l'est de la France), ou plus vastes que celles qui correspondent à leur milieu de sélection. Mais pour une part, l'objectif d'identifier des génotypes adaptés à des milieux particuliers est contradictoire avec les règles d'inscription : comme le relève Parisot-Baril (1992, p.3), "*lorsque l'on se base sur les moyennes génotypiques pour comparer les génotypes, on suppose implicitement que les phénotypes suivent une réponse additive*", autrement dit qu'il n'y a pas d'interaction. Une certaine diversité de pratiques pour la prise en compte de la stabilité ou de l'adaptation des génotypes existe donc à l'intérieur de l'usage "sélection précoce". Cette diversité s'illustre bien par des **différences d'expression des besoins concernant la valorisation des informations** issues des réseaux (pour ce besoin particulier, tous les cas de figure ont été rencontrés : tableau 1.10).

Pour l'usage "**Fin de sélection**", les essais sont plus nombreux, ce qui permettrait de juger la stabilité sur une base plus large. Une certaine recherche d'explication aux variations de résultats a lieu en s'appuyant sur les visites d'essais et sur les commentaires des expérimentateurs. L'adaptation des génotypes est raisonnée surtout par la précocité, mais aussi par certaines composantes du rendement (par exemple : tallage dans les sols à réchauffement lent). Mais nous avons vu qu'il n'y a pas d'analyse du regroupement d'essais. Ainsi, malgré un **besoin d'expliquer la variabilité**, la productivité est encore essentiellement jugée par la moyenne des performances à l'échelle du réseau, et la stabilité des rendements n'est prise en compte que par l'observation individuelle des résultats, ceux-ci étant interprétés sur la base des connaissances et des informations disponibles sur les milieux et les conduites culturales.

Quand l'objectif de "**positionner géographiquement les futures variétés**" devient majeur (usages "**Fin de sélection**", "**Développement - collecte de références**", "**Développement commercial**"), on constate une prise en compte plus importante à la fois de la stabilité et de l'adaptation spécifique. Pour la plupart des acteurs, l'analyse "standard" des essais (analyse de variance par essai et calcul de la moyenne de chaque génotype tous essais confondus), est complétée par des tentatives de regroupements d'essais par type de sol, ou par zone géographique. Ils utilisent également les résultats des regroupements effectués par les réseaux de sélectionneurs ou de distribution, dans lesquels leurs génotypes ont été diffusés. Dans la mesure du possible, compte-tenu des informations transmises sur les milieux par les partenaires (mais celles-ci sont souvent limitées) et en s'appuyant sur les visites d'essais, ces acteurs cherchent également à interpréter les écarts éventuels d'un génotype, non pas par les contraintes apparues dans les milieux, mais par des caractéristiques génotypiques qui les rejoignent implicitement, comme la précocité, le poids de 1000 grains, ou la capacité de tallage... Parmi ces acteurs, certains prennent plus particulièrement en compte les résultats d'un petit nombre d'essais, chacun étant considéré comme étant représentatif d'une zone de culture. L'appréciation de la stabilité repose donc encore surtout sur un examen individuel des résultats d'essais. Tous les acteurs qui relèvent de ces usages mettent fortement en avant le **besoin de mieux valoriser l'information existante**.

Pour l'usage "**Développement commercial**", nous avons observé qu'une particularité est la réalisation de synthèses des résultats sous formes de "duels", de comparaison des variétés deux à deux en exprimant par exemple le nombre de fois où la variété candidate a été supérieure à la variété cible, de combien elle la dépasse en moyenne, dans quels types de situations agronomiques... Il ne s'agit pas ici d'une approche par la moyenne des résultats, mais plus par la fréquence de situations favorables. Et compte tenu de la faiblesse des informations sur les milieux, la recherche d'explications aux variations de résultats est réduite. Mais ici, **l'optimisation des réseaux et l'amélioration de l'analyse des regroupements d'essais sont des besoins fortement exprimés**, ce qui peut s'expliquer par la volonté de délivrer un message par grande zone de culture.

Tous les acteurs pour qui l'objectif de "**Connaître les variétés**" est primordial cherchent à prendre en compte la stabilité de leur comportement. Dans une large mesure, il en est de même pour l'objectif de communiquer sur les variétés. Ainsi, on peut dire que l'expression "connaître une variété" signifie implicitement "connaître sa stabilité" ou "connaître sa réaction à des conditions de milieux différentes". Mais des différences apparaissent entre les usages liés à cet objectif, quant au besoin de chercher des explications aux variations de résultats. Pour l'usage "**Référencement technico-commercial**", nous avons vu (partie 1.3.2 p.25) que plusieurs acteurs indiquent que les informations issues des obtenteurs ou des réseaux d'inscription n'est pas suffisante, du fait d'un maillage des réseaux différents, et d'un mode de traitement des informations plus tourné vers le positionnement géographique des variétés que vers leurs caractéristiques techniques. Pour cet usage, la prise en compte de la stabilité (tableau 1.3), comme la recherche d'explication aux variations de résultats (tableau 1.8), sont importantes mais variables. Pourtant, les acteurs de ces réseaux ont accès à des informations assez complètes sur les milieux (données météo décennales ou journalières, éventuellement bilans hydriques, mesures additionnelles de composantes du rendement, ou de stades). Et nous avons vu que ces informations étaient bien reliées à la recherche d'explications aux variations de résultats (parties 1.3.3.4 p.34 et 1.3.4 p.36). A l'intérieur de cet usage, des possibilités importantes apparaissent donc pour décrire et expliquer les différences de réactions des génotypes aux milieux d'évaluation. Les listes variétales sont homogènes, une diversité de milieux intéressante existe, une diversité de conduites de culture aussi, même si le nombre d'essais n'est pas très important. Les acteurs concernés expriment d'une façon générale le *besoin de mieux valoriser l'information existante*, ils ont conscience d'avoir beaucoup d'éléments d'interprétation à leur disposition, qu'ils n'exploitent pas suffisamment. Plusieurs ont exprimé le sentiment que les choses fonctionnent bien comme cela, et ne voient finalement pas comment ils pourraient aller plus loin dans l'interprétation des résultats. Est-ce par méconnaissance de ce que pourraient apporter des outils d'analyse des variations des résultats à l'échelle des réseaux (analyse de l'interaction génotype - milieu) en terme de connaissance des variétés ? Le besoin d'acquérir de nouvelles compétences n'est quasiment pas exprimé. En revanche, une *fiabilité de jugement sur les génotypes* est recherchée, surtout par la qualité et la rigueur expérimentales, qui permettent d'augmenter la notoriété du service expérimental de l'entreprise. Ces acteurs ne cherchent pas à optimiser leurs réseaux, mais souhaitent *expérimenter les variétés en pluriannuel et le plus tôt possible*.

Pour l'usage que nous avons appelé "**Référencement technique national**", un des objectifs est de *faire des regroupements d'essais* dans lesquels on puisse observer une homogénéité de réponses des variétés, afin de connaître leur adaptation spécifique à des types de milieux ou des zones de culture, de communiquer sur elles, et afin d'optimiser le réseau expérimental. Une certaine difficulté apparaît quant aux critères permettant de faire ces regroupements. Des analyses de regroupements d'essais et de l'interaction génotype - milieu ont eu lieu, en considérant les différents essais comme des blocs. L'acteur interrogé exprime aussi un *besoin d'outils pour mieux extraire l'information* issue du réseau et pour *accélérer le traitement des données*.

L'usage "**Coordination technique régionale**" (représenté par l'acteur T11.1) est caractérisé par une nette prise en compte de la stabilité des rendements, illustrée par une présentation de leur variabilité (voir annexe 1.3), mais aussi par l'absence de recherche d'interprétation des variations de résultats, ce qui peut être expliqué par le fait que cet acteur, qui ne réalise pas lui-même les expérimentations, a peu de possibilités d'obtenir des informations approfondies sur les milieux expérimentaux des partenaires du réseau (voir partie 1.4.4.2 p.58). Cet acteur n'exprime pas de besoin pour mieux valoriser les informations existantes. Ici, les génotypes considérés comme étant intéressants sont ceux qui varient le moins, et il importe seulement que la diversité des milieux explorée soit suffisante. Des *regroupements d'essais par type de milieu* sont toutefois réalisés (plaine / plateau ; sols de craie / terres rouges...), un besoin de progresser dans ce domaine est exprimé, ainsi qu'un *besoin d'acquérir de nouvelles compétences*.

Pour l'usage "**Référencement technique local**", le très faible nombre d'essais limite les possibilités de juger la stabilité, mais les essais sont intégrés à des réseaux plus vastes, dans lesquels la comparaison avec d'autres situations est recherchée. Les possibilités d'investigations en matière de mesures, de prélèvements, d'observations, sont importantes et la qualité des informations collectées sur les milieux est bonne. Ainsi la capacité d'interpréter les variations de résultats est importante, mais cette interprétation n'existe qu'au cas par cas, et repose davantage sur une caractérisation de l'année

expérimentale, en faisant mémoire des conditions des années précédentes, que sur une comparaison de situations expérimentales. L'expression du *besoin de mieux valoriser les informations* est forte, comme celui *d'accéder le plus tôt possible aux nouvelles variétés* et de les *expérimenter plusieurs années* (pour juger leur stabilité dans le temps).

Pour l'usage "*Transformation-meunerie*", le fait que les essais soient essentiellement réalisés par des partenaires implique un accord sur les conduites et les contrôles, pour obtenir ce qui est recherché. L'intérêt prioritaire de cet acteur porte sur la valeur d'utilisation des variétés et sur sa stabilité, en particulier par rapport aux variations de fertilisation azotée. Cette stabilité est représentée par un essai par essai, sous forme de courbes de réponse de paramètres de qualité de chaque génotype (sans référence à un témoin). Des regroupements par zone géographique, types de milieux ou conduites ont lieu, sur la base de la moyenne des résultats des variétés, sans présentation de la variabilité des résultats. L'acteur correspondant exprime modérément le *besoin de valoriser les informations*, et surtout souhaite *expérimenter le plus tôt possible et en pluriannuel* les nouvelles variétés.

#### 1.4.4. Analyse des raisons du faible emploi des outils de description des milieux et d'analyse de l'interaction génotype - milieu

##### 1. Raisons générales

Les expérimentations sont le plus souvent commanditées par des entreprises ou des services spécialisés dans la sélection, la commercialisation ou la production de connaissances sur les variétés ; elles sont analysées par des spécialistes des variétés ; elles sont visitées par des partenaires intéressés par les innovations variétales : on peut comprendre que toute observation qui n'est pas explicitement reliée à la caractérisation des variétés ne soit pas considérée comme primordiale. L'existence de marges de progrès dans la caractérisation des comportements variétaux grâce à la description des milieux expérimentaux restant, pour la plupart des acteurs, relativement abstraite, il n'est pas si étonnant que la description des milieux ne soit pas approfondie, et que, même quand des données précises sont collectées, elles ne soient pas pleinement valorisées.

Un certain nombre d'opérations ont été instrumentées, mais c'est essentiellement pour rechercher une meilleure qualité expérimentale, ou pour aider au pilotage des interventions culturales : plans d'expérience, analyse des résultats essai par essai (analyse de variance et tests de comparaison de moyennes, voire analyse des résidus statistiques), diagnostic sur l'alimentation azotée des plantes, suivi du bilan hydrique... Quand des outils de diagnostic de l'alimentation azotée sont utilisés, ce n'est pas pour caractériser les milieux expérimentaux, mais pour guider les interventions techniques (quantité et fractionnement des apports d'azote). Pour l'usage "Inscription", nous avons relié la recherche de description des milieux à la volonté de bien justifier le choix des essais qui servent à juger les génotypes ; pour les usages "Référencement technique" et "Référencement technico-commercial", à la volonté de chercher des explications aux variations de résultats, mais aussi à celle de donner une image de compétence technique et de rigueur expérimentale. Les informations sur les milieux servent également à structurer la variabilité (Développement, Référencement technique et commercial) ou à vérifier que l'on a couvert une gamme de milieux variés (Référencement technique et commercial, Transformation-meunerie).

Parmi les outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu, ceux qui ne s'appuient pas sur une description des milieux (variance environnementale, écovalence, régression conjointe, classification) ne décrivent finalement que différents aspects de la stabilité des génotypes, mais ne renseignent pas, ou renseignent très sommairement (dans le cas de la régression conjointe), sur les causes des instabilités : ils ne permettent pas de quantifier la réaction des génotypes vis-à-vis des différentes contraintes. Nous avons constaté qu'ils ne sont pas utilisés. Mais les outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu qui s'appuient sur une description des milieux (en particulier les modèles de régression factorielle) ne sont pas utilisés non plus. Pour certains acteurs, le frein ne semble pas être la caractérisation des milieux, puisque des descriptions relativement poussées peuvent avoir lieu et ne sont pas totalement valorisées. Dans le traitement des résultats, la difficulté à passer de l'essai individuel au réseau (mise en évidence dans la partie 1.3.4 p.36), le rôle important des visites d'essais,

l'importance d'une expertise individuelle peu instrumentée, de l'interprétation au cas par cas, indiquent également une méconnaissance de ce que pourraient permettre ces outils, ou l'impossibilité de les maîtriser dans leur forme actuelle. Pour mettre en œuvre aujourd'hui des outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu tels que la régression factorielle, il faut recourir à des logiciels qui ne sont utilisés que dans les sphères scientifiques (SAS, S-Plus, Intera...), qui nécessitent l'apprentissage d'un langage de programmation, et dont l'interface n'est pas très conviviale. Ces points renvoient à un problème de compétence des acteurs, mais surtout à un problème d'accessibilité et de simplicité d'emploi de ces outils, quand les contraintes des expérimentateurs, notamment la contrainte générale de temps disponible à la récolte, imposent d'avoir les résultats très rapidement, et sous une forme tout de suite communicable. Et les acteurs sont vraisemblablement d'autant moins prêts à investir dans ce type d'outils, ainsi que dans une formation pour les utiliser, que la démonstration de leur intérêt pour la connaissance des génotypes a été peu faite jusque là. On est bien dans le cas de figure décrit par plusieurs auteurs (Staudenmaier, 1985 ; Akrich, 1990, 1993 ; Dubuisson et Hennion, 1996), où les innovations ont été conçues comme se suffisant à elles-mêmes, et ne sont pas construites en lien avec les besoins et les contraintes des acteurs.

Depuis une quinzaine d'années, des biométriciens (Denis, 1980, 1991 ; Denis et Vincourt, 1982 ; Van Eeuwijk, 1995) ont montré que les paramètres de la régression factorielle utilisant des variables environnementales permettent d'estimer la sensibilité des génotypes aux facteurs environnementaux. Mais ce message n'est pas encore bien passé chez les utilisateurs. L'hermétisme des méthodes d'analyse de l'interaction, le sentiment d'inaccessibilité qu'elles procurent, et l'absence de message adapté aux modes de raisonnement et aux pratiques des personnes qui évaluent les génotypes, en sont vraisemblablement responsables. C'est un bel exemple d'outil performant, susceptible de répondre à des besoins réels, mais dont l'intérêt n'est pas perçu car sa présentation s'est cantonnée à des cercles de personnes initiées, ou a utilisé une forme et un langage qui n'était accessible qu'à ce cercle restreint<sup>41</sup>. Certaines notions ont été progressivement adoptées par les acteurs de l'évaluation des variétés : *analyse de variance*, *coefficient de variation*, *écart-type résiduel... bilan azoté*, *bilan hydrique...* Mais d'autres le sont beaucoup moins : la notion de *Génotype* (plutôt que variété) est bien assimilée, mais *l'Interaction génotype - milieu* l'est beaucoup moins (on pourrait l'expliciter en "*différences de réaction des génotypes aux caractéristiques des milieux*"). La notion de *facteur limitant* (au lieu de *contrainte*) n'est peut-être pas si évidente non plus. Ensuite, il y a le *seuil statistique d'introduction* des variables, le *modèle multiplicatif*, la *régression factorielle*, la *régression factorielle biadditive...* Et comment est perçue la signification des *paramètres génotypiques* de la régression factorielle, utilisant des *covariables environnementales* ?

Par ailleurs, un des principaux objectifs des biométriciens qui ont développé les outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu est la qualité de la décomposition, ou la décomposition maximale de l'interaction (efficacité de la décomposition), et la parcimonie de la décomposition (plus faible consommation de degrés de liberté : voir partie 2.5.1.3 p.116) (Van Eeuwijk *et al.*, 1995 ; Van Eeuwijk *et al.*, 1996 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997). Mais les outils qui atteignent le mieux cet objectif (modèle multiplicatif, régression factorielle biadditive) ne sont pas ceux qui permettent d'interpréter le plus facilement les résultats. Le manque d'adéquation entre l'optimum statistique

<sup>41</sup> Dans ce sens, nous pouvons rapporter les réactions très favorables des auditeurs d'une présentation du diagnostic des facteurs limitants dans les milieux expérimentaux et de l'estimation des tolérances variétales à ces facteurs limitants (présentation que nous détaillons dans la partie 2), que nous avons effectuée le 12 novembre 2002, dans le cadre d'un contrat de branche (contrat INRA – GIE Club des 5 – ITCF 2000-2002 n° B 03705, "Itinéraires techniques pour variétés rustiques". Les participants étaient des obtenteurs, intervenant dans les programmes de sélection (début et fin de sélection) et dans le développement des futures variétés, et des auditeurs d'organismes techniques (Institut Technique et Chambres d'Agriculture). A l'occasion de cette présentation, les auditeurs ont découvert que cette méthode leur apportait une information nouvelle, très riche, par rapport au comportement des génotypes, sous une forme qui rejoignait leur façon habituelle de juger les variétés, c'est à dire en les caractérisant par des notes de tolérance aux facteurs limitants. De plus, cette démarche, qui aurait pu rester théorique, a été validée par la confrontation des notes de tolérance estimées et des notes de résistance déduites des observations, pour les facteurs limitants dont on peut facilement observer les symptômes (maladies notamment), ce qui s'est avéré très convaincant. Ainsi, la démonstration de l'intérêt des outils auprès des acteurs, en des termes qui rejoignent le vocabulaire et les modes de présentation habituels, ainsi que la validation des résultats, sont des éléments très importants pour développer l'intérêt pour ces outils, et pour, peut-être, faire naître des besoins nouveaux.

recherché par les biométriciens et les objectifs des acteurs de l'évaluation des variétés est sans doute aussi une explication au manque d'appropriation de ces outils.

Nous avons focalisé notre étude sur les questions de recueil et de traitement de l'information, ce qui est cohérent avec une approche agronomique de l'évaluation variétale. De ce fait, nous avons fait l'hypothèse implicite que ce sont ces aspects de l'évaluation des variétés qui sont les principaux freins, sans avoir les moyens de le vérifier (nous n'avons pas observé les acteurs en situation de travail, ni observé comment fonctionnait le collectif...). Une démarche plus ergonomique aurait pu mettre davantage en évidence par exemple une forte contrainte liée aux problèmes de coordination entre acteurs, qui existe bien par ailleurs (séminaire "Impact des variétés" des 16 et 17 décembre 2004<sup>42</sup>). Mais le besoin exprimé par plusieurs acteurs de reconstruire les connaissances sur les génotypes, met en évidence l'importance de ce frein, quand on s'intéresse à la connaissance partagée par toute la filière. A l'intérieur d'une même entreprise, la contrainte est moins forte, car les acteurs ont mis en place des moyens de transmettre l'information (réunions de travail, visites d'essais), mais ils reconnaissent avoir besoin d'améliorer ces moyens.

## 2. Raisons inhérentes aux différents usages

Les causes du non-emploi des outils de diagnostic en culture et d'analyse de l'interaction génotype - milieu peuvent être précisées pour chacun des usages que nous avons définis. Pour une part, elles peuvent être reliées aux contraintes qui ont été exprimées par les acteurs, ou que l'on peut déduire des incohérences qui sont apparues entre les critères de jugement des génotypes et les informations obtenues dans les réseaux. Nous avons vu que ces incohérences ne portent pas sur les facteurs de régularité du rendement, la précocité et les autres critères d'adaptation, ni sur la réponse à certaines techniques de culture, qui sont bien renseignés par l'expérimentation, mais surtout sur l'appréciation de la productivité et de la stabilité du rendement (partie 1.3.4 p.36).

- *Usages n'incluant pas de référence forte à la stabilité des génotypes.* C'est le cas de l'*Inscription* : les configurations expérimentales seraient très favorables à l'emploi d'outils d'analyse de l'interaction (essais assez nombreux, grande homogénéité des protocoles et des listes variétales : Schott, 2000). Compte-tenu de la qualité des données déjà disponibles sur les milieux, il serait envisageable pour un faible coût additionnel de réaliser une caractérisation approfondie des milieux expérimentaux. De plus, des compétences importantes existent en matière d'expérimentation et d'analyse des données. Le besoin de mieux valoriser l'information est fortement exprimé, mais les fortes contraintes de temps pour restituer les résultats entre la récolte et la mise en place de la nouvelle campagne expérimentale conduisent un des acteurs relevant de cet usage à parler de la nécessité d'avoir un outil "presse-bouton", qui ne demanderait pas de programmation ni d'opérations trop compliquées (choix de variables explicatives...). De plus, la forte contrainte de coût de l'expérimentation conduit plutôt les acteurs de l'inscription à se méfier d'outils qui conduiraient à ajouter des observations supplémentaires, et à rechercher d'abord à optimiser les réseaux.

- *Usages incluant une référence à la stabilité, mais pas à l'explication des variations.* C'est le cas tout d'abord de la *Sélection précoce*. La configuration des réseaux est moins favorable que pour l'inscription (peu d'essais, listes variétales pas toujours homogènes). L'objectif premier n'est pas de connaître les génotypes en cours de sélection, mais d'éliminer ceux qui sont trop instables. L'intérêt d'une analyse des variations de résultats est donc globalement réduit. De plus, pour cet usage, il est nécessaire de traiter les résultats très rapidement, et aucun retour n'est possible une fois que les décisions de réimplantation sont prises.

L'usage *Coordination technique régionale* se situe dans le même cas. La configuration expérimentale n'est pas très favorable à l'adoption d'outils pour décrire les milieux et pour analyser l'interaction génotype - milieu : les contrôles sur les milieux réalisés par les différents partenaires sont très variables et les listes variétales sont hétérogènes. Mais on peut s'interroger sur une évolution

<sup>42</sup> Voir note 40 p.52.

possible des besoins liés à cet usage, si la démonstration de ce que peuvent apporter de nouveaux outils de description des milieux et d'analyse de l'interaction génotype - milieu était faite. En effet, la forte expression d'un besoin pour "acquérir de nouvelles compétences" témoigne d'une ouverture vis à vis de nouvelles informations ou de nouveaux outils.

Pour la *Transformation-meunerie*, l'optimisation des réseaux n'est pas non plus une préoccupation importante de l'acteur concerné : le choix des sites est raisonné en fonction des zones de culture qui intéressent cet acteur, plutôt qu'en fonction des caractéristiques agronomiques des milieux. Et il cherche avant tout à situer les variétés par rapport à des variétés de référence.

- *Pour les autres usages*, la non-utilisation des outils disponibles apparaît liée à trois raisons principales : le manque d'information sur les milieux, le manque de perception de l'intérêt de mieux caractériser les milieux pour améliorer la connaissance des génotypes, et la difficulté à analyser globalement les variations (passage de l'essai individuel au réseau).

Pour la *Fin de sélection*, l'intérêt pour connaître les génotypes en cours de sélection est plus fort qu'en sélection précoce (leur nombre est plus faible), et la volonté de les positionner géographiquement apparaît. La configuration des réseaux est plus favorable que pour la sélection précoce. Une partie des essais est réalisée dans le cadre de partenariats avec d'autres sélectionneurs, ce qui limite les possibilités de recueil d'informations sur les milieux. Mais il s'agit souvent des mêmes milieux d'une année sur l'autre, et ils sont finalement assez bien connus. Le souhait de mieux valoriser les informations recueillies apparaît fortement chez certains acteurs. Le traitement des résultats à la récolte doit être fait très rapidement, mais il existe chez certains la possibilité de reprendre les résultats en cours d'hiver. Les caractéristiques de cet usage permettraient de bien valoriser des outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu, ce qui supposerait de quantifier les caractéristiques des milieux. Il paraît difficilement envisageable que les acteurs qui relèvent de cet usage investissent dans des logiciels scientifiques permettant l'analyse de l'interaction (problème de temps disponible, de compétences à créer). Ici, l'adoption des outils est conditionnée par leur accessibilité sur des supports logiciels "grand public", par leur rapidité et leur facilité d'emploi.

Le *Développement – collecte de références* est un des usages les plus demandeurs d'outils pour améliorer l'analyse des résultats. Les acteurs qui relèvent de cet usage collectent une masse d'informations très importante, qu'ils ont besoin de synthétiser, de mettre en forme et de communiquer. Mais ils ont du mal à formaliser la connaissance. Le partenariat est une forte contrainte qui limite les possibilités d'investigations dans les milieux. Caractériser les milieux supposerait des outils de diagnostic en culture pour décrire rapidement un essai (grille de notations des facteurs limitants visibles, utilisable au cours des visites, ...), description qui serait exploitée ensuite dans l'analyse des résultats, comme on peut le faire avec d'autres variables caractérisant les milieux. Avec une meilleure information sur les possibilités de tels outils, avec des outils permettant d'aller vite et apportant une information directement utilisable (par exemple : notes de tolérance des variétés), il est possible que ces acteurs soient prêts à augmenter leurs capacités de description des milieux.

Pour le *Développement commercial*, le faible degré d'informations sur les milieux, lié à la réalisation des essais par des partenaires ou des prestataires de service, et la grande hétérogénéité des listes variétales, limitent fortement les possibilités d'utiliser des outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu. Le traitement des résultats sous forme de comparaison des variétés deux à deux incite plutôt à l'emploi ou à la mise au point d'outils adaptés à ce traitement des résultats. L'intérêt pour des regroupements d'essais par types de conditions homogènes (zones géographiques, type de sol...) invite à proposer à ces acteurs des outils de regroupement basés sur des caractéristiques des milieux plus précises que celles qu'ils utilisent aujourd'hui (facteurs limitants du rendement par exemple).

Concernant l'usage *Référencement technico-commercial*, la connaissance des variétés et la communication sont deux objectifs très importants. Une quantité d'informations sur les milieux assez importante est disponible, mais elle n'est pas pleinement utilisée. Les réseaux d'essais sont jugés pléthoriques par certains des acteurs concernés, et le besoin de mieux valoriser les informations est fortement exprimé chez plusieurs d'entre eux. Il n'y a pas d'expression d'un besoin de compétences supplémentaires, alors que la difficulté à interpréter les résultats et leurs variations apparaît fortement. Pourtant, ces acteurs ont globalement du temps pour reprendre leurs résultats après les périodes de pointe. Il apparaît nécessaire de proposer à ces acteurs des outils correspondant à ceux qu'ils utilisent



déjà (logiciels permettant la mise en forme des résultats, l'analyse de variance), mais possédant des fonctionnalités leur permettant d'analyser globalement les résultats de leurs réseaux.

Pour le *Référencement technique national*, de nombreuses conditions sont remplies pour pouvoir utiliser des outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu. Le réseau, interne à l'entreprise, est riche et varié, avec des expérimentateurs qui ont de bonnes compétences agronomiques, et avec des possibilités de contrôles sur les milieux importantes. Les listes variétales sont régionalisées, mais avec des tronc communs de variétés. Des analyses par grandes zones sur des listes homogènes sont possibles. La sensibilisation des acteurs qui centralisent les résultats à la richesse d'information présente dans les réseaux est très marquée. Des analyses de regroupement d'essais ont déjà été tentées. La démonstration de ce qu'une caractérisation des milieux pouvaient apporter en terme de connaissance des réseaux, et de ce qu'une analyse de l'interaction génotype - milieu pouvait apporter en terme de connaissance des variétés, dans des termes proches des besoins, a reçu ici un écho très favorable (voir note 41 p.57). Mais quelques contraintes sont apparues pour cet usage. Le partenariat est interne à l'entreprise, mais les agents nationaux ne peuvent pas imposer des protocoles ou des contrôles sur le milieu qui compliqueraient de façon excessive la mise en place et le suivi des essais. La centralisation du réseau peut ainsi gêner la recherche d'explications aux variations de résultats. De plus, il n'est pas certain que l'intérêt de bien décrire les milieux et d'analyser l'interaction génotype - milieu soit autant perçu par les expérimentateurs que par les agents nationaux. Une forte contrainte de temps existe aussi : la restitution des résultats à la récolte doit être très rapide, et les possibilités de reprendre les résultats après la période des récoltes sont réduites. Ici, les outils qui pourraient être adoptés doivent nécessairement permettre de travailler très rapidement.

Pour le *Référencement technique local*, le faible nombre d'essais limite fortement l'intérêt des outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu, qui ne trouveraient leur place qu'à l'échelle des réseaux plus vastes dans lesquels ces essais sont intégrés<sup>43</sup>. La bonne connaissance des milieux chez ces acteurs pourrait être valorisée de cette façon. Leur souhait de comprendre ce qu'il s'est passé sur les essais, et leur rôle important d'animation technique et de communication, oriente ces acteurs plutôt vers des outils de diagnostic au champ, des outils de caractérisation approfondie des milieux (notamment pour l'azote et l'alimentation en eau), permettant une comparaison entre années ou entre sites inclus dans un même réseau général.

#### 1.4.5. Penser de nouveaux outils qui répondent aux besoins : du descriptif au prescriptif

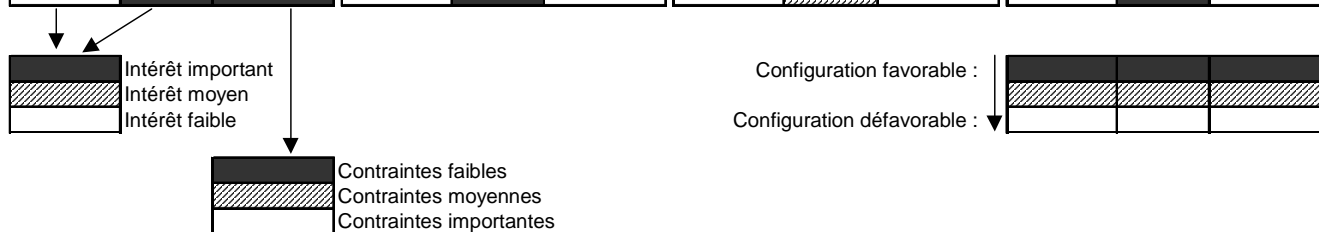
La synthèse des éléments présentés dans les parties précédentes nous amène à définir cinq grands types d'outils qui permettraient de répondre à une partie des besoins identifiés en matière d'amélioration de l'évaluation des génotypes. Ces outils ne répondent pas à tous les besoins exprimés, car certains peuvent trouver une réponse dans des outils déjà existants, qu'il n'est pas nécessaire de développer davantage. Par exemple, des outils ou des méthodes existent pour améliorer la qualité expérimentale (nouveaux plans d'expériences, "Bonnes Pratiques Expérimentales"). Les grands types d'outils que nous proposons s'intéressent surtout à la valorisation de l'information, à l'amélioration de la connaissance des génotypes et des milieux. Mais nous verrons qu'ils peuvent répondre à d'autres besoins, comme ceux qui se rapportent à la diversification des situations culturelles ou à l'expérimentation pluriannuelle. Pour chacun des outils, nous avons distingué l'intérêt exprimé par les acteurs, l'intérêt suscité par la configuration des réseaux expérimentaux, et les contraintes qu'il faudra lever pour que leur adoption soit possible (tableau 1.11).

1. Les *outils de diagnostic au cours des visites* répondent à l'importance du rôle des visites d'essais. Il peut s'agir d'outils pour juger la qualité de l'alimentation de la culture en azote (du type chlorophyll-Meter par exemple...), ou en eau, ou de grilles pour évaluer l'intensité des facteurs limitants. Ces outils sont encore à construire, et ils pourraient être valorisés dans l'analyse des résultats. Leur intérêt est qu'ils sont compatibles avec un certain nombre de contraintes des acteurs (partenariat, temps disponible, jugement des génotypes ou des milieux basé sur les visites d'essais), ils peuvent être

<sup>43</sup> Le nombre de facteurs limitants pouvant servir à expliquer l'interaction est en effet au plus égal au nombre de milieux expérimentaux moins un (voir parties 2.3.2 p.97 et 2.6.1 p.133).

**Tableau 1.11.** Intérêt des différents types d'outils d'amélioration de l'évaluation des variétés pour les usages définis.

	Usage	1 Outils de diagnostic au cours des visites			2 Outils de caractérisation globale des milieux			3 Outils de regroupement des essais et d'optimisation des réseaux			4 Outils de caractérisation des génotypes (analyse de l'IGM)			5 Outils de comparaison des variétés deux à deux		
		Intérêt des acteurs	Intérêt / configur.	Contraintes à lever	Intérêt des acteurs	Intérêt / configur.	Contraintes à lever	Intérêt des acteurs	Intérêt / configur.	Contraintes à lever	Intérêt des acteurs	Intérêt / configur.	Contraintes à lever	Intérêt des acteurs	Intérêt / configur.	Contraintes à lever
1	Inscription															
2	Sélection précoce															
3	Fin de sélection															
4	Développement - collecte de références															
5	Développement commercial															
6	Référencement technico-commercial															
7	Référencement technique national															
8	Coordination technique régionale															
9	Référencement technique local															
10	Transformation meunerie															



utilisés ponctuellement, pour caractériser les essais individuellement. Il faut juste que ces outils existent, que les acteurs se les procurent, et qu'ils fassent des visites d'essais. Et c'est finalement le nombre de visites à effectuer qui peut représenter une contrainte. Toutes les configurations expérimentales se prêtent à l'emploi de ce type d'outils. Ils seraient particulièrement intéressants pour les usages liés au développement, à la fin de sélection et au référencement technique local.

2. Les **Outils de caractérisation globale des milieux** doivent permettre de juger et de relativiser les uns par rapport aux autres l'ensemble des facteurs limitants apparus dans tous les essais d'un réseau. C'est une différence par rapport aux outils précédents, qui permettent un diagnostic ponctuel d'une caractéristique des milieux. Mais les outils de caractérisation globale des milieux pourraient en partie s'appuyer sur les outils précédents. Depuis longtemps, des outils appartenant à cette catégorie, comme le diagnostic agronomique, ont été développés (Sebillotte, 1980 ; Meynard et David, 1992 ; Leterme *et al.*, 1994 ; Doré *et al.*, 1997), mais ils doivent être simplifiés pour être applicables dans des réseaux d'essais variétaux (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999 ; Lecomte *et al.*, 2002 ; et voir partie 2). Tel qu'il a été pratiqué par les agronomes sur des réseaux d'essais fertilisation (Meynard *et al.*, 1981 ; Clermont-Dauphin *et al.*, 2003), le diagnostic agronomique repose sur l'analyse des différences observées entre les essais d'un réseau, mais on peut s'interroger sur les possibilités d'inclure des essais isolés dans une caractérisation des milieux effectuée sur un réseau expérimental. Les contraintes de faisabilité (temps, compétences agronomiques des acteurs) rendent indispensable d'automatiser la mise en œuvre du diagnostic. Le développement d'un outil logiciel apparaît donc nécessaire.

L'intérêt des acteurs pour mieux décrire les milieux n'est globalement pas très marqué, sauf pour *l'Inscription* et le *Référencement technique local*, alors que la plupart des réseaux expérimentaux se prêteraient bien à l'emploi de ce type d'outils. Ici, une sensibilisation des acteurs à l'importance de décrire les milieux pour expliquer les variations de résultats apparaît essentielle. Pour tous les usages, des contraintes existent du fait de la nécessité de mettre en place des contrôles supplémentaires dans les milieux d'évaluation. Elles sont plus fortes quand le partenariat est important.

3. Les acteurs qui ont montré de l'intérêt pour des **outils de regroupement des essais et d'optimisation des réseaux** relèvent d'usages qui s'appuient sur des réseaux expérimentaux importants : *Inscription*, *Développement - collecte de références*, *Référencement technique national*. En effet, un faible nombre de sites expérimentaux limite fortement l'intérêt de ces outils. Ils peuvent être basés sur la décomposition statistique de l'interaction génotype - milieu (Parisot-Baril, 1992) ou sur une caractérisation agronomique des milieux (Brown *et al.*, 1983 ; Balfourier et Charmet, 1991). Ils permettent de faire des groupes de milieux à l'intérieur desquels les génotypes expérimentés ont un comportement similaire, ou dans lesquels les conditions agronomiques sont comparables. Ils peuvent déboucher sur une pondération des essais pour équilibrer, à l'échelle d'un réseau, le poids des différentes conditions agronomiques (Brown *et al.*, 1983). Ces outils permettent aussi d'éliminer des sites expérimentaux redondants, ou au contraire d'ajouter des sites ou des conduites de culture sous-représentés, de façon à avoir une diversité intéressante de situations, susceptible de révéler une aussi grande variabilité de comportements génotypiques que possible. En ce sens, ils peuvent intéresser aussi des acteurs qui n'utilisent pas des réseaux importants, mais qui cherchent à maximiser les différences entre milieux.

Les contraintes liées à ces outils sont proches de celles qui existent pour la caractérisation des milieux, dans la mesure où le regroupement est basé sur une description des milieux. Pour des regroupements qui ne seraient basés que sur la décomposition de l'interaction génotype - milieu (Parisot-Baril, 1992), les contraintes sont moins fortes, mais cette approche limite fortement les possibilités d'explication à l'existence des groupes de milieux.

4. Les **outils de caractérisation des génotypes** basés sur une analyse de l'interaction génotype - milieu permettent d'estimer l'importance de l'interaction, d'en identifier l'origine (quels milieux ou quels génotypes sont responsables des instabilités ?) et, pour des outils utilisant une caractérisation des milieux, d'expliquer les causes de l'interaction (quels facteurs limitants sont responsables ?). Certains de ces outils, comme la régression factorielle (Denis, 1988, 1991), permettent d'estimer la sensibilité des différents génotypes aux facteurs limitants ainsi que leur adaptation aux variations de milieux et de conduites. Ceci est donc intéressant pour extraire et mettre en forme de façon lisible (par des notes de

sensibilité par exemple) la richesse et la diversité d'informations qui résident dans les réseaux. Comme les outils de caractérisation globale des milieux, ils nécessitent de mettre en œuvre des programmes informatiques qui doivent être automatisés pour en permettre l'utilisation. L'hétérogénéité des données (listes variétales non identiques entre essais) peut fortement compliquer leur mise en œuvre.

Un fort intérêt pour ce type d'outils apparaît pour les usages *Fin de sélection*, *Développement – collecte de références* et *Référencement technique national*. Pour les acteurs qui relèvent d'autres usages, l'intérêt exprimé est faible, alors que la plupart des réseaux peuvent se prêter à la mise en œuvre de ces outils (outre l'hétérogénéité des listes variétales, la principale limite à l'emploi de ces outils est le faible nombre d'essais). Nous avons vu que le décalage entre intérêt exprimé par les acteurs et intérêt potentiel pouvait être relié en partie au manque de connaissance de ce que peuvent apporter ces outils, ce qui renvoie à la nécessité de réaliser une information en des termes qui rejoignent les préoccupations des acteurs. On peut penser qu'il pourrait en résulter une évolution de la demande vis-à-vis de ces outils, en particulier pour l'usage de *l'inscription*, et pour celui du *référencement technico-commercial*. Mais le décalage entre besoin exprimé et intérêt théorique résulte aussi des fortes contraintes (notamment de temps) qui pèsent sur l'analyse des résultats d'essais, ainsi que de l'inadéquation des outils actuels (outils logiciels scientifiques) par rapport à ces contraintes. Dans toutes les situations, il est impératif que ces outils d'analyse permettent de traiter les données rapidement et de façon à délivrer un message simple. Les autres contraintes qui doivent être levées résident dans la nécessité de mettre en place un certain nombre de contrôles sur les milieux, compliqués quand le réseau expérimental repose sur une part de partenariat importante.

5. Il y a très peu de contraintes pour la mise en œuvre ***d'outils de comparaison des variétés deux à deux***, dans la mesure où ces outils ne cherchent pas à apporter d'explication aux variations de classement d'une variété par rapport à une variété de référence. Et il n'y a pas de configuration expérimentale qui ne se prête pas à ce type d'outils. C'est finalement l'intérêt de ces outils par rapport aux objectifs des acteurs qui pourra conditionner leur développement et leur adoption : ils répondent à un besoin bien particulier, caractéristique des activités de type marketing où l'on cherche à positionner une variété nouvelle par rapport à une concurrente (*Développement et Référencement technico-commercial*). Pour une part, ce type d'outil est déjà développé en interne par différents acteurs, ce qui en montre l'importance. Il s'agit surtout de gérer des bases de données, de regrouper les résultats concernant les variétés intéressantes, de calculer des fréquences... La conception de ce type d'outils est beaucoup moins compliquée que ceux qui permettraient de caractériser les milieux ou les génotypes.

Les outils d'aide à l'évaluation des variétés devront être simples à mettre en œuvre et permettre d'apporter une information directement utilisable (par exemple des notes de résistance des génotypes aux accidents, une identification précise des milieux redondants dans un réseau...). Notre analyse a permis d'assez bien relier les usages de l'expérimentation variétale à des types d'outils ou à des combinaisons d'outils, susceptibles d'améliorer les pratiques d'évaluation des génotypes, même si, à l'intérieur de chaque usage, des sensibilités et des degrés d'intérêt différents peuvent exister :

- ***Pour l'inscription*** : *outils pour caractériser les milieux* (expliquer les causes de mauvais résultats éventuels, afin de justifier les décisions de ne pas retenir certains essais dans la cotation des variétés), et *pour optimiser les réseaux*. La caractérisation des milieux, qui nécessite un investissement supérieur des partenaires, pourrait s'appuyer sur des outils de diagnostic au cours des visites. Compte-tenu de la richesse des réseaux, l'adoption d'outils automatisés d'analyse de l'interaction génotype - milieu permettrait d'apporter une grande quantité d'information sur les génotypes.

- ***Pour la sélection précoce*** : *outils de caractérisation des milieux*, sachant qu'un certain nombre d'informations sont déjà acquises. Le sentiment que les réseaux en place permettent de bien trier les génotypes, et les fortes contraintes de temps disponible, limitent l'intérêt des autres outils. Des *outils de diagnostic rapide des conditions de milieu* pourraient pourtant trouver leur place dans cet usage.

- ***Pour la fin de sélection*** : *outils pour accéder à une meilleure connaissance des génotypes* (en travaillant sur des listes de génotypes aussi homogènes que possible). Viennent ensuite les *outils de caractérisation des milieux*, les *outils de diagnostic rapide au champ* et *d'optimisation des réseaux*. L'adoption de ces outils est conditionnée par la mise en place de nouveaux contrôles sur les milieux

(données météorologiques, caractérisation de l'alimentation en eau et en azote), qui est compliquée par le partenariat.

- **Pour le développement – collecte de références** : presque tous les types d'outils répertoriés présentent un intérêt (pour comprendre les causes de variations des résultats, pour mieux extraire l'information, pour optimiser les réseaux). L'intérêt pour les *outils de diagnostic au cours des visites* est d'autant plus marqué que l'importance du partenariat limite les possibilités d'obtenir des informations sur les milieux. Pour les outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu, le manque d'homogénéité des listes variétales est une contrainte réelle.

- **Pour le développement commercial** : *outils permettant d'effectuer des comparaisons de variétés deux à deux*. D'autres outils présenteraient un intérêt non négligeable compte-tenu de la configuration des réseaux (outils de caractérisation des milieux et d'optimisation des réseaux). Mais l'hétérogénéité des listes variétales est importante et les contraintes liées au partenariat sont très fortes.

- **Pour le référencement technico-commercial** : *outils de comparaison des variétés deux à deux* en premier lieu. Mais on peut se demander si une démonstration de l'intérêt de caractériser les milieux et d'analyser l'interaction génotype - milieu pour améliorer la connaissance des variétés n'entraînerait pas une augmentation de l'intérêt des acteurs pour ce type d'outils. La configuration des réseaux est en effet très favorable à leur utilisation.

- **Pour le référencement technique national** : *outils d'optimisation des réseaux et de caractérisation des génotypes* basée sur une analyse de l'interaction génotype - milieu. La configuration des réseaux y est très favorable, moyennant un travail par listes variétales homogènes ou par sous-ensembles de réseaux, et la mise en place de contrôles supplémentaires sur les milieux (ce qui, à cause du partenariat, représente une contrainte).

- **Pour la coordination technique régionale** : *outils permettant de caractériser les milieux*, éventuellement *outils de diagnostic au cours de visites* (bien que ce besoin ne soit pas exprimé), et *outils de regroupement des essais* pour présenter les synthèses de résultats. Mais les besoins d'amélioration exprimés sont réduits et les contraintes liées au partenariat sont fortes. Des besoins s'exprimeraient sans doute davantage si avait lieu, auprès des acteurs qui relèvent de cet usage, une présentation de l'intérêt des outils permettant de regrouper les essais, d'extraire davantage d'information sur les génotypes, ou d'expliquer les causes d'instabilité.

- **Pour le référencement technique local** : seuls les *outils pour caractériser les milieux* répondent aux attentes exprimées par les acteurs. Une certaine connaissance des milieux est déjà acquise, et la compétence de ces acteurs est favorable à l'adoption des outils de diagnostic rapide. Concernant la *caractérisation globale des milieux*, le faible nombre d'essais est une contrainte, mais la répétition des essais plusieurs années et leur intégration dans des réseaux plus vastes rend possible leur mise en œuvre. La valorisation des informations sur les génotypes ne peut s'envisager que dans le cadre des réseaux plus vastes dans lesquels ces essais sont intégrés.

- **Pour la transformation-meunerie** : l'acteur concerné cherche systématiquement à juger une variété par rapport à des variétés déjà référencées pour leur qualité. Ainsi, les *outils permettant de comparer des variétés deux à deux* sont les plus appropriés. Mais des *outils permettant de juger le statut azoté des plantes* seraient également intéressants : outils de diagnostic en culture des carences en azote, auxquels on pourrait ajouter les outils qui décrivent des facteurs influant sur la consommation en azote (par exemple, l'alimentation en eau).

## 1.5. Conclusion de la partie 1

A partir de l'étude de 21 acteurs de la filière semences, nous avons constaté qu'il existe une grande diversité des usages de l'expérimentation variétale, diversité bien supérieure aux conceptions que l'on a habituellement de l'expérimentation variétale et de la configuration des réseaux. Elle s'illustre par :

- la diversité des objectifs déclarés par les acteurs : quatre grands objectifs mobilisant l'expérimentation variétale ont ainsi pu être identifiés : trier les génotypes, les positionner géographiquement ou sur le marché, connaître les génotypes, communiquer sur eux ;

- la diversité des critères de jugement des génotypes : si les critères de rendement et de qualité sont communs à la quasi-totalité des activités, des différences entre les activités apparaissent pour la prise

en compte des facteurs de régularité du rendement, de l'adaptation à différentes zones ou à différentes techniques de culture, et pour le critère de stabilité des comportements variétaux.

- par des différences importantes dans les configurations des réseaux expérimentaux : nombre de géotypes étudiés, nombre d'essais, homogénéité des listes variétales, part des essais réalisés par l'entreprise ou en partenariat, dispositifs expérimentaux.

La recherche d'une plus grande qualité expérimentale, le besoin d'optimiser les réseaux, comme le besoin de comprendre les causes de variations des résultats, sont très variables également. En revanche, un besoin s'exprime de façon quasi générale : celui de mieux exploiter l'information existante dans les réseaux expérimentaux. Ce besoin correspond à la difficulté exprimée par presque tous les acteurs, celle de bien interpréter les résultats expérimentaux et leurs variations, et révèle une prise de conscience générale de la richesse d'information qui n'est pas exploitée dans les réseaux d'évaluation des variétés.

Nous avons pu structurer cette diversité, tout d'abord sur la base des objectifs et des critères de jugement des géotypes, puis sur la base des configurations des réseaux expérimentaux, ce qui nous a permis de définir dix usages de l'expérimentation variétale : l'inscription, la sélection précoce, la fin de sélection, le développement – collecte de référence, le développement commercial, le référencement technico-commercial, le référencement technique national, la coordination technique régionale, le référencement technique local, et un usage lié à la transformation des récoltes. Cette structuration est efficace pour proposer des types d'outils qui permettraient de mieux valoriser l'information contenue dans les réseaux expérimentaux. Mais nous avons constaté qu'au-delà de cette structuration, une diversité résiduelle subsiste à l'intérieur des différents usages, ce qui témoigne de logiques ou de particularismes internes aux entreprises, qui doivent être pris en compte dans une optique de conseil pour l'amélioration des pratiques expérimentales ou de construction d'outils.

Nous avons identifié cinq grands types d'outils susceptibles de répondre aux attentes des acteurs de la filière en matière d'amélioration des connaissances des géotypes et des réseaux expérimentaux.

Les *outils de diagnostic au champ* répondent à un certain nombre de besoins des acteurs (notamment ceux de la fin de sélection, du développement et du référencement technique local), tout en respectant leurs contraintes. Ils pourraient permettre de décrire les milieux de façon à mieux expliquer les variations de résultats des géotypes. Mais ils n'ont été utilisés jusque là que pour piloter des interventions culturales (apport d'azote, irrigation). Cela tient vraisemblablement au fait que le lien entre ces mesures et les conclusions utiles quant à la connaissance des géotypes n'est pas immédiat, car elles demandent une interprétation des résultats basée notamment sur une comparaison des différents essais.

Des *outils de caractérisation globale des milieux*, comme le diagnostic agronomique des facteurs limitants, présentent un intérêt potentiel très important pour mieux connaître les milieux, optimiser les réseaux, et, s'ils sont associés avec des outils d'analyse de l'interaction géotype - milieu, pour tirer des conclusions sur la sensibilité des géotypes aux contraintes environnementales. Mais leur utilisation est fortement conditionnée par leur simplification (limiter les mesures et contrôles nécessaires) et leur automatisation (ils doivent fonctionner sous des supports informatiques "grand public"). Dans cette optique, ils pourraient être associés à des outils de diagnostic en culture, pour éviter d'ajouter des prélèvements sur les essais. Une autre exigence est que les conclusions qu'ils apportent doivent être directement utilisables. Comme pour les outils précédents, ils sont peu employés car leur utilité pour mieux connaître les géotypes n'est pas assez clairement perçue, et parce que les moyens de valoriser les informations qu'ils apportent ne sont pas maîtrisés. Ils pourraient être destinés en priorité aux acteurs qui cherchent à bien décrire les milieux (inscription, référencement technique local), mais aussi à tous ceux qui seraient susceptibles d'utiliser des outils d'analyse de l'interaction géotype - milieu (fin de sélection, développement, référencement technique et commercial, référencement technique national).

Les *outils de regroupement des essais ou d'optimisation des réseaux* intéressent les acteurs qui travaillent sur un grand nombre d'essais et qui veulent réduire le coût de leur réseau (inscription, développement – collecte de références, référencement technique national), mais aussi ceux qui cherchent à diversifier au mieux les situations expérimentales (sélection notamment).

Les chercheurs ont beaucoup travaillé à la mise au point *d'outils biométriques pour décrire les causes des instabilités*, pour *décomposer et expliquer l'interaction génotype - milieu*. Or, nous l'avons vu, ces outils ne sont pas utilisés, même ceux qui permettent de caractériser les génotypes en terme de résistance ou de tolérance aux contraintes du milieu. Le mode d'analyse dominant des résultats d'essais ne prend pas en compte la diversité des réponses des génotypes aux milieux, alors même que pour beaucoup d'acteurs, la stabilité des performances est importante (avec des acceptions différentes), comme la recherche d'explication aux variations de résultats. Mais nous avons constaté qu'un intérêt pour ce type d'outils grandit quand les acteurs assistent à une démonstration de ce qu'il permet, en terme de connaissance de la réponse des génotypes aux contraintes des milieux ou aux techniques de culture. Le développement de ces outils est donc conditionné par une information adaptée aux modes de fonctionnement et au vocabulaire des acteurs, par leur aptitude à donner des informations claires, directement communicables, mais aussi par leur simplicité et leur rapidité d'emploi.

Enfin, nous avons découvert l'intérêt que portent les acteurs du développement, de la distribution (référencement technique et commercial) et de la transformation-meunerie, à des *outils de comparaison des génotypes deux à deux*, du fait que ces activités ont besoin de situer les variétés nouvelles par rapport à des variétés concurrentes déjà en place.

Si la sécurité d'emploi des variétés doit passer par une meilleure compréhension des causes d'instabilité (ce que pense la plus grande partie des acteurs interrogés), une meilleure description des conditions environnementales sera nécessaire, au moyen d'outils de diagnostic au champ ou par une caractérisation globale des milieux *a posteriori*. Et il est possible que l'évolution des techniques de culture, liée à la réduction des coûts de production qui est imposée par l'évolution du contexte économique et le souci de préserver l'environnement, entraîne un surcroît d'intérêt pour des outils qui permettront de mieux caractériser le comportement des variétés par rapport à une grande diversité de facteurs limitants (carence en azote, en eau..., adaptation à des densités de semis plus faibles, à des semis tardifs...).

Des exigences nettes sont apparues par rapport aux outils à concevoir, pour qu'ils puissent être adoptés. Symétriquement, on peut aussi se demander si, une fois que la démonstration de l'intérêt de tels outils aura été faite, un certain nombre d'acteurs ne seraient pas prêts à les adopter, et si leurs priorités, objectifs de travail ou critères de jugement des génotypes n'en seraient pas modifiés. Nous n'avons pas les moyens de répondre actuellement à cette question, mais nous allons maintenant décrire les fonctionnalités et l'intérêt de l'association de deux outils, le diagnostic agronomique des facteurs limitants et la régression factorielle, en montrant comment ces outils répondent à une partie des besoins que nous avons mis en évidence : pour améliorer la connaissance des milieux, pour optimiser les réseaux expérimentaux et pour améliorer la connaissance des génotypes expérimentés.

## **Partie 2**

# **Analyse de l'interaction génotype - milieu associée au diagnostic agronomique pour l'évaluation des variétés**



## 2.1. Problématique de la partie 2

Dans les réseaux expérimentaux, la diversité des performances génotypiques que l'on observe entre les milieux d'évaluation s'illustre par des variations de classement des génotypes, révélant l'existence d'une interaction génotype - milieu (illustrée sur la figure 1 de la problématique générale). La présence d'une interaction complique fortement l'interprétation des résultats, ainsi que la mise au point d'un message simple sur les aptitudes variétales, car aucun des résultats dans chaque milieu pris individuellement, ni les performances moyennes, ne suffisent à décrire correctement le comportement de chaque génotype. L'extrapolation des résultats obtenus dans un milieu donné à une plus grande diversité de situations en est rendue délicate : les réseaux expérimentaux en sont alourdis car ils doivent explorer suffisamment de milieux différents pour permettre de décrire correctement la diversité des réponses des génotypes aux milieux et pour prévoir leur stabilité.

### **La diversité des performances génotypiques dans les réseaux d'évaluation n'est que très peu prise en compte dans l'interprétation des résultats.**

Les pratiques d'analyse des résultats des réseaux d'évaluation variétale telles que nous les avons décrites chez le blé tendre (voir partie 1) reposent presque toujours (1) sur une analyse de variance par lieu d'essai, qui indique le degré de précision des résultats, et permet de conclure sur la signification des différences observées entre génotypes, et (2) à l'échelle du réseau, sur la moyenne des performances obtenues dans tous les sites par chaque génotype (voir annexe 1.2). Quand la diversité des réponses des variétés aux milieux expérimentaux est prise en compte, ce n'est que par l'examen individuel des résultats essai par essai (par exemple, dans les activités de sélection), ou par une représentation graphique de la dispersion des résultats entre les différents essais (voir annexe 1.3). Les causes de variation des résultats sont rarement clairement identifiées, et, quand cette identification est tentée, c'est d'une façon intuitive, en comparant les essais entre eux, certains étant réputés faire apparaître plus fréquemment telle ou telle contrainte, ou en s'appuyant sur les commentaires des expérimentateurs ou sur des observations réalisées en cours d'expérimentation. Or les variations de performances et de classement des génotypes dans un réseau expérimental sont dues aux différences de sensibilité des génotypes aux contraintes du milieu, ou facteurs limitants, qui perturbent le déroulement normal du cycle de la culture. **Décrire avec une précision suffisante les milieux et les contraintes qui sont apparues semble donc indispensable pour comprendre ce qui cause ces variations de performances et pour mieux connaître la sensibilité ou la tolérance des génotypes à ces contraintes.**

Tant que la difficulté à identifier les facteurs limitants responsables des variations dans un réseau expérimental n'est pas surmontée, les réseaux ne servent pas à juger et à classer les génotypes pour leurs réactions à ces contraintes. Seuls les comportements variétaux vis-à-vis de facteurs dont les effets peuvent être notés visuellement (maladies et verse essentiellement) parviennent à être jugés, alors que la réaction des génotypes à des contraintes dont les effets sont beaucoup plus difficiles à observer n'est pas évaluée (sensibilité au stress hydrique, aux fortes ou basses températures, à des rayonnements faibles au cours de périodes critiques, aux carences en azote...). Obtenir cette information impose encore des essais spécifiquement dédiés, dont la réalisation est généralement difficile et coûteuse. Ainsi, peu d'organismes mettent en place de tels essais, et quand cela existe, ce n'est jamais sur de grandes listes variétales. De plus, plusieurs facteurs limitants importants ne donnent pas lieu à de telles études.

Pourtant, l'information sur la sensibilité ou la tolérance des génotypes aux différents facteurs limitants qui se manifestent dans un réseau expérimental est déjà contenue dans ce réseau. La plupart des acteurs de l'évaluation des variétés sont conscients de cette richesse d'information qui n'est pas exploitée, car un des besoins le plus fortement exprimé est de mieux exploiter les résultats et de mieux valoriser l'information issue des réseaux d'évaluation (partie 1.3.6.2 p.44). Mais la mise en œuvre des outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu qui ont été proposés par les chercheurs demande du temps, à un moment où la restitution des résultats doit être faite très rapidement, et leur apport direct dans la connaissance des variétés n'apparaît pas clairement aux yeux des utilisateurs. Comme la

volonté de mieux extraire l'information sur les génotypes contenue dans les réseaux expérimentaux existe, mais que les acteurs admettent ne pas avoir les moyens aujourd'hui (temps, compétence) pour y parvenir, il importe de mettre au point des méthodes d'analyse des résultats qui débouchent sur une information facile à exploiter et à mettre en forme.

### **D'importantes avancées ont été réalisées dans le domaine de l'analyse biométrique des résultats des réseaux expérimentaux.**

De nombreux travaux ont été conduits pour montrer que l'on pouvait intégrer une description des milieux dans l'analyse des résultats d'un réseau expérimental pour expliquer l'interaction (voir par ex. les synthèses présentées par van Eeuwijk, 1995 et par Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997). Les modèles d'analyse de l'interaction comme la régression conjointe (Yates et Cochran, 1938 ; Finlay et Wilkinson, 1963 ; Eberhart et Russel, 1966), les écovalences génotypiques (Wricke, 1962) ou environnementales (Parisot-Baril, 1992), le modèle multiplicatif (ou modèle AMMI<sup>44</sup>, Gollub, 1968 ; Mandel, 1969, 1971 ; Gauch, 1992), proposent une décomposition de l'interaction qui permet d'identifier l'origine de l'interaction (quels milieux, quels génotypes contribuent le plus à l'interaction ?), mais ils ne permettent pas d'en expliquer les causes (quel génotype est particulièrement sensible – ou tolérant – à quelle contrainte du milieu ?). Parmi eux, le modèle AMMI est considéré comme étant celui qui permet la meilleure décomposition de l'interaction génotype - milieu Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997) et peut donc être utilisé comme modèle de référence pour juger la qualité de décomposition de l'interaction. Pour pouvoir effectuer une interprétation agronomique des variations, il faut recourir à des modèles qui valorisent des informations autres que la seule variable expliquée (informations sur les environnements ou sur les génotypes). Cela est possible quand on utilise des modèles d'analyse de l'interaction comme le modèle multiplicatif dans lequel sont étudiées les corrélations entre les termes multiplicatifs du modèle et les variables décrivant les milieux ou les génotypes (van Eeuwijk *et al.*, 1995 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999 ; Haji et Hunt, 1999 ; Voltas *et al.*, 1999 ; Yan et Hunt, 2001 ; Brancourt-Hulmel et Lecomte, 2003), mais cela ne permet pas de quantifier simplement le rôle des différents facteurs limitants, ni d'estimer la réaction des génotypes à ces facteurs. Le modèle de régression factorielle biadditive (Denis, 1988, 1991 ; van Eeuwijk, 1995), dans lequel les termes du modèle multiplicatif sont remplacés par une combinaison linéaire de covariables génotypiques ou environnementales, est le modèle qui permet la meilleure décomposition de l'interaction au moyen de covariables. Il peut donner des résultats proches de ceux du modèle AMMI en terme de décomposition de l'interaction, si les variables environnementales utilisées sont pertinentes (Brancourt-Hulmel et Lecomte, 2003). Il peut donc être utilisé pour juger la pertinence de variables génotypiques ou environnementales pour décrire les variations de résultats. Le modèle de régression factorielle (Denis, 1980, 1988), où les covariables interviennent directement dans le modèle, est en général un peu moins explicatif que le modèle AMMI, mais il permet d'établir des coefficients de régression génotypiques (associés aux covariables environnementales), qui décrivent la réponse des génotypes aux caractéristiques environnementales. Quand ces caractéristiques représentent des facteurs limitants, ces coefficients sont une estimation de la sensibilité des génotypes à ces facteurs (Denis, 1980 ; Denis et Vincourt, 1982 ; van Eeuwijk, 1995 ; Brancourt-Hulmel, 1999 ; Lecomte *et al.*, 2002).

La plupart des auteurs qui ont cherché à expliquer l'interaction par des caractéristiques environnementales ou génotypiques n'ont utilisé qu'une description partielle des milieux et des génotypes : pour les milieux, ont été utilisés par exemple la température et la localisation géographique (Rameau et Denis, 1992) ; la température et le rayonnement (Reynolds *et al.*, 2002 ; Charmet *et al.*, 1993 ; Epinat-Le Signor *et al.*, 2001), la température, le rayonnement, le bilan hydrique et la localisation géographique (Foucteau *et al.*, 2001), la température et la pluviométrie ou le stress hydrique (Haji et Hunt, 1999 ; Voltas *et al.*, 1999) ; les dates de floraison et le bilan hydrique (Argillier *et al.*, 1994 ; Biarnès-Dumoulin *et al.*, 1996 ; Desclaux, 1996) ; les températures moyennes, les températures gélives, le type de sol et le rayonnement (Baril *et al.*, 1995) ; les températures moyennes, les températures gélives, le rayonnement et les précipitations (van Eeuwijk *et al.*, 1995).

<sup>44</sup> AMMI : Voir note 10 p.12 et plus loin, partie 2.2.5. p.83.

Voltas *et al.* (2005) ont cherché à décrire assez complètement les milieux expérimentaux, mais considèrent qu'il est nécessaire de réduire volontairement le nombre de facteurs limitants introduits à ceux qui ont le plus probablement agi, dans la mesure où la caractérisation complète des milieux requiert un très grand nombre de contrôles et de variables, surtout si l'on cherche à prendre en compte toute la gamme de précocité des géotypes expérimentés. Le problème est qu'il n'est généralement pas possible de savoir *a priori* quels facteurs limitants vont intervenir. Ainsi, les facteurs retenus peuvent s'avérer plus ou moins explicatifs de l'interaction, et des facteurs limitants importants peuvent ne pas avoir été décrits. On court ainsi le risque d'attribuer à un facteur limitant un rôle qui revient en fait à un autre facteur, que l'on n'aurait pas pris le soin de décrire. D'autres travaux ont cherché à décrire les contraintes du milieu par des variables synthétiques issues de géotypes révélateurs, caractérisant les grandes phases d'élaboration du rendement du blé : écart de nombre de grains/m<sup>2</sup> et perte de poids de 1000 grains par rapport à des valeurs de référence (Baril, 1992 ; Brancourt-Hulmel et Lecomte, 1994 ; Desclaux, 1996 ; Brancourt-Hulmel, 1999). Ces variables permettent de bien décomposer l'interaction, mais, pour qu'elles puissent être interprétées, il est nécessaire de les relier à des caractéristiques des milieux qui ont une signification agronomique (van Eeuwijk *et al.*, 1996, 2004).

Dans de précédents travaux (Lecomte *et al.*, 1993 ; Brancourt-Hulmel et Lecomte, 1994 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999), les variables retenues pour analyser l'interaction n'ont pas été sélectionnées sur la base d'une quantification de leur rôle effectif : l'importance des différents facteurs était classée qualitativement, à l'issue d'une "expertise", qui interprétait les mesures, observations et variables environnementales recueillies. Une telle démarche est difficilement transmissible et elle est susceptible d'aboutir à des conclusions variables selon la personne qui réalise le diagnostic. De plus, quelques variables ont été retenues *a priori*, car correspondant aux facteurs limitants les plus fréquents dans le type de réseau expérimental étudié, ce qui a pu conduire à des déceptions quant à la part d'interaction expliquée (Brancourt-Hulmel, 1999). Un des inconvénients de la régression factorielle, est qu'elle peut mettre en avant une variable explicative dont la bonne corrélation avec la variable expliquée est accidentelle. Ainsi la variable choisie peut masquer la variable qui correspond à la véritable explication agronomique. **Nous faisons l'hypothèse que la régression factorielle peut apporter aux acteurs du secteur semences des éléments significatifs de caractérisation des comportements variétaux, sous réserve d'une identification rigoureuse et reproductible des facteurs limitants ayant effectivement différencié les situations expérimentales.**

### **Bien raisonner le choix des milieux d'expérimentation.**

Les expérimentateurs sont confrontés également à la difficulté de choisir les lieux et modes de conduite de leurs essais : avoir beaucoup de "milieux" est *a priori* plus favorable pour augmenter les chances de mettre en évidence la diversité des réponses variétales aux conditions environnementales. Mais un grand nombre d'essais ne garantit pas qu'on rencontre une grande diversité de situations. De plus, des réseaux importants coûtent cher et génèrent beaucoup d'informations qu'on a du mal à mettre en forme. Il y a donc un compromis à trouver entre la taille du réseau et la richesse de l'information obtenue<sup>45</sup>. Le choix des milieux repose plus ou moins explicitement sur la recherche de conditions agronomiques variées, qui vont permettre de juger l'adaptation des géotypes à des zones de cultures différentes. Selon les acteurs, les critères retenus pour le choix des milieux reposent surtout sur la géographie (les grandes régions françaises), sur le type de sol (sols profonds ou superficiels, sols à réchauffement lent, ...), sur les potentialités du milieu (milieu favorable, milieu défavorable comme par exemple les sols superficiels de plateaux), sur la représentativité par rapport à d'autres réseaux (comme par exemple le réseau d'inscription pour certains sélectionneurs), ou encore sur le positionnement marketing (être présent auprès de tel grand distributeur) : partie 1.3.3.3 p.32.

D'une façon générale donc, le choix des milieux n'est pas raisonné de façon à explorer les principales contraintes susceptibles d'entraîner des différences de comportements entre géotypes. Il semble que, pour les acteurs de la sélection, le mode de choix pratiqué soit satisfaisant pour apporter l'information essentielle. Dans une première approche en effet, choisir des milieux sur des critères

<sup>45</sup> Sur l'optimisation des réseaux, voir note 39 p.45.

géographiques, sur le type de sol, ou sur le caractère favorable ou défavorable du milieu, permet d'identifier des situations assez différentes. De plus, la faible quantité de semences disponibles en cours de sélection limite nécessairement le nombre d'essais qui peuvent être mis en place. Dans les entreprises de distribution en général, le réseau expérimental est aussi jugé satisfaisant, le nombre d'essais est même parfois considéré comme excessif, mais il est justifié par le besoin d'avoir un grand nombre de sites expérimentaux qui servent de support aux opérations de communication (partie 1.3.6.1 p.42). D'autres acteurs en revanche, notamment ceux qui interviennent à une échelle nationale (organisme d'inscription et organismes techniques de post-inscription), sont dans une dynamique de restriction de leur réseau et ont engagé une réflexion pour trouver un compromis entre importance du réseau et richesse de l'information obtenue. Par ailleurs, presque tous les acteurs de l'évaluation des variétés (mais surtout les acteurs du développement, de la distribution, ainsi que les acteurs techniques) souhaitent ajouter de nouveaux essais ou de nouvelles conduites pour juger la réaction des géotypes à des variations de fumure azotée, à différentes dates ou doses de semis, dans le but d'améliorer le message qu'ils délivrent sur les variétés (partie 1.3.6.2 p.44). Ainsi la plupart des acteurs se trouvent dans une problématique d'optimisation de réseau, soit pour réduire le nombre d'essais sans trop perdre d'information, soit pour ajouter des situations nouvelles sans accroître les coûts.

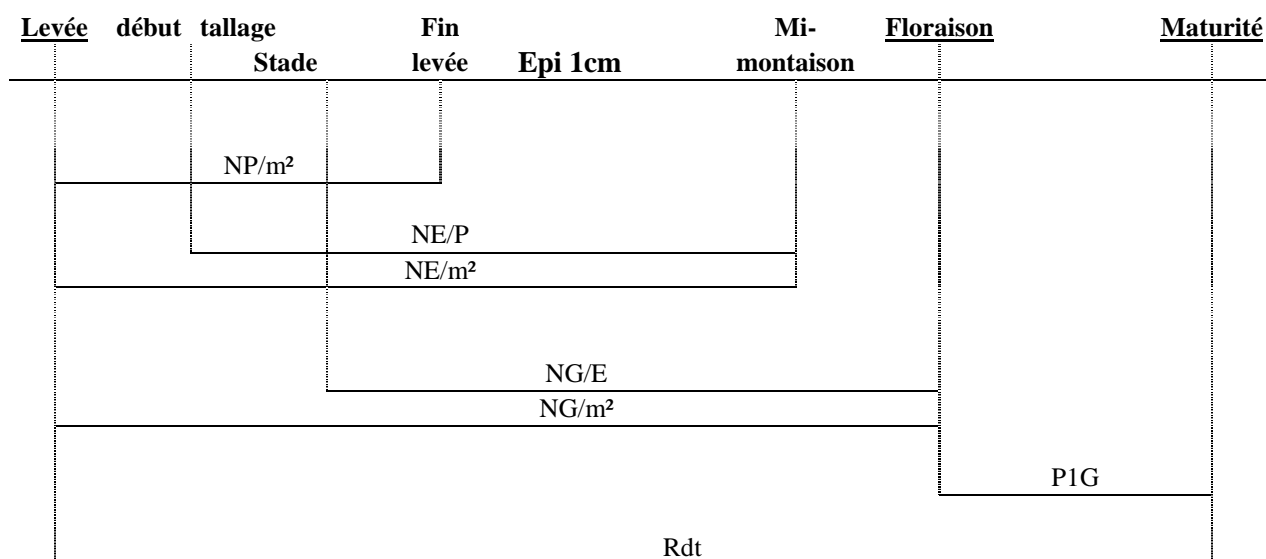
Plusieurs méthodes biométriques ont été proposées pour juger *a posteriori* l'intérêt des différents milieux, pour les classer, ou pour identifier ceux qui seront retenus pour poursuivre l'expérimentation les années ultérieures (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997). Certains auteurs ont basé le choix des milieux sur les corrélations des résultats obtenus dans un milieu avec ceux obtenus dans l'ensemble des milieux (Hamblin *et al.*, 1980), ou entre les milieux deux à deux (Peterson, 1992). D'autres ont mis en œuvre un modèle de régression conjointe utilisant les moyennes géotypiques dans l'ensemble des milieux comme régresseur, ce qui permet d'identifier les milieux où les réponses géotypiques sont proches de la moyenne des milieux (la pente de la régression est proche de 1), ceux qui révèlent les variétés à haut potentiel de rendement, et ceux qui maximisent les différences entre géotypes (Brown *et al.*, 1983 ; Desclaux, 1996). Le calcul des écovalences environnementales (Parisot-Baril, 1992) permet d'estimer la contribution de chaque milieu à l'interaction géotype - milieu. Si l'on considère que les milieux intéressants sont ceux qui génèrent une forte interaction, cette méthode permet de supprimer des milieux ou des conduites culturales qui n'apportent pas d'information supplémentaire.

D'autres méthodes comparent l'importance des interactions géotype - milieu dans un réseau, à l'intérieur de groupes de milieux et entre groupes de milieux (Corstens et Denis, 1990 ; Parisot-Baril, 1992 ; Tranchefort *et al.*, 1993 ; Cooper *et al.*, 1993 ; Sivalapan *et al.*, 2003). Sur cette base, une bonne structuration permet de minimiser la variabilité à l'intérieur des groupes et de maximiser la variabilité entre groupes (Liang *et al.*, 1966). Les groupes de milieux peuvent être constitués *a priori*, par exemple sur la base des régions géographiques ou des types de sol (Denis, 1979 ; Parisot-Baril, 1992 ; Tranchefort *et al.*, 1993), ou à partir de variables descriptives des milieux comme la température et la photopériode (Brown *et al.*, 1983 ; Balfourier et Charmet, 1991). Effectuant une classification *a priori* des milieux sur une base géographique, Tranchefort *et al.* (1993) ont constaté dans le réseau de post-inscription de Arvalis – Institut du végétal<sup>46</sup> que la variabilité interzones géographiques (estimée par les carrés moyens de l'interaction) est à peine supérieure à la variabilité intra zone géographique, ce qui signifie que le découpage en zones géographiques tel qu'il a été réalisé n'est pas opérant pour obtenir une homogénéité de comportement des variétés à l'intérieur des groupes de milieux, ni pour identifier les variétés les mieux adaptées à chaque milieu. Brandle et Arthur (1992) ont abouti aux mêmes conclusions à l'échelle d'une province canadienne. Au contraire, une classification des milieux *a posteriori* montre que deux milieux proches géographiquement ne se retrouvent pas systématiquement dans le même groupe et que certains groupes sont constitués de milieux très distants.

**Nous faisons l'hypothèse qu'une classification des milieux sur la base, non de leur simple répartition géographique, mais d'une identification des facteurs limitants, permettra de raisonner *a priori* le choix des milieux de manière plus pertinente vis-à-vis du comportement des variétés.** Nous avons déjà tenté une telle classification sur le blé tendre dans les conditions françaises

<sup>46</sup> Arvalis-Institut du végétal : voir note 11 p.13.

**Figure 2.1.** Phases de formation des différentes composantes du rendement (adapté de Meynard et David, 1992).



**Légende :**

- Stade A, ou stade double ride* : début de la différenciation de l'épi sur la tige principale
- NP/m<sup>2</sup>* : Nombre de pieds par m<sup>2</sup>
- NE/P* : Nombre d'épis par pied
- NE/m<sup>2</sup>* : Nombre d'épis par m<sup>2</sup>
- NG/E* : Nombre de grains par épi
- NG/m<sup>2</sup>* : Nombre de grains par m<sup>2</sup>
- P1G* : Poids d'un grain
- Rdt* : Rendement

(Lecomte, 1994), et une approche comparable a été validée par l'analyse de l'interaction dans un réseau expérimental sur le soja par Desclaux (1996) et sur le blé par Hulmel (1999).

### **Caractériser les milieux à l'aide d'un diagnostic agronomique.**

Pour caractériser les milieux, une méthode de diagnostic des facteurs limitants, ou diagnostic agronomique, a été mise au point progressivement par des agronomes (Sebillotte, 1980 ; Boiffin et Meynard, 1982 ; Meynard et Sebillotte, 1982 ; Meynard et David, 1992 ; Lecomte *et al.*, 1993 ; Leterme *et al.*, 1994 ; Meynard et Sebillotte, 1994 ; Doré *et al.*, 1997 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999). Le rendement de la culture est décomposé en composantes qui s'élaborent au cours de phases bien définies du cycle (figure 2.1). En comparant les valeurs des composantes du rendement avec des valeurs de référence, qui correspondent à une situation où aucune contrainte n'est apparue, on peut en déduire quelles sont celles qui sont affectées par un facteur limitant, avec quelle intensité, et on peut savoir à quelle période du cycle ce facteur limitant a agi. Les observations réalisées en culture et les données environnementales recueillies permettent d'identifier le facteur limitant. Ce raisonnement inductif (voir figure 4 de la problématique générale) suppose une excellente expertise agronomique et suppose de contrôler de nombreux paramètres décrivant les milieux pour tirer des conclusions sur les facteurs limitants qui ont probablement agi. Ainsi, dans l'état actuel des choses, le diagnostic agronomique ne peut pas être mis en oeuvre par différents acteurs non experts, avec des résultats reproductibles. De plus, si cette méthode quantifie les pertes de rendements et de composantes, elle ne permet pas de comparer le poids des facteurs limitants dans les différents milieux, qui ne peuvent être jugés que par classes d'intensité (Lecomte *et al.*, 1993 ; Doré *et al.*, 1997). La plupart du temps en effet, plusieurs facteurs limitants interviennent simultanément.

Dans des réseaux expérimentaux, le diagnostic pourrait être réalisé sur des "génotypes révélateurs", considérés comme étant représentatifs de l'ensemble des génotypes expérimentés. La notion de génotypes révélateurs a été présentée par Desclaux (1996), et par Brancourt-Hulmel *et al.* (1999). Elle rejoint le concept de "probe genotypes" exposé par Cooper et Fox (1996) cités par Brancourt-Hulmel (1999). **Nous faisons l'hypothèse que les génotypes révélateurs permettent une caractérisation indirecte des milieux, par l'intermédiaire de plantes dont les réactions sont décrites par la mise en oeuvre d'un diagnostic agronomique.** Ces génotypes sont alors de véritables "instruments de mesure du milieu" qui permettent de décrire les contraintes qui ont effectivement joué un rôle dans l'élaboration du rendement.

On perçoit donc tout l'intérêt de développer une méthode de diagnostic agronomique applicable à des génotypes révélateurs dans des réseaux expérimentaux, dont la mise en oeuvre soit simple et les résultats reproductibles, qui ne fasse pas appel à des compétences approfondies en agronomie, et qui permette de caractériser chaque milieu par autant de variables quantitatives qu'il y a de facteurs limitants. Cette méthode doit prendre en compte *a priori* tous les facteurs limitants possibles, elle doit choisir ceux qui sont réellement explicatifs des variations de rendement, et estimer leur effet sur le rendement et les composantes affectées. **Nous faisons l'hypothèse que de telles exigences peuvent être satisfaites en utilisant une régression linéaire multiple dans laquelle sont introduites en premier les variables les plus explicatives des variations de rendement.**

Relier les variations de rendement à certains facteurs environnementaux par une régression linéaire a déjà été entrepris dans les années 1970, dans le cadre de modèles agro météorologiques. Pour comparer des variétés, Beckett (1982) a utilisé différentes variables environnementales dans un modèle de régression à une seule covariable pour comparer leur poids dans les variations de rendement de 6 cultivars de betterave à sucre. Woodruff et Tonks (1983) ont décrit les variations de rendement de plusieurs génotypes de blé tendre avec la température moyenne journalière, et une estimation de l'état hydrique des plantes. Mais dans tous ces cas, la caractérisation des environnements était partielle, et aucune procédure de sélection des covariables n'a été présentée. Dans une telle situation, on risque de négliger le rôle de facteurs limitants non prévus, même si on arrive à expliquer une part importante des variations de rendement. Récemment, plusieurs diagnostics agronomiques basés sur l'utilisation de régressions linéaires multiples ont été publiés (Landau *et al.*, 2000 ; Lecomte *et al.*, 2002 ; Le Bail et Meynard, 2003 ; Clermont-Dauphin *et al.*, 2003 ; Lacaze et Roumet, 2004 ; Barbottin *et al.*, 2005 ;

David *et al.*, 2005). Dans ces diagnostics, la régression multiple permet, pour chacune des composantes du rendement, de sélectionner parmi un grand nombre de facteurs limitants possibles (chacun étant codé par des indices de nutrition des plantes ou des variables de caractérisation du milieu), les 2 ou 3 dont l'intensité rend compte des variations de la composante.

L'introduction des variables dans une régression linéaire est effectuée sur la base de celles qui sont le plus corrélées aux variations de la variable expliquée, cette corrélation pouvant être accidentelle. Dans ce cas, les variables introduites n'auraient pas de validité agronomique. Quand on utilise une telle méthode, il est donc indispensable de s'assurer de la cohérence entre la sélection des facteurs limitants issue de la régression et l'ensemble des informations disponibles sur les essais. Cette vérification constitue un enjeu important du travail qui va être présenté.

### Organisation de la présentation.

Nous avons donc cherché à mettre au point sur le blé tendre une méthode de caractérisation agronomique des milieux aussi objective que possible, et applicable par différents acteurs. Ce "diagnostic agronomique", effectué sur des génotypes révélateurs, débouche sur l'identification des variables décrivant les facteurs limitants apparus dans le réseau expérimental, et sur la quantification de leur effet dans chacun des milieux. Ces variables sont à la base d'une classification des milieux et d'une réflexion permettant d'optimiser les réseaux expérimentaux. Elles peuvent être introduites dans une analyse de l'interaction génotype - milieu utilisant la régression factorielle, en vue d'améliorer la connaissance des génotypes et de leur réaction par rapport aux contraintes environnementales.

Pour s'assurer de la validité agronomique des facteurs limitants identifiés, plusieurs moyens seront présentés : (1) observer la cohérence entre les génotypes révélateurs ; (2) observer la cohérence entre les facteurs limitants qui expliquent les variations du rendement et ceux qui expliquent les variations des composantes du rendement ; (3) vérifier que les facteurs limitants qui distinguent des essais qui ne diffèrent que par une technique culturale (comme par exemple la présence ou l'absence de traitements fongicides) correspondent bien à ceux qui sont attendus (dans le cas cité : les maladies) ; (4) étudier les corrélations entre variables descriptives des facteurs limitants pour repérer les éventuelles confusions d'effets entre facteurs.

Caractériser les milieux par des génotypes révélateurs repose sur l'hypothèse que tous les génotypes mis en expérimentation ont été exposés aux contraintes du milieu d'une façon proche de celle des génotypes révélateurs, et que cette caractérisation est suffisante pour décrire ce qu'ont vécu tous les génotypes expérimentés. Cette hypothèse est importante, car on s'autorise ainsi à limiter considérablement le nombre de variables descriptives du milieu par rapport à celles qui seraient nécessaires pour décrire avec précision les événements vécus par tous les génotypes. Nous chercherons à la valider de deux façons : (1) en montrant que les groupes de milieux définis par les facteurs limitants identifiés sur les génotypes révélateurs permettent une bonne structuration de l'interaction pour tous les génotypes évalués (c'est-à-dire qu'on observe une meilleure stabilité de classements des génotypes à l'intérieur des groupes qu'entre groupes) ; (2) en montrant que les descripteurs de facteurs limitants identifiés lors du diagnostic agronomique réalisé sur les génotypes révélateurs permettent de bien décomposer l'interaction génotype - milieu dans la régression factorielle.

La présentation de la méthode et de sa validité est développée en quatre parties, correspondant aux grands types de besoins des acteurs de l'évaluation des variétés, qui ont été mises en évidence dans la partie précédente :

1- Nous montrerons d'abord l'intérêt du diagnostic agronomique pour **améliorer la connaissance des milieux expérimentaux** (partie 2.3 p.85). Une première étude est réalisée sur le réseau INRA 1995-1997, et fait l'objet d'un article soumis à la revue "Field Crops Research". Dans cet article, nous étudierons la qualité de la description des variations de rendement par les variables décrivant les contraintes du milieu et nous discuterons de la validité des facteurs limitants par les différents moyens évoqués ci-dessus.

**Tableau 2.1.** Présentation des différents réseaux expérimentaux de l'étude : situation géographique des sites et conduites culturales.

Réseau	Sites	Coordon	Type de sol	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	
<b>1</b>  <b>INRA</b> <b>1995-1999</b>	Clermont-Ferrand (63)	45.47° N 3.05° E	Limons volcaniques	IN -F	IN -F	IN -N	IN -FN	IN EX				
	Dijon (21)	47.19° N 5.01° E	Sols argilo-limoneux sur marnes et graviers	IN	IN -IRG	IN -IRG	IN EX -IRG	IN				
	Le Moulon (91)	48.48° N 2.11° E	Limons profonds et battants	IN -F	IN -F	IN -F	IN -F	IN -F EX				
	(61 milieux)	Mons (80)	49.56° N 2.56° E	Limons profonds argileux	IN -FNR	IN -FNR	IN -FNR	IN -F EX	IN -F EX			
	Rennes (35)	48.05° N 1.41° O	Limons légers	IN -F -NR -FNR	IN -F -NR -FNR	IN -F -N -FN	IN -F -N -FN	IN -F EX				
<b>2</b>  <b>GIE C5 –</b> <b>INRA</b> <b>(intrants)</b>	Orgerus (78)	48.50° N 1.42° E	Limons profonds et battants				IN EX	IN EX	IN EX		IN EX	
	Cappelle en Pévèle (59)	50.30° N 3.12° E	Limons profonds argileux				IN EX	IN EX	IN EX		IN EX	
	Rennes (35)	48.05° N 1.41° O	Limons légers				IN EX	IN EX	IN EX		IN EX	
	(34 milieux)	Premesques (59)	50.40° N 2.57° E	Limons profonds argileux					IN EX		IN EX	
		Verneuil l'étang (77)	48.39° N 2.50° E	Limons profonds et battants				IN EX	IN EX		IN EX	
<b>3</b>  <b>INRA –</b> <b>Serasem</b> <b>(stabilité de</b> <b>la qualité)</b>	Clermont-Ferrand (63)	45.47° N 3.05° E	Limons volcaniques							IN -N	IN -N	
	Dijon (21)	47.19° N 5.01° E	Sols argilo-limoneux sur marnes et graviers							IN -N		
	Le Moulon (91)	48.48° N 2.11° E	Limons profonds et battants							IN -N -F	IN -N -F	
	(27 milieux)	Mons (80)	49.56° N 2.56° E	Limons profonds argileux						IN -N -F		
		Premesques (59)	50.40° N 2.57° E	Limons profonds argileux								IN -F
		Rennes (35)	48.05° N 1.41° O	Limons légers							IN -N -F	IN -N -F
	Toulouse (31)	43.31° N 1.30° E	Sols argilo-calcaires							IN -N	IN -N	

**Légende :** *IN* : conduite "intensive"

*-NR* : sans régulateur, et avec réduction de la dose d'azote

*-FNR* : sans fongicides ni régulateur, et avec réduction de la dose d'azote

*EX* : conduite extensive (réduction de la dose de semis, sans fongicides ni régulateur, et avec réduction de la dose d'azote)

*-N* : réduction de la dose d'azote

*-F* : sans traitement fongicide

*-IRG* : sans irrigation



Dans une deuxième étude, nous présenterons une validation plus générale de la démarche dans d'autres réseaux, et nous discuterons des possibilités d'extrapolation d'un diagnostic obtenu dans un réseau à d'autres réseaux ou à des milieux isolés.

2- Nous verrons ensuite comment le diagnostic agronomique permet de **classer les milieux et d'optimiser un réseau expérimental** (partie 2.4 p.106).

Les groupes de milieux obtenus sur la base des variables décrivant les facteurs limitants sont-ils pertinents par rapport au comportement de l'ensemble des génotypes ? C'est à dire, observe-t-on une stabilité des classements génotypiques à l'intérieur des groupes de milieux ? Nous étudierons également la qualité de la décomposition de l'interaction basée sur un modèle de structuration qui utilise les groupes de milieux définis par les facteurs limitants identifiés sur les génotypes révélateurs.

3- Dans une troisième partie (partie 2.5 p.113), nous verrons que l'association du diagnostic agronomique et d'une analyse de l'interaction génotype - milieu basée sur la régression factorielle permet d'**enrichir la connaissance des génotypes expérimentés en proposant une estimation de leur tolérance aux facteurs limitants**.

La validité des facteurs limitants mis en évidence par le diagnostic sera discutée par la comparaison entre la décomposition maximale théorique de l'interaction génotype - milieu permise par le modèle AMMI et la décomposition que l'on obtient avec un modèle de régression factorielle biadditive utilisant les variables environnementales identifiées dans le diagnostic agronomique. Si les deux décompositions sont proches, c'est que les variables déterminées à partir de quelques variétés témoins seulement décrivent bien les milieux expérimentaux pour l'ensemble des génotypes expérimentés. Nous étudierons également la décomposition obtenue avec un modèle de régression factorielle utilisant les variables environnementales identifiées dans le diagnostic, qui nous permettra de calculer les paramètres génotypiques et d'estimer les tolérances génotypiques aux facteurs limitants.

4- Enfin, dans une dernière partie (partie 2.6 p.132), nous étudierons la **robustesse de la méthode associant le diagnostic agronomique et la régression factorielle**, pour des nombres de milieux expérimentaux et de génotypes variables, et nous discuterons des **perspectives de simplification et d'amélioration** du diagnostic (variables utilisées, nombre de génotypes révélateurs), pour répondre à l'exigence de rapidité et de simplicité de mise en œuvre de la méthode.

Pour cela, nous étudierons comment évolue la qualité de la prévision des écarts de rendement par le diagnostic, la qualité de la décomposition de l'interaction et la qualité des notes de tolérance aux facteurs limitants, avec le nombre de milieux, de génotypes révélateurs et de génotypes évalués. Plusieurs pistes actuellement envisageables pour simplifier et améliorer la méthode seront proposées.

**Figure 2.2.** Les sites du réseau expérimental 1.



**Tableau 2.2.** Sites expérimentaux et conduites culturales du sous-réseau 1b.  
*Experimental sites and treatments.*

Lieu <i>Location</i>	Code <i>Code</i>	Coordonnées <i>Coordinates</i>	Type de sol <i>Soil type</i>	Précédent cultural, date de semis, et conduite de culture <i>Previous crop, sowing date, and crop management</i>					
				1994-1995		1995-1996		1996-1997	
Clermont-Ferrand	C	45.47° N 3.05° E	Limons volcaniques <i>Volcanic silty loam</i>	Tournesol <i>Sunflower</i> 27 Oct	Tournesol <i>Sunflower</i> 27 Oct	Tournesol <i>Sunflower</i> 29 Oct	Tournesol <i>Sunflower</i> 29 Oct	Tournesol <i>Sunflower</i> 29 Oct	-N (-50 kg on 15 May)
Dijon	D	47.19° N 5.01° E	Sols argilo-limoneux sur marnes et graviers <i>Clay-silty loam on marl and gravel</i>	Pois <i>Pea</i> 10 Oct	Pois <i>Pea</i> 5 Oct	Pois <i>Pea</i> 8 Oct	Pois <i>Pea</i> 8 Oct	Vesce <i>Vetch</i> 8 Oct	-IRG
Le Moulon	L	48.48° N 2.11° E	Limons profonds et battants <i>Deep silty loam</i>	Pois <i>Pea</i> 24 Oct	Pois <i>Pea</i> 31 Oct	Pois <i>Pea</i> 30 Oct	Pois <i>Pea</i> 30 Oct	Pois <i>Pea</i> 30 Oct	-F
Mons	M	49.56° N 2.56° E	Limons profonds argileux <i>Deep clay-silty loam</i>	Haricot <i>Bean</i> 19 Oct	Haricot <i>Bean</i> 12 Oct	Haricot <i>Bean</i> 16 Oct	Haricot <i>Bean</i> 16 Oct	Pois <i>Pea</i> 16 Oct	-FNR (-50 kg on 1 Apr)
Rennes	R	48.05° N 1.41° O	Limons légers <i>Light silty loam</i>	Pois <i>Pea</i> 3 Nov	Pois <i>Maïs</i> <i>Maize</i> 6 Nov	Pois <i>Pea</i> 8 Nov	Pois <i>Pea</i> 8 Nov	Pois <i>Pea</i> 8 Nov	-F

**Légende :** *IN* : conduite "intensive"  
*Legend* "intensive" crop management

-N: diminution des apports azotés de 30 to 50 kg/ha  
*decrease of nitrogen supply of 30 to 50 kg/ha*

-FNR : sans fongicides ni régulateur, et avec réduction de la dose d'azote  
*without fungicides, growth regulator, and with a decrease of nitrogen supply*

\* irrigation : 30 mm le 14 Mars, and 40 mm le 10 Avril  
*30 mm on 14 March, and 40 mm on 10 April*

\*\* irrigation : 20 mm les 19 Mars, 26 Mars, 4 Avril, et 30 mm le 23 Avril  
*20 mm on 19 March, 26 March, 4 April, and 30 mm on 23 April*

-F : sans traitement fongicide  
*without fungicides*

-IRG : sans irrigation  
*without any irrigation*

## 2.2. Matériel et méthodes

### 2.2.1. Réseaux expérimentaux

3 réseaux expérimentaux ont été étudiés (tableau 2.1) :

- *Le réseau Interstations du groupe céréales de l'INRA, de 1995 à 1999 (réseau 1)*. Ce réseau est constitué de cinq sites expérimentaux (figure 2.2), avec dans tous les sites, au moins une conduite "intensive" ("IN"), raisonnée pour un objectif de rendement élevé, de 90 à 100 q/ha selon les sites expérimentaux : semis de début octobre à début novembre ; fertilisation azotée calculée par la méthode des bilans (Rémy et Hébert, 1977) ; 1 ou 2 régulateurs de croissance ; protection fongicide et insecticide complète pour éviter toute apparition de dégâts parasitaires. Dans la plupart des sites, une variante par rapport à cette conduite a été réalisée, dans le but d'évaluer le comportement des géotypes par rapport à certaines contraintes : effet des maladies en conduite non traitée aux fongicides (conduites "-F"), effet d'une carence en azote pour les conduites "-N", ces deux facteurs pouvant être associés (conduites "-FN" ou "-FNR", où R représente le régulateur de croissance) ou intégrés dans une conduite "extensive" cohérente (conduite "EX" correspondant à un objectif de rendement réduit d'environ 20 q/ha par rapport à la conduite "intensive" : réduction de la dose de semis de 40%, réduction de la dose d'azote de 30 à 60 u/ha par rapport à la fertilisation raisonnée en conduite "intensive", absence de régulateur de croissance et de traitement fongicide) ; suppression de l'irrigation (conduites "-IRG"), celle-ci étant pilotée en conduite "intensive" en fonction du bilan hydrique calculé sur la parcelle. Ce réseau comporte 61 milieux (le milieu étant considéré comme la combinaison du lieu, de l'année et de la conduite culturale).

Le sous-ensemble de ce réseau, restreint aux 3 années 1995, 1996 et 1997 et à deux conduites culturales maximum par site expérimental, est celui sur lequel la méthode de diagnostic a été mise au point. Ce réseau a donc été plus particulièrement étudié. Nous l'avons appelé *réseau 1b*. Il comporte 29 milieux différents (tableau 2.2 et figure 2.2).

- *Le réseau GIE C5<sup>47</sup> - INRA (réseau 2)*, constitué dans le cadre de contrats successifs sous l'égide du Ministère de l'Agriculture (de 1997 à 1999<sup>48</sup> et de 2000 à 2002<sup>49</sup>), pour identifier des géotypes adaptés à des conduites culturales à faible niveau d'intrants. Ce réseau comporte 34 milieux définis sur 5 sites expérimentaux et 4 années, avec 2 conduites culturales : une conduite "intensive" ("IN") raisonnée pour un objectif de rendement de 90 à 100 q/ha, et une conduite "extensive" ("EX"), pour un objectif de rendement réduit de 20 q/ha par rapport à la conduite "intensive". Cette conduite a été raisonnée de la même façon que la conduite "extensive" décrite pour le réseau 1.

Le sous-ensemble de ce réseau constitué des seuls milieux avec conduites de culture intensive comporte 17 milieux et a été appelé *réseau 2b*.

- *Le réseau INRA – Serasem (réseau 3)*, constitué dans le cadre d'un contrat avec le Ministère de l'Agriculture, de 2000 à 2003<sup>50</sup>, pour analyser et prédire la stabilité du rendement et de la teneur en protéines du blé tendre d'hiver. Ce réseau est constitué de 7 sites expérimentaux sur 2 années. Dans chaque site, 2 à 3 conduites culturales ont été adoptées : une conduite "intensive" dans tous les sites expérimentaux, pour un objectif de rendement élevé (de l'ordre de 90 q/ha), et selon les sites, une conduite avec réduction de la fertilisation azotée de 100 u/ha par rapport à la dose de la conduite "intensive", et / ou une conduite sans traitement fongicide (tableau 2.1).

<sup>47</sup> *GIE C5* : Groupement d'Intérêt Economique "Club des 5" regroupant les obtenteurs Benoist, Desprez, Verneuil (fusionné avec Nickerson en 2002) et Serasem.

<sup>48</sup> Contrat de branche INRA – GIE Club des 5 1997-1999 n° B 01863, volet "Capacité d'adaptation des variétés aux changements environnementaux et facteurs de régularité du rendement".

<sup>49</sup> Contrat de branche INRA – GIE Club des 5 – ITCF 2000-2002 n° B 03705, "Itinéraires techniques pour variétés rustiques".

<sup>50</sup> Contrat de branche INRA – ITCF – Nickerson – Semences de France 2000-2003 n° B 03385 "Analyser et prédire la stabilité du rendement et de la teneur en protéines du blé tendre d'hiver".

**Tableau 2.3.** Génotypes révélateurs utilisés dans les différents réseaux (CAR : Camp-Rémy ; REC : Récital ; RIT : Ritmo ; SOI : Soissons ; TRE : Trémie) ; et autres génotypes utilisés pour l'analyse de l'interaction : années concernées et nombre de génotypes.

Génotypes révélateurs	Réseau 1	Réseau 1b	Réseau 2	Réseau 3
	CAR	CAR		CAR REC
	RIT	RIT	RIT	
	SOI	SOI	SOI	SOI
	TRE	TRE		
<b>Nombre</b>	4	4	2	3
<b>Autres génotypes</b>		1995 à 1997	2002	2001 et 2002
<b>Années</b>				
<b>Nombre</b>		8	20	7
<b>Nombre total pour analyser l'interaction</b>	4	12	22*	10

\* dans ce réseau, chaque témoin est présent en 2 exemplaires, on a donc l'équivalent de 24 génotypes étudiés.

**Tableau 2.4.** Principales caractéristiques des génotypes révélateurs (GEVES, 1994).  
*Characteristics of the four probe genotypes.*

Variété <i>Genotype</i>	Code <i>Code</i>	Alt <i>Dvpt</i>	Epi <i>Earl</i>	Ht <i>Height</i>	Frd <i>Frost</i>	Verse <i>Lodg</i>	RB <i>BR</i>	RJ <i>YR</i>	Oid <i>Powd Mild</i>	Sept. nod <i>Sept. nod</i>	Fus. épi <i>Fus. on ear</i>	PV <i>Eyes spot</i>
Camp-Rémy	CAR	3	6	3.5	6	7	4	5	5	5	3	2
Récital	REC	3.5	8	3	5.5	6.5	1	1	3	4	3	2
Ritmo	RIT	1	4.5	3	6	6.5	8	5	7	5	3	3
Soissons	SOI	3	7	3	4.5	7	1	5	7	5	4	5
Trémie	TRE	3	6.5	3	6.5	7	8	4	5	6	4	3

*Alt* : alternativité (1 = type hiver – 9 = type printemps)

*Dvpt* : Development type (1 = winter type to 9 = spring type)

*Epi* : précocité à l'épiaison (1 = très tardif – 9 = très précoce)

*Earl* : Earliness at heading (1 = very late to 9 = very early)

*Ht* : Hauteur (1 = très court – 9 = très haut)

*Height* : (1 = very short to 9 = very high)

*Frd* : Résistance au froid

*Frost* : Frost hardiness

*Verse* : Résistance à la verse ; *RB* : à la rouille brune (*Puccinia graminis*) ; *RJ* : à la rouille jaune (*Puccinia striiformis*) ; *Oid* : à l'oidium (*Erysiphe graminis*) ; *PV* : au piétin-verse (*Pseudocercospora herpotrichoides*) ; *Fus* : à la fusariose (*Fusarium roseum*, var *culmorum*) ; *Sept nod* : à la septoriose (*Stagonospora nodorum*)

*Lodg* : resistance to lodging ; *LR* : to leaf rust (*Puccinia graminis*) ; *YR* : to yellow rust (*Puccinia striiformis*) ; *Powd Mild* : to powdery mildew (*Erysiphe graminis*) ; *Sept nod* : to *Stagonospora nodorum* ; *Fus on ear* : to fusarium on ears (*Fusarium roseum*, var *culmorum*) ; *Eyes spot* : to eyes spot (*Pseudocercospora herpotrichoides*)

Echelle des notes de résistance : 1 = très sensible – 9 = résistant

Scale of the resistance scores: 1 = highly susceptible to 9 = resistant

Différents sous-ensembles de ce réseau ont été étudiés : celui constitué des seules conduites "intensives" (11 milieux : *réseau 3b*), celui constitué des conduites "intensives" ou avec réduction de la fertilisation azotée (21 milieux : *réseau 3c*) et celui constitué des conduites "intensives" ou avec suppression des traitements fongicides (17 milieux : *réseau 3d*).

Tous les essais ont été implantés avec des dispositifs complets en blocs de Fisher à 2 ou 3 répétitions. La taille des parcelles expérimentales varie de 6 à 10 m<sup>2</sup> selon les sites expérimentaux.

### 2.2.2. Génotypes évalués

#### - Génotypes révélateurs

Pour identifier les principaux facteurs limitants du rendement apparus dans les réseaux d'évaluation génotypique, de 2 à 4 génotypes révélateurs ont été utilisés (tableau 2.3). Ces génotypes sont présents pour toutes les années considérées pour chacun des réseaux. La variété Soissons (SOI) est commune aux 3 réseaux, Camp-Rémy (CAR) est commune aux réseaux 1 et 3, Ritmo (RIT) aux réseaux 1 et 2, Trémie (TRE) n'est présente que dans le réseau 1 et Récital (REC) que dans le réseau 3. Ces variétés ont été choisies parce qu'elles étaient suffisamment bien connues pour pouvoir identifier les situations où elles s'éloignent de leur comportement de référence, c'est-à-dire du comportement pour lequel on considère qu'aucune contrainte agronomique n'est apparue. Les principales caractéristiques de ces variétés sont indiquées dans le tableau 2.4 : la variété REC est précoce, SOI et TRE sont demi-précoces, CAR est demi-tardive et RIT est tardive.

#### - Autres génotypes

Les génotypes révélateurs sont intégrés à une liste de génotypes plus importante, mais qui peut évoluer d'une année à l'autre. Pour le réseau 1, cette évolution fait que les seuls génotypes communs entre tous les essais de 1995 à 1999 sont les génotypes révélateurs. En revanche, 12 génotypes sont communs de 1995 à 1997 (réseau 1b), incluant les 4 génotypes révélateurs et 8 autres variétés ou lignées non inscrites (tableau 2.5). En conséquence, une analyse de l'interaction génotype - milieu a été effectuée sur les seuls génotypes révélateurs pour les essais de 1995 à 1999 (ensemble du réseau 1), et pour les essais de 1997 à 1999 (réseau 1b) sur les génotypes révélateurs d'une part et sur l'ensemble des 12 génotypes communs d'autre part<sup>51</sup>.

Pour le réseau 2, l'analyse de l'interaction a été restreinte au sous-ensemble de 8 milieux de l'année 2002 constitué des sites de Rennes (35), Cappelle (59), Premesques (59), Verneuil l'Étang (77), conduites "IN" et "EX" (voir tableau 2.1), qui présentent une liste commune de 22 génotypes (lignées en fin de sélection, témoins CTPS et génotypes révélateurs).

Pour le réseau 3, l'analyse de l'interaction a été appliquée sur 10 variétés inscrites communes aux deux années culturales, sur l'ensemble des milieux.

Le nombre total de génotypes (incluant les génotypes révélateurs) et les années utilisées pour l'analyse de l'interaction sont indiquées dans le tableau 2.3.

### 2.2.3. Analyse de l'élaboration du rendement sur les génotypes révélateurs et variables descriptives des facteurs limitants

#### - Relation entre les composantes du rendement, détermination des valeurs de référence et calcul des écarts

Le rendement (*Rdt*) du blé peut être décomposé en composantes qui s'élaborent successivement tout au long du cycle du blé (figure 2.1, Meynard et David, 1992), les deux principales d'entre elles

<sup>51</sup> Nous rencontrons ici le problème de l'hétérogénéité des listes variétales entre essais, que nous avons mis en évidence pour de nombreux réseaux, dans la partie 1. Dans l'étude qui suit, nous avons restreint les réseaux ou les listes de génotypes à des troncs communs homogènes, comportant peu de données manquantes (au plus une parcelle par génotype ou par traitement), de façon à estimer correctement les différents effets dans les analyses de variance (effets génotype, milieu, interaction...), et à pouvoir calculer les paramètres génotypiques dans le modèle de régression factorielle (voir partie 2.2.5 p.81).

**Tableau 2.5.** Caractéristiques des 12 génotypes évalués dans le réseau 1b : date d'épiaison moyenne (en jours depuis le 1<sup>er</sup> janvier), et notes de résistance à l'oidium (*Erysiphe graminis*), à la rouille brune (*Puccinia graminis*) et à la septoriose (*Stagonospora nodorum*), déduites des observations (1 = très sensible à 9 = résistant). Les génotypes sont triés par tardiveté à l'épiaison croissante.

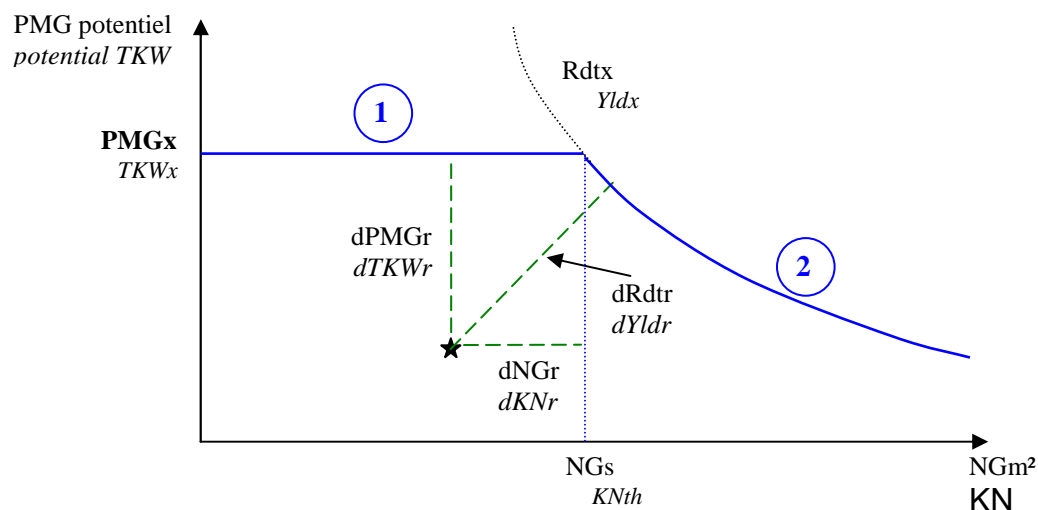
*Characteristics of the 12 genotypes tested in the 29 environments: average date of heading (in days from January 1<sup>st</sup>) and resistance scores to powdery mildew (powd mild, *Erysiphe graminis*), brown rust (*Puccinia graminis*) and septoria (*Stagonospora nodorum*), deduced from the observed disease damages (1 = very susceptible to 9 = resistant). Genotypes are sorted by increasing lateness at heading.*

Génotype <i>Genotype</i>	Code <i>Code</i>	épiation <i>heading date</i>	oidium <i>powd mild</i>	rouille brune <i>brown rust</i>	septoriose <i>septoria</i>
Sidéral	SID	138.2	5.6	6.4	5.1
Soissons *	SOI	140.1	7.6	3.1	4.9
Trémie *	TRE	140.3	6.0	8.7	4.5
Farandole	FAR	143.4	7.3	9.0	6.0
Virtuose	VIR	144.1	7.9	9.0	6.5
D404	D404	140.6	6.8	8.9	5.7
D428	D428	142.9	6.9	8.6	6.1
V401	V401	147.1	6.8	8.7	6.1
V402	V402	147.2	6.2	8.6	6.0
V409	V409	144.8	6.3	8.6	5.7
Camp-Rémy *	CAR	146.4	6.9	6.0	5.4
Ritmo *	RIT	150.1	7.8	5.9	6.6

\* génotype révélateur  
*probe genotype*

**Figure 2.3.** Relation entre le poids de 1000 grains (PMG) potentiel et le nombre de grains par m<sup>2</sup> (NGm<sup>2</sup>), et calcul des écarts de Rendement, de PMG et de NGm<sup>2</sup>. En 1 : le PMG potentiel n'est limité que par la taille des structures du grain, en 2 : le PMG potentiel est limité par la compétition pour le remplissage entre les grains.

*Relationship between potential TKW and KN, and determination of the relative deviations for yield (*dYldr*), TKW (*dTKWr*), and KN (*dKNr*), using the references. In 1, "potential TKW" is limited only by the size of the grain structures and corresponds to the maximal TKW. In 2, "potential TKW" is limited by the competition for filling between the grains.*



*Rdtx* : rendement maximal de référence de la variété, *dRdtr* : écart relatif de Rdt par rapport à *Rdtx* ; *PMGx* : PMG maximal de référence de la variété, *dPMGr* : écart relatif de PMG par rapport au PMG potentiel ; *NGs* : nombre de grains /m<sup>2</sup> seuil établi pour chaque variété, *dNGr* : écart relatif du NGm<sup>2</sup> par rapport à *NGs*.

*Yldx* : reference maximal yield of the genotype, *dYldr* : relative Yld deviation from *Yldx* ; *TKWx* : reference maximal TKW of the genotype, *dTKWr* : relative TKW deviation compared to potential TKW ; *KNth* : threshold KN per m<sup>2</sup> for established for each genotype, *dKNr* : relative KN deviation compared to *KNth*.

étant le nombre de grains par m<sup>2</sup> (**NGm<sup>2</sup>**) et le poids d'un grain (**PIG**). Des relations successives existent entre le rendement et les différentes composantes (Sebillotte, 1980) :

$\begin{aligned} \text{Rdt} &= \text{PIG} \times \text{NGm}^2 \\ &= \text{PIG} \times \text{NG/E} \times \text{NEm}^2 \\ &= \text{PIG} \times \text{NG/E} \times \text{NE/P} \times \text{NP/m}^2 \end{aligned}$
--

Chacune des deux composantes NGm<sup>2</sup> et PIG s'élabore au cours d'une phase bien définie : NGm<sup>2</sup> du semis à la floraison, ou phase d'élaboration du nombre de grains, et PIG entre la floraison et la maturité, ou phase de remplissage des grains (figure 2.1). Par commodité, PIG sera exprimé en g, et correspond donc au poids de 1000 grains (**PMG**). Il existe une relation entre le PMG potentiel, qui peut être obtenu en absence de contrainte pendant le remplissage des grains, et le NGm<sup>2</sup> (Fleury et Limaux, 1987 ; Leterme *et al.*, 1994 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999). Cette relation est présentée sur la figure 2.3. Pour des NGm<sup>2</sup> inférieurs à *NGs* (nombre de grains /m<sup>2</sup> seuil), le PMG potentiel est égal au PMG maximal (**PMGx**) caractéristique de la variété (partie 1 de la courbe), et qui n'est limité que par la taille des enveloppes des grains. Pour des NGm<sup>2</sup> supérieurs à *NGs*, le PMG potentiel est limité par la compétition pour le remplissage entre les grains, et il décroît avec NGm<sup>2</sup> suivant une hyperbole qui correspond au rendement maximal (**Rdtx**) de la variété (partie 2 de la courbe).

Pour chacun des géotypes révélateurs Rdtx et PMGx ont été déterminés par une procédure de "Bootstrap" (Efron, 1979, cité par Bergonzini et Ledoux, 1994 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999) dans un ensemble de points collectés à travers différents réseaux expérimentaux (voir annexe 5) : 1000 tirages avec remise de 200 points ont été effectués, avec pour chaque tirage une détermination de la valeur maximale de Rdt et de PMG. A l'issue des 1000 tirages, les valeurs maximales moyennes ainsi que l'écart-type de ces valeurs ont été calculés. NGs, ainsi que l'écart-type de cette valeur, ont été déterminés par calcul à partir des données précédentes (voir tableau 2.6). L'existence d'un intervalle de confiance sur la valeur de Rdtx, de PMGx et de NGs résout le problème soulevé par Desclaux (1996), quant à la difficulté de conclure sur la signification des différences quand on n'a pas d'estimation des incertitudes.

Nous avons ensuite calculé les écarts relatifs par rapport aux valeurs de référence : **dRdtr**, **dPMGr** et **dNGr** pour chaque géotype révélateur, selon les formules suivantes (et voir figure 2.3) :

$\begin{aligned} \text{dRdtr} &= 100 \times (\text{Rdtx} - \text{Rdt}) / \text{Rdtx} \\ \text{dPMGr} &= 100 \times (\text{PMGx} - \text{PMG}) / \text{PMGx} \\ \text{dNGr} &= 100 \times (\text{NGs} - \text{NGm}^2) / \text{NGs} \end{aligned}$
--

L'intérêt de décrire les milieux expérimentaux par les écarts relatifs par rapport aux valeurs de référence est de permettre d'identifier clairement les situations pénalisées par rapport à des situations qui ne le sont que faiblement (en observant l'importance des écarts de Rdt ou des composantes NGm<sup>2</sup> et PMG). Mais également, en s'affranchissant des différences de productivité moyenne entre géotypes révélateurs, cela permet de comparer les géotypes entre eux, et de réaliser une analyse tous géotypes confondus. Les valeurs de référence Rdtx et PMGx sont des valeurs maximales, donc la plupart des écarts calculés ont une valeur positive. En revanche, NGs est une valeur seuil qui peut être dépassée. La valeur de l'écart dNGr peut donc être négative.

Le diagnostic sur les pertes de composantes NGm<sup>2</sup> (dNGr) et PMG (dPMGr) n'a été effectué que sur le réseau 1b. Pour le réseau 1 et les réseaux 2 et 3, l'analyse n'a donc concerné que les pertes de Rdt.

#### - Variables descriptives des facteurs limitants

Pour expliquer les écarts de Rdt, PMG et NGm<sup>2</sup> par rapport aux valeurs de référence, nous avons cherché à décrire tous les facteurs limitants qui peuvent apparaître au cours du cycle du blé tendre (figure 2.4), à partir de variables qui ont été définies progressivement par les agronomes. Ces variables, ou indicateurs de facteurs limitants, sont calculées pour chaque géotype révélateur à partir de cinq variables climatiques journalières : les températures minimales et maximales en °C, les précipitations et l'évapotranspiration potentielle (Penman) en mm, et le rayonnement global en kJ/m<sup>2</sup>. D'autres variables sont issues d'observations et de prélèvements sur les témoins révélateurs. Les

**Tableau 2.6.** Valeurs de référence Rdt<sub>x</sub> (à 0% d'eau), PMG<sub>x</sub> (à 0% d'eau) et NGs, écarts-types pour chaque génotype révélateur ; valeur de référence du rapport  $\beta$  = (Azote absorbé à maturité)/NG.

*Reference values Yld<sub>x</sub> (at 0 percent moisture), TKW<sub>x</sub> (at 0 percent moisture) and KN<sub>th</sub>, standard deviations for each probe genotype ; and reference values of the ratio (Assimilated Nitrogen at maturity) / KN.*

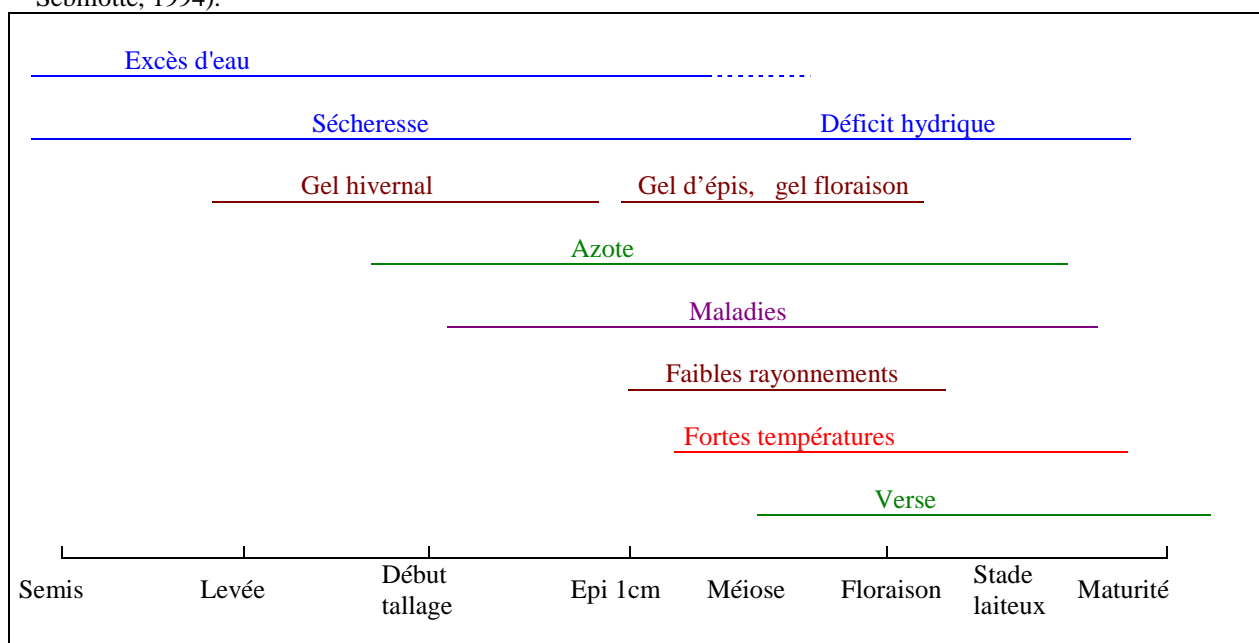
Génotype Genotype	Rdt <sub>x</sub> (q/ha) Yld <sub>x</sub>	PMG <sub>x</sub> (g) TKW <sub>x</sub>	NG seuil (grains/m <sup>2</sup> ) KN <sub>th</sub>	Rapport $\beta$ (mg / grain) Assim. Nitrogen at maturity / KN	
Camp-Rémy	Valeur de référence <i>Reference value</i>	<b>103.06</b>	<b>44.4</b>	<b>23227</b>	1.04
	Ecart-type <i>Standard deviation</i>	5.12	1.1	1777	
	(E.T. en %) <i>(Std dev. in %)</i>	5.0			
Ritmo	Valeur de référence <i>Reference value</i>	<b>108.58</b>	<b>50.1</b>	<b>21679</b>	1.03
	Ecart-type <i>Standard deviation</i>	1.69	1.8	1155	
	(E.T. en %) <i>(Std dev. in %)</i>	1.6			
Soissons	Valeur de référence <i>Reference value</i>	<b>105.09</b>	<b>44.4</b>	<b>23645</b>	0.97
	Ecart-type <i>Standard deviation</i>	6.16	1.4	2209	
	(E.T. en %) <i>(Std dev. in %)</i>	5.9			
Trémie	Valeur de référence <i>Reference value</i>	<b>116.35</b>	<b>51.8</b>	<b>22453</b>	1.00
	Ecart-type <i>Standard deviation</i>	4.54	0.4	1076	
	(E.T. en %) <i>(Std dev. in %)</i>	3.9			

Rdt<sub>x</sub> : rendement maximal ; PMG<sub>x</sub> : poids de 1000 grains maximal ; NG seuil : nombre de grains seuil.

$\beta$  : valeur de référence du rapport (Azote absorbé)/NG (en mg par grain).

Yld<sub>x</sub> : Maximal yield; TKW<sub>x</sub> : Maximal thousand kernel weight; KN<sub>th</sub> : Threshold kernel number /m<sup>2</sup>

**Figure 2.4.** Principaux facteurs limitants qui peuvent intervenir au cours du cycle du blé (adapté de Meynard et Sebillotte, 1994).





indicateurs de facteurs limitants sont décrits dans le tableau 2.7, et, pour la majorité de ces variables, les valeurs minimales, moyennes et maximales observées dans les différents réseaux tous génotypes révélateurs confondus sont indiquées dans le tableau 2.8 (les valeurs mini, moyennes et maxi de tous les indicateurs pour chaque génotype révélateur sont présentées en annexe 6). Les indicateurs de facteurs limitants déduits des données météorologiques sont calculés par grandes phases du cycle, ces phases étant délimitées par des stades-repères observés (semis, levée, épi 1cm, épiaison) ou déduits des stades observés (méoïse, floraison, stade laiteux, maturité) par des modèles empiriques basés sur les sommes de températures moyennes journalières en base 0 (Gate, 1995) :

$stmei$	=	$stepi \times 0.864 + 74$
$stflo$	=	$stepi + 145$
$ststl$	=	$stepi + 430$
$stmat$	=	$stepi + 775$

où :  $stmei$  est la somme des températures moyennes journalières en base 0°C du semis à la méoïse,  $stepi$ , la même variable du semis à l'épiaison,  $stflo$  du semis à la floraison,  $ststl$  du semis au stade laiteux,  $stmat$  du semis à la maturité physiologique.

En début de cycle peuvent apparaître principalement des problèmes liés à la *sécheresse* ou à l'*excès d'eau*. Ces facteurs limitants sont pris en compte par la mesure du *retard à la levée* (somme de températures moyennes journalières en base 0 supérieures à 120dj<sup>52</sup> ; Gate, 1995), par la somme des différences *P-ETP* journalières > 0 et < 0 entre le semis et le début de la montaison (où *P* représente les précipitations et *ETP* l'évapotranspiration potentielle), et en particulier autour du stade épi 1cm : à cette période, les talles encore insuffisamment enracinées risquent de ne pas pouvoir poursuivre leur croissance si la partie superficielle du sol est desséchée (Masle-Meynard, 1981).

Le *gel hivernal* peut aussi être la cause de dégâts au cours de cette phase. Il est pris en compte par les observations de l'expérimentateur (note de dégâts de gel sur le feuillage, suivant l'échelle officielle de 1 à 9 établie par le GEVES<sup>53</sup>), et par les écarts entre la résistance au gel calculée par un modèle que nous avons mis au point (Lecomte *et al.*, 2003) et la température minimale journalière enregistrée, en nombre de jours ou en somme de températures.

Un certain nombre de *maladies* peuvent se développer en cours d'hiver, notamment les *maladies du pied* telles que le piétin-verse (*Pseudocercospora herpotrichoides*), la fusariose (*Fusarium roseum*, var *culmorum*) ou le rhizoctone (*Rhizoctonia cereali*), mais également certaines *maladies foliaires* comme l'oidium (*Erysiphe graminis*) ou les septorioses (*Mycosphaerella graminicola* et *Phaeosphaeria nodorum*). Les maladies peuvent agir ensuite jusqu'à la fin du cycle, avec notamment les rouilles : rouille brune (*Puccinia graminis*) et rouille jaune principalement (*Puccinia striiformis*), et les *maladies de l'épi* (oidium, fusariose, septoriose). L'intensité des maladies du feuillage et de l'épi est notée directement sur les parcelles expérimentales, suivant l'échelle de 1 à 9 précédemment citée, qui correspond à peu près au pourcentage de surface foliaire ou de l'épi atteinte. Les maladies du pied sont notées sur 50 tiges prélevées dans chaque parcelle, suivant une échelle de 0 à 100 qui correspond au pourcentage de section de tige nécrosée (voir annexe 14).

A partir du début de la montaison, le *gel de printemps* peut affecter directement les épis en cours de formation et entraîner des dégâts très importants, même pour des températures faiblement négatives. Ce risque est pris en compte par le nombre de jours où la température minimale est inférieure à -4°C (Gate, 1995), ainsi que par la somme de températures minimales journalières inférieures à ce seuil. Le *gel à la floraison* est décrit par les mêmes critères au cours de la période épiaison - floraison, en utilisant le seuil de 0°C. Ces critères sont généralement complétés par les observations des expérimentateurs.

<sup>52</sup> Les *dj* (degrés x jours en °C) représentent une mesure du temps thermique et correspondent au cumul sur une période donnée des températures moyennes journalières en base 0 (supérieures au seuil de 0°C).

<sup>53</sup> L'échelle de notation des symptômes utilisée par le GEVES (Groupe d'Etude des Variétés et des Semences), de 1 = pas de dégâts, à 9 = parcelle entièrement recouverte ou détruite par le froid, la maladie ou la verse est opposée à l'échelle utilisée également par le GEVES pour présenter les caractéristiques de résistance des variétés inscrites, de 1 = variété très sensible à 9 = variété très résistante (voir tableau 2.4).

**Tableau 2.7.** Variables descriptives des facteurs limitants, déterminées sur chaque génotype révélateur.

retlv	Retard à la levée = Somme des températures moyennes journalières en °C base 0 du semis + 120dj à la levée
frdtl, frdmo	Dégâts de gel observés sur les plantes pendant le tallage ou pendant la montaison (1=pas de dégâts - 9=toutes les plantes détruites)
njdg	Nombre de jours où la température minimale (°C) est <= à la résistance au gel du génotype, entre le semis et le stade épi 1cm (Lecomte <i>et al</i> , 2003)
stdg	Somme des temp. mini journalières (°C) < à la résistance au gel du génotype entre le semis et le stade épi 1cm
difxdg	Différence maximale entre la résistance au gel et la température minimale journalière (°C) pour la même période
stmpfv, stmpem, stmpmf	Somme des températures moyennes journalières en base 0 (°C) par périodes de développement
srglhf, srglem, srglmf, srglfl, srgllm	Somme des rayonnements globaux journaliers (J/cm <sup>2</sup> ) par périodes de développement (Monteith, 1972 ; Gallagher et Biscoe, 1978 ; Gosse <i>et al</i> , 1986)
rgsthv, rgstem, rgstmf, rgstf30	Quotient photothermique srgl / stmp par périodes de développement (Fischer, 1985)
xeauhv	Somme des différences journalières P-ETP >0 (mm) entre le semis et le stade épi 1cm
spetphv, spetpem, spetpmf, spetpfl, spetplm	Somme des différences journalières P-ETP <0 (mm) par périodes de développement
sdfem, sdfmf, sdfll, sdfllm	Somme des déficits hydriques journaliers ETR-ETM quand ETR<ETM (mm), par périodes de développement
spetpel	Somme des différences journalières P-ETP (mm) entre le stade épi 1cm-150dj au stade épi 1cm+350dj
njss	Nombre de jours secs successifs (P<=ETP en mm) entre le stade épi 1cm-150dj au stade épi 1cm+350dj
njst	Nombre total de jours secs (P<=ETP en mm) entre le stade épi 1cm-150dj au stade épi 1cm+350dj
njge	Nombre de jours de gel d'épi (température minimale <=-4°C) entre le stade épi 1cm et la floraison (Gate, 1995)
sti4	Somme des températures minimales journalières <-4°C entre le stade épi 1cm et la floraison
njt0f	Nombre de jours de gel (température minimale journalière <=0°C) entre l'épiaison et l'épiaison+300dj
st0f	Somme des températures minimales journalières <0° entre l'épiaison et l'épiaison+300dj
srglmg, srglmm	Somme des rayonnements globaux journaliers (J/cm <sup>2</sup> ) entre la méiose-100dj et l'épiaison, ou entre la méiose-5j et la méiose+5j (Demotes-Mainard <i>et al</i> , 1996)
nji10m	Nombre de jours où le rayonnement global est <=1045 J/cm <sup>2</sup> entre la méiose-5j et la méiose+5j
sri10m	Somme des rayonnements globaux journaliers <1045 J/cm <sup>2</sup> entre la méiose-5j et la méiose+5j
nj25m	Nombre de jours où la température maximale est >=25°C entre la méiose-5j et la méiose+5j
st25m	Somme des températures maximales journalières >25°C entre la méiose-5j et la méiose+5j
nj25ef	Nombre de jours où la température maximale est >=25°C entre l'épiaison et la floraison (Tashiro et Wardlaw, 1990)
st25ef	Somme des températures maximales journalières >25°C entre l'épiaison et la floraison
nj25fl	Nombre de jours où la température maximale est >=25°C entre la floraison et le stade laitieux (mi-remplissage) (Sofield <i>et al</i> , 1977; Hunt <i>et al</i> , 1991; Gate, 1995; Stone and Nicolas, 1995)
st25fl	Somme des températures maximales journalières >25°C entre la floraison et le stade laitieux
nj25lm	Nombre de jours où la température maximale est >=25°C entre le stade laitieux et la maturité
st25hm	Somme des températures maximales journalières >25°C entre le stade laitieux et la maturité
vmo, vrp, vma	Notes de verse (1=pas de verse - 9=complètement versé) pendant la montaison, le remplissage des grains et à la maturité
omo, orp, bmo, brp, jmo, jrp, sfmo, sfrp	Notes de maladies (1= pas de symptôme - 9= complètement recouvert par la maladie) : oidium, rouille brune, rouille jaune, septoriose sur feuilles pendant la montaison et pendant le remplissage des grains
mpmo, mprp	Maladies du pied en % pendant la montaison et pendant le remplissage des grains
ferp	Fusariose sur épis (1= pas de symptôme - 9= complètement recouvert par la maladie) pendant le remplissage
merp	Maladies sur épis (oidium + fusariose + septoria nodorum), de 1 à 9, pendant le remplissage des grains
rbeta	Rapport $\beta$ = Azote absorbé à maturité / N Gm <sup>2</sup> (mg/grain), rapporté à une référence variétale (Meynard et Limaux, 1987)
innf	Indice de nutrition azotée à la floraison : taux d'azote des parties aériennes rapporté à la valeur seuil définie par la courbe de dilution de l'azote dans la plante jusqu'à ce stade (Justes <i>et al</i> , 1994 ; Lemaire et Gastal, 1997 ; Lemaire et Meynard, 1997).

**Légende :**

-hv : phase hivernale (du semis au stade épi 1cm), -em : du stade épi 1cm à la méiose, -mf : de la méiose à la floraison, -ef : de l'épiaison à la floraison, -f30 : de floraison - 30j à la floraison, -fl : de la floraison au stade laitieux, -lm : du stade laitieux à la maturité.

Les fortes températures et le déficit hydrique sont souvent liés. Ils peuvent apparaître en cours de montaison, mais surtout au cours du remplissage des grains. Concernant les températures, nous avons comptabilisé le nombre de jours où les températures maximales sont supérieures à 25°C et les sommes de températures maximales supérieures à 25°C au cours de différentes périodes (méoïse - 5j à méoïse + 5j ; épiaison – floraison ; floraison – stade laiteux ; stade laiteux – maturité). La valeur de 25°C représente un compromis entre les seuils de températures évoqués par différents auteurs au cours des phases de pré-floraison et floraison (Tashiro et Wardlaw, 1990, cités par Gate, 1995), remplissage des grains (Sofield *et al.*, 1977, Hunt *et al.*, 1991, Gate, 1995, Stone et Nicolas, 1995). La demande en eau du milieu peut être décrite par l'ETP (Evapotranspiration potentielle<sup>54</sup>) ou par l'ETM (Evapotranspiration maximale<sup>55</sup>), et l'eau réellement consommée par l'ETR (Evapotranspiration réelle<sup>56</sup>). Pour décrire le déficit hydrique, nous avons utilisé les variables "cumul des différences P-ETP journalières" (Précipitations - ETP), et "cumul des différences ETR-ETM journalières quand ETR > ETM", sur les grandes phases du cycle (présentées sur la figure 2.1). Debaeke *et al.* (1996) ont proposé d'utiliser le rapport ETR/ETM et Doorenbos *et al.* (1992) la valeur 1-ETR/ETM. Dans une étape exploratoire, nous avons comparé ces variables à ETR-ETM. Comme ces 3 critères se sont avérés proches les uns des autres, nous n'avons conservé que le dernier des trois.

Le rayonnement a des effets très importants tout au long du cycle, soit directement, soit en association avec la température (Fischer, 1985). C'est le rayonnement en effet qui détermine la quantité de biomasse que le couvert végétal est capable de fabriquer, ce qui est en lien direct avec le rendement potentiel de la culture (Monteith, 1972 ; Gallagher et Biscoe, 1978 ; Gosse *et al.*, 1986). Une sensibilité marquée aux faibles rayonnements apparaît au cours de la phase qui précède la floraison, celle-ci étant décrite sur une période plus ou moins longue selon les auteurs (Fischer, 1985, utilise la période floraison -30j à floraison ; Triboï et Ntonga, 1993, la période sortie de dernière feuille – floraison). Cette sensibilité concerne plus précisément la méoïse pollinique (Demotes-Mainard *et al.*, 1996), ainsi que la période de remplissage des grains. Nous avons donc calculé la somme des rayonnements incidents journaliers, la somme des températures moyennes journalières et le quotient photothermique (rapport entre la somme des rayonnements journaliers et la somme des températures moyennes journalières) au cours des différentes phases de développement. Concernant le problème spécifique des faibles rayonnements au cours de la méoïse pollinique, nous avons aussi pris en compte la somme de rayonnements au cours de la période méoïse -100dj à épiaison et méoïse -5j à méoïse +5j, ainsi que le nombre de jours et la somme des rayonnements inférieurs au seuil de 1045 kJ/m<sup>2</sup> pendant cette même période, ce seuil étant déduit des travaux de Demotes-Mainard *et al.* (1996).

La verse enfin peut affecter le rendement, surtout en fin de cycle, mais parfois dès la montaison. Ses effets sont d'autant plus forts qu'elle survient précocement. Sa prise en compte repose essentiellement sur les observations effectuées sur les essais, suivant une échelle de 1 à 9, comme pour les maladies.

Aux facteurs limitants qui sont principalement d'origine climatique, on doit ajouter les carences en azote qui constituent une contrainte d'autant plus importante que l'on cherche à raisonner les interventions au plus juste pour ne pas entraîner d'excès d'azote dans les cultures. Dans le réseau 1, le descripteur utilisé pour caractériser les conditions de nutrition azotée était le rapport  $\beta = \text{Azote absorbé à maturité} / \text{NGm}^2$  (en mg par grain) rapporté à une référence variétale (Meynard et Limaux, 1987) : voir tableau 2.6 ainsi que l'annexe 5 pour les valeurs de référence. Ce descripteur (appelé *rbeta* dans le tableau 2.7 et dans la suite de l'étude) résulte de la relation étroite, observée à l'optimum d'utilisation de l'azote, entre le nombre de grains /m<sup>2</sup> et la quantité d'azote absorbé à maturité (Leterme *et al.*, 1994). Un descripteur indépendant de la variété, l'indice de nutrition azotée (INN), développé plus récemment (Lemaire et Gastal, 1997 ; Lemaire et Meynard, 1997) a été utilisé dans les réseaux 2 (pour partie) et 3. Il est basé sur le rapport entre la teneur en azote des parties aériennes et la teneur en azote critique (diminution de la teneur en azote en fonction de la biomasse fabriquée : Justes *et al.*,

<sup>54</sup> ETP : voir note 20 p.26

<sup>55</sup> l'ETM est reliée à l'ETP par un coefficient cultural k (ETM= k x ETP), qui dépend de l'état de croissance de la culture. Chez le blé, k varie de 0.5 à 1.2.

<sup>56</sup> l'ETR est au plus égale à l'ETM, et correspond à l'eau effectivement consommée par la culture, compte-tenu de la quantité d'eau disponible dans le milieu.

**Tableau 2.8.** Valeurs minimales, moyennes et maximales obtenues dans les différents réseaux pour les principales variables descriptives des facteurs limitants.

<b>Réseau 1</b>	retlv	xeauhv	spetphv	stmpvh	srglhv	rgsthv	frdtl	njdg	stdg	difxdg	njss	njst	spetpel	spetpem	sdfem	rgstem	spetpmf	sdfmf	rgstmf	srglmg	rgstf30	nji10m	sri10m	nj25m	st25m		
Min	0	0	0	447.6	29383	38.0	1	0	0	0	8	32	0	0	0	97.3	0	0	90.4	20910	3144.1	0	0	0	0		
Moy	16.7	198.9	0.1	810.6	59989	74.8	1.1	0.2	0.3	0.1	18.8	43.2	30.9	32.3	1.4	131.2	26.4	3.0	122.8	28477	3754.1	1.7	610.7	1.8	3.8		
Max	92	390.6	9.7	1111.8	94533	106.7	6	5	11.2	4.4	51	75	119.0	121.3	33.4	179.4	77.62	44.1	153.2	41266	4511.0	6	3167	7	21.6		
<b>Réseau 1b</b>	retlv	xeauhv	spetphv	stmpvh	srglhv	rgsthv	frdtl	njdg	stdg	difxdg	njss	njst	spetpel	spetpem	sdfem	rgstem	spetpmf	sdfmf	rgstmf	srglmg	rgstf30	nji10m	sri10m	njcm	stcm		
Min	0	0	0	447.6	35184	38.0	1	0	0	0	9	36	0	0	0	111.8	0	0	90.4	21803	3145.6	0	0	0	0		
Moy	18.7	203.2	0.2	814.4	62250	78.3	1.2	0.2	0.0	0.0	23.8	48.0	48.2	47.8	2.9	141.9	22.3	4.7	124.5	29014	3812.5	1.8	625.8	1.4	2.4		
Max	92	390.6	9.7	1111.8	92454	106.7	6	2	0.9	0.5	51	75	119.0	121.3	33.4	179.4	65.6	44.1	153.2	41266	4365.5	6	3167	6	13.2		
<b>Réseau 2</b>	retlv	xeauhv	spetphv	stmpvh	srglhv	rgsthv	frdtl	njdg	stdg	difxdg	njss	njst	spetpel	spetpem	sdfem	rgstem	spetpmf	sdfmf	rgstmf	srglmg	rgstf30	nji10m	sri10m	njcm	stcm		
Min	0	81.6	0	667.5	41512	53.9		0	0	0	6	29	0	0	0	94.6	0	0	98.6	18649	2897.1	0	0	0	0		
Moy	22.4	206.9	0.0	926.7	66723	71.7		0.1	0.1	0.0	17.5	37.9	28.6	34.1	0.0	125.7	56.8	3.0	120.1	30941	3694.5	1.8	604.2	1.9	3.9		
Max	118.4	305	0	1156.5	99806	94.4		2	2.1	1.1	42	47	128.6	104.4	0.5	158.4	664.7	47.8	157.6	44244	4943.2	6	2414	10	24.1		
<b>Réseau 3</b>	retlv	xeauhv	spetphv	stmpvh	srglhv	rgsthv	frdtl	njdg	stdg	difxdg	njss	njst	spetpel	spetpem	sdfem	rgstem	spetpmf	sdfmf	rgstmf	srglmg	rgstf30	nji10m	sri10m	njcm	stcm		
Min	-7.8	0	0	736.7	46763	60.8		0	0	0	5	24	0	0	0	108.6	0	0	108.2	24322	3446.3	0	0	0	0		
Moy	32.3	221.0	3.5	886.1	63286	71.8		0.3	0.7	0.2	15.2	35.4	13.1	21.8	2.8	134.4	34.0	3.0	138.6	33439	4290.9	2.1	808.8	0.9	1.0		
Max	72.8	551.6	57.0	1020.1	84695	101.1		4	10.2	3.3	37	47	74.3	96.6	38.0	160.9	84.2	31.3	170.5	46220	5378.1	6	2414	4	7.9		
<b>Réseau 1</b>	njge	sti4	rbeta	st0f	nj25ef	st25ef	omo	bmo	sfmo	spetpfl	sdfll	srglfl	nj25fl	st25fl	spetplm	sdfllm	srgllm	nj25lm	st25lm	orp	brp	jrp	sfrp	ferp	mprp	vrp	vma
Min	0	0	0.71	0	0	0	1	1	1	0	0	23160	0	0	0	0	26859	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1
Moy	0.3	0.5	0.99	0.0	1.6	3.5	1.3	1.1	1.5	29.7	10.0	33121	4.2	10.4	40.4	21.6	36945	5.3	16.8	1.9	2.3	1.1	2.2	1.1	1.4	1.5	1.5
Max	2	4.7	1	0.7	7	21.1	5	6	5.5	75.8	62.4	43637	12	44.5	79.9	65.3	53312	13	60.4	7	9	5	7	5	44.1	9	9
<b>Réseau 1b</b>	njge	sti4	rbeta	st0f	nj25ef	st25ef	omo	bmo	sfmo	spetpfl	sdfll	srglfl	nj25fl	st25fl	spetplm	sdfllm	srgllm	nj25lm	st25lm	orp	brp	jrp	sfrp	ferp	mprp	vrp	vma
Min	0	0	0.87	0	0	0	1	1	1	0	0	23160	0	0	0	0	27089	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1
Moy	0.5	0.6	0.99	0.0	1.6	3.8	1.1	1.0	1.4	35.9	14.0	32807	5.0	12.8	34.2	20.8	35564	5.4	17.9	1.7	1.8	1.0	2.2	1.2	0.0	1.2	1.3
Max	2	3.7	1	0.7	6	20.6	4	2.5	5	75.8	62.4	39970	12	44.5	79.1	65.3	47795	13	60.4	6	9	1	7	5	0	9	9
<b>Réseau 2</b>	njge	sti4	innf	st0f	nj25ef	st25ef	omo	bmo	sfmo	spetpfl	sdfll	srglfl	nj25fl	st25fl	spetplm	sdfllm	srgllm	nj25lm	st25lm	orp	brp	jrp	sfrp	ferp	mprp	vrp	vma
Min	0	0	0.59	0	0	0	1	1	1	0	0	25766	0	0	0	0	27911	0	0	1	0	1	1	1	0	1	1
Moy	0.1	0.0	0.86	0.0	1.8	3.4	1.2	1.1	1.6	32.1	10.9	32984	4.4	10.4	41.4	23.6	37867	5.2	14.1	1.3	2.8	1.1	2.1	1.0	2.6	1.5	1.5
Max	1	0.7	1	0	6	16.4	3.75	5	5.5	72	58.1	40207	11	28.2	98.5	63.2	51715	14	39.8	5	9	4.3	9	2	33.1	7	7
<b>Réseau 3</b>	njge	sti4	innf	st0f	nj25ef	st25ef	omo	bmo	sfmo	spetpfl	sdfll	srglfl	nj25fl	st25fl	spetplm	sdfllm	srgllm	nj25lm	st25lm	orp	brp	jrp	sfrp	ferp	mprp	vrp	vma
Min	0	0	0.47	0	0	0	1	1	1	0	0	23908	1	0.4	0	0	34204	0	0	1	1	1	1	1		1	1
Moy	0.0	0.0	0.80	0.0	1.8	3.0	1.2	1.2	1.6	32.9	12.4	37427	3.3	8.9	50.7	28.9	42539	7.5	28.2	1.3	3.0	1.3	1.5	1.0		1.0	1.7
Max	1	0.8	1	0	7	19.9	7	7.7	6	76.9	52.0	45565	8	37.5	85.1	71.8	52123	13	67.9	7	9	9	6	1		2.3	7.7

1994). À la floraison, l'INN est révélateur des carences en azote, même temporaires qui ont pu affecter la culture jusqu'à ce stade (Jeuffroy et Bouchard, 1999).

Pour pouvoir comparer les variables entre elles, tous les descripteurs ont été convertis par une transformation linéaire, selon une échelle commune croissante, de façon à ce que la valeur du descripteur augmente avec l'intensité du facteur limitant. Concrètement, une échelle de 0 à 10 a été retenue, la valeur 0 correspondant à toutes les situations où la variable descriptive du facteur limitant est inférieure au seuil d'effet établi par la littérature (voir ci-dessus ; par ex. 25°C pour la prise en compte des fortes températures, 1 pour les notes visuelles de maladies, de froid ou de verse), ou, quand aucun seuil n'a été établi, à la valeur minimale enregistrée dans le réseau 1, qui couvre la plus grande diversité de situations. La valeur 10 correspond au seuil maximal connu (par exemple 9 pour les notes de maladies, de froid et de verse) ou à la valeur maximale enregistrée dans le réseau 1 (voir tableau 2.8).

#### 2.2.4. Caractérisation des milieux par les génotypes révélateurs

##### - Diagnostic des facteurs limitants : régression linéaire multiple

Les écarts relatifs moyens (moyenne des 2 répétitions de chaque essai) du Rdt de chaque témoin révélateur ont été interprétés par une régression linéaire multiple pas à pas (méthode "stepwise" de la procédure "reg" du progiciel SAS ; SAS, 1999-2000) dans laquelle les variables descriptives des facteurs limitants ont été introduites ou retirées une par une, au seuil de significativité de 15% (valeur par défaut proposée par SAS). Au cours de cette procédure, nous n'avons retenu que les variables dont la contribution est positive (à chaque étape, nous avons retiré la première variable à paramètre négatif qui est apparue dans la régression, avant de réaliser une nouvelle régression, jusqu'à ce que plus aucune variable à paramètre négatif ne soit introduite). En effet, comme ces variables décrivent les facteurs limitants, l'augmentation de leur valeur doit correspondre à une augmentation des écarts de la variable expliquée. Pour éviter le risque de réduire la part expliquée par le modèle, toutes les variables présentées dans le tableau 2.7 ont été utilisées sans sélection *a priori*, mais, à partir du moment où un facteur limitant a été introduit (par l'intermédiaire d'une de ses variables descriptives), toutes les autres variables qui le décrivent ont été retirées de la liste de celles qui étaient susceptibles d'être introduites à l'étape suivante.

Cette analyse a été appliquée dans chacun des réseaux globaux (1, 2 et 3), et dans les sous-réseaux constitués des milieux où les conduites culturales sont homogènes ou ne diffèrent que par une technique (conduites "IN" dans les sous-réseaux 2b et 3b ; conduites "IN" et "NR" dans le sous-réseau 3c, et conduites "IN" et "NT" dans le sous-réseau 3d). Pour le réseau 2, comme la variable *innf*, qui décrit les conditions de nutrition azotée jusqu'à la floraison, n'a pas été déterminée dans tous les milieux, elle n'a pas été introduite dans l'analyse.

Un diagnostic général sur l'ensemble des milieux disponibles pour chaque génotype révélateur et tous génotypes révélateurs confondus a également été réalisé, pour juger la possibilité de proposer une équation à valeur générale qui serait applicable à tout milieu expérimental, y compris des milieux qui n'ont pas participé à cette étude. Pour ce diagnostic, nous avons retiré les milieux pour lesquels certaines variables descriptives de facteurs limitants importants étaient absentes. Nous avons ainsi retiré les 14 milieux du réseau 2 pour lesquels la variable *innf* n'a pas été déterminée. Pour les autres milieux, les variables décrivant les conditions d'alimentation azotée (*rbeta* dans le réseau 1, *innf* dans les réseaux 2 et 3) ont été regroupées en une variable unique sous l'appellation "*innf*". Le diagnostic général a donc été réalisé sur 88 milieux pour la variété CAR, 81 milieux pour la variété RIT, 108 milieux pour la variété SOI, et 277 situations expérimentales pour les 3 variétés confondues.

Dans le réseau 1b, cette analyse a également été appliquée sur les 4 témoins du réseau simultanément, et sur les écarts de NGm<sup>2</sup> et de PMG. Dans ce cas ont été prises en compte les variables qui décrivent les facteurs limitants agissant sur l'élaboration de ces composantes : facteurs limitants qui interviennent avant la floraison pour expliquer les écarts de NGm<sup>2</sup>, facteurs limitants qui interviennent après la floraison pour expliquer les écarts de PMG. Pour le PMG, certains descripteurs relevés pendant la fin de la montaison ont également été inclus (Meynard et David, 1992 ; Calderini *et al.*, 1999).

La qualité de prévision du modèle de régression linéaire a été jugée par la part de variation expliquée par le modèle ( $R^2$  du modèle), et dans le réseau 1b, par la comparaison de la racine carrée de l'erreur (critère RMSE, ou Root Mean Square of Error) obtenue sur les prévisions essai par essai des pertes de Rdt, avec la RMSE que l'on obtient en considérant que l'écart de Rdt estimé pour chaque génotype est égal à la moyenne des écarts de Rdt observés pour ce génotype (Colson *et al.*, 1995).

- *Corrélations entre variables explicatives et relations entre écarts de Rdt, de PMG et de NGm<sup>2</sup> et les variables décrivant les facteurs limitants*

Pour discuter de la pertinence des variables introduites dans le modèle, et des risques de redondance ou de confusions entre variables explicatives, nous avons calculé dans le réseau 1b les corrélations entre les variables sélectionnées par la régression multiple et toutes les autres variables disponibles (procédure "corr" du progiciel SAS).

- *Calcul des pertes relatives de Rdt dues à chaque facteur limitant*

Pour chaque génotype révélateur, le poids des différents facteurs limitants est décrit par la part de variation dans le modèle de régression ( $R^2$  partiel) et par le paramètre correspondant, ces deux valeurs étant associées à chaque variable introduite. La première valeur donne une idée du poids global de chaque facteur limitant dans le réseau expérimental, et la seconde le poids du facteur dans chaque essai : si la valeur d'un paramètre est élevée, la variable correspondante a un rôle important dans les essais où ce facteur limitant est apparu, même si la part relative dans le modèle global est faible.

Une estimation des pertes de rendement dans chaque essai du réseau 1b, dues à chacun des facteurs limitants, a été calculée en utilisant le paramètre correspondant dans l'équation de régression, multiplié par la note du facteur limitant obtenue dans l'essai, le résultat étant corrigé comme indiqué ci-dessous, de façon à ce que la somme des pertes de rendement dues à tous les facteurs limitants soit égale à la perte de rendement globale estimée par le modèle pour le génotype considéré dans cet essai :

$$dRdtr_i = \text{param}_i * \text{note}_i * dRdtr / \sum_i (\text{param}_i * \text{note}_i)$$

avec :  $dRdtr_i$  : perte de Rdt due au  $i^{\text{ème}}$  facteur limitant dans l'essai pour le génotype considéré  
 $dRdtr$  : perte de Rdt du génotype dans l'essai, estimée par le modèle  
 $\text{param}_i$  : valeur du paramètre correspondant à la variable décrivant le facteur limitant dans le modèle  
 $\text{note}_i$  : note obtenue par la variable descriptive du facteur limitant dans l'essai et pour le génotype considérés

Nous avons ensuite effectué une représentation graphique des pertes de rendement dues à chaque facteur limitant pour comparer le poids des différents facteurs limitants au sein d'un même essai, ou pour comparer les différents essais par rapport à un même facteur limitant.

- *Classification automatique des milieux et lien entre groupes de milieux et facteurs limitants*

Nous avons effectué une classification automatique des milieux du réseau 1b sur la base des contributions des différentes variables explicatives aux pertes de rendement des 4 témoins révélateurs obtenues dans chaque milieu, en utilisant la procédure "cluster" de SAS (SAS, 1999-2000), méthode de groupement "average linkage". Le dendrogramme présentant le résultat de cette classification a été établi en utilisant la macro SAS "grftree" (Jacobs, 1989). Plusieurs groupes de milieux peuvent être définis à partir de cette classification, selon la limite à laquelle on décide d'arrêter le dendrogramme. Le lien entre les groupes de milieux ainsi constitués et les facteurs limitants a été observé au moyen d'une analyse en composantes principales (procédures "Princomp" et "Factor" de SAS), dans laquelle les caractéristiques de chaque groupe de milieux correspondent à la moyenne des caractéristiques des milieux qui constituent chaque groupe, ces valeurs ayant été standardisées.

### 2.2.5. Analyse de l'interaction génotype - milieu

- Une première analyse de variance a été effectuée au moyen du progiciel SAS (version 8.01, 1999-2000), selon le **modèle interactif complet** suivant [**modèle (1)**] :

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + M_j + R_k(M_j) + G_i * M_j + E_{ijk}$$

où :  $Y_{ijk}$  est le rendement observé pour le génotype  $i$ , dans le milieu  $j$ , et dans la répétition  $k$   
 $\mu$  est la moyenne générale de l'essai  
 $G_i$  est l'effet moyen du génotype  $i$   
 $M_j$  est l'effet moyen du milieu  $j$   
 $R_k(M_j)$  est l'effet moyen de la répétition  $k$  dans le milieu  $j$   
 $G_i * M_j$  est le terme d'interaction du génotype  $i$  avec le milieu  $j$   
 $E_{ijk}$  est la variabilité résiduelle

Tous les effets sont considérés comme étant fixes. Ce modèle nous a permis notamment de mettre en évidence les parts respectives des effets milieu, génotype, et d'interaction.

- Dans une seconde analyse, les rôles du site expérimental, de l'année et de la conduite culturale dans l'effet principal milieu et dans l'interaction ont été mis en évidence par le **modèle de structuration** suivant [**modèle (2)**] :

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + L_{j1} + A_{j2} + C_{j3} + M'_{j1j2j3} + R_k(M_j) + G_i * L_{j1} + G_i * A_{j2} + G_i * C_{j3} + G_i * M'_{j1j2j3} + E_{ijk}$$

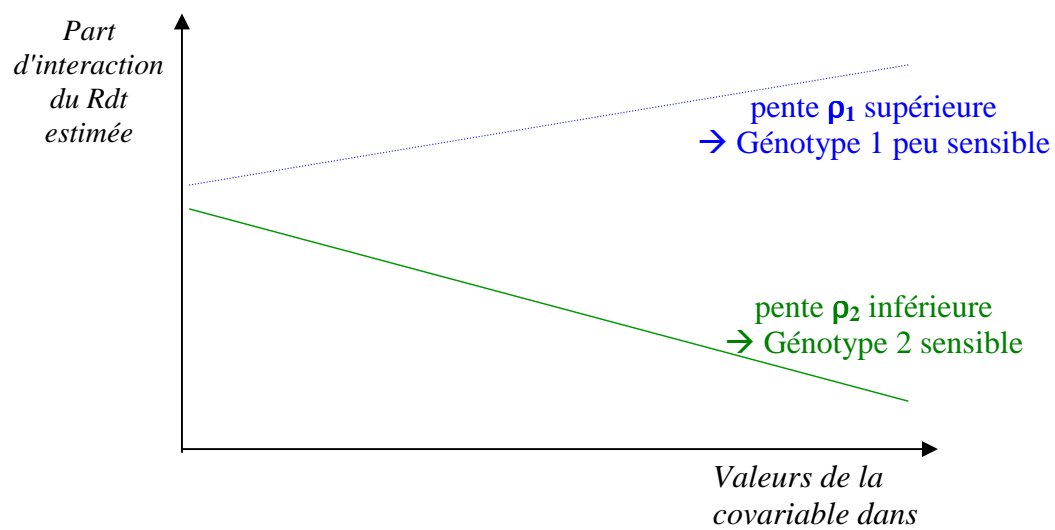
où :  $Y_{ijk}$  est le rendement observé pour le génotype  $i$ , dans le milieu  $j$ , et dans la répétition  $k$   
 $\mu$  est la moyenne générale de l'essai  
 $G_i$  est l'effet du génotype  $i$   
 $L_{j1}$  est l'effet du site expérimental  $j_1$  (dans le réseau 1b,  $j_1$  prend les valeurs 1 à 5, correspondant aux 5 sites différents du réseau)  
 $A_{j2}$  est l'effet de l'année  $j_2$  ( $j_2$  prenant les valeurs 1 à 3, correspondant aux 3 années expérimentales différentes)  
 $C_{j3}$  est l'effet de la conduite culturale  $j_3$  ( $j_3$  prenant les valeurs 1 à 5, correspondant aux 5 conduites expérimentales différentes du réseau)  
 $M'_{j1j2j3}$  est le reste de l'effet du milieu  $j$   
 $R_k(M_j)$  est l'effet de la répétition  $k$  dans le milieu  $j$   
 $G_i * L_{j1}$ ,  $G_i * A_{j2}$ ,  $G_i * C_{j3}$  sont les différents termes d'interaction du génotype  $i$  avec les effets lieu, année et conduite  
 $G_i * M'_{j1j2j3}$  est le reste de l'interaction du génotype  $i$  avec le milieu  $j$   
 $E_{ijk}$  est la variabilité résiduelle

- Pour juger la pertinence des groupes de milieux obtenus par la classification des milieux pour les facteurs limitants identifiés sur les génotypes révélateurs dans le réseau 1b, **un second modèle de structuration** a été utilisé pour décomposer l'effet milieu en un effet "groupes de milieux" et un effet "reste de l'effet milieu", sur les seuls génotypes révélateurs et sur l'ensemble des génotypes [**modèle (3)**] :

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + Mg_{j1} + M'_{j2} R_k(M_j) + G_i * Mg_{j1} + G_i * M'_{j2} + E_{ijk}$$

où :  $Y_{ijk}$  est le rendement observé pour le génotype  $i$ , dans le milieu  $j$ , et dans la répétition  $k$   
 $\mu$  est la moyenne générale de l'essai  
 $G_i$  est l'effet du génotype  $i$   
 $Mg_{j1}$  est l'effet du groupe de milieux  $j_1$  ( $j_1 < j$ , prenant toutes les valeurs possibles de 1 jusqu'au nombre de groupes de milieux définis dans la structuration)  
 $M'_{j2}$  est le reste de l'effet milieu non pris en compte par la structuration ( $j_2 < j$ , étant au maximum égal au nombre de milieux dans le groupe  $j_1$ )  
 $R_k(M_j)$  est l'effet de la répétition  $k$  dans le milieu  $j$   
 $G_i * Mg_{j1}$  est le terme d'interaction du génotype  $i$  avec le groupe de milieux  $j_1$   
 $G_i * M'_{j2}$  est le reste de l'interaction entre le génotype  $i$  et le reste de l'effet milieu  $j_2$   
 $E_{ijk}$  est la variabilité résiduelle

Figure 2.5. Signification des paramètres génotypiques  $\rho_i$  dans le modèle de régression factorielle.





Tous les groupes de milieux possibles (de 1 à 29) ont été testés, et nous avons étudié l'évolution de la part de variation expliquée par les groupes de milieux (variation inter-groupes) en fonction du nombre de groupes de milieu. Parisot-Baril (1992) a proposé de fixer la limite à la structuration quand la somme des effets principaux et des effets d'interaction des groupes de milieux atteignaient 95% de la somme des variations dues aux milieux et à l'interaction. De notre côté, nous discuterons de la limite à fixer dans la classification en nous appuyant à la fois sur la part totale de variabilité expliquée par le modèle de structuration, et sur le nombre de milieux (ce qui revient à juger l'efficacité de la structuration sur la comparaison des carrés moyens des effets "groupe de milieux" et "reste des milieux"). En effet, pour les animateurs de réseaux expérimentaux, le choix d'une limite à la structuration ne dépend pas seulement de l'objectif d'obtenir la meilleure décomposition possible de l'interaction, mais aussi du nombre de groupes de milieux que ces acteurs considèrent comme raisonnable. La qualité de la structuration obtenue a également été comparée à celle du modèle précédent, basée seulement sur des variables géographiques (lieu, année) ou relatives aux conduites de culture.

- Pour estimer la réaction des génotypes aux contraintes environnementales, un **modèle de régression factorielle** (Denis, 1980, 1988) a été utilisé sous SAS, avec les variables environnementales décrivant les facteurs limitants qui ont été identifiés par le diagnostic agronomique. A partir du moment où un facteur limitant est apparu, les variables descriptives correspondant à tous les génotypes révélateurs ont été utilisées, le choix étant opéré au cours de la régression factorielle. Le modèle de régression factorielle à une seule covariable environnementale s'écrit de la façon suivante [**modèle (4)**] :

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + Ce_{ij} + M'_j + R_k(M_j) + \rho_i \times Ce_{ij} + G_i \times M'_j + E_{ijk}$$

où :  $Y_{ijk}$  est le rendement observé pour le génotype  $i$ , dans le milieu  $j$ , et pour la répétition  $k$

$\mu$  est la moyenne générale de l'essai

$G_i$  est l'effet du génotype  $i$

$Ce_{ij}$  est l'effet principal de la covariable environnementale  $Ce_i$  dans le milieu  $j$

$M'_j$  est le reste de l'effet du milieu  $j$ ,  $M_j$  l'effet global du milieu  $j$

$R_k(M_j)$  est l'effet de la répétition  $k$  dans le milieu  $j$

$\rho_i \times Ce_{ij}$  est le terme d'interaction du génotype  $i$  avec la covariable environnementale  $Ce_{ij}$ ,  $\rho_i$  étant le paramètre génotypique correspondant

$G_i * M'_j$  est le reste de l'interaction du génotype  $i$  avec le milieu  $j$

$E_{ijk}$  est la variabilité résiduelle

Dans ce modèle, les paramètres génotypiques correspondent à la pente de la relation entre le rendement (plus exactement la part d'interaction du rendement) et la variable environnementale correspondante (voir figure 2.5). Comme les termes d'interaction sont centrés, les paramètres peuvent être positifs ou négatifs.

Puis des modèles successifs comportant deux, trois... covariables environnementales ont été testés, l'introduction des différentes variables disponibles ayant respecté les mêmes règles que pour la régression linéaire multiple qui est à la base du diagnostic agronomique : nous avons commencé par celle qui était individuellement la plus explicative de l'interaction, la deuxième étant celle qui apportait une part additionnelle d'explication de l'interaction la plus élevée par rapport au modèle à une covariable, et ainsi de suite jusqu'à ce que tout ajout de nouvelle covariable n'apporte plus d'information significative au seuil de 5% (valeur habituellement retenue pour déclarer un effet significatif dans une analyse de variance). Le modèle final comporte donc toutes les variables environnementales qui sont significatives dans la décomposition de l'interaction selon cette procédure. A chacune des étapes de la régression, nous n'avons conservé dans le modèle que les covariables dont l'effet principal avait un signe négatif. Une démarche de sélection analogue (hormis la condition de signe) a été décrite par plusieurs auteurs, notamment Baril (1992), Argillier *et al.* (1994), Brancourt-Hulmel (1999), Vargas *et al.* (2001).

Pour cette analyse, le réseau 2 a été restreint à 8 milieux de l'année 2002 (les essais du site d'Orgerus n'ont pas été inclus dans l'analyse, voir tableaux 2.1 et 2.3).

Les paramètres génotypiques associés à chaque covariable environnementale ont été déterminés au moyen du logiciel INTERA (Decoux et Denis, 1991), sur le fichier des valeurs moyennes des répétitions, en utilisant l'écart-type résiduel déterminé par l'analyse du modèle (1). Par une transformation linéaire, nous avons converti les paramètres génotypiques sur une échelle de 1 à 9, correspondant à l'échelle officielle pour caractériser la résistance des variétés inscrites au catalogue officiel français (GEVES, 1994), de telle sorte que la tolérance la plus faible (valeur 1) corresponde à la plus faible valeur des paramètres génotypiques moins l'écart-type déterminé sur ce paramètre, et que la tolérance la plus élevée (valeur 9) corresponde à la plus forte valeur des paramètres plus l'écart-type.

Nous avons étudié la corrélation entre ces notes de tolérance et la tardiveté à l'épiaison ou à la floraison) des géotypes expérimentés (procédure "corr" de SAS). Celle-ci est exprimée en quantiles, ou nombre de jours depuis le 1<sup>er</sup> janvier, et elle est obtenue pour chaque géotype par la moyenne des dates d'épiaison ou de floraison dans le réseau. Elle correspond à l'opposé de la précocité.

La qualité des notes de tolérance a été jugée par l'étude des corrélations avec les notes de résistance que l'on peut déduire des observations réalisées sur les essais, pour les facteurs limitants comme les maladies dont les effets sont facilement observables, et qui sont systématiquement notées dans le suivi expérimental. Les notes de résistance déduites des observations ont été obtenues en effectuant le calcul :  $10 - [\text{note d'attaque moyenne du géotype dans l'ensemble du réseau}]$ . Pour les géotypes révélateurs communs aux couples de réseaux (RIT et SOI pour les réseaux 1b et 2, CAR et SOI pour les réseaux 1b et 3), nous avons étudié la stabilité des classements de ces géotypes pour leur tolérance aux facteurs limitants qui sont apparus en commun dans ces couples de réseaux : en effet, une bonne stabilité de ces classements dans différents réseaux apporterait une validation supplémentaire de la méthode.

- Pour juger la qualité de la décomposition obtenue par le modèle précédent dans le réseau 1b, un **modèle multiplicatif**, ou modèle AMMI (Gauch, 1992) a été utilisé comme modèle de référence indiquant la décomposition maximale théorique de l'interaction que l'on peut obtenir (Brancourt-Hulmel *et al.*, 1997). L'analyse a été réalisée au moyen du logiciel S-Plus (SPlus, version 3.4, 1998), sur les valeurs de Rdt issues de la moyenne des répétitions, le test des différents effets étant réalisé en utilisant l'erreur déterminée dans le modèle (1). Le modèle à un terme multiplicatif s'écrit de la façon suivante [**modèle (5)**] :

$$Y_{ij} = \mu + G_i + M_j + \lambda * \gamma_i * \delta_j + G'_i * M'_j$$

où :  $Y_{ij}$  est le rendement observé pour le géotype i, dans le milieu j  
 $\mu$  est la moyenne générale de l'essai  
 $G_i$  est l'effet du géotype i  
 $M_j$  est l'effet du milieu j  
 $\lambda$  est une valeur singulière représentant la part d'interaction expliquée par le terme multiplicatif  
 $\gamma_i$  est le score associé au géotype i (précisant les contrastes mis en jeu dans le terme multiplicatif)  
 $\delta_j$  est le score associé à l'environnement j  
 $G'_i * M'_j$  est le reste de l'interaction entre le géotype i et le milieu j

Dans ce modèle, plusieurs termes multiplicatifs peuvent être introduits successivement. Dans notre étude, nous avons introduit tous les termes significatifs au seuil de 5%.

- Un **modèle de régression factorielle biadditive** (Denis, 1988 ; van Eeuwijk, 1995), dans lequel les termes multiplicatifs du modèle AMMI sont remplacés par des combinaisons linéaires de covariables, nous a servi de modèle de référence pour une décomposition maximale de l'interaction utilisant les covariables environnementales explicatives des écarts de Rdt, NGm<sup>2</sup> et PMG des géotypes révélateurs dans le réseau 1b (Baril *et al.*, 1995 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 2000). Comme pour le modèle AMMI, l'analyse a été réalisée sous S-Plus (procédure "Biareg" de Denis, 1998), sur

les moyennes des rendements. Le modèle n'utilisant que des covariables environnementales s'écrit de la façon suivante [**modèle (6)**] :

$$Y_{ij} = \mu + G_i + M_j + \lambda * \gamma_i * (\sum_h \delta_h * Ce_{hj}) + G'_i * M'_j$$

- où :
- $Y_{ij}$  est le rendement observé pour le génotype i, dans le milieu j
  - $\mu$  est la moyenne générale de l'essai
  - $G_i$  est l'effet du génotype i
  - $M_j$  est l'effet du milieu j
  - $\lambda$  est une valeur singulière représentant la part d'interaction expliquée par le terme multiplicatif
  - $\gamma_i$  est le score associé au génotype i (précisant les contrastes mis en jeu dans le terme multiplicatif)
  - $\sum_h \delta_h * Ce_{hj}$  combinaison linéaire normalisée de H covariables environnementales  $Ce_{hj}$
  - $G'_i * M'_j$  est le reste de l'interaction entre le génotype i et le milieu j

### 2.3. Le diagnostic agronomique permet d'améliorer la connaissance des milieux

\* Parmi les résultats de cette partie, ceux qui portent sur le réseau INRA – Interstations de 1995 à 1997 (réseau 1b comportant 29 milieux expérimentaux) ont été rédigés sous forme d'un article soumis à la revue "*Field Crops Research*" (article 1) :

**"Improving environmental knowledge in networks of wheat cultivar trials using a diagnosis of crop yield limiting factors"**

(Christophe Lecomte, Jean-Marc Meynard, Maryse Brancourt-Hulmel, Marie-Hélène Jeuffroy).

Dans cet article, nous décrivons la méthode de diagnostic agronomique que nous avons développée, qui est basée sur une régression linéaire multiple permettant d'expliquer les écarts de rendement, de poids de 1000 grains ou de nombre de grains /m<sup>2</sup> observés sur les génotypes révélateurs, par des variables environnementales décrivant les facteurs limitants. Le diagnostic aboutit à la détermination d'une relation entre les écarts de rendement (ou des composantes PMG et NGm<sup>2</sup>) et les variables environnementales. Nous proposons une première validation de la méthode de diagnostic agronomique, basée sur :

- l'aptitude de chacune des relations issues du diagnostic à prédire les pertes de Rdt, de NGm<sup>2</sup> et de PMG pour chacun des génotypes révélateurs : part de variation expliquée par ces relations pour chaque génotype révélateur et pour le modèle global regroupant les 4 génotypes révélateurs, et importance de l'erreur associée à chaque modèle, estimée par son carré moyen ;
- la comparaison des facteurs limitants identifiés pour les 4 génotypes révélateurs ;
- la comparaison des facteurs limitants identifiés par le diagnostic sur le Rdt et par les diagnostics sur le NGm<sup>2</sup> et sur le PMG ;
- la comparaison des facteurs limitants identifiés dans des couples de milieux qui ne diffèrent que par une technique de culture ;
- l'étude des corrélations entre les variables explicatives des pertes de Rdt et les autres variables disponibles, pour identifier les risques de redondance ou de confusion entre variables.

\* Les résultats de cette partie qui portent sur le réseau 3 (réseau INRA – Serasem de 2001 et 2002, comportant 27 milieux) et les sous-réseaux correspondants ont contribué à une autre publication parue dans la revue "*Crop Science*" (n°45, 1141-1150, 2005) :

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

(Aude Barbottin, Christophe Lecomte, Christine Bouchard, Marie-Hélène Jeuffroy).

Dans cet article, la démarche de diagnostic a été appliquée dans le réseau expérimental 3, destiné à étudier la stabilité de la teneur en protéines de plusieurs génotypes de blé tendre dans différentes conditions environnementales (2 années culturales, 7 sites expérimentaux, 2 ou 3 conduites de culture).

\* Une autre présentation de la méthode, et de son intérêt pour étudier la génétique de certains caractères d'adaptation, a été effectuée dans un numéro spécial de la revue "*Journal of Crop Improvement*" (n°14, 249-298, 2005), et a également fait l'objet d'un chapitre d'ouvrage édité par Manjit S. Kang (*Genetic and Production Innovations in Field Crop Technology, New Developments in Theory and Practice*), Haworth Press, Inc. 344p, 2005 :

**"Characterization of environments and genotypes for analyzing genotype x environment interaction. Some recent advances in winter wheat and prospects for QTL detection"**

(Martine Leflon, Christophe Lecomte, Aude Barbottin, Marie-Hélène Jeuffroy, Nathalie Robert, Maryse Brancourt-Hulmel).

Dans les pages qui suivent, nous reproduisons tout d'abord le texte de l'article (1) (duquel nous avons retiré les parties "Matériels et méthodes" et "Références bibliographiques" qui auraient été redondantes avec le texte que nous présentons par ailleurs) : partie 2.3.1. p.87. Puis nous comparons les diagnostics et les facteurs limitants identifiés dans 3 réseaux expérimentaux différents, pour en juger la qualité, et dans les 3 réseaux simultanément, en vue d'évaluer la possibilité d'établir une relation générale qui serait valable pour tout milieu : partie 2.3.2. p.97.

(English version of the Table 2.7)

Variables describing the limiting factors, minimal and maximal thresholds (**-w**: winter period - sowing to 1cm-ear stage, **-em**: 1cm-ear stage to meiosis, **-mf**: meiosis to flowering, **-f30**: flowering–30 days to flowering, **-fh**: flowering to half filling stage, **-hm**: half filling stage to maturity; **P**: rainfall in mm, **ETP**: potential evapotranspiration in mm, **ETR**: real evapotranspiration in mm).

Variable		Min	Max
<b>frtil</b>	Frost damages observed on plants during tillage period or during stem elongation (1=no damage	<b>1</b>	<b>9</b>
<b>frse</b>	to 9=all plants destroyed)	<b>1</b>	<b>9</b>
<b>ndfr</b>	Number of days when the (°C) is <= frost resistance of the genotype from sowing to 1cm-ear (Lecomte et al., 2003)	<b>0</b>	<b>5</b>
<b>stfr</b>	Sum of minimal daily temperature (°C) < frost resistance of the genotype from sowing to 1cm-ear	<b>0</b>	<b>11.2</b>
<b>difxfr</b>	Maximal difference between frost resistance and minimal daily temperature (°C)	<b>0</b>	<b>4.4</b>
<b>stmpw</b>		<b>447.6</b>	<b>1111.8</b>
<b>stmpem</b>		<b>321.7</b>	<b>689.5</b>
<b>stmpmf</b>	Sum of the daily average temperatures (°C) above 0 by development periods	<b>242.1</b>	<b>340.3</b>
<b>sradw</b>		<b>29115</b>	<b>94533</b>
<b>sradem</b>		<b>39187</b>	<b>100803</b>
<b>sradmf</b>	Sum of the daily radiation (J/cm <sup>2</sup> ) by development periods (Monteith, 1972 ; Gallagher and	<b>24890</b>	<b>46108</b>
<b>sradfh</b>	Biscoe, 1978)	<b>23160</b>	<b>43637</b>
<b>sradhm</b>		<b>26859</b>	<b>53532</b>
<b>rdtmpw</b>		<b>38.0</b>	<b>106.7</b>
<b>rdtmpem</b>		<b>97.3</b>	<b>179.4</b>
<b>rdtmpmf</b>	Ratio srad / stmp by development periods (Fischer, 1985)	<b>90.4</b>	<b>153.2</b>
<b>rdtmpf30</b>		<b>3144.1</b>	<b>4674.4</b>
<b>watxw</b>	Sum of the daily differences P-ETP (mm) >0 from sowing to 1cm-ear	<b>0</b>	<b>390.6</b>
<b>spetpw</b>		<b>0</b>	<b>9.7</b>
<b>spetpem</b>		<b>0</b>	<b>129.6</b>
<b>spetpmf</b>	Sum of the daily differences P-ETP (mm) <0 by development stages	<b>0</b>	<b>77.6</b>
<b>spetpfh</b>		<b>0</b>	<b>75.8</b>
<b>spetphm</b>		<b>0</b>	<b>79.9</b>
<b>sdfem</b>		<b>0</b>	<b>33.4</b>
<b>sdfmf</b>		<b>0</b>	<b>44.1</b>
<b>sdf fh</b>	Sum of the daily water deficits ETR-ETM when ETR<ETM, by development stages	<b>0</b>	<b>62.4</b>
<b>sdfhm</b>		<b>0</b>	<b>65.3</b>
<b>spetpe1</b>	Sum of the daily P-ETP (mm) from 1cm-ear-150dd to 1cm-ear+350dd	<b>0</b>	<b>119.0</b>
<b>nsddr</b>	Number of successive dry days (P<=ETP in mm) from 1cm-ear stage-150dd to 1cm-ear+350dd	<b>0</b>	<b>51</b>
<b>ntddr</b>	Number of total dry days (P<=ETP in mm) from 1cm-ear stage-150dd to 1cm-ear+350dd	<b>0</b>	<b>75</b>
<b>nde fr</b>	Number of days of ear frost (minimal temperature <=-4°C) from 1cm-ear to flowering (Gate, 1995)	<b>0</b>	<b>2</b>
<b>sti4</b>	Sum of the daily minimal temperatures <-4°C from 1cm-ear stage to flowering	<b>0</b>	<b>4.7</b>
<b>ndt0f</b>	Number of days when the daily minimal temperature is <=0°C from heading to heading+300dd	<b>0</b>	<b>1</b>
<b>st0f</b>	Sum of the daily minimal temperatures <0° from heading to heading+300dd	<b>0</b>	<b>0.7</b>
<b>sradmg,</b>	Sum of the daily radiation (J/cm <sup>2</sup> ) from meiosis-100dd to heading, or from meiosis-5d to	<b>20910</b>	<b>41266</b>
<b>sradmm</b>	meiosis+5d (Demotes-Mainard et al., 1996)	<b>11361</b>	<b>27766</b>
<b>ndi10m</b>	Number of days when the radiation is <=1045 J/cm <sup>2</sup> from meiosis-5d to meiosis+5d	<b>0</b>	<b>6</b>
<b>sri10m</b>	Sum of the daily radiation <1045 J/cm <sup>2</sup> from meiosis-5d to meiosis+5d	<b>0</b>	<b>3167</b>
<b>nd25m</b>	Number of days when the maximal temperature is >=25°C from meiosis-5d to meiosis+5d	<b>0</b>	<b>7</b>
<b>st25m</b>	Sum of the daily maximal temperatures >25°C from meiosis-5d to meiosis+5d	<b>0</b>	<b>21.6</b>
<b>nd25ef</b>	Number of days when the maximal temperature is >=25°C from heading to flowering (Tashiro and Wardlaw, 1990)	<b>0</b>	<b>7</b>
<b>st25ef</b>	Sum of the daily maximal temperatures >25°C from heading to flowering	<b>0</b>	<b>21.1</b>
<b>nd25fh</b>	Number of days when the maximal temperature is >=25°C from flowering to half-filling stage (Sofield et al., 1977; Hunt et al., 1991; Stone and Nicolas, 1995)	<b>0</b>	<b>12</b>
<b>st25fh</b>	Sum of the daily maximal temperatures >25°C from flowering to half-filling stage	<b>0</b>	<b>44.5</b>
<b>nd25hm</b>	Number of days when the maximal temperature is >=25°C from half-filling stage to maturity	<b>0</b>	<b>13</b>
<b>st25hm</b>	Sum of the temperatures maximal daily >25°C from half-filling stage to maturity	<b>0</b>	<b>60.4</b>
<b>lodse, lodkf,</b>	Lodging scores (1=no lodging to 9=completely lodged) during the stem elongation, the grain	<b>1</b>	<b>9</b>
<b>lodma</b>	filling and at maturity		
<b>mldse, mldkf,</b>	Diseases scores (1= no symptom to 9= completely covered by the disease): powdery mildew,		
<b>brse, brkf,</b>	brown rust, yellow rust, septoria on leaves during the stem elongation and during the grain	<b>1</b>	<b>9</b>
<b>yelse, yelkf,</b>	filling		
<b>sepse, sepkf</b>			
<b>fotdse, fotdkf</b>	Diseases on foot in % during stem elongation and during the grain filling	<b>0</b>	<b>100</b>
<b>earfkf</b>	Fusarium on ears (1= no symptom to 9= completely covered by the disease) during the grain filling	<b>1</b>	<b>9</b>
<b>eardkf</b>	Diseases on ears (powdery mildew + fusarium + septoria nodorum), from 1 to 9, during the grain filling	<b>1</b>	<b>9</b>
<b>nitkn</b>	Ratio $\beta$ = Assimilated nitrogen at maturity / KNm <sup>2</sup> (mg/k), compared to a genotypic reference (Meynard and Limaux, 1987)	<b>0.64</b>	<b>1</b>

### 2.3.1. Improving environmental knowledge in networks of wheat cultivar trials using a diagnosis of crop yield limiting factors

(Améliorer la connaissance des milieux dans des réseaux d'essais variétaux de blé tendre par l'utilisation d'un diagnostic des facteurs limitants du rendement)

Christophe Lecomte <sup>a,\*</sup>, Jean-Marc Meynard <sup>b</sup>, Maryse Brancourt-Hulmel <sup>c</sup>, Marie-Hélène Jeuffroy <sup>d</sup>

<sup>a</sup> INRA, Unité de Recherche en Génétique et Ecophysiologie des Légumineuses, 17 rue Sully, BP 86510 – 21065 DIJON Cedex – France

<sup>b</sup> INRA, Sciences pour l'Action et le Développement, BP1 – 78850 Thiverval-Grignon – France

<sup>c</sup> INRA, Unité de Génétique et d'Amélioration des Plantes, Estrées-Mons, BP 136 – 80203 Péronne Cedex – France

<sup>d</sup> UMR Agronomie INRA-INAPG, BP01 - 78850 Thiverval-Grignon - France

\* Corresponding author. Tél: 33-3 80 69 33 10; fax: 33-3 80 69 32 63  
E-mail address : [lecomte@epoisses.inra.fr](mailto:lecomte@epoisses.inra.fr) (Christophe Lecomte)

(Submitted: 12 April 2005)

#### Abstract

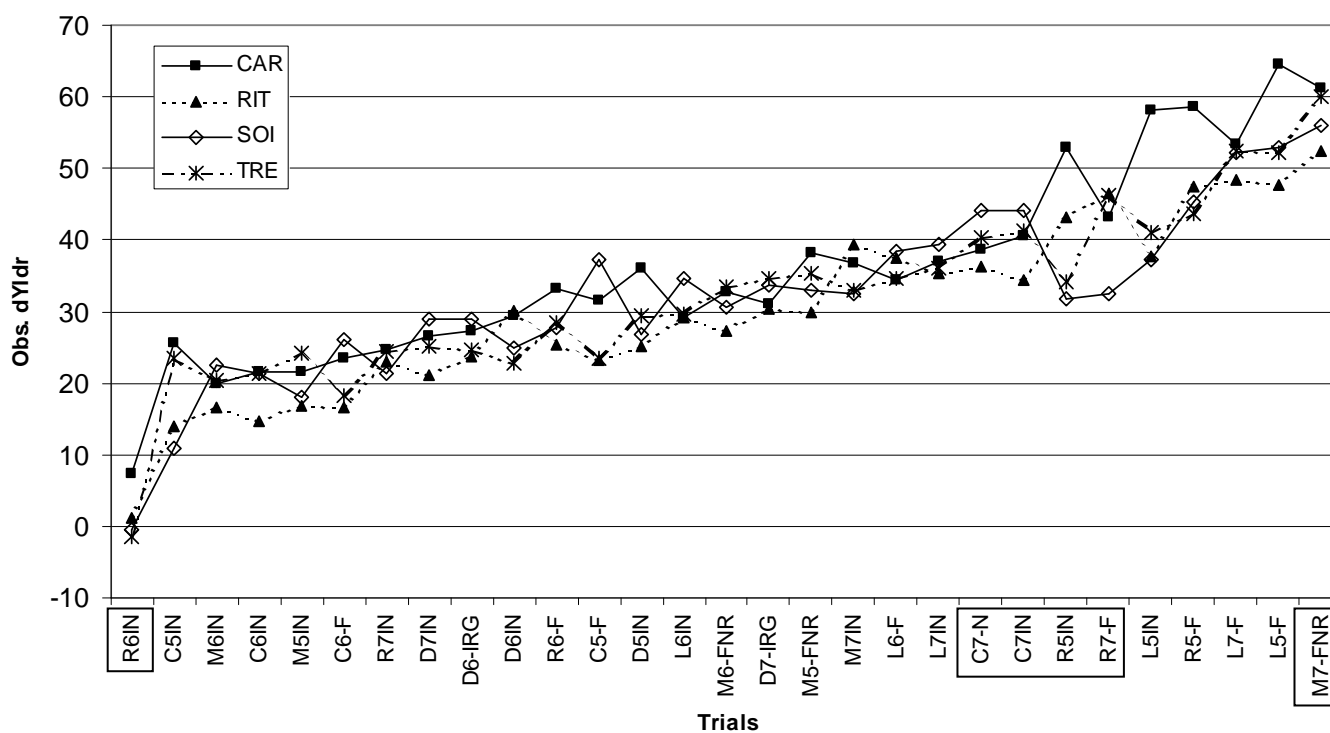
Analysing the varying results of genotypes in multi-environmental trials imposes to describe the environmental constraints that limit yield on each trial. These constraints, also called "limiting factors" can be detected *a posteriori* by a crop diagnosis, as proposed for several years by agronomists, in which the most probable causes of yield deviations are dated and identified. In order to make the diagnosis more rapid and convenient to the needs of multi-environmental wheat trials analysis, and to provide an estimation of the weight of each environmental factor in the yield reduction, we looked for an automation of the diagnosis applied to probe genotypes. 29 wheat trials are described by simple variables obtained from climatic or soil data, and from observations performed on 4 probe genotypes. These variables were transformed on a same scale and were selected by multiple linear regression for each probe genotype or for the four probe genotypes together. The agronomic likelihood of the limiting factors identified was discussed as follows: 1) checking the consistency or inconsistency between limiting factors identified with different probe genotypes, 2) checking the consistency or inconsistency between the limiting factors identified on yield and those identified on yield components (kernel number per square-meter and thousand kernel weight), 3) observing the limiting factors occurrence between pairs of trials only differing by one cropping technique, and 4) analysing the correlation scores between descriptive variables of the limiting factors. Observed deviations were well predicted for the 4 probe genotypes when analysed individually ( $R^2$  from 78 to 95%). We obtained good consistency between limiting factors identified on yield and on yield components, and good validation among pairs of trials. Some unexpected results on yield components or individual trials, inconsistency between probe genotypes and confusion risks between limiting factors were analysed, and prospects to improve the method are discussed.

**Keywords:** Multi-Environment Trials; Environmental constraints; Probe genotypes; Crop diagnosis; Yield components

**Table 2.9.** Minimal, average and maximal values of the Yld, TKW and KN relative deviations (in %), observed in the 29 environments for the 4 probe genotypes.

Probe genotype	Yld deviation				TKW deviation				KN deviation			
	CAR	RIT	SOI	TRE	CAR	RIT	SOI	TRE	CAR	RIT	SOI	TRE
Aver	35.8	30.2	32.1	32.2	22.3	22.2	21.7	19.9	18.2	8.6	13.4	16.0
Min	7.3	1.1	-0.6	-1.5	7.3	1.0	-0.8	-1.5	-0.1	-20.3	-15.2	-8.2
Max	64.5	52.4	55.9	59.9	43.2	42.1	42.1	40.9	50.1	39.6	39.7	38.6

**Fig. 2.6.** Relative yield deviations (in %) observed in the different environments for the four probe genotypes, sorted by increasing mean deviations. Environments are coded by the site (C, D, L, M or R), the year (5, 6, or 7), and the treatment (IN, IRG, -F, -FNR, +Ng). The meaning of all codes is given in Table 2.2.





## 1. Introduction

In order to explain genotype x environment interactions in multi-environmental trials (MET), several authors showed the interest of using descriptive variables of the environment in statistical models like factorial regression (Denis, 1980, 1988; van Eeuwijk et al., 1996; Brancourt-Hulmel, 1999). In such a model, if the variables describe environmental constraints, the genotypic parameters associated to each variable represent an estimation of the genotypic tolerance to these constraints (van Eeuwijk et al., 2004), but a problem lies in the choice of the good variables to be introduced in the model. The variables are to be chosen not only according to their ability to partition the genotype x environment interaction, but rather to their biological reality (van Eeuwijk et al., 2004).

A diagnostic method for characterising environmental constraints in farmers' fields has been developed by agronomists (Sebillotte, 1980; Meynard and Sebillotte, 1982; Meynard and David, 1992; Leterme et al., 1994; Doré et al., 1997). It uses a few number of probe genotypes, whose behaviour without constraints is well known. Deviations from the optimal behaviour reveal environmental constraints, or limiting factors (LF), and conclusions about the nature of the LF are deduced by consideration of physiological, edaphic and climatic variables. The *a posteriori* analysis of the relations between yield components, for each probe genotype, allows identification of the phases of the cycle that were concerned by environmental constraints (Meynard and Sebillotte, 1994). Specific indicators of the LF (observations such as diseases and lodging scores of the crops, daily climatic data and water balance, controls on soil and root depth) allow to conclude on the LF that most probably penalised the yield. Meynard et al. (1988) and Brancourt-Hulmel et al. (1999) proposed to use the above method to improve environmental knowledge in variety trials: it comes down to base the characterisation of environments on probe genotypes behaviour, considered as observation tools of the environments, and not directly on environmental variables. But the adaptation of the diagnosis to varietal MET presents several drawbacks:

- It is not automated and it is based on expertise, thus requiring high agronomic competence, and such requirements are generally not available among people in charge of MET.
- Its actual implementation is time-consuming, which is most often incompatible with the requirement of a quick restitution of the results in the varietal trials.
- It does not allow to quantify the effect of each LF. Only the yield or yield component (grain number per m<sup>2</sup>, thousand kernel weight) decreases are quantified. While the most probable LF are identified, the contribution of each of them to the yield decrease is not quantified. Agronomists or breeders could gain high interest from an environmental description resulting in the quantification of each LF effect, in terms of their relative weight or frequency, especially those that are difficult to observe (nitrogen deficiency, lack of radiation at different periods of the cycle, water deficit or excess of temperatures).

To find a solution to these problems, we tried to adapt the diagnosis method to the requirements of varietal trials, using multiple linear regression. Linear regression has been used for many years to explain yield variations with abiotic –climatic or edaphic- variables (Woodruff and Tonks, 1983; Veron et al., 2002; Green and Erskine, 2004), or to assess the weight of biotic factors -disease or weed populations- in yield decrease (Caussanel et al., 1993; Schoeny et al., 2000; Noori et al., 2002; Mennan et al., 2003). Taking into account a higher number of biotic and abiotic limiting factors has also been undertaken (Landau et al., 2000; Le Bail and Meynard, 2003; Clermont-Dauphin et al., 2003; David et al., 2005, Barbottin et al., 2005). As it is not possible to know *a priori* which LF can occur in MET, a procedure where the most possible LF are taken into account, and a selection of the most explanatory variables of yield variation is performed, seems to be more efficient.

Linear regression has the advantage of being simple, rapid, robust and easy to interpret, but it also presents some limitations. As for factorial regression in a genotype x environment interaction analysis, the choice of variables in a selection procedure, such as the forward, backward or stepwise ones, is based on the correlation of the variable introduced with the variations of the explicated variable, this correlation not guarantying any agronomic accuracy of the variable. The linearity of the effects is not perfect generally, and the introduction of non orthogonal variables (having a certain degree of covariance) distorts the estimation of the parameters associated to each of them (van Eeuwijk et al.,





2004). This effect is all the more marked as the number of covariables introduced is important. However authors have shown that multiple linear regression can provide a satisfying explanation of yield variation, in comparison with non-linear models (Llewelyn and Featherstone, 1997; Iglesias et al., 2000).

Being aware of such limits, in the present paper we propose a simple diagnosis method of yield LF based on a description of environmental constraints as exhaustive as possible, the corresponding variables being selected by a stepwise multiple linear regression procedure. This study takes place prior to the genotype x environment interpretation, in the field of the characterisation of environments, based on one or a few number of genotypes. The reliability of the selection of the yield LF is validated by several ways:

- observing the accuracy between predicted and observed yield deviations;
- comparing the LF identified on pairs of trials for a given site only differing by one cropping technique, as proposed by agronomists (Boiffin et al., 1981; Doré et al., 1997);
- observing the consistency or inconsistency for the LF between various probe genotypes;
- observing the consistency between the LF explaining the yield variations and those explaining the grain number and weight per grain variations;
- studying the correlation between variables describing the LF to highlight the possible confusion between factors.

## 2. Materials and methods

(cf. part 2.2 p.74)

## 3. Results

### 3.1. Yield, Thousand Kernel Weight and Kernel Number deviations in the Multi Environment Trials

The yield relative deviations were highly variable between environments (Fig. 2.6): from nearly 0 (environment R6IN) to nearly 60% (M7-FNR). The lowest deviations were mainly obtained for the "IN" crop managements, and the highest for the crop managements involving input reductions, but this was not systematic: the trial C6-F appeared among the lowest yield deviations and close to C6IN, showing that removing fungicides, in this location, slightly increased disease development. In contrast, the trials L5IN and R5IN appeared among the highest yield deviations, showing that important LF occurred despite of high input levels. The level and amplitude of the deviations were similar for the four probe genotypes (from 30.2 to 35.8% in average), though they were slightly greater for cultivar CAR (Table 2.9). The ranking of the four probe genotypes largely varied among the trials: for instance, SOI showed the highest yield deviations in C7IN or C7-N and the lowest ones in R5IN or R7-F (Fig. 2.6). The range of deviations was lower for TKW and KN than for yield (Table 2.9), and similar deviations among probe genotypes for TKW were found. In contrast, higher differences occurred for the KN deviations, in particular for CAR whose deviation was 10% greater than the others.

### 3.2. Multiple linear regressions

The multiple linear regressions for the four probe genotypes together explained 68.5% of the yield deviations, as the individual multiple linear regressions explained from 78 to 95% of the yield deviations (Table 2.10). Yield was better fitted for CAR and RIT ( $R^2 = 95.1$  and  $85.2\%$  respectively: Fig. 2.7a) than for SOI and TRE ( $78.3$  and  $79.8\%$  respectively: Fig. 2.7b). R6IN was over-estimated for all genotypes. The value of the RMSE criterion for the four probe genotypes CAR, RIT, SOI and TRE was 3, 4.7, 5.6 and 5.4% respectively, while the RMSE calculated using the genotypic mean of observed yield deviation as predicted value, was 13.6, 12.2, 12.1 and 12.1% respectively.

The model explained a lower and more variable part for KN and TKW (from 40.3 to 55.6% and from 23.2 to 72.4% respectively, Table 2.10).

**Table 2.11.** Parameter and standard error associated to each environmental indicator explaining the yield deviations for the 4 probe genotypes. Codes of the variables are the same as in Table 2.7.

			Variables describing the formation of kernel number											Variables describing the grain filling period								
Variable	Intercept		watx	stmp	ndfr	nsddr	sdf	spetp	rdtmp	ndi10	nd25	nd25	nitkn	st0	srad	nd25	nd25	st25	mld	br	sep	eard
			w	w			em	mf	f30	m	m	ef		f	fh	fh	hm	hm	kf	kf	kf	kf
CAR	Param	-43.02			2.22	2.55		1.58	2.04		3.24		<b>5.32</b>		2.50	2.72	2.45		3.56		3.24	<b>4.47</b>
	StdE	9.38			1.19	0.72		0.60	0.85		0.55		1.38		0.58	0.76	0.45		0.58		0.41	1.50
RIT	Param	-13.88			<b>4.54</b>		0.84								2.53		1.83	4.08		2.68	<b>4.26</b>	
	StdE	7.63			0.63		0.54								0.72		0.51	0.98		0.85	0.96	
SOI	Param	-51.56	1.93	2.17	<b>4.96</b>					1.18		3.91		1.41	<b>6.00</b>					2.21		
	StdE	14.97	0.62	0.85	0.69					0.71		1.09		0.72	1.28					0.46		
TRE	Param	-8.73			<b>3.69</b>	1.14									3.41		0.86	2.56		1.74		
	StdE	5.65			0.58	0.59									0.88		0.49	0.83		0.62		

### 3.3. Identification of the limiting factors

The probe genotypes showed common LF and some of them caused high yield deviations:

- Dryness at the beginning of stem elongation (*nsddr*): yield variation was explained from 20 to 29% (Table 2.10), and large regression coefficients were observed (2.6 to 5: Table 2.11), showing that this LF heavily affected yields in some trials.
- Low radiation at the beginning of the grain filling (*sradfh*): yield variation was explained from 5.4 to 11.0% for three genotypes, the regression coefficient reaching 6.0 for SOI.
- High temperatures in different periods of the grain filling (*nd25fh*, *nd25hm*, *st25hm*): yield variation was explained from 3 to 8% and regression coefficients varied from 0.9 to 2.7 for three genotypes.
- Powdery mildew during the grain filling (*mldkf*), for three genotypes: variation was explained from 4 to 8%, and regression coefficients were rather large (2.6 to 4.1) for three genotypes.
- Septoria during the grain filling (*sepkf*): yield variation was highly explained for three genotypes (from 31 to 34%), but regression coefficients were lower (1.7 to 3.2).

Two LF were revealed by only the 2 latest genotypes CAR and RIT:

- The cumulated difference P-ETP at the end of stem elongation (*spetpmf*): about 2% of the yield variation was explained for both LF.
- Ear diseases (*earkf*): about 6% was explained for both, but regression coefficients were high (4.3 and 4.5). This LF indeed occurred in few trials, but caused high yield deviations.

Other LF affected a single probe genotype, causing variable yield deviations:

- for CAR: winter frost (*ndfr*), low photothermic ratio during stem elongation (*rdtmpf30*), high temperatures at meiosis (*nd25m*) and nitrogen deficiency during the stem elongation (*nitkn*) explained from 1 to 1.8% of the yield variations. The regression coefficient associated with nitrogen deficiency was high (5.3: Table 2.11), showing that even if nitrogen deficiency explained a low part of the total yield deviation, it had a great effect in the trials where it occurred.
- for SOI: the main LF was leaf rust during grain filling (*brkf*), explaining 20% of the yield variations, while winter water excess (*watxw*) and low temperatures (*stmpw*), low radiation at meiosis (*ndi10m*), frost at flowering (*st0f*) explained from 3 to 6% of the yield deviations.
- for TRE: water deficit at the onset of stem elongation (*sd fem*) had moderate effect.
- the variety RIT showed no specific LF. The variable *st25hm*, describing high temperatures at the end of the grain filling, appeared only on this variety, but the same LF, described by the variable *nd25hm*, was also observed for two other probe genotypes (CAR and TRE).

Concerning the yield components, all explanatory variables of KN deviations, whatever the probe genotype, explained yield deviations as well, except leaf rust during stem elongation (*brse*) for genotype SOI (Table 2.10). The same applied to TKW deviations, as the cumulated radiation during the half filling stage – maturity period (*sradhm*) explained the TKW variations of genotype TRE, but not the yield deviations. In contrast, five explanatory variables of yield deviations did not explain the KN or TKW deviations: radiation at meiosis (*ndi10m*), nitrogen supply characterisation (*nitkn*), high temperatures before flowering (*nd25ef*) and at the end of the grain filling (*nd25hm* and *st25hm*).

### 3.4. Correlation scores between variables involved in the regression models for yield deviations and remaining ones

Most of the highest correlation scores (above 0.75) were between descriptors of the same LF (Table 2.12): frost damages in winter (*ndfr*, *stfr* and *difxfr*), dryness at the beginning of stem elongation (*nsddr* and *spetpe1*), low radiation during stem elongation and at meiosis (*rdtmpf30*, *rdtmpmf* and *sradmm*; *ndi10m* and *sri10m*), high temperatures around meiosis (*nd25m* and *st25m*), between heading and flowering (*nd25ef* and *st25ef*), from flowering to the half-filling stage (*nd25fh* and *st25fh*), and from half-filling stage to maturity (*nd25hm* and *st25hm*).

The other ones indicated possible confusion between variables: low temperature during winter with cumulated temperatures between meiosis and flowering (*stmpw* with *stmpmf*), frost at heading with

**Table 2.12.** Positively correlated variables with the explanatory variables of the yield deviations. Only variables for which there is at least one significant correlation above 0.75 are presented. Codes of the variables are the same as in Table 2.7.

Explicative variables of the Yld deviation	Probe genotypes	Correlated variables			
		Variables describing the formation of kernel number		Variables describing the grain filling period	
stmpw	SOI	stmpmf			
		<b>0.79</b>			
ndfr	CAR	stfr	difxfr		
		<b>1.00</b>	<b>1.00</b>		
nsddr	CAR	spetpel			
	RIT	<b>0.82</b>			
	SOI	<b>0.76</b>			
	TRE	<b>0.78</b>			
rdtmpf30	CAR	rdtmpmf	sradmm		
		<b>0.87</b>	<b>0.75</b>		
ndi10m	SOI	sri10m			
		<b>0.91</b>			
nd25m	CAR	st25m			
		<b>0.90</b>			
nd25ef	SOI	st25ef			
		<b>0.89</b>			
st0f	SOI	lodse		eardkf	
		<b>0.77</b>		<b>0.77</b>	
nd25fh	CAR			st25fh	
	RIT			<b>0.92</b>	
				<b>0.97</b>	
nd25hm	CAR			st25hm	
	TRE			<b>0.93</b>	
				<b>0.96</b>	
st25hm	RIT	rdtmpw			nd25hm
		<b>0.78</b>			<b>0.95</b>

lodging during stem elongation and with ear diseases during grain filling (*st0f* with *lodse* and *eardkf*), high temperature from half-filling stage to maturity with low photothermic ratio during winter (*st25hm* with *rdtmpw*).

### 3.5. Contribution of the different limiting factors to the yield deviations in each trial

MET were described by the contributions of the LF to the yield deviation in each trial. The contributions varied from 0.3% to 30.7%, which is much higher than the uncertainty on relative yield deviation shown on Table 2.6 for some LF.

The highest effects of climatic variables were found for dryness at the beginning of stem elongation (*nsddr*) in C7IN and C7-N, radiation at the beginning of grain filling (*sradfh*) in almost all trials, M7IN and L5-F being the most affected, high temperatures at the beginning of the grain filling (*nd25fh*) for late genotypes in C7IN, C7-N and D6-IRG, and at the end of the grain filling in L5-F (*nd25hm*) and in L5-F (*st25hm*). Other climatic variables played a minor role, most of the contribution estimates being below 10%: winter growth conditions (*watxw* and *stmpw*), high temperature at meiosis (*nd25m*), high temperature between heading and flowering (*nd25ef*), photothermic ratio in the 30 days before flowering (*rdtmpf30*), drought or water deficit during stem elongation (*spetpmf* and *sdfer*). Finally, 3 variables (low radiation at meiosis-*ndi10m*-, winter and flowering frost -*ndfr* and *st0f*) showed lower values than the uncertainty on yield deviation.

Estimated yield deviations due to diseases during grain filling raised to 17% and were found in few trials. Only 3 trials were concerned by ear diseases (*eardkf*), M7-FNR and M7IN being the most affected ones, while L5-F, L7-F, M5-FNR and R5-F were affected by at least two leaf diseases (*mldkf*, *brkf*, or *sepkf*).

Nitrogen deficiency during stem elongation (*nitkn*) affected few trials, as seen previously, causing a yield deviation only in D7-IRG (with a value of 6%).

Variations were observed among the probe genotypes. They could be all affected by a same LF as exemplified by the dryness at the beginning of stem elongation (*nsddr*) in C7IN and C7-N or not, in particular for diseases in many environments.

The number of LF varied among environments. Few trials, belonging to the less affected ones, were characterised by 2 main LF: R7IN (*nsddr* and *sradfh*: Fig. 2.8a) and C6IN (*sradfh* for the earliest genotypes and *nd25fh* for the latest genotypes). R6IN, the less affected trial, was not correctly predicted, as the model identified 6 LF, all of them having a small effect (Fig. 2.8a). Some trials showed up to 9 or 10 different LF: L5IN and L5-F, R5IN and R5-F, M7-FNR. They all belonged to the most affected trials. R6-F and D6IN, which had same yield deviations, showed LF differing in their number, nature or intensity (7 for R6-F: *nsddr*, *spetpmf*, *sradfh*, *nd25fh*, *st25hm*, *mldkf* and *sepkf*, and 5 for D6IN: *nsddr*, *rdtmpf30*, *sradfh*, *nd25fh* and *nd25hm*, data not shown).

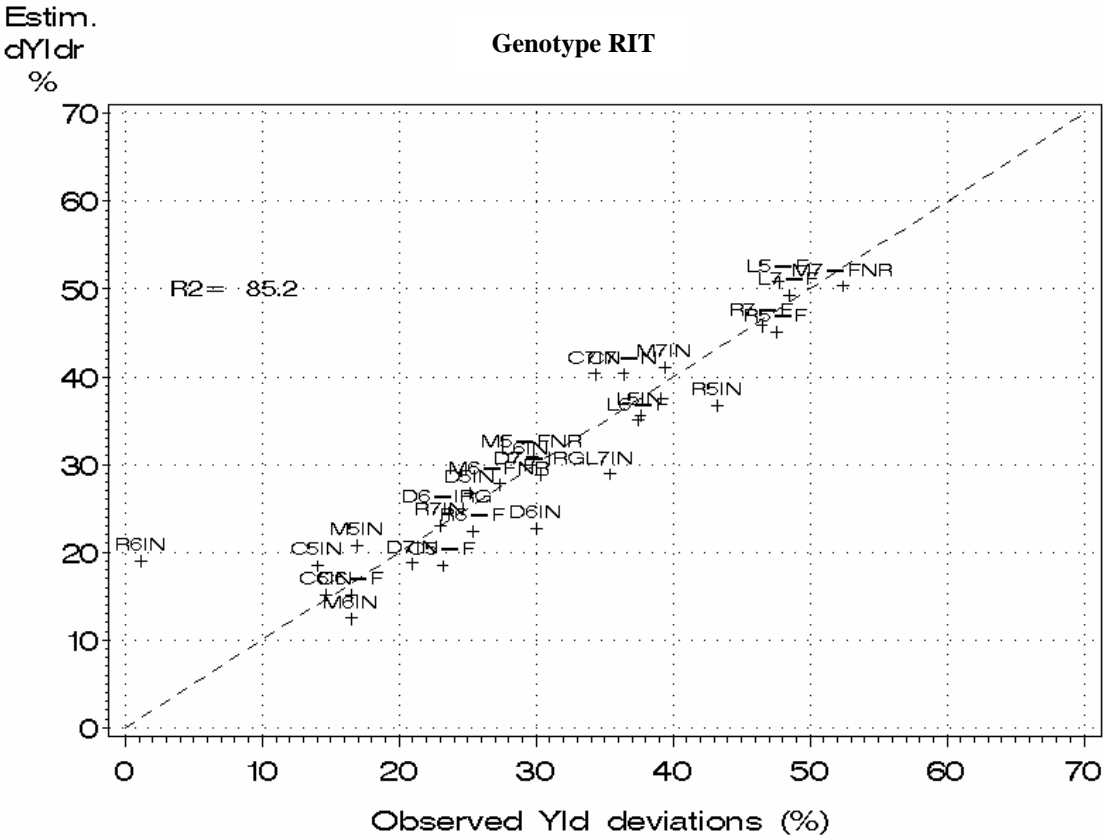
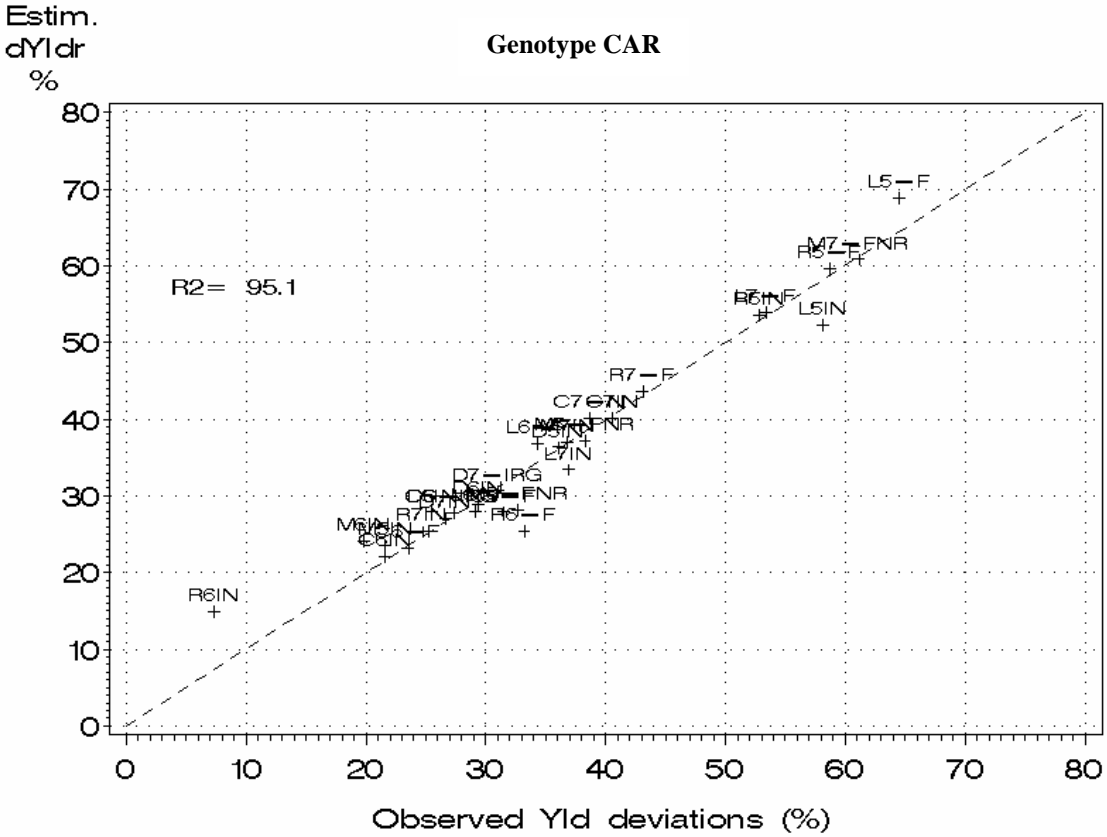
### 3.6. Comparing pairs of trials differing only by one crop management characteristic

The varying crop management aimed at inducing diseases in 44 situations (11 trials x 4 genotypes: Table 2.2). The observed yield deviations indeed increased between fungicide protected cropping (corresponding to the "IN" crop managements) and non protected ones in 40 of them, the disease effect being negligible in the 4 others (C6-F for TRE and C6-F for CAR, RIT, TRE; data not shown). These higher yield deviations were well explained by identified diseases in 35 situations. But no disease effect was identified by the model for CAR and RIT in C5-F and for SOI in L6-F and L7-F (Fig. 2.8b), whereas such an effect was expected. The predicted yield deviation for SOI was also inconsistently lower in M7-FNR than that obtained in M7IN (data not shown), and the yield deviation was also not well predicted for TRE. The deviation was explained by a disease effect and not by a nitrogen effect, whereas a nitrogen effect was identified for CAR.

16 situations (4 trials x 4 genotypes) were managed with a reduction of nitrogen supply, 12 of them also corresponding to a removing of fungicides (-FNR cropping techniques: Table 2.2). In C7-N, no increase of observed yield deviation occurred, and in the other situations observed increasing yield deviations were first explained by disease effects, and only once by a nitrogen effect (CAR in M7-FNR).



**Fig. 2.7a.** Predicted and observed relative yield deviations for the probe genotypes CAR and RIT. Codes of the trials are detailed in Table 2.2.



In 8 situations (2 trials in Dijon 1996 and 1997), the non-irrigated crop management aimed at appearing water stress, in comparison to irrigated trials. The non-irrigated trials showed higher yield deviations in 1997, and it was consistently related to an increase of dryness and water stress at the beginning of stem elongation (Fig. 2.8c). Surprisingly, the non-irrigated trials had higher observed yield deviations only for SOI and TRE in 1996, and lower ones for CAR and RIT. The later was the genotype, the lower were the yield deviations. Estimation of water deficit (*sdfem*) in non-irrigated trials only increased for TRE, not for SOI.

## 4. Discussion

### 4.1. Accuracy of the crop diagnosis method

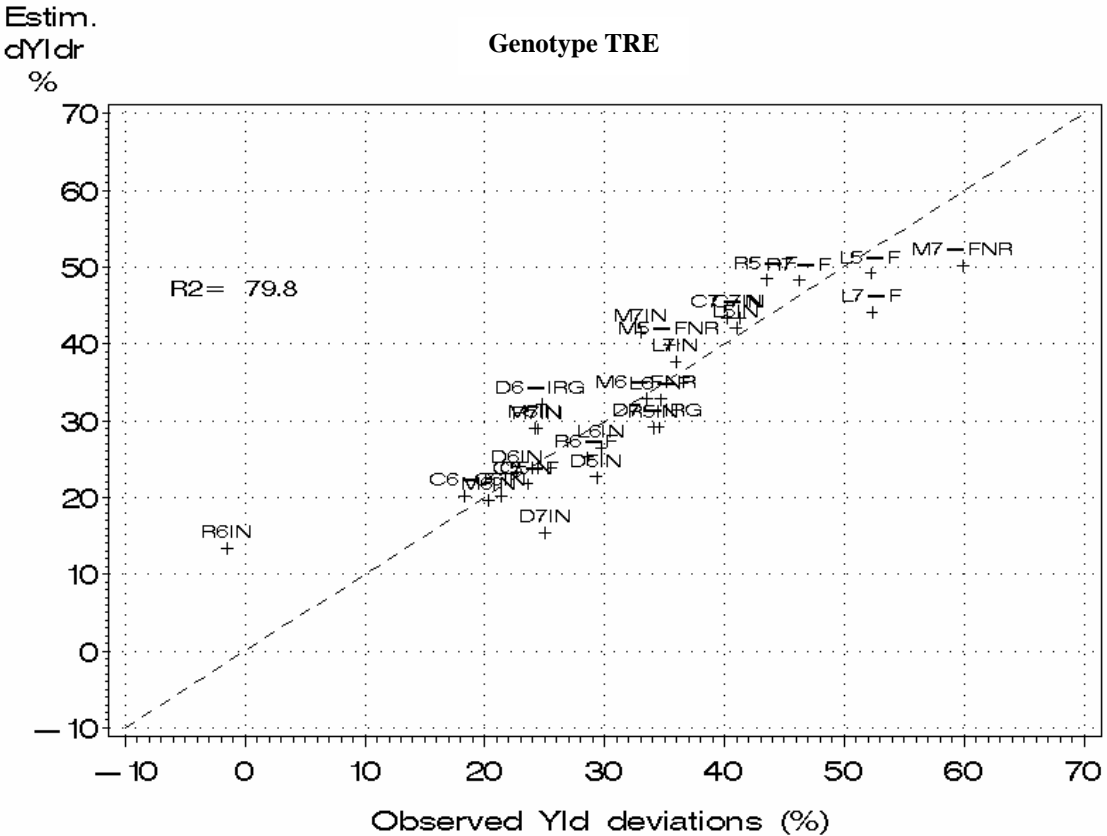
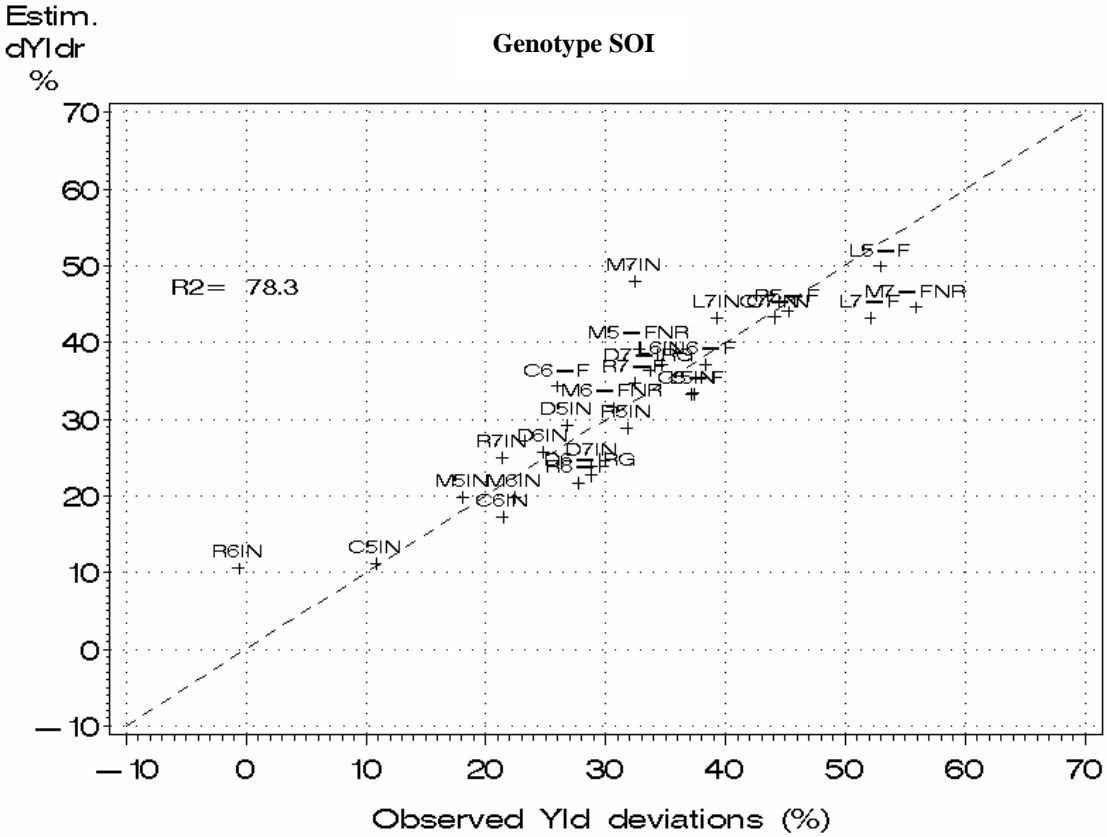
Compared to existing crop diagnosis of agronomists, our method is simplified and requires little initial environmental data. Nevertheless, we obtained several encouraging results which enable it to be proposed for MET analysis: the good global consistency obtained separately for the four probe genotypes between observed and predicted yield losses, whereas the accuracy of the prediction were lower when we considered all the genotypes together. This result shows the interest to perform crop diagnosis on separate probe genotypes because it allows to identify different and complementary LF. We also observed a good consistency between LF identified on yield and those identified on yield components, and a good consistency of LF differentially identified in pairs of trials only differing by their crop management, as preferentially suggested by agronomists to validate the crop diagnosis (Boiffin et al., 1981, Doré et al., 1997).

The crop diagnosis showed on several trials that "IN" crop management led to high yield reductions due to deficient control of the LF (nitrogen deficiency in D7IN, septoria in R5IN and L5IN). On the contrary, we expected diseases in trials with "-F" crop management, whereas no disease occurred in some of them. This method enables to identify *a posteriori* the LF which most probably reduced yield in the MET. Such an approach appears more relevant than an *a priori* characterisation of environments, with few descriptive variables, having been all along the most frequent in the analysis of MET (Woodruff and Tonks, 1983; Iglesias et al., 2000; Schoeny et al., 2000; Veron et al., 2002). Therefore, it was necessary to describe as many LF as possible, without favouring anyone before performing the selection. The presence of several variables describing the same LF (as for instance, the number of days and the cumulated temperatures above 25°C) is not a problem, provided that, since one of them is introduced in the model, we discard all others as candidates for a following introduction. We assumed that this procedure was preferable to an *a priori* selection of only one descriptor for each LF, because there is a risk to discard some LF if the most correlated descriptors are not used.

Using statistical methods makes the diagnosis more rapid and repeatable. Linear regression quantifies more precisely the role of each LF in the yield and yield components deviations (Clermont-Dauphin et al., 2003), in comparison to a principal component analysis (Brancourt-Hulmel et al., 1999) which is more powerful from a graphical viewpoint. The linear regression allows to estimate and compare the weights of the different LF in the MET or to compare all environments for a particular LF, while it remains difficult to obtain a hierarchy of the LF within the trials by the crop diagnosis usually done by agronomists (Meynard and David, 1992).

Our crop diagnosis method is based on an hypothesis of linearity concerning the effects of variables describing the LF on yield or component deviations, although these relationships may not be linear (Semenov and Porter, 1995). For instance, the relationship between high temperatures during grain filling and TKW was found to be linear (Hunt et al., 1991; Gate, 1995) or not (Cosentino et al., 1994; Stone and Nicolas, 1995). It has also been proposed to model water deficit with linear relationships (Doorenbos et al., 1992; Debaeke et al., 1996). Others showed that cumulated effects of several LF, as drought and high temperatures, are not additive (Shah and Paulsen, 2003). The same considerations were done for diseases effects, which were described with linear (Forrer and Zadoks, 1983; Chevalier-Gérard et al., 1994; Noori et al., 2002) or non-linear functions (Madden et al., 1981). In a simulation approach Llewelyn and Featherstone (1997) found no important difference for fitting

**Fig. 2.7b.** Predicted and observed relative yield deviations for the probe genotypes SOI and TRE. Codes of the trials are detailed in Table 2.2.



yield in maize between 5 models, including a linear von Liebig (with a growth plateau) and non-linear models, using nitrogen application and irrigation water applied as explicative variables. Iglesias et al. (2000) found a better fitting with linear model than with non-linear ones to explain simulated yield deviations of wheat due to temperature and precipitation anomalies.

Furthermore, in linear regression, correlation between variables complicates the estimation of the parameters coefficients, especially when the amount of the introduced variables is high (Van Eeuwijk *et al.*, 1996). But the correlation study showed that relatively high correlation occurred essentially between variables describing the same LF, and we systematically excluded from the candidate variables set any variable describing the same LF as another one previously introduced.

Nevertheless, the linear model appeared adequate in our study to describe yield deviations, as no systematic deviation was found in the relationships between predictions and observations for each probe genotype (Fig. 2.7a and 2.7b), and the RMSE of predictions criterion gave a good result. Further improvements of the method should look at replacing actual variables with others having a better linear effect on yield, as undertook in crop modelling (Landau et al., 2000), instead of using non-linear models.

Calculation of LF indicators is based on simple agronomic models such as water balance, or development models (Gate, 1995). One could envisage to go further in the use of agronomic models, calculating indicators based on damage functions proposed in the crop models for certain LF (water deficit, nitrogen deficiency, high temperatures during the grain filling...). The interest of this option is that it would highlight LF affecting all the trials with the same intensity, that can escape our analysis, based on the comparison of situations. Despite this potential interest, we chose not to associate our diagnosis with the use of a crop model for 2 main reasons: (1) crop models require a lot of relatively complex input information, which is contradictory to the simplicity requirement presented in introduction for data collecting and implementation of the analysis by non-specialists; (2) crop models simulate only a few LF, which imposes to analyse causes of deviation from the model, comparably to what we did; the boundary line of the Fig. 2.3 seems us a way at least as reliable as a crop model to estimate a varietal production potential.

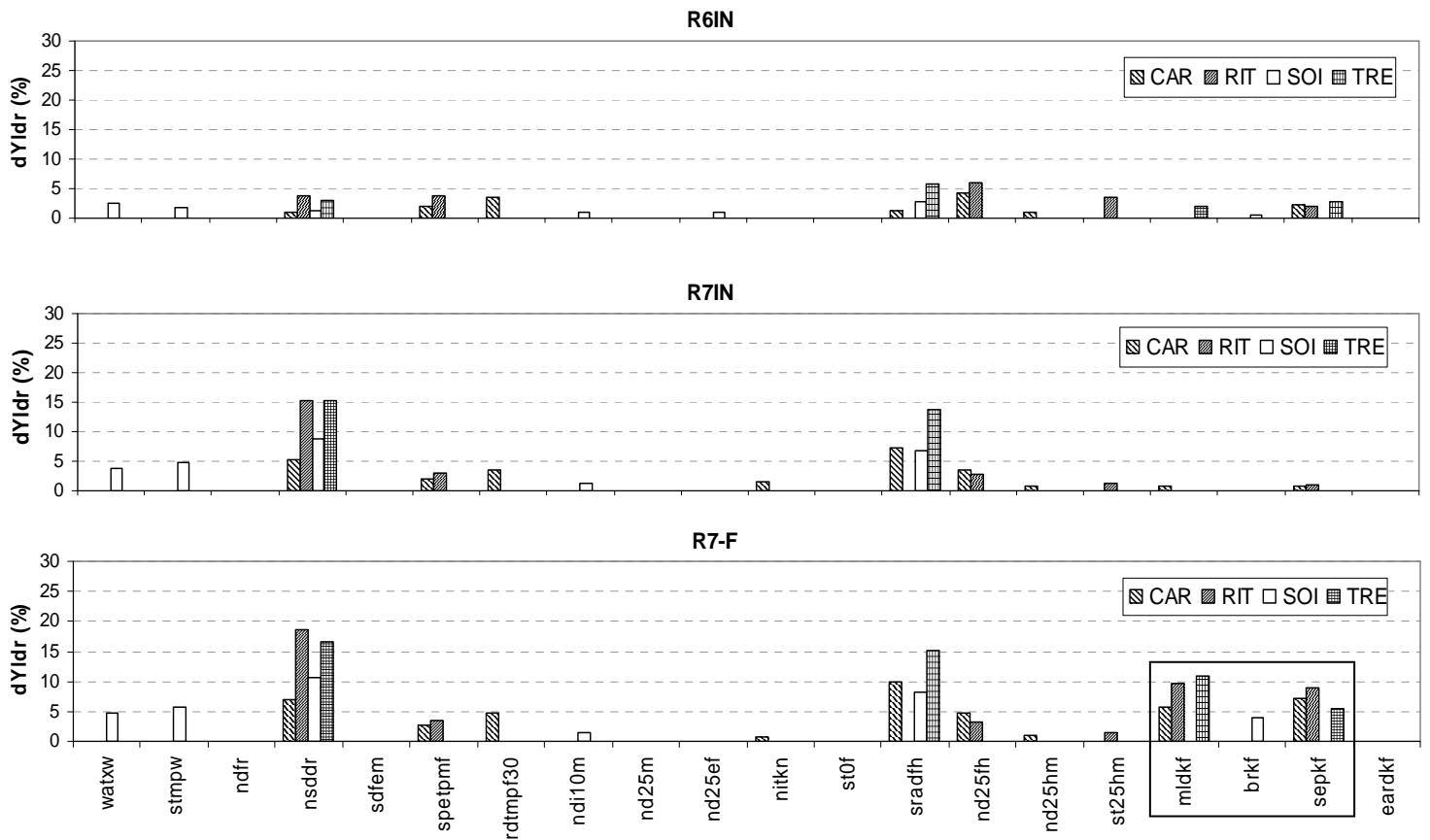
We furthermore observed a good global consistency between LF identified on yield and LF identified on the yield components KN and TKW. But despite this good consistency, the prediction for yield components is not always good. This can be explained by a purely statistical reason: the number of potential explanatory variables for KN and TKW deviation is lower than for yield deviation. The fact that some LF disappeared between the diagnosis on yield components and yield can also be explained by a “dilution effect”, the role of these LF being lower for yield, which summarises the whole crop cycle, than for the specifically affected component. In agreement with our objective to develop a simplified approach, easy to use by non-specialists, this militates in favour of limiting the crop diagnosis to the analysis of the yield, which represents a substantial time and work saving, as getting information on yield components (references, specific observations and samples) is quite costly. Additionally, there is still an interesting way to validate the crop diagnosis, comparing trials only differing by one cropping technique. In most situations indeed, variations in cropping techniques within pairs of trials (with/without fungicides or irrigation, high/low level of nitrogen supply) led more frequently to the expected LF (respectively diseases, drought or water stress, lack of nitrogen).

#### 4.2. Accuracy of the limiting factors descriptors

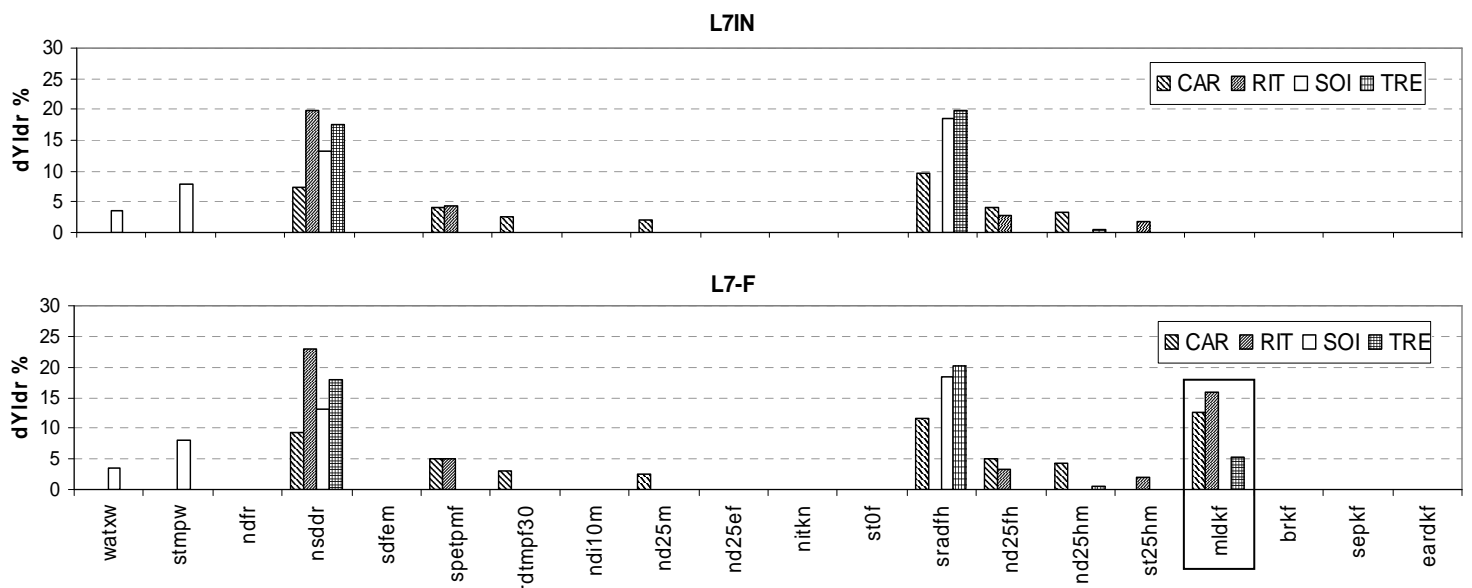
Some yield deviations were not well predicted and could be over-estimated (R6IN or M7IN) or under-estimated (M7-FNR). In some cases, no LF could be identified. In others, LF such as diseases or nitrogen deficiency were not revealed for some probe genotypes, whereas they appeared for others. This illustrates the possible lack of prediction accuracy in some cases, but also shows the importance of using descriptors of LF as relevant as possible.

We did not integrate in the diagnosis indicators of the history of the field receiving the trials, or root distribution, compaction and potential structural discontinuity in the soil, whereas it is known that these criteria could have an explicative value (Leterme et al., 1994; Le Bail and Meynard, 2003). These observations are usually carried out on fields by agronomists (Boiffin et al., 1981; Meynard and

**Fig. 2.8a.** Relative yield deviations in % due to the different LF in the trials R6IN, R7IN and R7-F. Environments are coded by the site (R), the year (6 or 7), and the treatment (IN and -F). These codes are detailed in Table 2.2. Codes of the variables are the same as in Table 2.7.



**Fig. 2.8b.** Relative yield deviations in % due to the different LF in the trials L7IN and L7-F. Environments are coded by the site (L), the year (7), and the treatment (IN and -F). These codes are detailed in Table 2.2. Codes of the variables are the same as in Table 2.7.



David, 1992; Doré et al., 1997) but they are difficult and time-consuming to collect in MET. The stake would be to define relevant descriptors of these variables, requiring little time to the people performing trials. In the same frame of mind, as for the development stages, one could envisage the use of simple agronomic models to develop these descriptors.

In certain cases, the knowledge evolution since the protocol definition allows us to envisage significant improvements or LF descriptors. For instance, the ratio “*Assimilated nitrogen at maturity / KN*” used to describe the nitrogen deficiency (Meynard and Limaux, 1987) is less accurate and specific than the Nitrogen Nutrition Index (Lemaire and Gastal, 1997; Lemaire and Meynard, 1997). Looking for a simplified measurement of nitrogen deficiency, could enhance the interest of observations based on chlorophyll-meter measures (Vouillot et al., 1998). The water balance is also based on several approximations (root depth and water reserve of the soil, variation of the coefficient  $k=ETM/ETP$  according to the development stages) and could benefit from the development of other methods like carbon natural isotopic abundance, which interest has been shown for a multilocal diagnosis by Le Bail and Meynard (2003).

#### 4.3. Complementarity between probe genotypes

Using different probe genotypes limits the risk of undetected LF. We noticed that the complementarity of the probe genotypes is very important, but full advantage of this complementarity is obtained when the genotypes are analysed separately. Indeed, the genotype differences in the responses to the LF can lead to hide the effect of some of them in a global analysis.

Genotype RIT showed no important difference with genotype CAR (Table 2.10), probably because they both are the latest ones, and despite of known differences which were not revealed in the study (for instance for lodging or leaf rust susceptibility). We could remove genotype RIT to reduce the work for further studies, considering that the optimal number of probe genotypes in order to explain the Genotype x Environment Interaction with a moderate amount of observations is 3 or 4 (Brancourt-Hulmel et al., 2001). Nevertheless, the consistency between probe genotypes is one way for a validation of the LF identified. Thus, the probe genotypes confirmed each other for the damages due to dryness at the onset of stem elongation, high temperatures and deficiency of radiation during grain filling, as well as powdery mildew and septoria during grain filling.

Some LF appearing on only one probe genotype (such as leaf rust on cv SOI) are consistent with the well known susceptibility of the genotype.

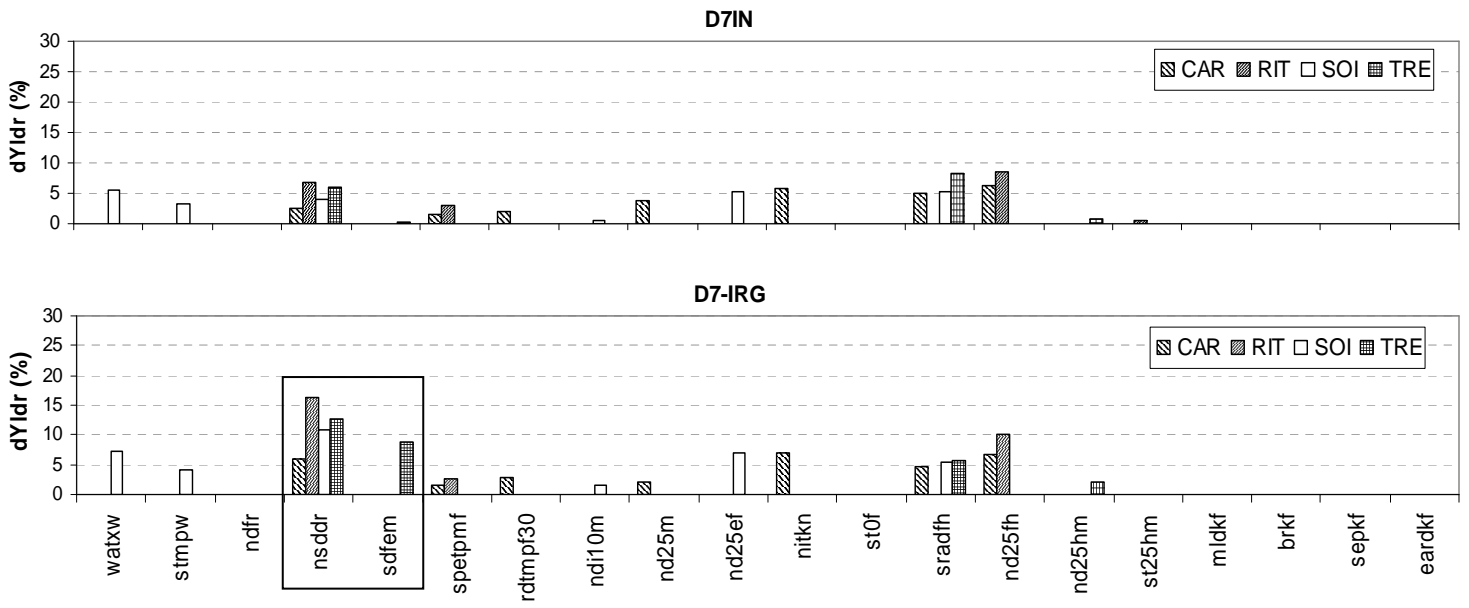
#### 4.4. Nature of the limiting factors and characterisation of the trials

This study revealed a high diversity of yield LF in such a trial network (29 different trials, over a 3 years period). Revealing LF such as diseases during the grain filling or extreme temperatures is not surprising. We also noticed the main role of dryness at the onset of stem elongation, which was already mentioned by Sebillotte et al. (1978) in a regional diagnosis of wheat yield LF. This LF was not influenced by the crop management, as it occurred at the same level for different crop managements in a same trial. Its role can be considered as validated, as it was revealed by the four probe genotypes.

Low radiation at the beginning of grain filling also appeared as a main LF in this network, especially on early genotypes. This LF can also be considered as validated, as we did not observe consistent correlation scores with other LF for all probe genotypes. This result shows that studying yield deviations in comparison with maximal values as we did, and not potential ones deduced from a radiation conversion model, as proposed by Leterme et al. (1994), enables to include radiation in the possible LF and to explain differences between early and late genotypes.

As already mentioned by several authors (Fisher, 1985; Gate, 1995; Calderini et al., 1999), we observed that high temperatures limited yield at several development stages: at meiosis for CAR, between heading and flowering for SOI, at the beginning of the grain filling for the late genotypes CAR and RIT, and at the end of the grain filling for the early one TRE. Highest correlation scores with other variables concerned one LF: the photothermic quotient during winter (correlation of 0.78 between the variables *st25hm* and *rdtmpw* for RIT). Therefore, although confusion risks also appeared low for this LF, confusion cannot be totally excluded here.

**Fig. 2.8c.** Relative yield deviations in % due to the different LF in the trials D7IN and D7-IRG. Environments are coded by the site (D), the year (7), and the treatment (IN and -IRG). These codes are detailed in Table 2.2. Codes of the variables are the same as in Table 2.7.



Identification of diseases was based on field observations. Furthermore, occurrence of these LF is consistent with the varying crop managements performed on pairs of trials, and is confirmed by other studies carried out on cereal crop production in Western Europe (King, 1977; Chevalier-Gérard et al., 1994).

Low radiation near the meiosis stage has been shown as possible LF leading to high yield reductions (Fisher, 1985; Demotes-Mainard et al., 1996), but no frequency is known for this stress. This LF is particularly difficult to describe, partially due to the uncertainty in the determination of the meiosis stage, when carried out without cytological observations on large samples and using development models. Improvement of this climatic descriptor will be useful in our topic.

Nitrogen deficiency appeared as a scarce LF in our experiment, happening for a single genotype with a low global weight, whereas some trials included crop management with low nitrogen supply. Extensive crop management (-FNR) resulted above all in disease development, much less in nitrogen deficiency. Nevertheless, the yield deviation due to this LF was large in the few trials where it was detected. In another study (Barbottin et al., 2005), we applied the same diagnosis method on trials with more contrasted nitrogen fertilisations, showing the possible high role of this LF. Thus, it seems that nitrogen supplies among the trials were not contrasted enough.

Water deficit during the grain filling is a frequent LF in French conditions (Sebillotte et al., 1978; Leterme et al., 1994; Debaeke et al., 1996; Le Bail and Meynard, 2003), often related with high temperatures. But no drought or water stress during grain filling was observed in our study, possibly due to the fact that all MET are in deep and homogeneous soils. Nevertheless, water balance calculation includes approximations (see above), which can explain the lack of this LF.

We can observe in addition that trials in very different agro-climatic conditions may be described by similar yield deviation and LF profiles (for instance C6-F and M5IN, R5IN and L5IN), showing that grouping the trials *a priori*, by the site or by the year, may not be relevant, as observed by Brandle and Arthur (1992) or Tranchefort et al. (1993). Furthermore, the crop diagnosis gives an opportunity to classify the trials on an agronomic basis, *i.e.* depending on the nature and the intensity of the identified LF, which probably better describes the varying responses of the evaluated genotypes in the MET.

## 5. Conclusions

The crop diagnosis based on the observation of few probe genotypes provides a satisfying description of the environments in multi-environment wheat trials. It enables to identify and quantify limiting factors responsible for yield variations, provided that these limiting factors differently occurred in the trials. It allows thus to compare the environments by the weight of the different limiting factors, and give the perspective to group them by the nature and weight of the limiting factors.

One of the main interests of the crop diagnosis is that it identifies environmental variables corresponding to limiting factors which most probably caused the yield variations of the genotypes, which is not the case in an *a priori* description of the multi-environment trials. We tried to validate the limiting factors by the consistency of the limiting factors identified on yield and on the yield components, by the nature of limiting factors identified in pairs of trials only differing by one cropping technique, and by the study of correlation scores between descriptive variables of the yield limiting factors. The consistency or the inconsistency between probe genotypes has to be checked, because it can correspond to a validation of the limiting factors. But it can also illustrate a useful complementarity between the probe genotypes.

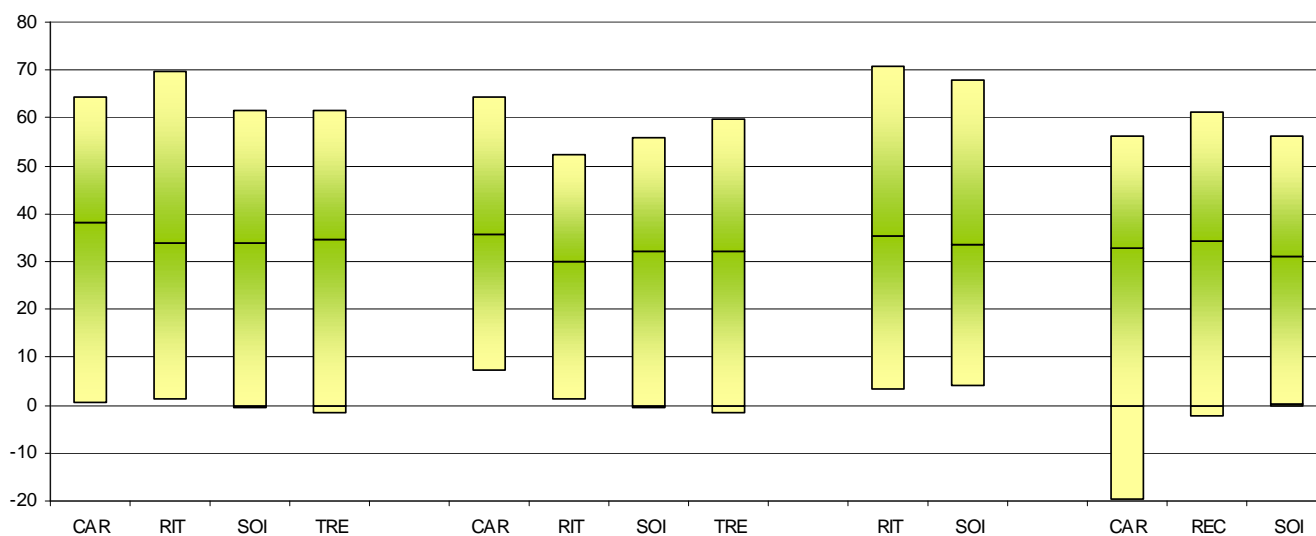
Further validation of the method will be based on the analysis of the G x E interaction of a whole set of genotypes evaluated in the same trials, providing a new information on the behaviour of genotypes against limiting factors.



## **Acknowledgements**

This study has been carried through a successful conclusion thanks to the very sizeable work of many people, those having realised the trials: Paul Bataillon, Denis Beghin, Pierre Bérard, Nathalie Galic, Jean-Yves Morlais, and the people in the INRA experimental teams in Clermont-Ferrand, Dijon, Le Moulon, Mons and Rennes; those having taken part in the determination of methods and variables: Claire Baril, Marie-Hélène Bernicot, Sabine Demotes-Mainard, Gérard Doussinault, Philippe Gate, Jean-Marie Nolot, Bernard Rolland, Michel Rousset, and Maxime Trottet. The authors also expressly acknowledge Gilles Charmet, Nathalie Munier-Jolain and François-Xavier Oury for their helpful reading of the manuscript, and Marie-Jo Farmer and Sergio Ochatt for their correction of the English expression.

**Figure 2.9.** Ecarts de rendement maximaux, moyens et minimaux observés dans les réseaux 1, 1b, 2 et 3 pour les différents génotypes révélateurs.



Réseau :	<b>1</b>				<b>1b</b>				<b>2</b>		<b>3</b>		
Max	64.52	52.44	55.89	59.95	64.52	69.68	61.67	61.61	70.68	67.96	56.35	61.38	56.24
Moy	35.82	30.16	32.13	32.16	38.04	34.05	33.89	34.68	35.34	33.45	32.97	34.15	31.11
Min	7.32	1.13	-0.61	-1.49	0.41	1.13	-0.61	-1.49	3.46	3.94	-19.66	-2.22	0.11

### 2.3.2. Comparaison des diagnostics obtenus dans différents réseaux et recherche d'un modèle général de prévision des pertes de rendement

#### Introduction

Les résultats du diagnostic agronomique réalisé dans le premier réseau (réseau INRA 1995-1997, ou réseau 1b) sont encourageants (la part de variation des rendements expliquée est comprise entre 80 et 95%), mais ce réseau est relativement restreint (29 milieux). On peut se demander si une démarche identique peut être appliquée à des réseaux expérimentaux plus grands, ou servir de base à la construction d'un modèle de prévision des rendements qui serait valable pour des situations expérimentales qui n'ont pas participé au diagnostic.

La méthode de diagnostic que nous avons développée permet de mettre en évidence d'abord les facteurs limitants qui entraînent de grandes variations de rendements, ou qui distinguent des grands groupes de milieux entre eux. Ceux dont l'effet est plus faible ou qui ne concernent qu'un petit nombre de milieux, risquent de ne pas être identifiés. On peut donc se demander aussi si la qualité de l'ajustement entre les rendements observés et les rendements estimés ne diminue pas avec l'augmentation du nombre de situations expérimentales, et si la qualité du diagnostic n'est pas affectée par une plus grande diversité de milieux. *A contrario*, pour appliquer le diagnostic agronomique, il est nécessaire d'avoir des situations expérimentales en nombre suffisant, car le nombre de variables environnementales qui peuvent être utilisées dans une régression est directement lié au nombre de milieux (si  $n$  est le nombre de milieux, on peut utiliser  $n-1$  variables environnementales). Il n'est donc pas possible d'effectuer un diagnostic sur des milieux isolés, selon la méthode que nous avons développée, et son intérêt risque de diminuer rapidement avec une réduction du nombre de milieux. Or beaucoup d'expérimentateurs travaillent sur un petit nombre d'essais, voire un ou deux seulement. De plus, les milieux doivent être suffisamment contrastés car le diagnostic est fondé sur la mise en relation des variations de la variable expliquée (par exemple le rendement) avec les variations des variables décrivant les milieux.

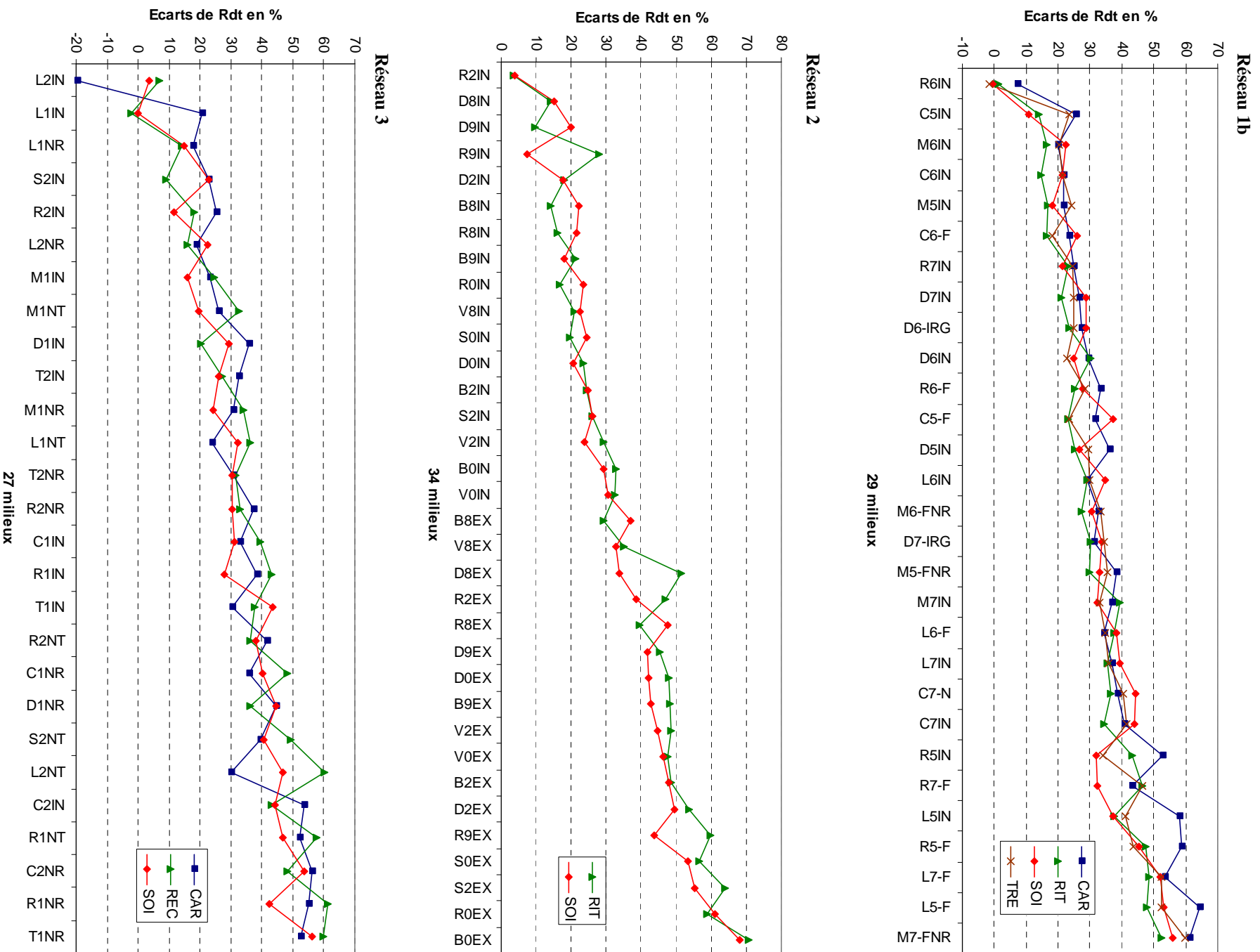
Deux grand types de questions apparaissent donc :

- Celui de l'évolution de la qualité du diagnostic agronomique en fonction du nombre et de la diversité des milieux pris en compte (nombre minimal nécessaire, dégradation éventuelle de la qualité du diagnostic avec l'augmentation du nombre et de la diversité des milieux).
- Celui des possibilités d'extrapoler les résultats du diagnostic effectué sur un réseau expérimental aux milieux d'un autre réseau ou à des milieux isolés. En effet, n'aurait-on pas intérêt à utiliser une relation toute faite entre les variations de rendement et les variables descriptives des facteurs limitants, qui pourrait être appliqué à tout réseau ou à des milieux isolés ?

Pour répondre à ces questions, nous comparerons tout d'abord les résultats du diagnostic agronomique effectué dans différents réseaux expérimentaux, qui se distinguent par le nombre et la diversité des milieux : réseau 1 qui comporte 61 milieux et qui englobe le réseau 1b précédemment étudié (voir tableau 2.1 p.73) ; réseau 2 dans lequel nous augmenterons ou diminuerons la diversité des milieux par la prise compte des différentes conduites de culture (conduites "intensives" destinées à obtenir des rendements élevés, où *a priori* sont attendus principalement des facteurs limitants d'origine climatique, et conduites sans traitement fongicide, où le rôle des maladies a pu être nettement plus important) ; et réseau 3, où la diversité des milieux a été encore accrue par l'introduction de conduites où la fertilisation azotée a été réduite.

Pour juger si le diagnostic réalisé dans un réseau expérimental peut permettre de caractériser des milieux qui n'ont pas participé à ce diagnostic, nous comparerons également la qualité des prévisions obtenues par les relations obtenues dans les différents diagnostics dans tous les réseaux étudiés. Enfin, dans le but d'évaluer s'il est possible d'établir une relation générale, nous avons réalisé un diagnostic à partir de l'ensemble des milieux dont nous disposions.

Figure 2.10. Ecart de rendement en % observés pour les génotypes révélateurs dans les différents essais des réseaux 1b, 2 et 3 (le code des milieux est indiqué dans le tableau 2.2 p.74).



## Résultats

### 1. Importance des écarts de rendement observés sur les génotypes révélateurs dans les différents réseaux

Les écarts de rendement maximaux, moyens et minimaux observés sur les génotypes révélateurs dans les différents réseaux sont présentés sur la figure 2.9, et la variabilité des valeurs individuelles de ces écarts sur la figure 2.10. On constate que la variabilité des écarts de rendement est très grande, puisqu'ils s'échelonnent entre des valeurs proches de 0, voir légèrement négatives (pour SOI et TRE dans les réseaux 1 et 1b), et des valeurs de l'ordre de 70% (RIT, réseaux 1 et 2). Les écarts de rendement moyens sont tous situés entre 30 et 38%, quelle que soit la variété et quel que soit le réseau, bien que dans le réseau 1b, et dans une moindre mesure dans le réseau 1, la variété CAR soit un peu plus affectée que les autres. Mais nous ne retrouvons pas ce résultat dans le réseau 3, et nous avons donc considéré que les références variétales utilisées pour calculer les écarts de rendement des différents génotypes révélateurs avaient une fiabilité comparable. L'écart de rendement fortement négatif de CAR dans le milieu L2IN (voir figure 2.10) est une valeur aberrante. Les autres valeurs et les autres variétés témoins montrent des écarts conformes à ceux des différents réseaux.

### 2. Parts de variation et poids des facteurs limitants dans les différents réseaux

Le tableau 2.13 présente les variables explicatives des variations de rendement dans chacun des réseaux, avec la part de variation qu'elles expliquent au moment de leur introduction dans le modèle, et la valeur du paramètre associé à chacune de ces variables (en annexe 7 sont présentés également l'ordre d'introduction des différentes variables et l'incertitude associée à chaque paramètre). La variation totale expliquée par la régression linéaire est également indiquée sur la droite du tableau.<sup>57</sup>

#### Parts de variations expliquées

Pour le réseau 1, la part totale de variation expliquée par la régression fluctue entre 53.5 et 62.7%. Ce réseau se caractérise par une grande diversité de facteurs limitants, avec, pour les facteurs limitants qui apparaissent avant la floraison, un rôle important du gel hivernal (*frdtl* et *stdg*) et de la sécheresse au début de la montaison (*njss* et *spetpe1*), les faibles rayonnements (hivernaux : *srglhv* et *rgsthv* et en cours de montaison : *rgstem*), ainsi que les températures supérieures à 25° entre l'épiaison et la floraison (*nj25ef* et *st25ef*). Pour les facteurs qui affectent le remplissage des grains, le rayonnement (*srglfl*), les fortes températures (*nj25lm* et *st25lm*) et les maladies (notamment la rouille brune : *brp*) jouent un rôle important. La verse (*vrp*) intervient aussi à un degré moindre.

Les parts de variation des écarts de rendement expliquées dans le sous-réseau 1b sont nettement plus élevées, puisque le R<sup>2</sup> global s'échelonne de 78 à 95% selon le génotype révélateur considéré. On retrouve la plupart des facteurs limitants du réseau 1 dans le sous-réseau 1b, mais avec des poids différents : plus forts pour la sécheresse au début de la montaison (*njss*), pour la septoriose (*sfrp*) et pour l'oidium (*orp*), plus faibles pour le gel hivernal (*njdg*) et la rouille brune (*brp*). Certains facteurs limitants du réseau 1 n'apparaissent pas dans le réseau 1b, comme les faibles rayonnements au cours de la phase hivernale (*srglhv* et *rgsthv*), la rouille jaune (*jrp*) et la verse pendant le remplissage des grains (*vrp*) ; *a contrario*, on observe quatre nouveaux facteurs qui n'étaient pas révélés dans le réseau 1 (alors qu'ils ont nécessairement eu un rôle, puisque le réseau 1b est inclus dans le réseau 1) : la variable *xeauhv*, qui décrit de façon approximative les problèmes d'excès d'eau hivernal, les carences en azote pendant la montaison (*rbeta*), les fortes températures à la méiose (*nj25m*), le déficit hydrique au début de la montaison (*sdfem*) et la sécheresse en fin de montaison (*spetpmf*).

Dans le réseau 2, quand tous les essais sont étudiés ensemble, on observe l'importance prépondérante des maladies pendant le remplissage des grains : rouille brune (*brp*) et fusariose sur épis

<sup>57</sup> Cette variation totale, représentée par la variable R<sup>2</sup> associée au modèle, par n'est pas nécessairement égale à la somme des R<sup>2</sup> partiels, dans la mesure où des variables initialement introduites ont pu être retirées de la régression, si elles ne sont plus significatives au fur et à mesure que l'on complète le modèle.

**Tableau 2.13.** Variables explicatives des variations de Rdt dans chacun des réseaux, pour les différents génotypes révélateurs ; part de variation expliquée et paramètre associé. Les variables qui figurent dans le tableau sont significatives au seuil de 15% (pour la légende des variables : voir tableau 2.7).

<b>Réseau 1</b> (61 milieux)		Facteurs limitants pré-floraison											Facteurs limitants post-floraison										
	Interc	srglhv	rgsthv	frdtl	stdg	difxdg	njss	spetpel	rgstem		nj25ef	st25ef	st0f	srglfl	nj25lm	st25lm	orp	brp	jrp	sfrp	merp	vrp	Modèle
CAR	R <sup>2</sup>				2.4		3.0		2.5					16.4		13.1	4.3	13.9			4.1	1.8	<b>61.5</b>
	param	5.438			2.710		2.467		1.315					1.077		1.743	1.444	2.293			6.775	0.828	
RIT	R <sup>2</sup>			2.0	5.4		7.5								1.8		5.7	27.2			2.7		<b>62.7</b>
	param	6.608	2.283	11.802	5.638		1.418								1.117		2.942	2.375			4.079		
SOI	R <sup>2</sup>				9.8	9.4		6.2		2.9	4.7						20.5						<b>53.5</b>
	param	3.702			3.105	3.929		1.638		0.989	1.808						2.406						
TRE	R <sup>2</sup>		9.9	2.3	4.4		4.1							5.8				4.0	11.5			3.3	<b>54.9</b>
	param	-10.406	2.456	5.097	4.622		2.279							2.929				4.400	2.839			1.422	

<b>Réseau 1b</b> (29 milieux)		Facteurs limitants pré-floraison												Facteurs limitants post-floraison									
	Interc	xeauhv	stmphv	njdg	njss	sdfem	spetpmf	rgstf30	nji10m	nj25m	rbeta	nj25ef	st0f	srglfl	nj25fl	nj25lm	st25lm	orp	brp	sfrp	merp	Modèle	
CAR	R <sup>2</sup>			1.1	20.5	2.0	1.0			1.2	1.8			5.4	2.8	8.2		8.4		33.9	6.0	<b>95.1</b>	
	param	-43.024		2.223	2.546	1.583	2.038			3.239	5.316			2.500	2.724	2.446		3.565		3.238	4.473		
RIT	R <sup>2</sup>				29.3	1.7									4.8		3.4	4.4			33.6	5.5	<b>85.2</b>
	param	-13.876			4.535	0.842									2.530		1.831	4.080			2.683	4.255	
SOI	R <sup>2</sup>		6.09	4.5		27.0		3.0				6.6	4.7	6.9				19.6				<b>78.3</b>	
	param	-51.559	1.928	2.170		4.963		1.178				3.905	1.410	5.996				2.212					
TRE	R <sup>2</sup>				24.6	4.4								11.0	2.8		6.0		30.9			<b>79.8</b>	
	param	-8.731			3.693	1.135								3.410	0.864		2.559		1.744				

<b>Réseau 2</b> (tous les milieux : 34 milieux)		Facteurs limitants pré-floraison								Facteurs limitants post-floraison				
	Interc				st25ef	sfmo			brp	sfrp	ferp	mprp		Modèle
RIT	R <sup>2</sup>								40.9	3.9	19.9	5.6		<b>70.3</b>
	Param	22.536							3.113	1.577	30.627	4.652		
SOI	R <sup>2</sup>				5.6	2.8			11.7	44.5	2.8	3.1		<b>70.4</b>
	Param	18.037			0.945	1.772			1.776	2.070	9.449	3.562		

<b>Réseau 2b</b> (milieux intensifs seulement : 17 milieux)		Facteurs limitants pré-floraison										Facteurs limitants post-floraison			
	Interc	retlv	stdg	njss	srglem	rgstem	nji10m	st25ef		st25fl	st25lm		mprp	vma	Modèle
RIT	R <sup>2</sup>	4.3	7.1	11.3		13.5		20.9					18.8	18.7	<b>94.6</b>
	param	-9.343	0.877	2.273	2.420	2.285		1.696					2.095	3.711	
SOI	R <sup>2</sup>			3.9	15.9		16.5	28.4	4.5	10.2				15.9	<b>95.2</b>
	param	-29.498		1.186	4.194		1.304	1.040	2.075	1.415				2.789	

**Légende :**

*Interc.* : Intercept ou ordonnée à l'origine

*Param.* : Paramètre associé à la variable dans la régression

(*ferp*) pour RIT, septoriose (*sfrp*) et rouille brune (*brp*) pour SOI. Pour cette deuxième variété, les fortes températures entre épiaison et floraison (*st25ef*) semblent également responsables des écarts de rendement, et avec un poids plus faible, la septoriose pendant la montaison (*sfmo*). Mais les parts de variation expliquées par le diagnostic ne sont que d'environ 70% pour les deux variétés.

Quand on s'intéresse aux seuls milieux "intensifs" de ce réseau (réseau 2b), on constate que la part de variation expliquée par le diagnostic est beaucoup plus élevée (de l'ordre de 95% pour les deux variétés) et que plusieurs facteurs limitants d'origine essentiellement climatique apparaissent : retard à la levée (*retlv*) et dégâts de gel hivernal (*stdg*), sécheresse au début de la montaison (*njss*), faibles rayonnements au début de la montaison (*srglem* et *rgstem*) et à la méiose pollinique (*nji10m*), fortes températures pendant le remplissage (*st25fl* et *st25lm*) et verse à maturité (*vma*). Le rôle des fortes températures entre épiaison et floraison (*st25ef*) est encore plus marqué, alors que, logiquement, celui des maladies est fortement réduit : seules les maladies du pied (*mprp*) apparaissent toujours dans la régression, ce qui montre que leur contrôle par les traitements fongicides a été imparfait.

Pour le réseau 3 considéré dans son ensemble, on explique de 76 à 91% de la variation selon le témoin utilisé, avec un poids important des carences en azote jusqu'à la floraison (*innf*,  $R^2$  partiels de 9 à 19% pour les 3 témoins), des fortes températures à la méiose pollinique (*st25m*,  $R^2$  de 20% pour CAR) et au début du remplissage des grains (*nj25fl*,  $R^2$  de 26% pour SOI), de la sécheresse en fin de remplissage (*spetplm*, 17 et 20% pour CAR et REC) et des deux maladies : rouille brune (*brp*) et rouille jaune (*jrp*) pendant le remplissage (15 et 17% pour la rouille brune pour CAR et SOI, 18% pour la rouille jaune pour REC). Pour le témoin SOI, la sécheresse hivernale (*spetphv*) apparaît comme un facteur limitant relativement important ( $R^2$  partiel de 16%).

Dans le réseau 3b, l'analyse sur les seuls milieux "intensifs" permet d'expliquer une part de variation des rendement plus importante (de 82 à 99.9%). On retrouve en grande partie les mêmes facteurs limitants que pour l'ensemble des milieux, avec un poids plus fort des faibles sommes de températures hivernales (*stmphv*,  $R^2$  de 22% contre 3% dans le réseau 3) alors qu'apparaît le froid hivernal (*difxdg*). Le quotient photothermique au début de la montaison (*rgstem*) a un poids plus fort également, ainsi que les fortes températures à la méiose (*st25m*), entre épiaison et floraison (*nj25ef*), au début du remplissage (*nj25fl*, variété SOI) et en fin de remplissage (*st25lm*, variété REC). Les carences en azote jusqu'à la floraison (*innf*) et la sécheresse au début du remplissage (*spetpfl*) voient aussi leur contribution renforcée. En revanche, la sécheresse en fin de remplissage disparaît (*spetplm*), comme la rouille jaune sur la variété REC (*jrp*). La rouille brune (*brp*) disparaît pour les deux variétés CAR et SOI, mais apparaît pour REC, avec une contribution comparable à celle qu'elle a dans le réseau 3.

Quand on s'intéresse au réseau 3c (conduites "intensives" et conduites avec réduction d'azote), la part de variation expliquée est très élevée également (de 90 à 99%), et on retrouve globalement les mêmes facteurs limitants, avec un rôle toujours très marqué des carences en azote pendant la montaison (*innf*, qui apparaissent ici pour les trois témoins, avec des  $R^2$  partiels respectifs de 5, 44 et 27% pour CAR, REC et SOI). La sécheresse en fin de remplissage des grains (*spetplm*) réapparaît, et le poids des maladies est logiquement plus faible.

Dans le réseau 3d (conduites "intensives" et conduites sans traitement fongicide), les parts totales expliquées par la régression sont comparables à celles du réseau global (de 76 à 91%), certains facteurs limitants n'apparaissent plus dans la régression, comme les fortes températures entre l'épiaison et la floraison (*st25ef*) et au début du remplissage (*nj25fl*), le manque d'eau en fin de montaison (*spetpmf* ou *sdjmf*) et en fin de remplissage (*spetplm* ou *sdjlm*). On observe aussi que les carences en azote pendant la montaison (*innf*) n'apparaissent plus pour 2 témoins sur 3, mais ce facteur garde un poids important pour la variété SOI. En revanche, les maladies pendant le remplissage des grains prennent un poids très important : la rouille brune (*brp*) pour les trois variétés mais surtout pour SOI (les poids respectifs sont de 21, 9 et 39%, pour CAR, REC et SOI), et la rouille jaune pour REC (*jrp*, ce facteur limitant explique 25% de variation de Rdt).

#### Paramètres associés aux différentes variables

Même si le poids de certains facteurs limitants peut être globalement faible dans un réseau considéré dans son ensemble, ces facteurs peuvent avoir un rôle important pour des milieux particuliers de ce réseau. Ce poids individuel est mis en évidence par la valeur des paramètres associés

**Tableau 2.13** (suite).

<b>Réseau 3</b> (tous milieux : 27 milieux)																	Modèle
	Interc	retlv	spetphv	stmpvh	rgstem	sdfmf	nji10m	st25m	innf	spetpfl	sdffl	nj25fl	spetplm	brp	jrp		
CAR	R <sup>2</sup>			3.2	10.4			20.3	18.7	1.7			17.3	14.5		<b>86.2</b>	
	Param	-19.617		1.810	2.415			3.014	2.986	0.800			2.222	2.660			
REC	R <sup>2</sup>					10.4		5.6	15.9			5.8	20.1		18.2	<b>76.0</b>	
	Param	-25.549				4.699		3.050	4.255			2.770	4.033		4.748		
SOI	R <sup>2</sup>		4.4	15.9			1.6		8.7		5.0	25.8		16.5		<b>91.0</b>	
	Param	-8.498	0.950	3.166			0.854		3.559		1.992	1.278		2.565			

<b>Réseau 3b</b> (conduites intensives seulement : 11 milieux)																	Modèle		
	Interc		stmpvh	difxdg	rgstem	spetpmf		st25m	innf	nj25ef	omo	spetpfl	sdffl	nj25fl	srgllm	st25lm	orp	brp	
CAR	R <sup>2</sup>		22.0		29.9	0.2		29.1		7.5	0.6	10.7			0.01				<b>99.9</b>
	Param	-36.702	5.426		2.953	0.279		3.166		2.621	4.040	2.877			0.474				
REC	R <sup>2</sup>								27.0	5.6		5.2	13.1			27.5	0.9	20.7	<b>99.9</b>
	Param	-31.754							6.518	2.922		1.001	2.999			3.589	0.965	3.159	
SOI	R <sup>2</sup>			16.8					28.4					36.5					<b>81.8</b>
	Param	0.178		2.031					4.446					3.506					

<b>Réseau 3c</b> (conduites intensives et azote réduit : 21 milieux)																	Modèle		
	Interc		stmpvh	difxdg	rgstem	sdfmf	stmpmf	nji10m	st25m	innf	st25ef	spetpfl		nj25fl	spetplm	sdflm	brp	sfrp	
CAR	R <sup>2</sup>		6.3		2.6				6.1	5.0		3.2			26.9				<b>90.1</b>
	Param	-30.089	2.221		3.086				3.231	3.241		1.430			2.756				
REC	R <sup>2</sup>					18.7				44.0	1.6				18.1	3.4		4.2	<b>91.6</b>
	Param	-21.009				2.750				4.762	4.867				1.986	2.064		3.451	
SOI	R <sup>2</sup>		2.5	22.0			0.6	2.8	3.8	26.9				37.3				1.3	1.7
	Param	-25.369	1.439	1.104			1.687	2.198	2.534	3.599				1.551				1.626	6.928

<b>Réseau 3d</b> (conduites intensives et sans protection fongicide : 17 milieux)																	Modèle
	Interc	retlv	stmpvh	njdg	rgstem			st25m	innf		sdffl			st25lm	brp	jrp	
CAR	R <sup>2</sup>		9.7		7.9			19.7			14.3			18.4	20.6		<b>90.5</b>
	Param	-17.620	2.466		2.924			3.688			1.396			1.725	3.607		
REC	R <sup>2</sup>		9.9											15.9	9.1	24.6	<b>76.0</b>
	Param	-4.326	2.398											3.382	2.675	3.222	
SOI	R <sup>2</sup>		4.6		25.7				17.4						39.3		<b>87.0</b>
	Param	-0.738	1.090		2.501				3.592						2.690		

**Légende :**

*Interc.* : Intercept ou ordonnée à l'origine

*Param.* : Paramètre associé à la variable dans la régression



à chaque variable : ainsi la variable *frdtl* qui décrit les dégâts de gel hivernal dans le réseau 1 a des paramètres élevés pour les témoins RIT et TRE, ce qui signifie que des notes de froid relativement faibles peuvent se traduire par des écarts de rendement importants dans les milieux concernés par ce facteur limitant. C'est le cas également de la fusariose sur épi (*ferp*) apparue dans le réseau 2 (les paramètres associés à cette variable sont de 30.6 et 9.4 pour RIT et SOI), de la variable *rbeta* dans le réseau 1b et *innf* dans le réseau 3b, qui décrivent les carences en azote au cours de la montaison. Et c'est aussi le cas de la septoriose pendant le remplissage (variable *strp*) dans le réseau 3c, alors même que ce réseau ne comporte pas de conduites non-traitées aux fongicides : la septoriose est un facteur limitant globalement moins important que dans le réseau où sont incluses les conduites non-traitées, mais dans les situations où elle apparaît (c'est-à-dire, quand cette maladie est mal maîtrisée), elle peut être responsable de pertes de rendement importantes. Entre les réseaux 3b et 3c, on remarque que le paramètre associé à la variable *innf* pour la variété REC diminue de 6.5 pour les seuls milieux "intensifs" à 4.8 pour les milieux "IN" et "azote réduit", ce qui signifie que dans les milieux "IN" où l'azote a normalement été apporté en quantité suffisante, des lieux s'avèrent malgré tout carencés et que le poids de ce facteur peut être important dans ces milieux. On constate donc une assez grande diversité des parts de variation expliquées par les différents facteurs limitants ainsi que des valeurs des paramètres, selon les milieux qui ont été pris en compte pour faire le diagnostic.

L'application de l'équation de régression obtenue dans chaque réseau, avec les valeurs des variables observées pour chaque génotype révélateur dans chacun des milieux permet d'estimer la contribution de chaque facteur limitant aux pertes de rendement dans chaque essai. Une caractérisation individuelle de chaque milieu est ainsi effectuée par les différents facteurs limitants apparus et par leur contribution aux pertes de rendement. Dans le cas du réseau 1b, ces contributions sont représentées en annexe 8.1. Et de la même façon, on peut effectuer une classification des différents milieux expérimentaux pour les pertes de rendement occasionnées par chaque facteur limitant, ce qui permet de visualiser la gamme de variation des effets liés à chaque facteur limitant, d'apprécier rapidement le nombre d'essais affectés par ce facteur et d'identifier les essais affectés (annexe 8.2). Les estimations des pertes de rendement dues à chaque facteur limitant sont indiquées dans le tableau de l'annexe 8.3.

### 3. Résultats de l'application du diagnostic réalisé dans un réseau à d'autres réseaux expérimentaux

La cohérence pour la nature des facteurs limitants identifiés dans les réseaux qui ont des milieux en commun (réseaux 1 et 1b, réseaux 2 et 2b, réseaux 3, 3b, 3c et 3d) est bonne, mais nous avons vu également que le poids des différents facteurs limitants peut différer de façon importante, par exemple en fonction des conduites culturales prise en compte (réseau 3). De plus, les paramètres associés aux variables descriptives des facteurs limitants varient beaucoup d'un diagnostic à l'autre. Il est alors intéressant d'évaluer dans quelle mesure le diagnostic agronomique obtenu sur un réseau expérimental permet de caractériser d'autres réseaux.

Le tableau 2.14 indique les corrélations obtenues entre les écarts de rendement observés et les écarts prédits quand on applique les différentes régressions obtenues à tous les réseaux de l'étude. On constate que la meilleure prévision des écarts de rendement dans un réseau donné est presque toujours obtenue avec le diagnostic effectué sur ce réseau (à 2 exceptions près pour CAR dans le réseau 3c, où le diagnostic réalisé sur le réseau 3 donne une qualité de prévision équivalente, et pour SOI dans le réseau 3b, où le diagnostic 3b donne une prévision un peu meilleure). La régression obtenue sur le réseau 1 permet une relativement bonne prévision des écarts de rendement dans le réseau 1b, qui est inclus dans le réseau 1. Le diagnostic effectué sur le réseau 3 dans son ensemble permet également une prévision correcte des écarts de rendement dans les 3 sous-réseaux 3b, 3c et 3d. Ce résultat est moins marqué pour les réseaux 2 et 2b : dans le réseau 2, le poids des maladies est très fort et les facteurs climatiques n'apparaissent pas, alors qu'ils ont un rôle important dans le sous-réseau 2b (milieux "intensifs" seulement).

Dès que des milieux extérieurs à ceux qui ont servi à effectuer le diagnostic figurent dans le réseau que l'on analyse, la qualité de la prévision diminue : le diagnostic 1b ne permet pas une très bonne caractérisation de l'ensemble du réseau 1, c'est le même constat pour le diagnostic 2b appliqué à

**Tableau 2.14.** Corrélations entre écarts de Rdt observés et écarts de Rdt prévus par les différents diagnostics, pour chacun des réseaux étudiés.

Réseau (n)	Variété	Diagnostic									
		Diag1	Diag1b	Diag2	Diag2b	Diag3	Diag3b	Diag3c	Diag3d		
Rés. 1 (61)	CAR	<b>0.784</b> ***	0.464 ***			0.292 *	-0.119	0.141	0.468 ***		
	RIT	<b>0.792</b> ***	0.257 *	0.338 **	0.047						
	SOI	<b>0.732</b> ***	0.387 **	0.416 ***	-0.084	0.315 *	-0.096	0.273 *	0.452 ***		
	TRE	<b>0.741</b> ***	0.434 ***								
Rés. 1b (29)	CAR	0.844 ***	<b>0.975</b> ***			0.139	-0.268	-0.009	0.333		
	RIT	0.762 ***	<b>0.923</b> ***	0.391 *	0.070						
	SOI	0.708 ***	<b>0.885</b> ***	0.206	-0.397 *	0.059	-0.144	0.209	0.139		
	TRE	0.751 ***	<b>0.893</b> ***								
Rés. 2 (34)	RIT	0.393 *	0.363 *	<b>0.838</b> ***	0.170						
	SOI	0.447 **	0.331	<b>0.839</b> ***	0.398 *	0.540 **	0.072	0.696 ***	0.469 **		
Rés. 2b (17)	RIT	0.003	0.238	0.412	<b>0.973</b> ***						
	SOI	0.179	0.348	0.410	<b>0.976</b> ***	-0.261	-0.032	0.119	-0.174		
Rés. 3 (27)	CAR	0.187	0.510 **			<b>0.928</b> ***	0.727 ***	0.827 ***	0.744 ***		
	REC					<b>0.872</b> ***	0.530 **	0.573 **	0.707 ***		
	SOI	0.521 **	0.306	0.452 *	0.202	<b>0.954</b> ***	0.687 ***	0.796 ***	0.926 ***		
Rés. 3b (11)	CAR	0.193	0.418			0.968 ***	<b>0.999</b> ***	0.959 ***	0.958 ***		
	REC					0.878 ***	<b>0.999</b> ***	0.934 ***	0.765 **		
	SOI	0.557	0.244	0.543	0.123	0.952 ***	0.904 ***	<b>0.993</b> ***	0.922 ***		
Rés. 3c (21)	CAR	0.154	0.507 *			<b>0.951</b> ***	0.809 ***	0.949 ***	0.739 ***		
	REC					0.915 ***	0.932 ***	<b>0.957</b> ***	0.629 **		
	SOI	0.425	0.148	0.514 *	0.198	0.970 ***	0.911 ***	<b>0.994</b> ***	0.928 ***		
Rés. 3d (17)	CAR	0.274	0.439			0.925 ***	0.754 ***	0.772 ***	<b>0.951</b> ***		
	REC					0.848 ***	0.391	0.411	<b>0.871</b> ***		
	SOI	0.709 **	0.475	0.610 **	0.095	0.937 ***	0.588 *	0.741 ***	<b>0.933</b> ***		

\* Corrélation significative au seuil de 5%  
 \*\* Corrélation significative au seuil de 1%  
 \*\*\* Corrélation significative au seuil de 1%

l'ensemble du réseau 2. En particulier, la présence de maladies, si elles ne sont pas prises en compte dans le diagnostic, se traduit par des pertes de qualité de la prévision très importantes : le diagnostic 3b (effectué sur les seuls milieux "IN" du réseau 3), permet une bonne prévision des écarts de rendement dans le réseau 3c (milieux "IN" et "NR"), mais est moins efficace pour décrire le sous-réseau 3d (milieux "IN" et "NT") et l'ensemble du réseau 3.

#### 4. Mise en œuvre d'un diagnostic sur les 3 réseaux réunis

Pour les trois génotypes révélateurs CAR, RIT et SOI, nous avons cherché à établir une relation générale qui serait applicable à une grande diversité de situations, en effectuant un diagnostic global où les 3 réseaux sont fusionnés. Nous avons effectué un diagnostic pour chacun des génotypes communs à plusieurs réseaux (CAR, RIT et SOI), et un diagnostic global sans distinction des génotypes. La part expliquée par les différents modèles est du même ordre que sur le réseau 1 (tableau 2.15 : 57.2, 61.7 et 55.6% contre 61.5, 62.7 et 53.5% pour CAR, RIT et SOI respectivement : tableau 2.13). Les pertes de rendement sont surestimées pour un certain nombre de situations où les pertes observées sont faibles et au contraire sous-estimées pour des milieux où les pertes ont été importantes (en particulier pour RIT et SOI : figure 2.11). Quand l'analyse est effectuée sur les 3 génotypes simultanément, la part de variation expliquée est encore inférieure, puisque le coefficient de détermination du modèle n'est que de 48.1%.

Parmi les facteurs limitants importants, on retrouve les maladies pendant le remplissage des grains : rouille brune (*brp*) et septoriose (*sfrp*) pour les 3 génotypes, oidium (*orp*) et maladies de l'épi (*merp*) pour CAR et RIT, maladies du pied (*mprp*) pour RIT et SOI. La sécheresse au début de la montaison joue un rôle important pour RIT et SOI (*njss*), mais il est nettement moins marqué que dans le réseau 1. Le froid hivernal (*stdg* et *frdtl*) joue aussi un rôle important pour les 3 génotypes (ce facteur limitant apparaissait déjà à des degrés divers dans les 3 réseaux). Les fortes températures en revanche jouent un rôle moins net que dans les diagnostics par réseau, et on constate la disparition des faibles rayonnements au cours du remplissage, alors que ce facteur est très important dans le réseau 1 (*srglfl*) et apparaît aussi dans le réseau 3 (*srgllm*). Les fortes températures au voisinage de la méiose (*st25m*) apparaissent très importantes pour CAR, alors que les faibles quotients photothermiques au début de la montaison (*rgstem*), le gel d'épis (*sti4*) ou le gel à la floraison (*st0f*) jouent un rôle marqué uniquement pour la variété SOI. Les conditions de croissance hivernale sont toujours présentes par les faibles sommes de températures (*stmphv*) ou par les faibles quotients photothermiques hivernaux (*rgsthv*), le retard à la levée (*retlv*) joue un rôle sur RIT, variété la plus tardive, et on observe un rôle modéré des conditions de nutrition azotée (*innf*) sur les deux génotypes CAR et SOI.

La prise en compte simultanée des 3 génotypes entraîne la disparition des variables décrivant le retard à la levée (*retlv*), les faibles rayonnement hivernaux (*srglhv*), les fortes températures à la méiose (*st25m*) et le gel à la floraison (*st0f*), mais elle permet de faire apparaître la rouille jaune (*jrp*) et la verse pendant le remplissage des grains (*vrp*). On constate aussi que pratiquement toutes les parts de variation partielles associées aux différentes variables diminuent. Seule celle qui est associée à la variable décrivant la rouille brune reste importante (*brp* : 15.7%). Toutes les autres sont inférieures ou égales à 5%.

## Discussion

### 1. Sur quelle dimension de réseau réaliser le diagnostic agronomique ?

La comparaison des diagnostics entre le réseau 1 (INRA de 1995 à 1999) et le réseau 1b (INRA de 1995 à 1997) nous permet de constater un effet de "dilution" dans le réseau le plus vaste, des facteurs limitants non prépondérants : 6 facteurs limitants disparaissent entre le réseau 1b et le réseau 1 (excès d'eau et faibles températures hivernales, faibles rayonnements et fortes températures à la méiose, carence en azote pendant la montaison, fortes températures au début du remplissage). A l'inverse, seulement 3 nouveaux facteurs limitants apparaissent dans le réseau 1, avec un poids modéré (faible rayonnement hivernal, rouille jaune et verse pendant le remplissage des grains). Cette différence se

**Tableau 2.15.** Résultat du diagnostic sur l'ensemble des milieux : variables explicatives des variations de Rdt, ordre d'introduction, part de variation expliquée et paramètre associé. Les variables sont significatives au seuil de 15% (pour la légende des variables : voir tableau 2.7).

	Intercept	retlv	stmphv	srglhv	stdg	frdtl	njss	rgstem	st25m	innf	sti4	st0f	nj25lm	st25lm	orp	brp	jrp	sfrp	merp	mprp	vrp	Modèle
Ordre			11	8	3	9			2	10			5		4	7		1	6			
CAR R <sup>2</sup>			2.02	3.06	7.00	5.66			8.25	2.69			3.39		5.99	3.35		12.47	3.37			57.23
88 Paramètre	1.546		1.357	1.696	3.962	10.511			1.538	1.922			1.769		1.970	1.654		1.935	10.108			
E.T.	5.284		0.716	0.759	0.929	3.127			0.447	0.775			0.401		0.679	0.514		0.657	3.063			
Ordre			11	5	3	10	4						8		2	1		9	6	7		
RIT R <sup>2</sup>			1.32	4.20	4.09	1.54	4.37						3.20		4.13	31.15		1.96	2.90	2.81		61.68
81 Paramètre	7.456		0.844	1.697	5.296	11.706	1.155						1.149		2.074	2.362		1.206	4.171	3.962		
E.T.	3.871		0.548	0.614	1.299	7.145	0.783						0.426		0.920	0.406		0.612	1.477	1.806		
Ordre			8		2	11	3	4		7	12	6				1		10		5		
SOI R <sup>2</sup>			2.34		6.86	1.01	7.93	4.78		2.98	1.07	2.83				20.82		1.49		2.80		55.61
108 Paramètre	-2.995		1.617		2.689	2.124	2.469	1.564		2.701	1.250	1.761				1.971		0.952		5.574		
E.T.	5.685		0.597		0.533	1.322	0.686	0.617		0.797	0.572	0.721				0.279		0.462		1.721		
Ordre			10		2	15	5	7		13	16											
Les 3 génot R <sup>2</sup>			1.32		5.01	0.92	2.70	2.56		1.61	0.70											
277 Paramètre	1.038		1.375		2.459	3.060	1.854	1.270		1.721	0.636											
E.T.	4.187		0.421		0.468	1.255	0.467	0.446		0.486	0.368											

**Légende** (pour la définition exacte des variables descriptives des facteurs limitants, voir tableau 2.7) :

*Intercept* : ou ordonnée à l'origine ; *retlv* : Retard à la levée ; *stmphv* : Somme des températures hivernales en base 0 ; *srglhv* : Somme des rayonnements globaux journaliers hivernaux ; *stdg* : Dégâts de gel (somme des températures minimales inférieures au seuil de résistance au froid de la variété) ; *frdtl* : Note visuelle de dégâts de gel pendant l'hiver ; *njss* : Nombre de jours secs successifs autour du stade épi 1cm ; *rgstem* : Quotient photothermique au début de la montaison ; *st25m* : Fortes températures à la méiose ; *innf* : Indice de nutrition azoté à la floraison ; *sti4* : Gel d'épis ; *st0f* : gel à la floraison ; *nj25lm* : Fortes températures en fin de remplissage des grains ; *orp* : Oidium pendant le remplissage ; *brp* : Rouille brune pendant le remplissage ; *sfrp* : Septoriose sur feuilles pendant le remplissage ; *merp* : Maladies de l'épi pendant le remplissage ; *mprp* : Maladies du pied pendant le remplissage.

traduit par une baisse de la part de variation expliquée (les  $R^2$  diminuent dans des proportions de 22 à près de 35% entre le réseau 1b et le réseau 1). La plus grande diversité de situations dans le réseau 1 augmente la diversité des facteurs limitants et réduit leur poids individuel. De ce fait, un certain nombre d'entre eux, non significatifs au seuil de 15%, n'apparaissent pas dans le diagnostic sur le réseau le plus complet. En ce sens, le réseau 1, qui comporte 5 années expérimentales, est trop vaste ou trop diversifié pour pouvoir effectuer une caractérisation précise des milieux. Cette tendance est confirmée dans les réseaux 2 et 3, bien que le nombre de milieux soit plus faible.

Dans notre étude, il n'est pas apparu que la prise en compte des plus petits sous-ensembles de milieux de chaque réseau (29 milieux pour le réseau 1b, 17 milieux pour le réseau 2b, 11 milieux pour le réseau 3b) ait empêché de mettre en évidence des facteurs limitants majeurs qui se seraient manifestés dans les ensembles plus grands (hormis les facteurs limitants qui sont directement liés à des conduites de culture spécifiques, comme la réduction de fertilisation azotée ou la suppression des traitements fongicides). En conséquence, on peut dire que nous n'avons pas atteint la taille ou la diversité de réseau minimales en-dessous desquelles le diagnostic agronomique ne parvient pas à identifier correctement les facteurs limitants les plus importants. Il faut tout de même garder à l'esprit que pour des raisons purement statistiques, un trop petit nombre de milieux limite par définition le nombre de variables explicatives qui pourront être introduites dans la régression linéaire multiple, et donc le nombre de facteurs limitants mis en évidence.

## **2. La diversité des milieux est-elle une chance ou un obstacle pour la mise en évidence des facteurs limitants ?**

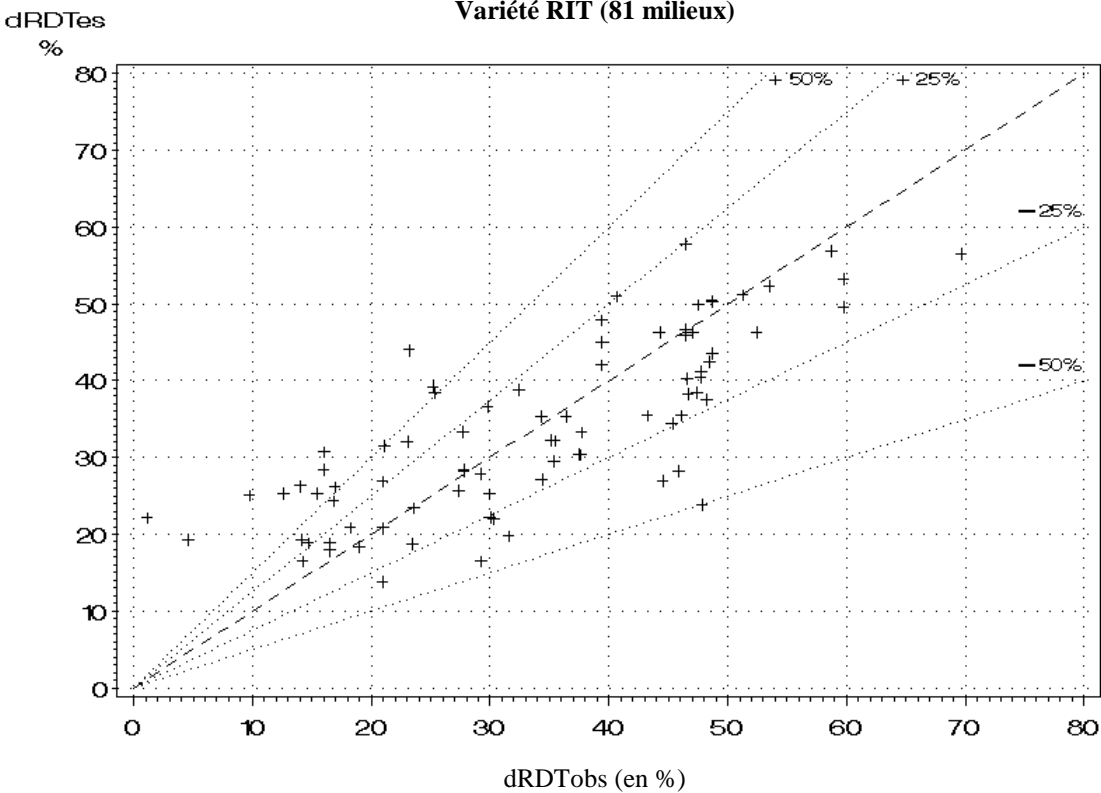
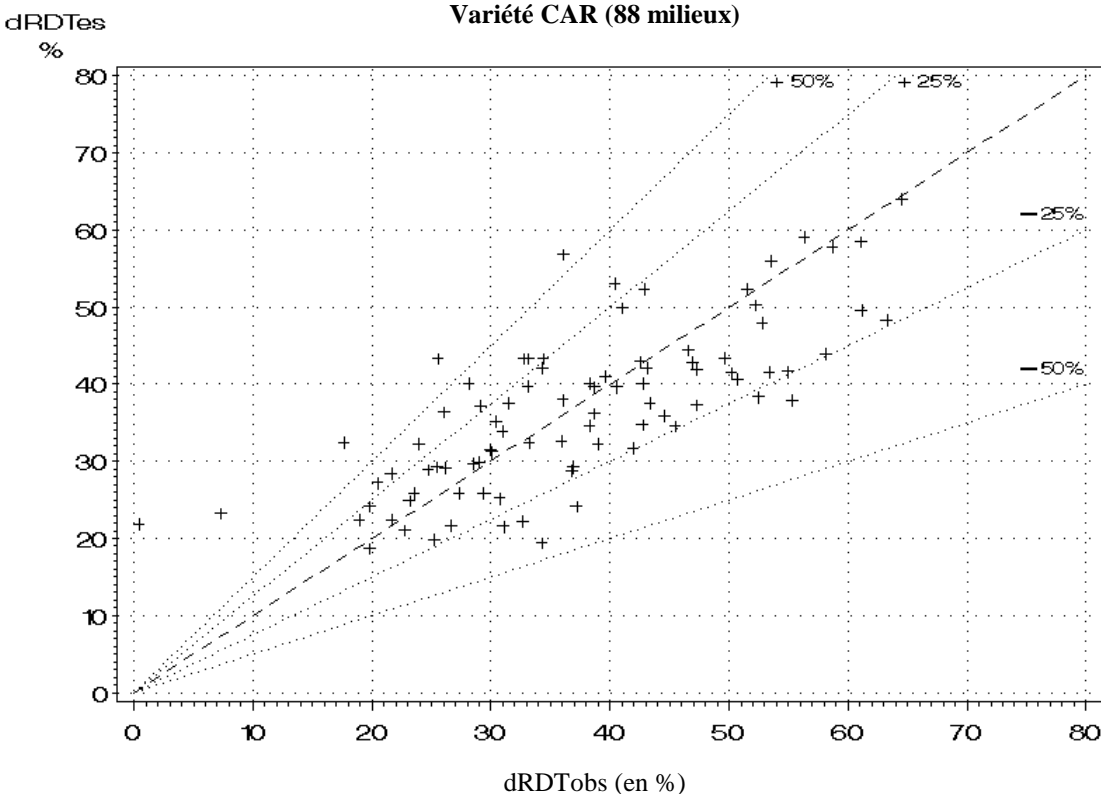
Nous avons constaté que le diagnostic parvient moins bien à mettre en évidence des facteurs limitants secondaires dans un réseau caractérisé par deux groupes de situations culturales très contrastés. Ainsi, la part de variation expliquée s'améliore entre le réseau 2 (tous les milieux du réseau GIEC5 - INRA de 1998 à 2002) et le réseau 2b (conduites "intensives" seulement). Ici, le poids très important des maladies pour expliquer les écarts entre conduites traitées et conduites non-traitées dans le réseau 2 masque le rôle des autres facteurs limitants, notamment ceux qui sont d'origine climatique (qui n'apparaissent que dans le réseau 2b). Il est toutefois probable que nous aurions obtenu un meilleur résultat dans le réseau 2 si nous avions disposé de tous les contrôles nécessaires pour décrire les situations avec réduction des intrants, notamment en ce qui concerne l'alimentation azotée. Les conduites "extensives" en effet introduisent à la fois une suppression des traitements fongicides et une réduction de la dose d'azote.

Dans le réseau 2b, le bon contrôle des maladies du feuillage et de l'épi par les traitements fongicides (mais pas des maladies du pied, toujours présentes dans les conduites "intensives"), a permis de mettre en évidence le rôle des facteurs climatiques, qui ont donc bien affecté aussi les milieux de l'ensemble du réseau 1.

Dans le même sens, concernant le réseau 3, la description des milieux est nettement améliorée quand on sépare les milieux par type de variation de conduite (par ex. conduite "intensive" et conduite avec réduction de la dose d'azote : réseau 3c ; ou conduite "intensive" et conduite sans traitement fongicide : réseau 3d). Dans ce réseau, comme dans le réseau 2, l'analyse montre qu'il peut être intéressant de déterminer d'abord les facteurs limitants qui sont essentiellement d'origine climatique en analysant les conduites "intensives" seules, puis de déterminer les facteurs limitants introduits par les variations de conduites culturales : azote quand on compare les conduites "intensives" et les conduites avec réduction de la dose d'azote, maladies quand on compare les conduites "intensives" et les conduites sans traitement fongicide. On peut aussi imaginer de maintenir volontairement dans la régression linéaire qui décrit les réseaux 3c et 3d les variables apparues dans le diagnostic du réseau 3b (milieux "intensifs" seulement), de façon à prendre en compte à la fois les facteurs limitants d'origine climatique et ceux qui ont été introduits par les variations de conduites culturales.

Une trop grande diversité de situations empêche donc de mettre en évidence des facteurs limitants dont le rôle n'est pas très important. Mais la méthode de diagnostic que nous avons développée repose sur la mise en relation des variations de rendement et des variations des variables qui décrivent les

**Figure 2.11.** Pertes de rendement estimées par le modèle général (dRDTes), en fonction des pertes de rendement observées (dRDTobs), pour chacun des 3 génotypes révélateurs communs aux différents réseaux.



facteurs limitants. De ce fait, elle nécessite une diversité de situations suffisante pour que les variables descriptives des facteurs limitants apparaissent. Et on peut penser que dans un réseau où tous les milieux seraient affectés d'une façon comparable par un facteur limitant important, par exemple une année où domine la sécheresse pendant la montaison, l'analyse risque de ne pas mettre en évidence ce facteur si son intensité n'est pas suffisamment variable entre milieux. Une façon de se prémunir de ce risque est de conduire la même évaluation sur deux années expérimentales, étant donné que le facteur année apparaît souvent comme la principale composante de l'effet du milieu (Lecomte *et al.*, 1993 ; Haji et Hunt, 1999 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 1999).

Il apparaît donc qu'un compromis est nécessaire entre la taille, ou la diversité du réseau, et la qualité du diagnostic : pour des raisons statistiques, un nombre et une diversité de milieux trop faibles risquent d'empêcher de mettre en évidence des facteurs limitants qui ont dominé partout ; en revanche, un nombre de milieux élevés accroît la diversité, mais risque d'entraîner la disparition de facteurs limitants secondaires, comme par exemple les facteurs limitants d'origine climatique par rapport à des facteurs limitants comme les maladies. Dans ce second cas, une solution peut être de réaliser des diagnostics emboîtés, en commençant par un sous-ensemble de milieux constitué par exemple des seuls essais conduits sur un mode "intensif" (réseaux 2b et 3b) ou pour un nombre d'années inférieur (réseau 1b), puis en introduisant volontairement dans le diagnostic sur le réseau plus vaste les facteurs limitants apparus dans le sous-ensemble de milieux restreint. De cette façon, on peut espérer sensiblement améliorer la précision du diagnostic quand la part de variation expliquée dans le réseau le plus important est peu élevée.

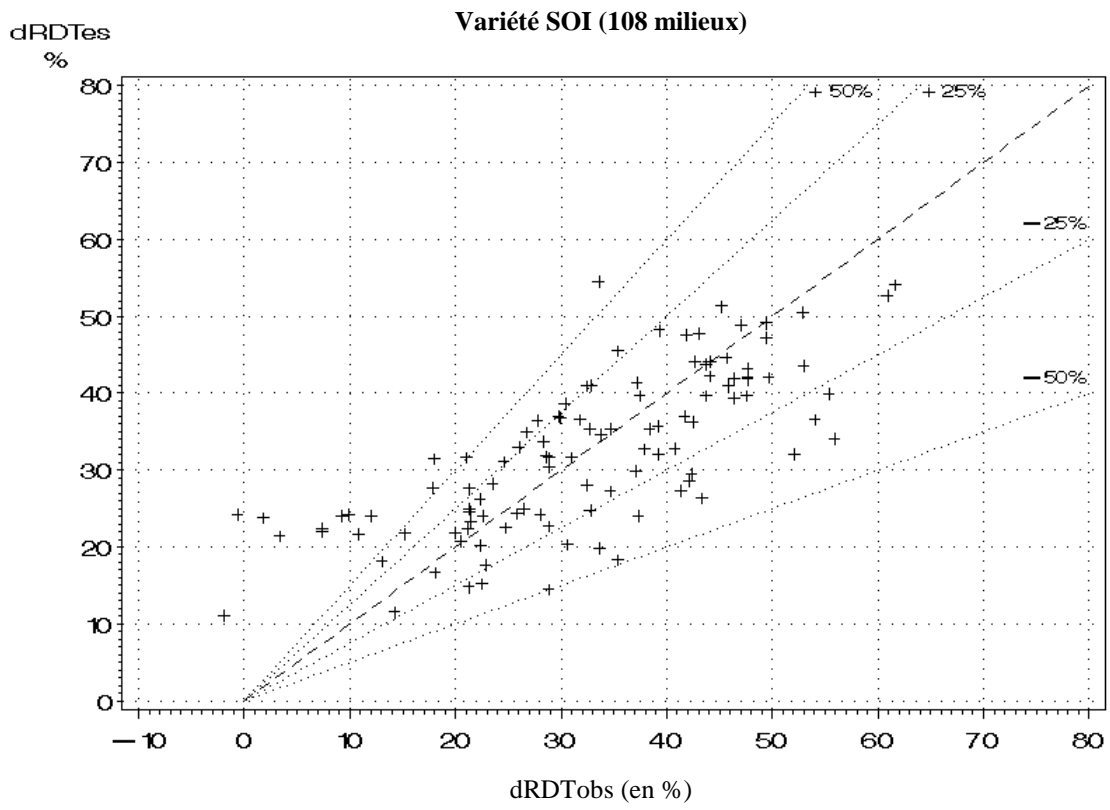
### **3. Peut-on utiliser le diagnostic agronomique réalisé sur un réseau pour caractériser d'autres situations expérimentales ?**

Nous avons constaté que, d'une façon générale, on perd en qualité de prévision dans un réseau quand on utilise le modèle de régression obtenu dans un autre réseau, mais cette dégradation est moins importante si la régression utilisée provient du diagnostic réalisé sur un réseau proche, ou qui englobe celui que l'on cherche à caractériser. La généralisation d'un diagnostic à d'autres situations expérimentales n'est donc fiable que pour des ensembles de milieux proches les uns des autres. Ainsi, un diagnostic "spécialisé", obtenu sur un ensemble de milieux particuliers est insuffisant pour décrire des milieux dans lesquels d'autres facteurs limitants ont eu un rôle important : les milieux "IN" du réseau 3 (réseau 3b) sont bien décrit par tous les diagnostics réalisés sur le réseau 3, mais inversement, le diagnostic obtenu sur le réseau 3b restreint donne une qualité de prévision plus faible dans les sous-ensembles de milieux plus diversifiés par les conduites culturales et les facteurs limitants. D'une façon générale, il apparaît donc que tout diagnostic réalisé sur un petit nombre d'essais peut plus difficilement être extrapolé à d'autres situations.

Mais nous avons également constaté que, si dans le diagnostic le plus global le poids de certains facteurs limitants est très fort, ce diagnostic peut être insuffisant pour caractériser un sous-ensemble de milieux dans lequel ces facteurs ne sont pas prépondérants : c'est ce que nous avons constaté dans le réseau 2 où le diagnostic global ne permet pas de caractériser correctement les seuls milieux "intensifs" du sous-réseau 2b. Nous avons constaté de plus, qu'un petit réseau se prête moins facilement à l'utilisation d'un diagnostic réalisé sur un autre réseau qu'un grand réseau. Ainsi, le réseau 1b est globalement moins bien décrit par les autres diagnostics que l'ensemble du réseau 1 et le réseau 2b est moins bien décrit que l'ensemble du réseau 2, car des grands réseaux ont plus de chances de mettre en évidence des facteurs limitants communs, ou dont l'existence est générale, que des petits réseaux.

Entre les différents diagnostics, quelques facteurs limitants communs apparaissent : maladies, sécheresse ou déficit hydrique pendant la montaison, carences en azote, quotient photothermique à différents moments de la montaison, fortes températures avant la floraison et en début ou fin de remplissage des grains. Mais certains sont plus marqués dans l'un des réseaux : par exemple, la sécheresse au début de la montaison dans les réseaux 1 et 1b, alors que le déficit hydrique pendant le remplissage des grains apparaît dans le réseau 3. Et on constate aussi que les paramètres affectés aux facteurs limitants peuvent être très différents d'un diagnostic à l'autre, ce qui se traduit par une baisse

Figure 2.11. (suite)





rapide de la qualité de la prévision des écarts de rendement quand on utilise les paramètres d'un diagnostic pour caractériser un autre réseau.

Dans l'état actuel des choses, il ne semble donc pas raisonnable de décrire une situation isolée sur la base d'un diagnostic effectué par ailleurs. Nous pensons néanmoins que ce résultat pourrait être amélioré en utilisant la méthode des diagnostics emboîtés, ou en recherchant une équation de régression plus générale qui inclurait des facteurs limitants majeurs, même s'ils n'apparaissent pas dans des diagnostics plus spécifiques.

#### **4. Peut-on obtenir une relation générale entre écarts de rendement et variables environnementales, qui serait valable pour toute situation expérimentale ?**

Le regroupement des 3 réseaux se traduit par une forte augmentation du nombre et de la diversité des milieux. Nous avons observé que, conformément aux conclusions présentées ci-dessus, le diagnostic global permet un moins bon ajustement entre les écarts de rendement estimés et les écarts de rendement observés, avec des valeurs de  $R^2$  qui se situent entre 55 et 62%. Il apparaît donc difficile d'établir par cette procédure une relation générale satisfaisante qui pourrait être appliquée à n'importe quelle situation expérimentale. On rejoint le constat de Landau *et al.* (2000), qui ont cherché à établir une telle relation entre le rendement et un ensemble de variables environnementales, et qui ont obtenu des corrélations de 0.52 et de 0.41 ( $R^2$  de 0.27 et 0.17) entre rendements observés et rendements prédits, sans distinction des génotypes, dans deux parties d'un vaste réseau d'essais anglais (563 essais dans le premier cas, servant à la mise au point du modèle, et 277 essais indépendants dans le second, pour tester la validité du modèle). Ces auteurs ont finalement considéré que le modèle leur permettant de décrire les causes de variation des rendements en Angleterre était spécifique des conditions dans lesquelles ils avaient travaillé et ne pouvait pas être extrapolé à d'autres pays. Nous avons obtenu de meilleures parts de variations expliquées, mais nos conclusions vont dans le même sens : la recherche d'une prédiction satisfaisante impose de faire un diagnostic dans chaque réseau expérimental nouvellement étudié.

Quand cela n'est pas possible, en particulier dans le cas où on cherche à caractériser un milieu isolé, il est préférable d'utiliser la relation obtenue avec le plus grand nombre de situations expérimentales, pour un génotype révélateur commun, sachant que la qualité de l'ajustement que l'on peut espérer sera de l'ordre de 60%. Une vérification de la qualité de la prévision reste toujours possible, en comparant les écarts de rendements observés et les écarts estimés.

Comme nous l'avons observé dans le réseau 1b (partie 2.3.1 p.87), il est préférable d'effectuer un diagnostic génotype par génotype, et non pas tous génotypes confondus. Avec le réseau le plus important, l'analyse simultanée de tous les génotypes permet d'obtenir une part de variation expliquée inférieure à 50%, et nous avons encore observé que des facteurs limitants spécifiques à tel ou tel génotype révélateur disparaissent dans le diagnostic général. Ainsi le regroupement des génotypes ne permet pas de tirer parti de leur complémentarité. Par suite, la caractérisation de milieux extérieurs à ceux qui ont permis d'effectuer le diagnostic devrait autant que possible s'appuyer sur les mêmes génotypes révélateurs.

### 2.3.3. Conclusion de la partie 2.3

Nous avons montré que notre méthode de diagnostic agronomique permettait d'identifier de façon satisfaisante les causes de limitation des rendements dans un réseau expérimental. Pour alléger le recueil des informations et pour obtenir des résultats rapidement, on peut restreindre l'analyse à la seule variable rendement. Les meilleurs ajustements entre écarts de rendement observés et écarts de rendement estimés (de 75 à 99.9%) sont obtenus :

- quand on analyse séparément les différents génotypes révélateurs, car cela permet de tirer parti de leur complémentarité en terme de sensibilité à différents facteurs limitants ;
- pour des réseaux expérimentaux qui comptent de 10 à 35 milieux expérimentaux environ ;
- en effectuant un diagnostic par réseau expérimental plutôt qu'en appliquant sur un réseau restreint un diagnostic agronomique général issu d'un réseau plus vaste.

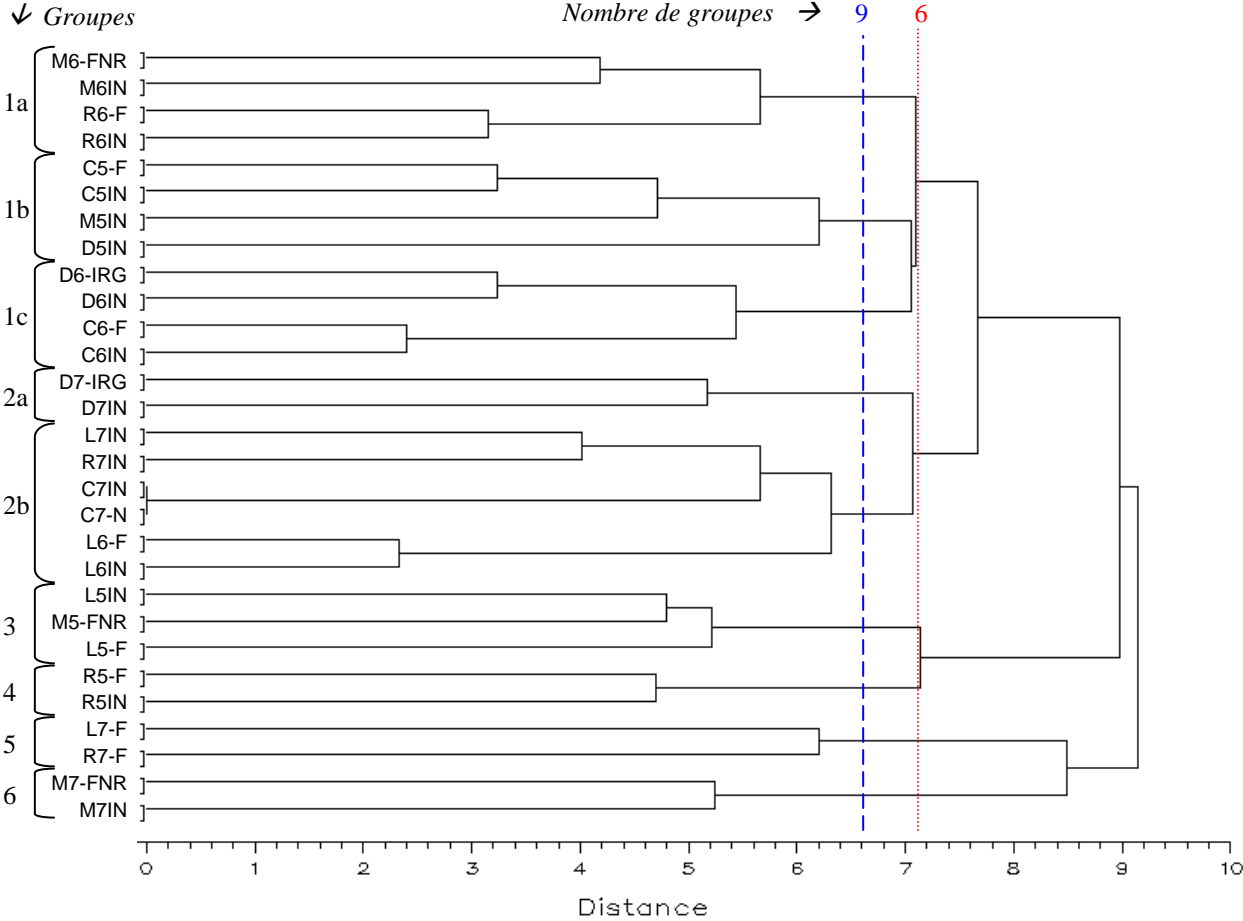
Pour des réseaux plus importants (jusqu'à une centaine d'essais), la qualité d'ajustement diminue (on obtient des parts de variation expliquées de l'ordre de 50 à 60%), car le rôle de facteurs limitants mineurs, dilués dans l'ensemble des essais, n'est pas mis en évidence. Mais l'équation de régression obtenue est plus apte à décrire des situations expérimentales isolées qui n'ont pas contribué au diagnostic. Cette possibilité devrait pouvoir être étendue en améliorant la qualité des variables explicatives, qui permettrait d'établir une relation générale, dans lequel des facteurs limitants qui jouent régulièrement un rôle dans les limitations de rendement seraient systématiquement introduits.

Au cours de notre étude, nous n'avons pas observé de limite inférieure au nombre de milieux en-dessous de laquelle la qualité du diagnostic se dégrade. Mais la taille du réseau sur lequel on effectue le diagnostic agronomique doit toutefois être suffisante, pour qu'il subsiste une diversité de situations permettant de mettre en évidence les facteurs limitants.

La possibilité de calculer la contribution des facteurs limitants aux pertes de rendement est un atout intéressant de notre démarche, pour caractériser les milieux par le poids relatif des différents facteurs limitants, ou pour comparer les différents milieux d'un réseau expérimental. A l'échelle d'un réseau qui compte un nombre d'années suffisant, cela donne la possibilité d'estimer la fréquence des différents facteurs limitants (ce que nous avons entrepris : voir annexe 9), et de mettre en évidence des contraintes dont le rôle est régulièrement sous-estimé. C'est le cas par exemple des défauts de rayonnement (rayonnement hivernal, au début de la montaison ou au début du remplissage des grains), de la sécheresse au début de la montaison, ou des fortes températures pendant le remplissage des grains. De telles études pourraient contribuer à élargir les recherches sur la génétique des résistances, qui, pour le blé tendre au sein du DGAP<sup>58</sup> de l'INRA, portent aujourd'hui essentiellement sur la résistance aux maladies et la tolérance aux carences en azote. Il est certain que l'amélioration de la stabilité des performances du blé tendre en France demanderait d'aborder dans ces programmes une plus grande diversité de contraintes.

<sup>58</sup> DGAP : Département de Génétique et d'Amélioration des Plantes, INRA.

**Figure 2.12.** Classification des milieux obtenue à partir des pertes de rendement dues à chacune des 20 variables descriptives des facteurs limitants qui ont été identifiés sur les 4 génotypes révélateurs (méthode "average" de la procédure "cluster" sous le logiciel SAS). Le code des milieux est indiqué dans le tableau 2.2 p.74.



## 2.4. Le diagnostic agronomique permet d'optimiser les réseaux expérimentaux

### Introduction

Optimiser les réseaux expérimentaux constitue une des préoccupations majeures des organismes qui conduisent l'évaluation des génotypes. Ceux-ci recherchent en effet une diversité de situations suffisamment grande pour prévoir et décrire le plus complètement possible la diversité des comportements des génotypes, tout en limitant les coûts expérimentaux, qui sont évidemment d'autant plus élevés que le réseau expérimental est important (partie 1.3.6.2 p.44 et note 39 p.45). Un compromis doit donc être trouvé entre la diversité des milieux et la taille des réseaux, la solution étant de choisir les milieux qui maximisent les différences de comportements des génotypes et d'éliminer les milieux qui s'avèrent trop proches les uns des autres en terme de comportement des génotypes.

Nous avons vu que le diagnostic des agronomique nous permettait de caractériser les milieux d'un réseau par la contribution des facteurs limitants aux pertes de rendement observées sur les génotypes révélateurs. Une classification des milieux pour l'ensemble des facteurs limitants devient alors possible, en vue d'établir des groupes de milieux dans lesquels les comportements génotypiques seront aussi homogènes que possible. Plutôt que de faire reposer cette classification sur les valeurs dans chaque milieu des variables descriptives des facteurs limitants qui sont apparues dans le diagnostic, nous avons choisi de nous appuyer sur les poids des différents facteurs limitants, calculés à l'issue du diagnostic à partir des variables précédentes et des paramètres issus de l'équation de régression. Cette solution intègre non seulement le nombre et la nature des variables explicatives des facteurs limitants apparus sur les génotypes révélateurs, mais aussi leur contribution aux pertes de rendement.

La qualité de la structuration peut être évaluée dans un modèle de structuration (voir partie 2.2.5 p.81, modèle 3) en comparant la variabilité décrite par les groupes de milieux et celle restant à l'intérieur des groupes. Plus la variabilité à l'intérieur des groupes est faible, alors que la variabilité entre groupes est élevée, plus la structuration peut être considérée comme efficace (Liang *et al.*, 1966). Nous pourrions aussi comparer la qualité de la structuration obtenue avec une autre structuration *a priori*, définie par les sites expérimentaux, les années et les conduites culturales (modèle 2 de la partie 2.2.5).

Une des hypothèses de base de notre travail est que la caractérisation des milieux obtenue par le biais d'un diagnostic permet de décrire la diversité des facteurs limitants qui affectent l'ensemble des génotypes expérimentés. Si cette hypothèse est vérifiée, la structuration des milieux obtenue sur la base du diagnostic agronomique doit nous permettre de regrouper les milieux qui induisent des comportements génotypiques comparables, non seulement pour les génotypes révélateurs, mais également pour tous les autres génotypes évalués. Nous comparerons donc l'efficacité de la décomposition de l'effet milieu dans l'analyse de variance (effet "groupe de milieux" ou variabilité inter-groupe, et "reste de l'effet milieu" ou variabilité intra-groupe) quand on s'intéresse aux seuls génotypes révélateurs d'une part, et quand on s'intéresse à l'ensemble des génotypes expérimentés d'autre part. Cette étude ne concerne que le réseau 1b (voir partie 2.2.1 p.74, "Réseaux expérimentaux").

### Résultats

#### 1. Classification des milieux expérimentaux

La classification que nous avons obtenue à partir des pertes de rendement dues aux différentes variables descriptives des facteurs limitants est présentée sur la figure 2.12. On constate que, dans la majorité des cas, les deux conduites culturales d'un même site expérimental sont regroupées en premier, ce qui montre le poids important des facteurs climatiques dans la caractérisation des milieux.

**Tableau 2.16.** Analyses de variance du rendement à 0% d'humidité, effectuées dans le réseau 1b, sur les seuls génotypes révélateurs et sur l'ensemble des génotypes.

**4 génotypes révélateurs**

Source	ddl	Somme de carrés	% (1)	% effet (2)	Carré moyen	F	Pr > F
Modèle	143	47778.1			334.1	25.2	<.0001
Gen	3	5238.4	11.0		1746.1	131.8	<.0001
Milieu	28	38891.8	81.4	100	1389.0	104.8	<.0001
Site	4	7722.2		19.9	1930.6	145.7	<.0001
Année	2	10099.1		26.0	5049.6	381.0	<.0001
Conduite	4	8594.8		22.1	2148.7	162.1	<.0001
Rep(milieu)	28	431.8	0.9		15.4	1.2	0.293
Gen*Milieu	84	3216.1	6.7	100	38.3	2.9	<.0001
Gen*Site	12	725.0		22.5	60.4	4.6	<.0001
Gen*Année	6	910.5		28.3	151.8	11.5	<.0001
Gen*Cond	12	186.1		5.8	15.5	1.2	0.318
Erreur	83	1100.0			13.3		
<b>Coef de détermination (R<sup>2</sup>)</b>		<b>Coef de variation</b>	<b>Ecart-type résiduel</b>		<b>Rdts moyen</b>		
97.7		4.99	3.64		72.99		

**Tous les génotypes**

Source	ddl	Somme de carrés	% (1)	% effet (2)	Carré moyen	F	Pr > F
Modèle	376	104643.5			278.3	24.8	<.0001
Gen	11	9062.5	8.7		823.9	73.5	<.0001
Milieu	28	79266.0	75.8	100	2830.9	252.6	<.0001
Site	4	24697.4		31.2	6174.4	550.9	<.0001
Année	2	21610.3		27.3	10805.2	964.1	<.0001
Conduite	4	14341.8		18.1	3585.5	319.9	<.0001
Rep(milieu)	29	1276.1	1.2		44.0	3.9	<.0001
Gen*Milieu	308	15038.8	14.4	100	48.8	4.4	<.0001
Gen*Site	44	4251.1		28.3	96.6	8.6	<.0001
Gen*Année	22	1770.3		11.8	80.5	7.2	<.0001
Gen*Cond	44	1666.8		11.1	37.9	3.4	<.0001
Erreur	302	3384.7			11.2		
<b>Coef de détermination (R<sup>2</sup>)</b>		<b>Coef de variation</b>	<b>Ecart-type résiduel</b>		<b>Rdts moyen</b>		
96.9		4.52	3.34		74.12		

(1) : en % de la variation expliquée par le modèle

(2) : en % de la variation due à l'effet correspondant (milieu ou Interaction G x M)

On observe tout de même quelques exceptions (comme L7IN regroupé avec R7IN, L5IN avec M5-FNR, L7-F avec R7-F), mais dans ce cas, les deux essais regroupés sont issus de la même année expérimentale. Quelques essais sont isolés : M5IN, D5IN, L5-F. On peut remarquer une tendance à un regroupement des essais par année d'évaluation : quand on fixe la limite à la classification à 9 groupes de milieux, seul le groupe 2b rassemble des milieux de deux années culturelles différentes. Cela montre l'importance de l'année expérimentale dans la manifestation des facteurs limitants. Selon la limite au regroupement que l'on fixe sur le dendrogramme, on observe également que des milieux très distants géographiquement peuvent figurer dans le même groupe. C'est le cas des milieux C5-F et C5IN, regroupés avec M5IN et D5IN (ils constituent le groupe 1b quand on arrête la classification à 9 groupes de milieux), et les milieux L7 et R7 sont regroupés par conduites culturelles, non par site expérimental (L7IN et R7IN appartiennent au groupe 2b, avec les essais C7-N, C7IN, L6-F et L6IN, alors que L7-F et R7-F constituent seuls le groupe 5).

## 2. Résultats des différents modèles de structuration de l'effet principal milieu et de l'interaction

La classification présentée au § précédent permet de définir différents groupes de milieux selon la limite que l'on fixe dans le dendrogramme. Nous avons analysé les rendements à 0% d'eau des 4 géotypes révélateurs d'une part, et de l'ensemble des géotypes d'autre part, avec un modèle interactif complet (modèle 1 présenté dans la partie 2.2.5 p.81), puis avec un modèle de structuration permettant de décomposer l'effet milieu en effets site, année et conduite (pour l'effet principal et pour l'interaction : modèle 2), et enfin avec un second modèle de structuration (modèle 3) permettant de tester tous les groupes de milieux possibles, de 1 (pas d'effet milieu) à 29 (les groupes de milieux sont constitués des milieux individuels). Les résultats des analyses de variance par le premier modèle de structuration, correspondant aux deux groupes de géotypes, sont présentés dans le tableau 2.16, et les carrés moyens associés aux effets "groupes de milieux" et "reste de l'effet milieu" pour l'effet principal milieu et pour l'interaction dans le second modèle de structuration sont présentés dans le tableau 2.17.

Pour les deux analyses, sur les géotypes révélateurs et sur l'ensemble des géotypes, le modèle d'analyse de variance est très explicatif (on obtient des  $R^2$  de 97.7 et 96.9% respectivement). L'effet principal milieu est très important (81.4 et 75.8% de la variation totale expliquée par les 2 modèles), dû principalement à l'année culturelle quand on analyse les 4 géotypes révélateurs seuls, et au site quand on s'intéresse à tous les géotypes. L'effet géotype est un peu plus important pour les 4 géotypes révélateurs (11% de la variation) que pour l'ensemble des géotypes (8.7%), alors que l'interaction est au contraire plus importante pour l'ensemble des géotypes (14.4%) que pour les 4 géotypes révélateurs seuls (6.7%). Tous les effets sont hautement significatifs, sauf l'interaction géotype x conduite pour l'analyse des 4 géotypes révélateurs seuls.

Sur la figure 2.13, nous avons représenté l'évolution de la part de variation de l'effet principal et de l'interaction expliquée par les groupes de milieu (somme des carrés des écarts due aux groupes de milieux, en % de l'effet correspondant), en fonction du nombre de groupes de milieux. La droite qui figure en pointillé correspond à l'égalité des carrés moyens de l'effet inter-groupe et de l'effet intra-groupe. On constate logiquement une augmentation de la part de l'effet principal milieu et de l'interaction expliquée par les groupes de milieu avec l'augmentation du nombre de groupes de milieu. L'effet du regroupement est hautement significatif pour l'effet principal et pour l'interaction à toutes les étapes de la structuration (tableau 2.17).

Dans l'analyse des 4 géotypes révélateurs seuls, on constate qu'à tous les niveaux de structuration, la part de variation de l'effet principal milieu et de l'interaction expliquée par les groupes de milieu est supérieure à la part restante à l'intérieur des groupes (les carrés moyens associés aux groupes de milieu sont supérieurs aux carrés moyens associés au reste de l'effet milieu). L'efficacité de la structuration, visualisée par l'écart à la droite correspondant à l'égalité des carrés moyens sur la figure 2.13, est la plus importante pour 5 groupes pour l'effet principal milieu et pour 6 groupes pour l'interaction, puis diminue régulièrement avec le nombre de groupes de milieu. Trois groupes de milieu permettent déjà d'expliquer 51% de l'effet principal milieu et 34% de l'interaction (50% de la variation totale). Neuf groupes de milieu expliquent plus de 50% de l'interaction (54% exactement, alors qu'on explique déjà 66% de l'effet principal milieu et 65% des deux effets cumulés). Pour un

**Tableau 2.17.** Carrés moyens des effets principaux "groupes de milieux" et "reste de l'effet milieu", et des interactions correspondantes, en fonction du nombre de groupes de milieux (*ns* : non significatif au seuil de 5%, \* : significatif au seuil de 5%, \*\* : significatif, au seuil de 1%).

Analyse des 4 géotypes révélateurs								Analyse de l'ensemble des géotypes									
Effet principal milieu				Interaction				Effet principal milieu				Interaction					
Nombre de groupes	CM groupe	CM reste		CM groupe	CM reste			Nombre de groupes	CM groupe	CM reste		CM groupe	CM reste				
2	8586.3	**	1122.4	**	100.7	**	36.0	**	2	19258.7	**	2222.5	**	48.8	**	48.8	**
3	9896.7	**	734.6	**	181.4	**	27.3	**	3	22580.2	**	1311.8	**	88.3	**	45.8	**
4	6598.6	**	763.8	**	124.7	**	27.9	**	4	15145.5	**	1353.2	**	68.1	**	46.5	**
5	6244.7	**	579.7	**	111.6	**	26.1	**	5	14447.1	**	894.9	**	71.2	**	45.1	**
6	4996.5	**	604.8	**	103.8	**	24.0	**	6	11625.2	**	919.1	**	75.9	**	42.9	**
7	4205.8	**	620.8	**	86.6	**	25.1	**	7	9689.6	**	960.4	**	71.6	**	42.6	**
8	3672.1	**	628.0	**	74.7	**	26.2	**	8	8357.2	**	988.8	**	66.3	**	43.0	**
9	3213.1	**	659.3	**	72.8	**	24.5	**	9	7360.3	**	1019.2	**	65.4	**	42.2	**
10	2857.8	**	693.3	**	66.3	**	25.0	**	10	6562.2	**	1063.5	**	63.2	**	42.0	**
11	2613.0	**	709.0	**	65.8	**	23.0	*	11	5977.3	**	1082.9	**	59.3	**	43.0	**
12	2414.5	**	725.5	**	60.3	**	24.0	**	12	5478.3	**	1117.9	**	56.6	**	43.8	**
13	2288.6	**	714.3	**	57.3	**	24.0	**	13	5102.3	**	1127.4	**	56.0	**	43.5	**
14	2189.6	**	695.2	**	55.6	**	23.2	*	14	4875.7	**	1058.8	**	55.0	**	43.5	**
15	2057.0	**	721.0	**	53.9	**	22.7	*	15	4584.7	**	1077.1	**	53.2	**	44.5	**
16	2070.8	**	602.3	**	53.7	**	20.5	*	16	4400.4	**	1020.0	**	55.1	**	41.6	**
17	2035.0	**	527.6	**	50.5	**	22.0	*	17	4232.3	**	962.4	**	54.6	**	41.1	**
18	1929.3	**	554.0	**	48.2	**	23.0	*	18	4023.0	**	988.7	**	52.5	**	43.1	**
19	1844.5	**	569.1	**	48.3	**	20.2	ns	19	3801.5	**	1084.0	**	53.5	**	40.4	**
20	1748.2	**	630.6	**	46.4	**	21.2	ns	20	3678.4	**	1041.9	**	58.6	**	28.1	**
21	1676.8	**	669.4	**	45.0	**	21.5	ns	21	3539.7	**	1059.1	**	56.5	**	29.5	**
22	1625.5	**	679.3	**	43.2	**	23.4	*	22	3461.3	**	939.7	**	54.3	**	32.4	**
23	1590.3	**	650.8	**	41.6	**	26.0	*	23	3385.9	**	796.0	**	53.2	**	32.9	**
24	1535.1	**	717.0	**	43.9	**	12.3	ns	24	3255.7	**	877.1	**	52.3	**	32.8	**
25	1471.2	**	895.8	**	43.1	**	9.2	ns	25	3121.6	**	1087.0	**	50.7	**	37.5	**
26	1551.2	**	37.4	*	42.1	**	6.9	ns	26	3154.1	**	137.7	**	53.6	**	9.3	ns
27	1491.8	**	52.8	*	40.9	**	4.2	ns	27	3037.7	**	143.2	**	51.8	**	10.0	ns
28	1440.4	**	0.2	ns	39.6	**	3.4	ns	28	2935.8	**	0.03	ns	50.2	**	10.4	ns

faible nombre de groupes de milieux (jusqu'à environ 10 groupes), l'efficacité de la structuration est plus importante pour l'effet principal milieu que pour l'interaction. Au-delà, l'efficacité est comparable pour les deux effets.

Quand on s'intéresse à l'analyse sur tous les génotypes (graphique inférieur), on constate que la structuration est plus efficace pour expliquer l'effet principal milieu que pour expliquer l'interaction : 5 groupes de milieux permettent déjà d'expliquer 73% de l'effet principal milieu, alors qu'ils n'expliquent que 21% de l'interaction. Il faut 14 groupes de milieux pour expliquer plus de 50% de l'interaction (alors que ce même nombre de groupes de milieux permet d'expliquer 80% de l'effet principal milieu), et il faut 20 groupes pour expliquer au moins 75% de l'interaction. Mais cette structuration reste efficace pour les deux effets puisqu'à toutes les étapes, la variation entre groupes de milieux, exprimée par son carré moyen, est supérieure à la variation restant à l'intérieur des groupes de milieux (tableau 2.17).

Quand on compare les deux types de structuration *a priori*, celle qui résulte de la répartition des milieux en site, année ou conduite expérimentale, et celle qui résulte de la classification des milieux sur les facteurs limitants identifiés sur les génotypes révélateurs, on constate qu'à tous les degrés de structuration qui correspondent aux mêmes degrés de liberté (pour 3, 5, 7 ou 9 groupes de milieux), la deuxième structuration est toujours plus efficace que la première, quand celle-ci repose sur le site expérimental, l'année ou la conduite, séparément (tableau 2.18). Si les trois critères sont cumulés, la comparaison avec le modèle de structuration comportant 11 groupes de milieux (ce qui correspond à 10 degrés de liberté, comme le cumul des effets site, année et conduite), l'efficacité des deux structururations est comparable quand on s'intéresse aux 4 génotypes révélateurs (respectivement 67.9 et 67.2% de la variation expliquée pour l'effet principal milieu, 56.6 et 61.3% de l'interaction, soit 67.1 et 66.7% pour la somme des deux effets). La structuration en groupes de milieux est légèrement moins efficace quand on s'intéresse à l'ensemble des génotypes, ceci résultant d'une moins bonne décomposition de l'interaction (respectivement 76.5 et 75.4% pour l'effet principal milieu, 51.1 et 43.4% pour l'interaction, soit 72.5 et 70.3% pour les deux effets cumulés).

### 3. Classement des génotypes dans les différents groupes de milieux

La figure 2.14 illustre les résultats de la structuration en 9 groupes sur le classement des génotypes révélateurs et des autres génotypes, pour les groupes constitués de plus de 2 milieux (groupes 1, 2, 3, 5, et 6 ; l'ensemble de ces graphes, pour la structuration en 6 ou 9 groupes, est présenté en annexe 11). Pour les génotypes révélateurs, on constate que l'évolution des rendements entre les milieux est globalement assez parallèle, même si des comportements individuels différents sont visibles : par exemple SOI dans le groupe 2 (milieu C5IN) et dans le groupe 5 (milieu R7IN), ou RIT dans le groupe 3 (milieu D6IN) et dans une moindre mesure dans le groupe 5.

Pour les autres génotypes, les évolutions des rendements sont plus contrastées et plusieurs inversions de classements sont visibles, par exemple V401, V402, V409 dans le groupe 1 (entre les milieux M6IN et R6-F) et dans le groupe 5, D404 dans le groupe 2 (entre les milieux C5IN et M5IN), D428 dans le groupe 3 (entre les milieux D6IN et C6-F), D404, V409 et VIR dans le groupe 6.

### 4. Caractérisation des groupes de milieux par les facteurs limitants du rendement

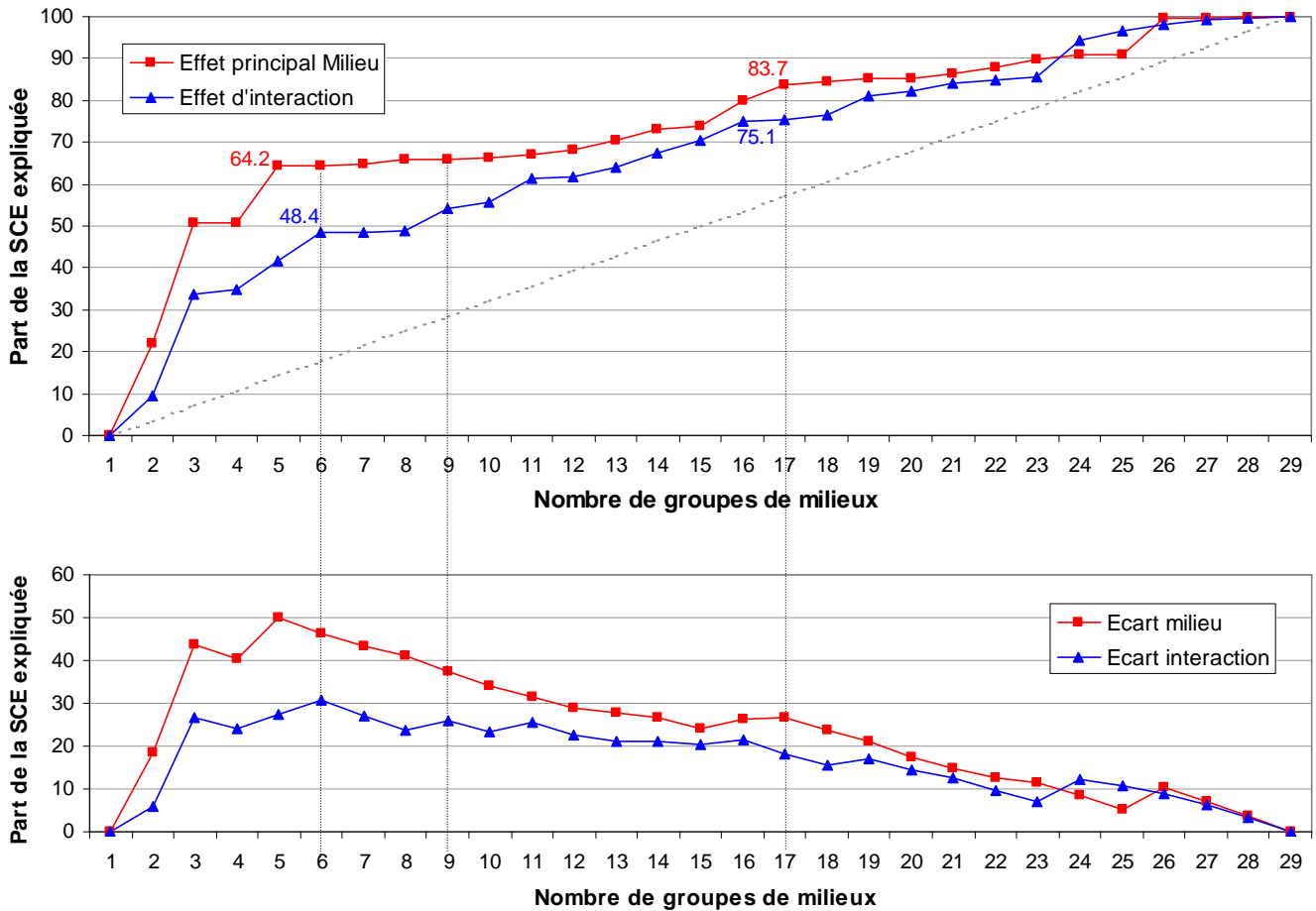
Nous avons cherché à relier les différents groupes de milieux avec les variables décrivant les facteurs limitants au moyen d'une analyse en composantes principales (ACP), dans le cas de 6 groupes de milieux et dans le cas de 9 groupes de milieux. Pour 6 groupes de milieux, les axes 1 et 2 de l'ACP des caractéristiques environnementales représentent respectivement 43.0 et 23.5% de la variation, soit 66.5% cumulés, et les axes 3 et 4 expliquent respectivement 15.4 et 12.1% de la variation (figures 2.15a, 2.15b, et annexe 11).

L'axe 1 permet d'opposer d'une part, sur la gauche, les facteurs limitants : carence en azote pendant la montaison (*rbetaa*), sécheresse au début de la montaison (*njssb*), faibles sommes de températures hivernales (*stmphvc*) et sécheresse à la fin de la montaison (*spetpmfa*), et d'autre part, sur la droite : les

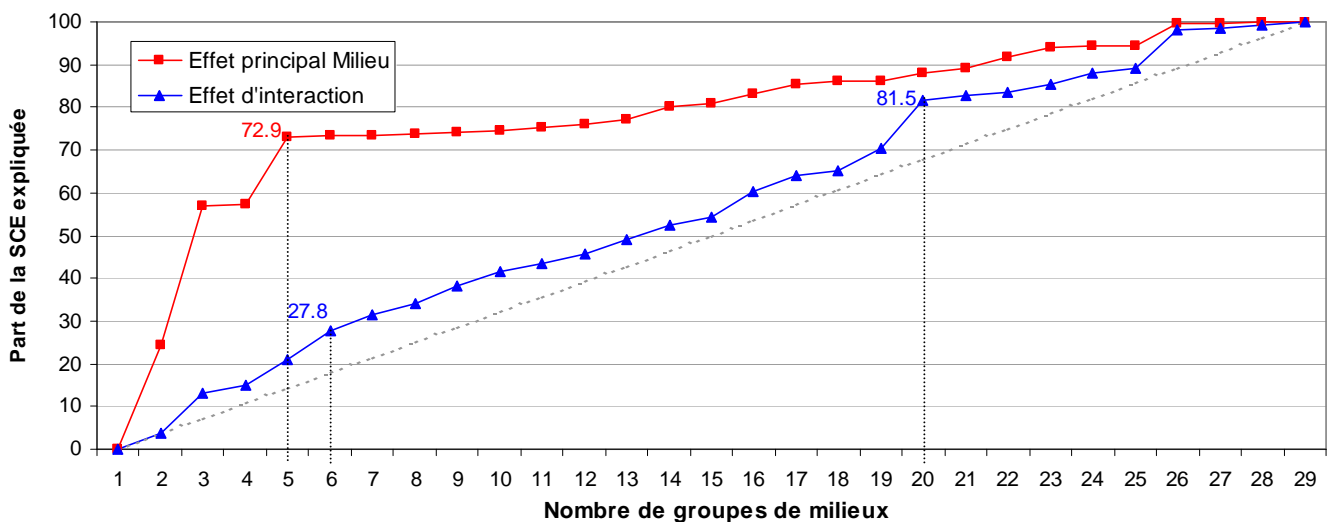


**Figure 2.13.** Part en % de la somme des carrés des écarts de l'effet principal milieu et de l'interaction expliquée par la variation entre groupes de milieux, en fonction du nombre de groupes de milieux. La droite en pointillés correspond à l'égalité des carrés moyens des groupes de milieux et du reste de l'effet des milieux. Le deuxième graphe, pour les génotypes révélateurs, montre l'écart des courbes à cette droite.

**1- Analyse sur les génotypes révélateurs seulement.**



**2- Analyse sur l'ensemble des génotypes.**



fortes températures en fin de remplissage des grains (*st25lmb* et *nj25lma*), la rouille brune et la septoriose pendant le remplissage des grains (*brpc* et *sfrpa*), et l'excès d'eau hivernal (*xeauhvc*). Selon cet axe, on trouve sur la gauche les groupes 2 et 6 et sur la droite les groupes 3 et 4 (figure 2.15a).

L'axe 2 est décrit par l'opposition entre, en haut du graphe, les fortes températures entre épiaison et floraison (*nj25efc*) et au début du remplissage des grains (*nj25flb*), le déficit hydrique au début de la montaison (*sdfemd*), le gel hivernal (*njdga*) et les faibles quotients photothermiques pendant les 30 jours qui précèdent la floraison (*rgstf30a*), et en bas du graphe, les faibles rayonnements au début du remplissage des grains (*srglflld*), la sécheresse en fin de montaison (*spetpmfa*) et dans une moindre mesure les maladies de l'épi (*merpa*). Les groupes qui s'opposent selon cet axe sont le groupe 1, situé en haut du graphe, et les groupes 5 et 6, situés dans la partie inférieure gauche du graphe.

L'axe 3 permet de séparer les groupes 3 et 4 qui se trouvaient regroupés à droite de l'axe 1 (figure 2.15b). Il est caractérisé par une opposition entre, à gauche du graphe, les faibles quotients photothermiques pendant les 30 jours qui précèdent la floraison (*rgstf30a*) et les faibles rayonnements au début du remplissage des grains (*srglflld*), où se situe le groupe de milieux n°3, et sur la droite du graphe, les fortes températures à la méiose (*nj25ma*), les faibles rayonnements à la méiose (*nji10mc*) et le gel d'épi (*st0fc*), où se retrouve le groupe de milieux n°4.

L'axe 4 permet de séparer les groupes de milieux n°5 et 6. Il est caractérisé essentiellement par l'opposition entre l'oidium pendant le remplissage des grains (*orpc*) en haut du graphe (groupe 5) et les maladies de l'épi (*merpa*) en bas du graphe (groupe 6).

Nous pouvons donc caractériser les différents groupes de milieux par des facteurs limitants dominants (voir tableaux des corrélations entre variables, individus et axes de l'ACP en annexe 11) :

- Le **groupe 1** est constitué de milieux parmi les moins affectés par les facteurs limitants dans le réseau (R6, C5, C6). Dans le groupe 1.a (R6 et M6), la sécheresse au début de la montaison (*njssb*) et les faibles rayonnements au début du remplissage des grains (*srglflld*) ont un poids plus faible que dans les autres milieux. Dans le groupe 1.b (C5, M5IN et D5IN), *njssb* joue également très faiblement, mais *srglflld* est plus marqué que dans le groupe précédent, et les fortes températures à la méiose (*nj25ma*) ont également joué un rôle dans les milieux C5 et D5. Le sous-groupe 1.c (C6 et D6) se caractérise par des fortes températures au début du remplissage des grains (*nj25flb*), et les deux milieux C6 sont les seuls milieux à présenter du gel hivernal (*njdga*).

- Le **groupe 2** est caractérisé globalement par des faibles températures hivernales (*stmphvc*) et par des fortes températures entre épiaison et floraison (*nj25efc*). Dans le sous-groupe 2.a (D7IN et D7-IRG), on observe le facteur limitant azote (*rbetaa*). Le nombre de jours chauds entre l'épiaison et la floraison (*nj25efc*) ainsi que le déficit hydrique au début de la montaison (*sdfemd*) sont également plus marqués que dans le sous-groupe 2.b, alors que la sécheresse au début de la montaison (*njssb*) l'est moins. Dans le sous-groupe 2.b (L7IN, R7IN, C7, L6) les faibles températures hivernales (*stmphvc*) et la sécheresse au début de la montaison (*njssb*) ont un rôle plus important que dans le sous-groupe 2.a.

- Le **groupe 3** (L5IN, M5-FNR, L5-F) est caractérisé par les fortes températures en fin de remplissage (*nj25lma* et *st25lmb*), ainsi que par un fort degré d'attaques parasitaires pendant le remplissage : oidium (*orpa*), rouille brune (*brpc*), et septoriose (*sfrpa*). Il se distingue du groupe 4 par le rôle plus marqué des faibles rayonnements au début du remplissage (*srglflld*), et du faible quotient photothermique pendant la montaison (*rgstf30a*).

- Le **groupe 4** (R5-F et R5IN) présente les mêmes facteurs limitants (*nj25lma* et *st25lmb*, *orpa*, *brpc*, *sfrpa*), mais il se distingue du groupe 3 par des conditions de fin de montaison plus défavorables : fortes températures à la méiose (*nj25ma*), faibles rayonnements à la méiose (*nji10mc*) et gel d'épis (*st0fc*) ont une contribution plus forte.

- Le **groupe 5** (L7-F et R7-F) est caractérisé par une forte sécheresse au début de la montaison (*njssb*), et un rôle marqué des faibles rayonnements au début du remplissage (*srglflld*) et de l'oidium pendant le remplissage des grains (*orpa*). Le milieu R7-F présente en outre une forte présence de septoriose pendant le remplissage (*sfrpa*).

- Le **groupe 6** (M7-FNR et M7-F) est caractérisé par la sécheresse en fin de montaison (*spetpmfa*), et par les maladies de l'épi (*merpa*), ainsi qu'une forte sécheresse au début de la montaison (*njssb*).

On constate une nouvelle fois le rôle de l'année expérimentale dans la manifestation des facteurs limitants : les groupes 3, 4 et une partie du groupe 1 (le groupe 1b), correspondent à tous les milieux

**Tableau 2.18.** Comparaison à même nombre de degrés de liberté de l'efficacité des structurations *a priori* par le site, l'année et la conduite de culture, et par la classification sur les facteurs limitants du milieu, pour les génotypes révélateurs et pour l'ensemble des génotypes.

	Effet principal				Interaction				Somme	
	ddl	% ddl Milieu	SCE	% SCE Milieu	ddl	% ddl IGM	SCE	% SCE IGM	% SCE Mil+IGM	
<b>4 génotypes révélateurs</b>	Année	2	7.1	10099.15	26.0	6	7.1	910.51	28.3	26.1
	3 groupes	2	7.1	19793.46	<b>50.9</b>	6	7.1	1088.64	<b>33.8</b>	<b>49.6</b>
	Site	4	14.3	7722.23	19.9	12	14.3	724.99	22.5	20.1
	Conduite	4	14.3	8594.78	22.1	12	14.3	186.11	5.8	20.9
	5 groupes	4	14.3	24978.95	<b>64.2</b>	12	14.3	1339.48	<b>41.6</b>	<b>62.5</b>
	An+Site	6	21.4	17821.38	45.8	18	21.4	1635.50	<b>50.9</b>	46.2
	An+Cond	6	21.4	18693.93	48.1	18	21.4	1096.61	34.1	47.0
	7 groupes	6	21.4	25234.68	<b>64.9</b>	18	21.4	1559.41	48.5	<b>63.6</b>
	Site+Cond	8	28.6	16317.01	42.0	24	28.6	911.10	28.3	40.9
	9 groupes	8	28.6	25705.01	<b>66.1</b>	24	28.6	1746.99	<b>54.3</b>	<b>65.2</b>
	An+St+Cond	10	35.7	26416.16	<b>67.9</b>	30	35.7	1821.60	56.6	<b>67.1</b>
11 groupes	10	35.7	26129.77	67.2	30	35.7	1972.71	<b>61.3</b>	66.7	
<b>Tous génotypes</b>	Année	2	7.1	21610.30	27.3	22	7.1	1770.28	11.8	24.8
	3 groupes	2	7.1	45160.37	<b>57.0</b>	22	7.1	1943.50	<b>12.9</b>	<b>49.9</b>
	Site	4	14.3	24697.42	31.2	44	14.3	4251.10	<b>28.3</b>	30.7
	Conduite	4	14.3	14341.76	18.1	44	14.3	1666.80	11.1	17.0
	5 groupes	4	14.3	57788.29	<b>72.9</b>	44	14.3	3134.92	20.8	<b>64.6</b>
	An+Site	6	21.4	46307.72	58.4	66	21.4	6021.38	<b>40.0</b>	55.5
	An+Cond	6	21.4	35952.06	45.4	66	21.4	3437.08	22.9	41.8
	7 groupes	6	21.4	58137.77	<b>73.3</b>	66	21.4	4724.57	31.4	<b>66.7</b>
	Site+Cond	8	28.6	39039.18	49.3	88	28.6	5917.90	<b>39.4</b>	47.7
	9 groupes	8	28.6	58882.41	<b>74.3</b>	88	28.6	5752.31	38.2	<b>68.5</b>
	An+St+Cond	10	35.7	60649.48	<b>76.5</b>	110	35.7	7688.18	<b>51.1</b>	<b>72.5</b>
11 groupes	10	35.7	59773.05	75.4	110	35.7	6528.02	43.4	70.3	

de l'année 1995 (figure 2.12). Sur le graphe de l'ACP, ils sont proches les uns des autres, à droite de la figure de l'axe 1 (figure 2.15a et annexe 11). Les milieux correspondant à l'année 1996 (reste du groupe 1 : 1a et 1c) sont situés au centre et dans la partie supérieure du graphe des axes 1 et 2 de l'ACP, et les milieux correspondant à l'année 1997 sont situés à gauche et dans la partie inférieure de la figure (groupes 2, 5 et 6).

## Discussion

### 1. Efficacité de la classification des milieux basée sur les variables issues du diagnostic agronomique

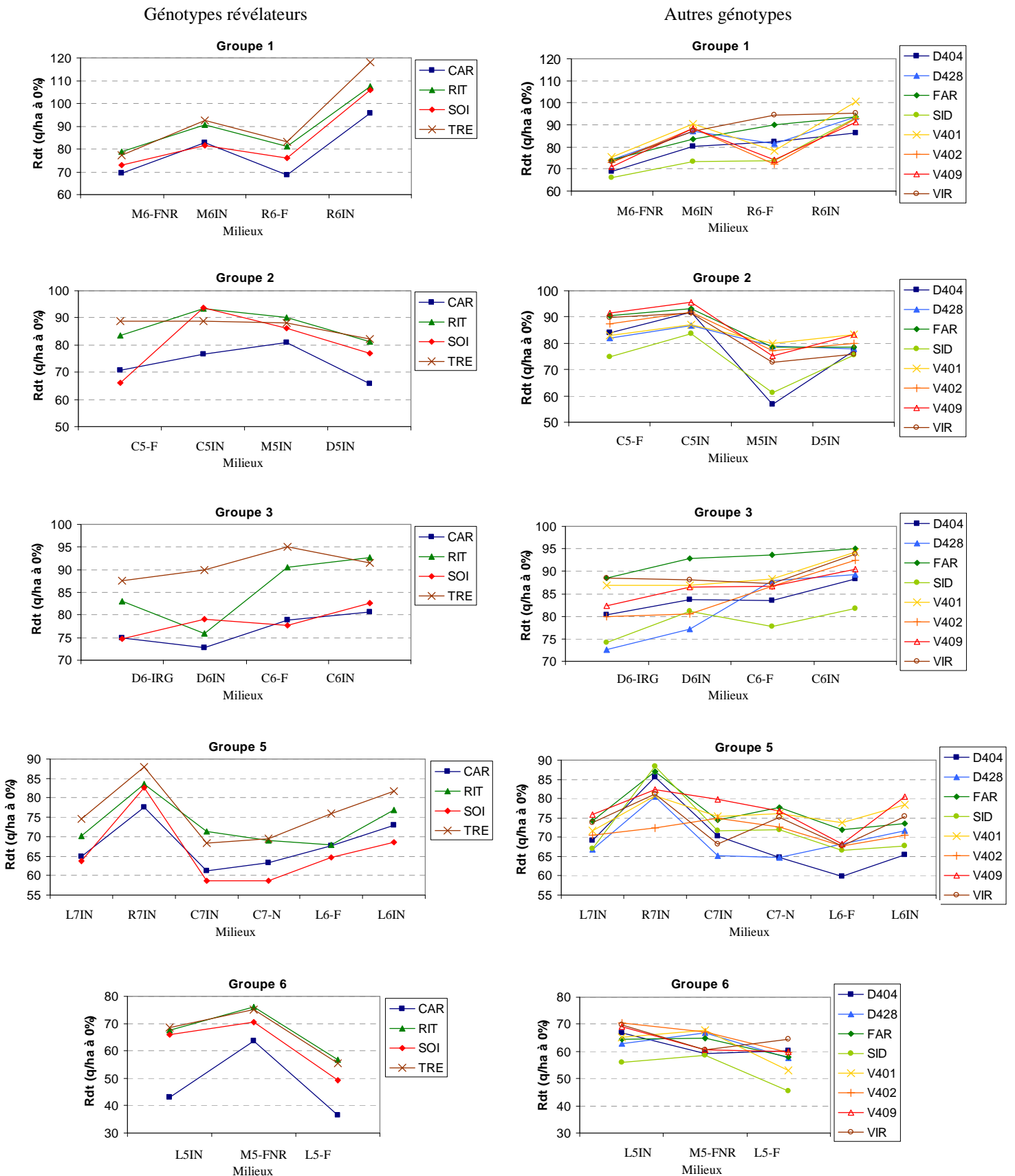
L'allure globalement assez parallèle des courbes de la figure 2.14 sur les génotypes révélateurs peut être comparée à la grande variabilité des écarts de rendement observée sur la figure 2.10 (p.98) pour le réseau 1b, ce qui montre l'importance du gain de stabilité obtenu à l'intérieur des groupes, par la structuration en groupes de milieux.

Le diagnostic agronomique réalisé sur 4 génotypes révélateurs permet de classer les milieux expérimentaux d'une façon efficace par rapport à l'analyse de l'interaction génotype - milieu pour les génotypes révélateurs et pour l'ensemble des génotypes expérimentés : à tous les niveaux de structuration, la variation expliquée par les groupes de milieux est supérieure à la variation qui subsiste à l'intérieur des groupes (cette variation étant jugée par le carré moyen de l'effet "groupe de milieu" par rapport au reste de l'effet milieu ou d'interaction). Nous avons constaté de plus que la structuration de notre réseau présente une efficacité supérieure à celle de la structuration *a priori* par années, par sites expérimentaux ou par conduites culturales. Quand ces critères sont associés, l'efficacité de la structuration en groupes de milieux est comparable à la structuration en site, année et conduite pour les 4 génotypes révélateurs, légèrement inférieure pour l'ensemble des génotypes, mais elle présente l'avantage d'être explicative, car elle relie les groupes de milieux à des caractéristiques agronomiques.

Bien souvent, le choix des milieux dans un réseau expérimental s'appuie sur des considérations géographiques. Mais plusieurs auteurs, par exemple Brandle et Arthur (1992) ou Tranchefort *et al.* (1993), ont fait le constat que la constitution *a priori* de groupes de milieux sur une base géographique ne permet pas d'expliquer correctement les variations de rendement, la variation intra-groupe observée étant du même ordre de grandeur que la variation inter-groupes. Pour rationaliser le choix des milieux dans un réseau, d'autres auteurs ont utilisé les corrélations entre les résultats obtenus par chaque génotype dans chacun des milieux et les résultats moyens de chaque génotype dans l'ensemble des milieux (Hamblin *et al.*, 1980), ce qui rejoint l'utilisation de la régression conjointe préconisée par d'autres auteurs (Brown *et al.*, 1983). Le diagnostic agronomique est une autre réponse possible, conduisant souvent à associer des milieux distants géographiquement (c'est le cas par exemple des essais de Clermont-Ferrand et de Mons en 1995), ou à constituer des groupes comportant des essais isolés, ce qui confirme les limites d'une structuration *a priori* des milieux sur une base purement géographique. L'intérêt supplémentaire d'une classification basée sur les facteurs limitants est de permettre une caractérisation agronomique des groupes de milieux.

Nous avons constaté que la part d'interaction expliquée par la structuration en groupes de milieux dans l'analyse des 4 génotypes révélateurs est proche de la part expliquée pour l'effet principal milieu, alors qu'elle est plus faible quand on analyse l'ensemble des génotypes. Mais la part de variation intergroupe reste toujours supérieure à la part de variation intra-groupe (figure 2.13 et tableau 2.17). Cela signifie que les génotypes révélateurs décrivent bien les effets principaux des milieux (comportement moyen de tous les génotypes), mais que les particularités des différents génotypes sont insuffisamment décrites par seulement 4 génotypes révélateurs. En d'autres termes, le diagnostic agronomique permet d'abord de bien révéler les facteurs limitants qui affectent l'ensemble des génotypes. Même s'il permet d'expliquer une bonne partie de l'interaction, il subsiste des variations spécifiques aux différents génotypes, au-delà des variations moyennes, que nous n'avons pas totalement expliquées à partir des 4 génotypes révélateurs. Améliorer cette description supposerait d'augmenter le nombre de génotypes révélateurs ou, ce qui est sans doute plus réaliste, d'en améliorer la complémentarité. Malgré tout, il apparaît possible de raisonner l'introduction de nouveaux milieux

**Figure 2.14.** Rendements obtenus par les 4 génotypes révélateurs et par les 8 autres génotypes dans les groupes de milieux 1, 2, 3, 5 et 6 obtenus avec la structuration en 9 groupes de milieux (le code des milieux est indiqué dans le tableau 2.2 p.74).



dans un réseau expérimental sur la base de quelques génotypes seulement, sans avoir à mettre en place des expérimentations lourdes comportant des grandes listes variétales.

Plusieurs auteurs ont montré l'efficacité d'une classification basée sur une décomposition *a posteriori* de l'interaction (Corsten et Denis, 1990 ; Parisot-Baril, 1992 ; Argillier *et al.*, 1994 ; Baril *et al.*, 1994 ; Desclaux, 1996 ; Hulmel, 1999), notamment quand la classification porte à la fois sur les génotypes et sur les milieux. Mais ils ont souvent relevé la difficulté de relier les groupes de milieux obtenus *a posteriori* aux caractéristiques environnementales qu'ils ont utilisées, parce que ces caractéristiques sont davantage intervenues sur les effets principaux que sur l'interaction, ce que nous avons nous-mêmes constaté, mais aussi parce que la caractérisation des milieux utilisée ne reposait pas sur une description des facteurs limitants.

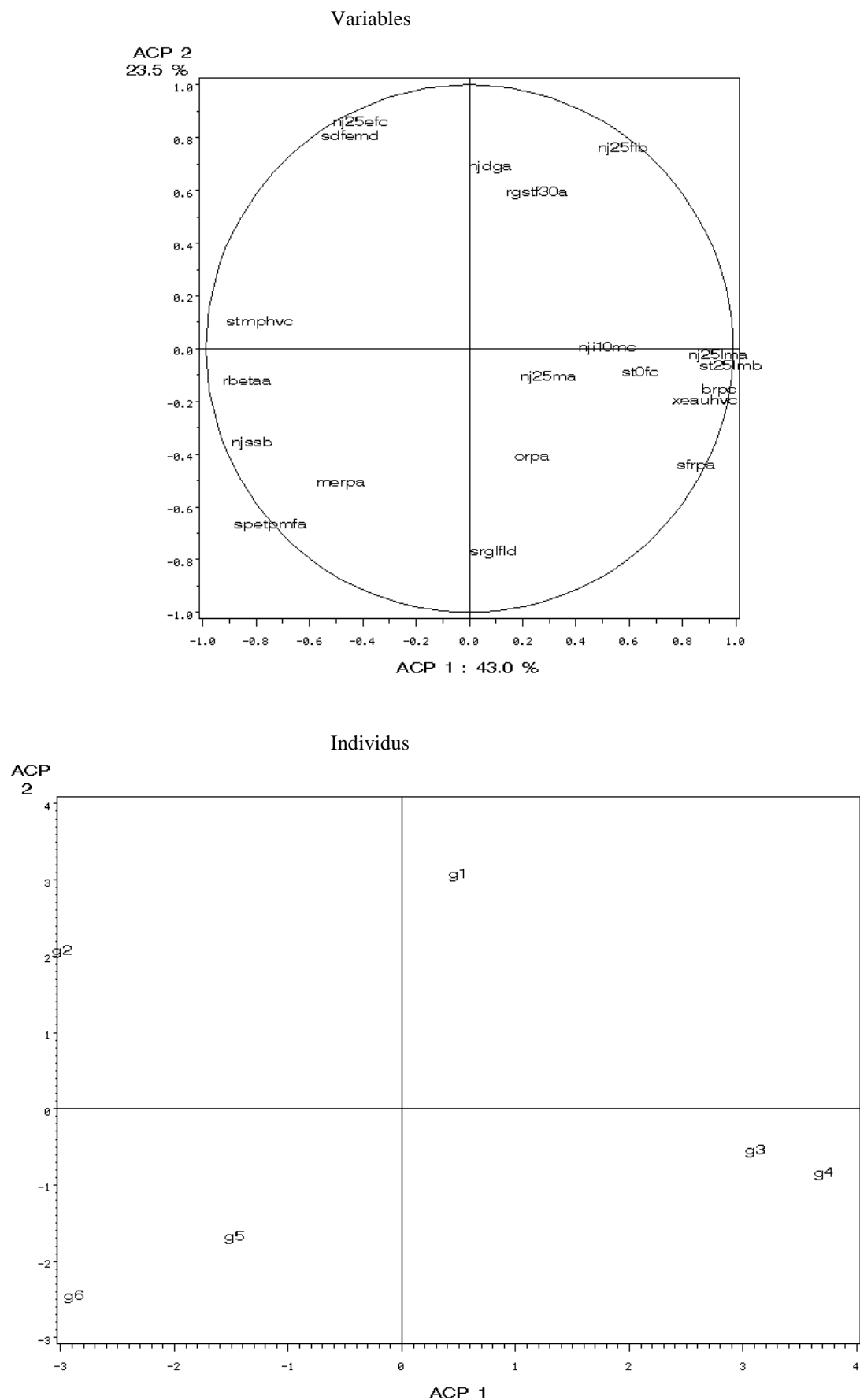
Pour limiter la part inexplicée de l'interaction, Argillier *et al.* (1994) ont suggéré de limiter l'étude des réseaux à une seule année expérimentale. Mais cela risque surtout de réduire l'interaction, et nous pensons au contraire que la richesse d'information que l'on peut extraire du réseau dépend de la diversité des contraintes apparues, qui est favorisée par des situations expérimentales contrastées, donc en particulier par le caractère pluriannuel de l'expérimentation. Nous avons constaté que, par la description presque complète des facteurs limitants qu'il apporte, le diagnostic agronomique permet de bien relier les groupes de milieux aux contraintes environnementales apparues, et que, au contraire de la proposition d'Argillier *et al.* (1994), il valorise encore mieux l'information diversifiée qui réside dans les réseaux pluriannuels. Le diagnostic agronomique met en évidence les causes des différences entre les milieux, mais l'usage de la régression linéaire suppose que ces différences soient suffisamment marquées : nous avons déjà évoqué ce fait (voir partie 2.3.2 p.102).

## 2. Choix du nombre de groupes de milieux

En classant simultanément les milieux et les génotypes, Parisot-Baril (1992) a suggéré d'établir la limite au regroupement des milieux quand le cumul des variations dues aux effets principaux et à l'interaction inter-groupe représente 95% de la variation totale, la part de variation intra-groupe qui subsiste étant considérée comme négligeable. Dans notre étude, la limite équivalente (95% des effets milieu et interaction) n'est obtenue que pour 26 groupes de milieux ou plus, ce qui représente un faible gain en terme de réduction du nombre de milieux par rapport au réseau initial. Mais le choix d'une limite dans le regroupement des milieux doit plutôt être envisagé comme un compromis à trouver entre la part de variation expliquée, que l'on cherche la plus élevée possible, et la réduction du nombre de milieux qui doit aussi être la plus importante possible. Un raisonnement basé sur les carrés moyens a l'avantage de permettre de choisir une limite pour laquelle la structuration est la plus efficace possible, non pas dans l'absolu, mais pour un objectif de réduction du nombre de milieux donné. Par exemple, si l'on veut réduire le nombre de milieux d'environ 25%, une structuration en 20 groupes est intéressante car l'écart entre le carré moyen associé aux groupes de milieu et celui qui subsiste à l'intérieur des groupes est élevé, et on explique 88.2% de l'effet principal milieu et 81.5% de l'interaction pour l'ensemble des génotypes (et 87.1% de la variation cumulée milieux + interaction : voir figure 2.13). Une structuration en 17 groupes présente aussi une bonne efficacité (on explique 85% de l'effet principal milieu et 64% de l'interaction pour tous les génotypes), mais, comme pour une structuration en 20 groupes, la réduction du nombre de groupes de milieux est faible, ce qui en diminue l'intérêt.

Dans le réseau que nous avons étudié, la structuration en 6 groupes de milieux apparaît très intéressante, car elle permet de réduire fortement le nombre de milieux, et les parts de variation de l'effet principal milieu et de l'interaction expliquées par la structuration sont nettement supérieures aux parts de variation restantes à l'intérieur des groupes (pour 6 groupes, l'écart à la droite correspondant à l'égalité des carrés moyens des effets inter-groupe et des effets intra-groupe est maximal pour l'interaction, et proche du maximal pour l'effet principal milieu) : pour les 4 génotypes révélateurs, cette structuration permet d'expliquer 64% de l'effet principal milieu et 48% de l'interaction, et pour l'ensemble des génotypes, 73% de l'effet principal milieu et 28% de l'interaction. Une structuration en 9 groupes permet de fractionner les deux groupes les plus importants (les groupes 1 et 2) et de préciser

**Figure 2.15a.** Représentation graphique des axes 1 et 2 de l'ACP des 6 groupes de milieux et des variables environnementales décrivant les facteurs limitants dans ces groupes (les codes des variables sont indiqués dans le tableau 2.7 p.78).



le rôle des différents facteurs limitants à l'intérieur des deux groupes 1 et 2. Et elle réduit le nombre de milieux à environ 1/3.

### **Conclusion de la partie 2.4**

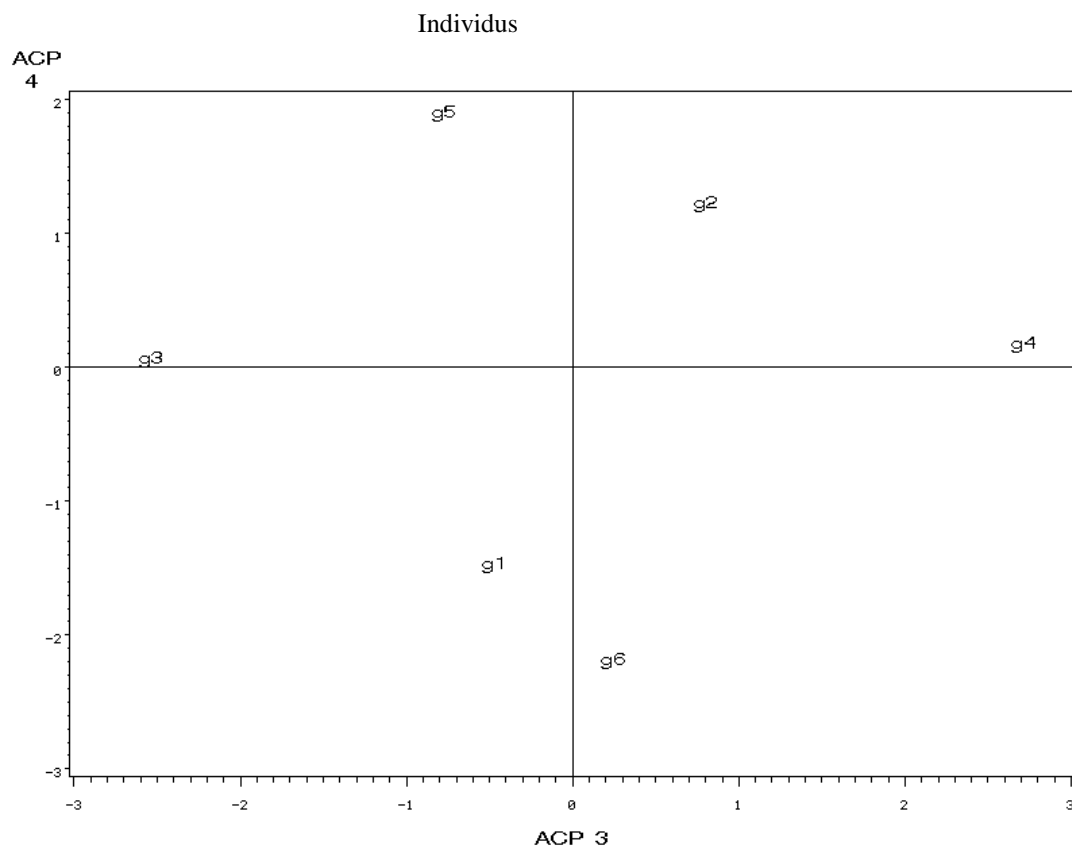
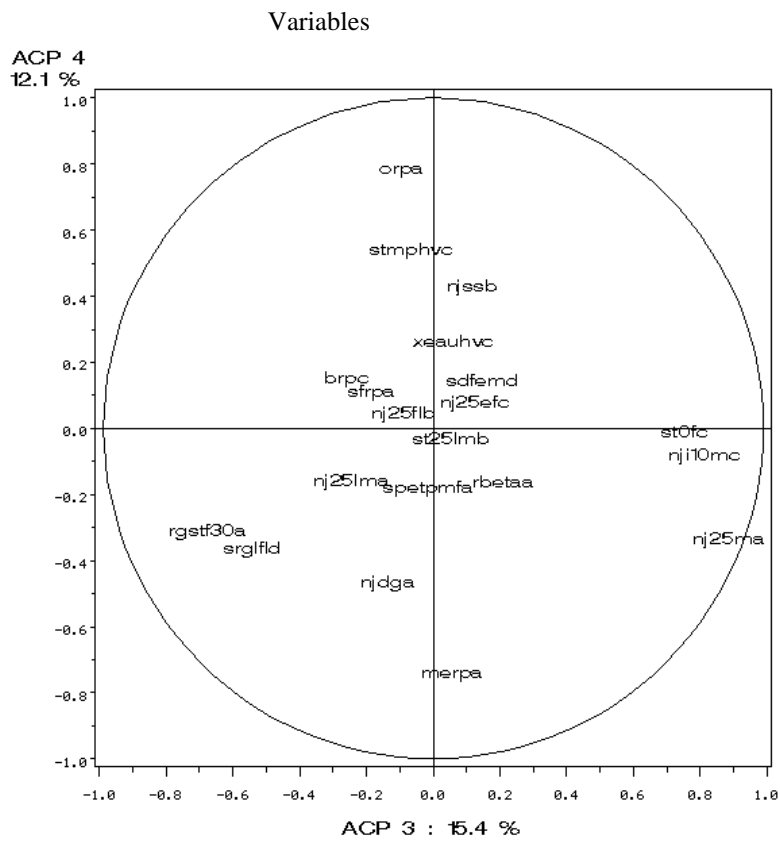
Le diagnostic agronomique basé sur l'observation de quelques génotypes révélateurs permet de décrire les milieux d'une façon efficace par rapport au comportement d'un ensemble plus important de génotypes. En identifiant et en quantifiant les facteurs limitants apparus dans le réseau, dans la mesure où ces facteurs limitants sont intervenus de façon différentielle dans les différents milieux, il permet de comparer les milieux et de les regrouper par la nature et le poids des facteurs limitants. De cette façon, le comportement des génotypes à l'intérieur des groupes de milieux est plus homogène qu'entre groupes.

Cette méthode de caractérisation des milieux peut donc être utilisée pour tester une gamme de milieux en vue de la constitution ou de l'enrichissement d'un réseau, sur la base de quelques génotypes seulement. Ainsi, nous suggérons d'associer à ce diagnostic *a posteriori* des facteurs limitants une planification *a priori* des sites ou des conduites culturales en fonction des grands types de facteurs limitants que l'on veut voir apparaître.

En cohérence avec les conclusions de Parisot-Baril (1992) et Hulmel (1999), établies pour d'autres années culturales, les milieux du réseau que nous avons étudié présentent une faible redondance. Mais le regroupement préférentiel des deux conduites culturales d'un même site, une année donnée, suggère qu'il est préférable de multiplier les lieux d'expérimentation que les conduites culturales en un même lieu, ou qu'il faut trouver un moyen de créer des différences entre conduites plus importantes que ce que nous avons observé dans ce réseau. On peut aussi penser que dans des réseaux plus vastes et plus homogènes, l'intérêt du diagnostic agronomique pour classer les milieux sera vraisemblablement plus marqué encore.



**Figure 2.15b.** Représentation graphique des axes 3 et 4 de l'ACP des 6 groupes de milieu et des variables environnementales décrivant les facteurs limitants dans ces groupes (les codes des variables sont indiqués dans le tableau 2.7 p.78).



## **2.5. Le diagnostic agronomique associé à la régression factorielle permet d'améliorer la connaissance des génotypes**

\* Parmi les résultats de cette partie, ceux qui portent sur le réseau INRA – Interstations de 1995 à 1997 (réseau 1b comportant 29 milieux expérimentaux) ont été rédigés sous forme d'un article soumis à la revue "*Field Crops Research*" (article 2) :

### **"Improving genotypic knowledge in multi-environmental wheat trials: exploitation of a crop diagnosis in the assessment of Genotype x Environment Interaction analysis"**

(Christophe Lecomte, Maryse Brancourt-Hulmel, Jean-Marc Meynard).

Dans cet article, nous proposons une autre validation de la démarche de diagnostic agronomique basée sur l'efficacité de la décomposition de l'interaction par un modèle de régression factorielle, utilisant les covariables environnementales identifiées dans le diagnostic, comparée à deux modèles de référence, le modèle multiplicatif et la régression factorielle biadditive.

Nous montrons comment l'association des deux outils diagnostic agronomique + régression factorielle permet d'estimer la tolérance aux facteurs limitants de tous les génotypes évalués, et nous discutons la validité des notes de tolérance déduites des paramètres génotypiques de la régression factorielle, en comparant ces notes avec les observations réalisées dans tous les essais du réseau.

\* Un logiciel de diagnostic des facteurs limitants et de caractérisation des variétés dans les réseaux expérimentaux est en cours de programmation et de développement, par Lorène Prost (INRA – Grignon). Cet outil associe une régression linéaire multiple, qui est à la base du diagnostic agronomique, et qui permet d'expliquer les écarts de rendement des génotypes révélateurs, et une régression factorielle sur les résultats de l'ensemble des génotypes pour estimer la tolérance des génotypes aux facteurs limitants. Il est développé dans le cadre d'un contrat FSOV<sup>59</sup> (Fonds de Soutien aux Obtentions Végétales), de 2003 à 2006. Un cahier des charges de cet outil a été rédigé (Prost et Lecomte, 2005).

Dans les pages qui suivent, nous reproduisons tout d'abord le texte de l'article (2) (duquel nous avons retiré les parties "Matériels et méthodes" et "Références bibliographiques") : partie 2.5.1, puis nous discutons la validité des notes de tolérance aux facteurs limitants obtenues dans 3 réseaux expérimentaux différents : partie 2.5.2.

<sup>59</sup> *FSOV* (Fonds de Soutien aux Obtentions Végétales), Action : "Méthodologie de caractérisation des variétés et proposition de conduites culturales adaptées à une agriculture durable", 2003-2006. Resp : Jean-Baptiste Régnard (GIE Club des 5), Marie-Hélène Jeuffroy (INRA, UMR d'agronomie Grignon), Marie-Hélène Bernicot (Arvalis).

### **2.5.1. Improving genotypic knowledge in multi-environmental wheat trials: exploitation of a crop diagnosis in the assessment of Genotype x Environment Interaction analysis**

*(Améliorer la connaissance des génotypes dans des réseaux d'essais de blé tendre en tirant parti d'un diagnostic agronomique dans l'analyse de l'interaction génotype - milieu)*

Christophe Lecomte <sup>a,\*</sup>, Maryse Brancourt-Hulmel <sup>b</sup>, Jean-Marc Meynard <sup>c</sup>

<sup>a</sup> INRA, Unité de Recherche en Génétique et Ecophysiologie des Légumineuses, 17 rue Sully, BP 86510 – 21065 DIJON Cedex – France

<sup>b</sup> INRA, Unité de Génétique et d'Amélioration des Plantes, Estrées-Mons, BP 136 – 80203 Péronne Cedex – France

<sup>c</sup> INRA, Sciences pour l'Action et le Développement, BP1 – 78850 Thiverval-Grignon – France

\* Corresponding author. Tél: 33-3 80 69 33 10; fax: 33-3 80 69 32 63  
E-mail address : [lecomte@epoisses.inra.fr](mailto:lecomte@epoisses.inra.fr) (Christophe Lecomte)

(Submitted: September 2005)

#### **Abstract**

In multi-environment trials (MET), genotypic adaptation to environments can be interpreted by analysing genotype x environment interaction (GEI) with factorial regression, a statistical model including external variables. Genotypic parameters in the factorial regression assess genotypic tolerance to yield limiting factors, introduced as environmental covariables.

Limiting factors can be identified by a crop diagnosis on probe genotypes and used for characterising a larger set of genotypes. Restricting for cost reasons the crop diagnosis to a few genotypes, assumes that the environmental characterisation carried out on these suffices to describe all conditions for the whole set. We verified this hypothesis by GEI analysis of 12 genotypes tested in 29 MET with 20 limiting factors selected in a previous crop diagnosis on 4 probe genotypes. Several statistical models were compared: multiplicative model (AMMI), linear (FREG) and biadditive (BIAREG) factorial regressions including the limiting factors as covariables. Tolerance scores to diseases assessed by FREG were compared to the symptoms observed in the network.

GEI partitioning by BIAREG was good and close to that obtained with AMMI, considered as the maximum. We furthermore observed a good consistency between the observed genotypic tolerances to diseases and those assessed by FREG. Restricting the crop diagnosis to four probe genotypes therefore appears valid for a larger set of genotypes. This highlights the interest of combining crop diagnosis and factorial regression for assessing genotypic tolerance to limiting factors whose effects are difficult to observe.

*Keywords:* Winter Wheat; Factorial regression; Limiting factor; Genotypic tolerance

**Table 2.19.** Variance analysis obtained with the complete interactive model. The interaction terms beyond the two by two ones are not shown.

Source	DF	Sum of Squares	%	Mean Square	F Value
Model	376	104643.5	100.0	278.3	24.8 **
Gen	11	9062.5	8.7	823.9	73.5 **
Environment	28	79266.0	75.7	2830.9	252.6 **
Site	4	24697.4	23.6	6174.4	550.9 **
Year	2	21610.3	20.7	10805.2	964.1 **
Treatment	4	14341.8	13.7	3585.4	319.9 **
Site*Year	8	15886.7	15.2	1985.8	177.2 **
Site*Treat	2	1476.0	1.4	738.0	65.9 **
Year*Treat	5	562.4	0.5	112.5	10.0 **
Rep(environment)	29	1276.1	1.2	44.0	3.9
Gen*Environment	308	15038.8	14.4	48.8	4.4
Gen*Site	44	4251.1	4.1	96.6	8.6 **
Gen*Year	22	1770.3	1.7	80.5	7.2 **
Gen*Treat	44	1666.8	1.6	37.9	3.4 **
Error	302	3384.7		11.2	
Corrected Total	678	108028.1			

R-Square	Coeff Var	Root MSE	Yld Mean
0.969	4.52	0.335	7.412

\*\* p < 0.01

**Table 2.20.** Results of the interaction analysis on the average yield with the AMMI and BIAREG models.

Source	DF	Sum of Squares	% GEI	Cum % GEI	Mean Square	F Value
Gen*Environment	308	7775.8	100		25.2	2.3 **
<b>AMMI model</b>						
1 <sup>st</sup> term	38	3359.3	43.2	43.2	88.4	7.9 **
2 <sup>d</sup> term	36	1299.8	16.7	59.9	36.1	3.2 **
3 <sup>d</sup> term	34	891.1	11.5	71.4	26.2	2.3 **
4 <sup>th</sup> term	32	604.6	7.9	79.2	18.9	1.7 *
Remaining GEI	168	1621.1	20.8	100	9.6	0.9
<b>BIAREG model</b>						
1 <sup>st</sup> term	30	3020.0	38.8	38.8	100.7	9.0 **
2 <sup>d</sup> term	28	1202.5	15.5	54.3	42.9	3.8 **
3 <sup>d</sup> term	26	853.1	11.0	65.3	32.8	2.9 **
Remaining GEI	224	2700.2	34.7	100	12.1	1.1
Error	302	3384.7			11.2	

\* p < 0.05

\*\* p < 0.01

## 1. Introduction

The variation in performances and ranks of genotypes in multi-environmental trials (MET) reflects genotype by environment interaction (GEI), and can be interpreted as differences of genotypic sensitivities to environmental constraints, also called limiting factors (LF). Thus, it is necessary to describe the environments and their constraints with enough accuracy to understand what causes the variation, and to improve the knowledge about genotypic sensitivity or resistance to these constraints.

Several effective statistical tools have been developed to explain GEI (van Eeuwijk, 1995 ; Brancourt-Hulmel et al., 1997). Among them, the multiplicative model, also called AMMI (Gauch, 1992), provides the best theoretical partitioning of GEI (Brancourt-Hulmel et al., 1997). In order to biologically interpret GEI, other models include genotypic and environmental variables as covariables. Among them, the biadditive factorial regression model, BIAREG (Denis, 1988, 1991; van Eeuwijk, 1995), incorporates linear combinations of genotypic or environmental variables, and highly partitions GEI, possibly close to the AMMI model when the covariables are appropriate (Brancourt-Hulmel et al., 2000; Brancourt-Hulmel et Lecomte, 2003). The linear factorial regression model, FREG (Denis, 1980, 1988), includes the genotypic and environmental variables step by step, and is generally less efficient for partitioning GEI than the AMMI and BIAREG models, especially when the explanatory variables are restricted to the environmental ones and genotypic variables are not included. Nevertheless, the FREG model has the advantage of giving immediate biological interpretations for the observed variations (Brancourt-Hulmel, 1999). This model also provides genotypic regression coefficients, corresponding for each genotype to the slope of the relationship between the explained variable and the values of the environmental covariables. When the crop yield is the variable to be explained, and environmental variables correspond to yield LF, the yield decreases as the value of the environmental variables increases, and the more the slope increases, the more the genotype can be considered as tolerant to the LF under consideration. Therefore, these parameters can be considered as an assessment of the tolerance of the genotypes to environmental constraints (Hulmel, 1999; Lecomte et al., 2002), GEI being interpreted in terms of differential sensitivity or tolerance to environmental variables (van Eeuwijk, 1995).

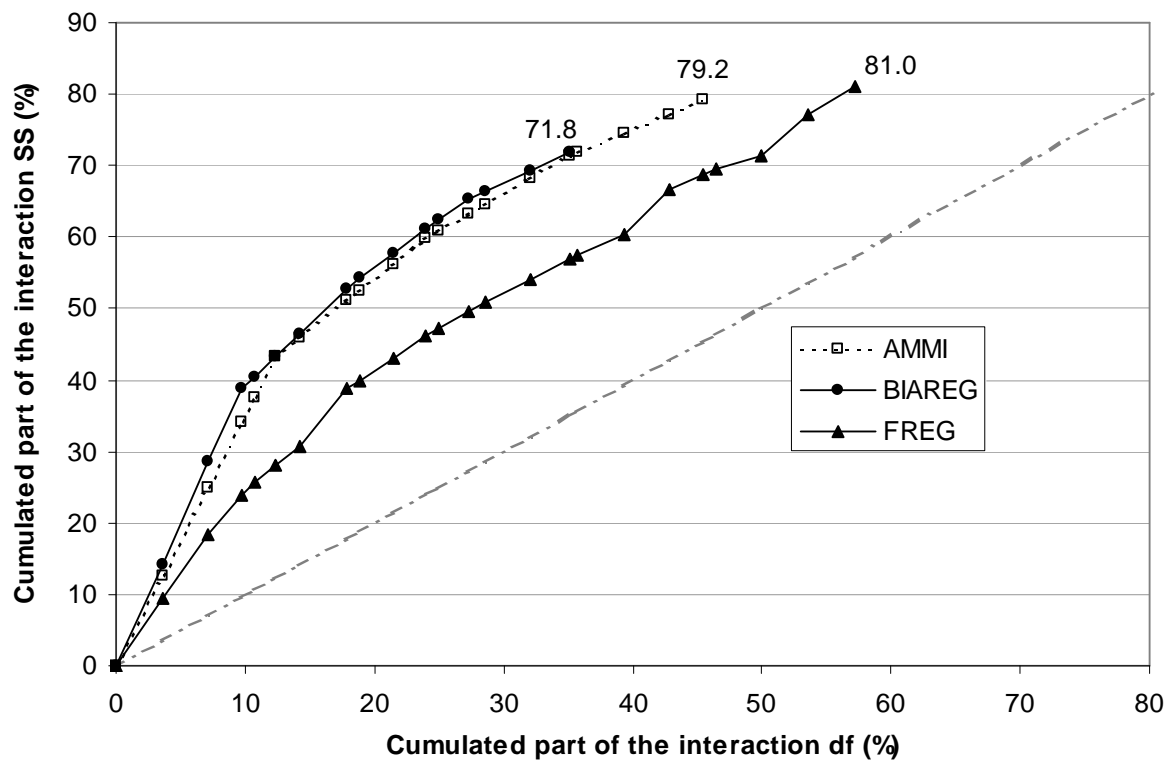
A main difficulty in the GEI partitioning process is to use and select variables having an effective biological role in the trials. Linear regression methods include explanatory variables according to their correlation with the variations of the explained variable, leading to a high correlation possibly not causal. Therefore, true biological explanatory variables may be hidden, even if GEI is statistically well partitioned. This risk is particularly enhanced when only a part of the LF is described. As it is impossible, in field experiments, to assess *a priori* which constraints will occur, it is therefore essential to describe as many LF as possible, and to carefully identify those having a real biological effect.

These conditions are fulfilled with a crop diagnosis method (Meynard et David, 1992; Doré et al., 1997), aiming at identifying and quantifying the LF in MET (Brancourt-Hulmel et al., 1999; Lecomte et al., submitted : part 2.3.1). This method is based on the assessment of yield deviations of a small set of genotypes, the probe genotypes, whose yield is compared to reference values obtained in environments free from stress. These deviations are then explained by variables describing LF in a multiple linear regression and assessed by an agronomic analysis (Lecomte et al., submitted). LF

In MET, numerous genotypes are usually being compared. Characterising environments in MET is time consuming, and therefore can not be performed on all the genotypes. Restricting crop diagnosis to a few probe genotypes is based on the hypothesis that the characterisation of environmental constraints on a few genotypes suffices to describe all events the whole set of genotypes is exposed to. Up to now, this hypothesis has not been verified, and it is the main objective of this study. The verification will be based on the two main following criteria:

- 1) Comparison of the partition of GEI by BIAREG and FREG models, involving environmental covariables selected on probe genotypes in the crop diagnosis, and by AMMI. If GEI partition with BIAREG and FREG models is as good as that with the AMMI model, it infers that the variables, selected on probe genotypes, correctly describe the environments of the MET for the whole set of the genotypes.

**Fig. 2.16.** GEI sum of squares explained (in % of total GEI sum of squares) in relation to the number of degrees of freedom used (in % of GEI degrees of freedom), for three statistical models: AMMI, BIAREG and FREG.



2) Comparison of the tolerance scores estimated in the FREG model to the observed ones. The comparison is done for diseases, whose effects are easy to observe, and were observed during the trials. A good conformity among them will be the main validation of the method.

## 2. Materials and methods

(cf. part 2.2 p.74)

## 3. Results

### 3.1. Variance analysis on yield with a full interactive model

The variance analysis by a full interactive model (Table 2.19) explained 96.9% of the variation (in sum of squares) observed for grain yield. The environmental main effect was large (75.7% of the total variation), mainly due to the year (20.7% of the total sum of squares and highest mean square), and to the site (23.6% of the total sum of squares). The genotypic main effect represented only 8.7%, and the GEI effect 14.4% of the variation described by the model. All the second order interaction terms between the environmental components (site x year, site x treatment and year x treatment effects) were significant at the 5% threshold, prohibiting their consideration separately. The GEI partitioning with two by two effects (genotype x site, genotype x year and genotype x treatment) was also highly significant.

### 3.2. Interaction analysis with AMMI, BIAREG and FREG

An AMMI model involving four significant terms explained up to 79.2% of the GEI sum of squares with a consumption of 45% of the degrees of freedom (Table 2.20). A BIAREG model, with 4 terms, and including 20 environmental covariables selected with the crop diagnosis, explained 71.8% of GEI and used a lower number of degrees of freedom in comparison to the AMMI model (Table 2.20). Up to 4 terms, the results of the BIAREG model were very close to those of the AMMI model (Fig. 2.16).

The FREG model explained 81.0% of GEI, with up to 16 significant environmental covariables, using 57.1% of the interaction degrees of freedom (Table 2.21). For a consumption of the same number of degrees of freedom, the FREG model explained about 10% less of the GEI sum of squares than the AMMI and the BIAREG models (Fig. 2.16). Diseases during grain filling had a major effect, as indicated by their position of introduction (*sepkf* and *brkf* in 1<sup>st</sup> and 3<sup>rd</sup> positions, *mldkf* in 8<sup>th</sup> position), as well as dryness at the onset of stem elongation (*nsddr*, in 2<sup>d</sup> position and with a high main effect), and also at the end of stem elongation (*spetpmf*, in 4<sup>th</sup> position). High temperatures and low radiation during grain filling (*nd25hm*, *st25hm*, *nd25fh*, *sradfh*) also appeared in the model. Winter excess of water (*watxw*), water deficit at the beginning of stem elongation (*sd fem*), frost between heading and flowering (*st0f*) and diseases on ears (*eardkf*) do not appear as explanatory variables of GEI. Partial weighting of each variable showed important variations between environmental main effect partitioning and GEI effect partitioning (Table 2.21).

### 3.3. Assessment of the genotypic tolerance to the limiting factors

The assessment of genotypic parameters, related to a given environmental covariable, varied according to the steps corresponding to the introduction of each LF in the FREG model. These variations are shown for three LF (Fig. 2.17): septoria during grain filling (1<sup>st</sup> introduced variable), dryness at the onset of stem elongation (2<sup>nd</sup> introduced variable) and powdery mildew during grain filling (8<sup>th</sup> introduced variable). The septoria tolerance scores varied between the 2<sup>nd</sup> and the 3<sup>rd</sup> steps of the FREG model, the 3<sup>rd</sup> introduced a variable corresponding to the brown rust level on the trials, and at almost all steps after the 6<sup>th</sup> step. Dryness tolerance scores presented quite a good stability until

**Table 2.21.** Introduction position of the sixteen explanatory variables of the GEI in the stepwise FREG model. Codes of the variables are given in Table 2.7 p.87 (-*a*: variable determined on the probe genotype CAR; -*b*: on RIT; -*c*: on SOI; -*d*: on TRE).

Order	Variable introduced	Partial environment main effect SS (%)	Partial interaction SS (%)	Cumulated interaction SS (%)	Cumulated interaction df (%)	Probability
1	sepkf-c	19.6	9.5	9.5	3.6	<.0001
2	nsddr-b	37.7	9.0	18.5	7.1	<.0001
3	brkf-a	1.5	7.3	25.8	10.7	<.0001
4	spetpmf-b	0.4	4.8	30.7	14.3	<.0001
5	nd25m-c	2.2	8.1	38.8	17.9	<.0001
6	rdtmpf30-b	0.9	4.3	43.1	21.4	<.0001
7	nd25ef-d	0.2	4.2	47.3	25.0	<.0001
8	mldkf-c	0.2	3.5	50.8	28.6	<.0001
9	ndfr-c	2.9	3.3	54.1	32.1	<.0001
10	sradfh-b	1.4	3.4	57.5	35.7	<.0001
11	nd25hm-c	16.5	2.8	60.2	39.3	0.0003
12	st25hm-c	0.04	6.3	66.5	42.9	<.0001
13	ndi10m-d	0.02	3.1	69.6	46.4	<.0001
14	nitkn-a	4.1	1.8	71.4	50.0	0.0157
15	stmpw-b	0.02	5.7	77.1	53.6	<.0001
16	nd25fh-c	0.1	3.8	81.0	57.1	<.0001



the 10<sup>th</sup> step and more variation beyond. Tolerance to powdery mildew showed a relatively good stability at the successive steps of the factorial regression model.

Observation of the correlations between estimated tolerance scores and dates of heading (given in Table 2.5) showed that the late genotypes appeared significantly more tolerant than the early ones for five LF, all occurring before flowering (Table 2.22): winter frost (*ndfr*), dryness at the beginning of stem elongation (*nsddr*), low photothermic ratio during the 30 days before flowering (*rdtmpf30*), nitrogen deficiency (*nitkn*) and high temperature between heading and flowering (*nd25ef*). The significant correlations varied from 0.53 (*ndfr*) to 0.74 (*rdtmpf30*). Where correlation between the parameters and the dates of heading was significant, tolerance scores were then corrected by the difference between initial (or global) scores and the regression lines between lateness at heading and initial tolerance scores, in order to assess the intrinsic tolerance of the genotypes. Thus, global tolerance and intrinsic tolerance scores obtained for the complete FREG model are shown in Table 2.23.

For several LF, CAR showed the lowest global tolerance (to winter frost, to low radiation and high temperatures near meiosis, to dryness at the end of stem elongation, to high temperatures at the beginning and at the end of the grain filling), while D404 and V402 were the most tolerant each for 5 different LF. However, D404 also showed the lowest global tolerance to 2 LF (dryness at the beginning of stem elongation and low photothermic ratio during 30 days before flowering). When there was a significant correlation between lateness and global tolerance, the calculation of intrinsic tolerance led to moderate changes of the estimated tolerance levels. But CAR became the most susceptible to winter frost and RIT the most susceptible to dryness at the beginning of stem elongation, while V401 and V402 stayed the most tolerant respectively to both of these LF. Likewise, D404 and VIR stayed the most susceptible respectively to low photothermic ratio during 30 days before flowering and high temperatures between heading and flowering. SOI showed the lowest global tolerance to nitrogen deficiency, whereas D428 had the lowest intrinsic tolerance. Finally, VIR remained the genotype most affected to high temperature from heading to flowering, both when considering global or intrinsic tolerance.

As an error is associated with the genotypic parameters in the FREG model, an uncertainty on the tolerance scores was deduced (Table 2.23). The standard error ranged from 1.2 (for the global tolerance to high temperatures at the end of grain filling) to 2.5 (for the intrinsic tolerance to nitrogen deficiency).

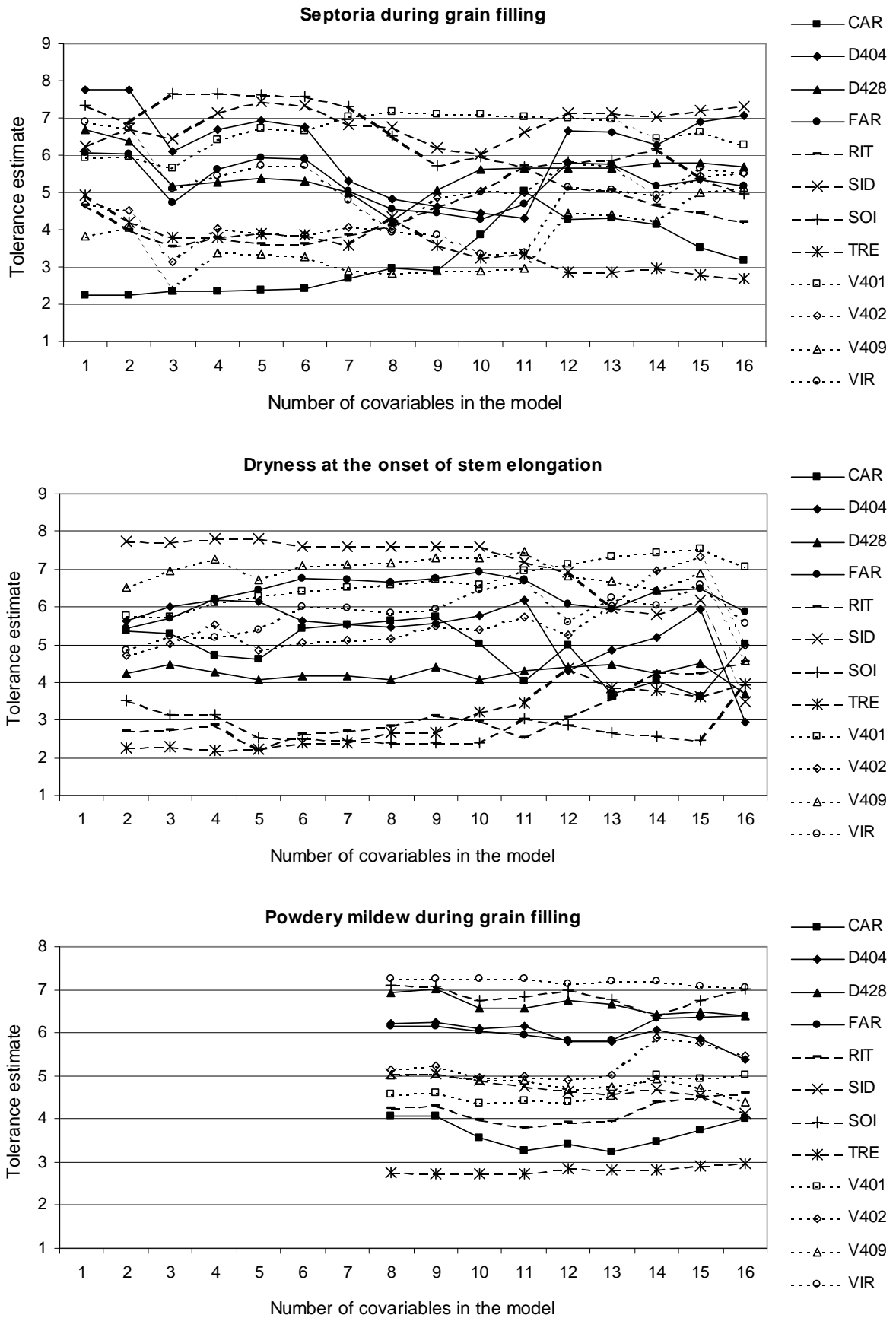
Considering now the correlations for the three LF which resulted in visible plant lesions (septoria, brown rust and powdery mildew during grain filling: Table 2.24), the correlation between observed resistance scores and global tolerance scores was non significant for septoria at all steps of the FREG model, significant for brown rust (with a maximal value of 0.90 at the 8<sup>th</sup> step), and significant for the last step of the FREG model for powdery mildew (with a maximum of 0.65). The correlation scores between global tolerance and lateness at heading were significant at the 10% level only for septoria at the 6 first steps of the FREG model. These correlation scores were negative, with a maximal value of -0.62, indicating that the tolerance decreases with the lateness of the genotypes. After correction of the corresponding global tolerance scores by the lateness at heading, the correlation scores between intrinsic tolerance scores and observed resistance scores increased substantially, one value becoming significant at the 5% threshold (at the 2<sup>nd</sup> step) and one other at the 10% threshold (at the 1<sup>st</sup> step).

## 4. Discussion

### 4.1. Quality of the GEI partitioning by the models involving the variables selected in the crop diagnosis

In our study, the main genotypic effect represented only 8.7%, and the GEI effect 14.4% of the variation described by the model, these values being very close to those obtained by Parisot-Baril (1992) and Brancourt-Hulmel (1999). The BIAREG model, which used the 20 environmental covariables identified on the probe genotypes in the crop diagnosis, partitioned around 7% less of the G x E interaction than did the AMMI model, but both were very close when they are related to the

**Fig. 2.17.** Stability of tolerance scores to septoria during grain filling, dryness at the onset of stem elongation and powdery mildew during grain filling, in relationship to the number of covariables introduced into the model.



same number of degrees of freedom. The partitioning obtained by both models may be very similar when the covariables introduced in the BIAREG model are convenient, as observed by Brancourt-Hulmel and Lecomte (2003). Despite the deliberate lack of genotypic covariables in our study, this proximity shows that the descriptive variables of the environments obtained by the crop diagnosis on 4 probe genotypes were suitable for describing and explaining the GEI of all genotypes. Therefore, the hypothesis that 4 probe genotypes can provide a good enough description of the LF in MET to study GEI of a larger set of genotypes, seems to be verified.

In most GEI studies, authors used simultaneously environmental and genotypic variables, which usually rapidly explains GEI, the most explanatory variables being alternatively environmental and genotypic ones. Our aim was to study the genotype reactions to environmental characteristics, it was therefore meaningful to restrict the study to the genotypic regression coefficients and characterize the environments as much as possible. We furthermore introduced additional constraints in the selection of the environmental variables, as we retained only those having a verified effect on the probe genotypes, and, in the FREG model, those having a negative main effect on the yield, because they are defined as effective yield LF. Such conditions appear essential to us to get enough agronomic validity of the descriptive variables used in the analysis.

The FREG model allowed a large GEI partitioning (up to 81%), slightly higher than that obtained with the AMMI model, but used more degrees of freedom than AMMI and BIAREG models, which is consistent with the differences observed by Brancourt-Hulmel et al. (1997) in a review based on numerous studies. We could introduce, in our study, up to 16 environmental variables, which is quite numerous, considering the amount of extracted information concerning the reaction of the genotypes to the identified LF. In comparison, the GEI partitioned by the site, year, and crop management was low, although these factors mainly explained the environmental main effect. Site, year and crop management lead to large environmental main effects, but do not correctly explain the differences of genotype behaviours. This result illustrates the interest of using variables providing a better explanation of the agronomic conditions than do the site, year and crop management. Large differences in LF can indeed occur between years in a same experimental site, or between trial sites in a same year, and grouping trials only on a geographical basis often appeared not convenient and does not allow definition of homogeneous groups of genotype behaviour (Meynard et al., 1988; Brandle et Arthur, 1992; Tranchefort et al., 1993).

FREG presents a practical interest, because it is easier to perform and to interpret in comparison to BIAREG (van Eeuwijk, 1995). In the BIAREG, the same environmental variables can be involved several times in the linear combinations building the different multiplicative terms of the model, and the assessment of the genotype parameters is less accurate. The great interest of FREG concerning the assessment of genotypic tolerance to environmental constraints has been shown by previous studies (Parisot-Baril, 1992; Brancourt-Hulmel, 1999), but similar studies with genotypic variables are possible, and would enable to discuss, for instance, the ability of late environments to produce interesting results for genotypes of varying earliness (Parisot-Baril, 1992; Argillier et al., 1994).

#### 4.2. Assessment and quality of the genotypic tolerance scores obtained with the factorial regression

Globally, the genotypic tolerance obtained with FREG appeared well validated by the comparison with the resistance deduced from the observations, for the diseases brown rust (*brkf*) and powdery mildew (*mldkf*). Furthermore, estimated tolerance to brown rust during grain filling was consistent with what we already knew about the genotypes, especially about SOI which is a well known susceptible cultivar to this disease. For septoria (*sepkf*), the genotypic tolerance estimation corresponded satisfactorily to observed resistance only after correction for the lateness at heading. These results are very interesting as they show that a comprehensive knowledge of genotype adaptation can be obtained in MET, by the combination of both tools "Crop Diagnosis" and the statistical factorial regression. In particular, conclusions can be obtained on genotypic tolerances to LF whose effects are difficult to observe or to quantify, such as dryness at the onset of stem elongation, low radiation near the pollen meiosis or during the grain filling, high temperatures near flowering and

**Table 2.22.** Correlation scores and slope of the relationship between the lateness at heading and the estimated tolerance scores with the factorial model including all 16 significant covariables. Codes of the variables are given in Table 2.7 p.87.

Variable	Winter period		Stem elongation							Grain filling						
	stmpw	ndfr	nsddr	rdtmpf30	nitkn	ndi10m	nd25m	spetpmf	nd25ef	sradh	nd25fh	mldkf	brkf	sepkf	nd25hm	st25hm
Introduction order	15	9	2	6	14	13	5	4	7	10	16	8	3	1	11	12
Correlation with the lateness at heading	-0.14	0.53*	0.60**	0.74***	0.69**	0.17	0.20	-0.15	0.60**	-0.27	-0.31	-0.04	0.32	-0.28	-0.29	0.26
Slope of the relation	-0.07	0.23	0.19	0.28	0.24	0.08	0.10	-0.06	0.28	-0.11	-0.12	-0.01	0.12	-0.11	-0.13	0.10

\* *significant correlation at the 10% threshold*

\*\* *significant correlation at the 5% threshold*

\*\*\* *significant correlation at the 1% threshold*

during the grain filling, nitrogen deficiency and also unfavourable winter crop conditions (low sum of temperatures or radiation, winter frost).

Nevertheless, these interesting results have to be further discussed with regard to the tolerance scores. For winter frost tolerance (*ndfr*), CAR appeared susceptible in our study, whereas this cultivar is known to have an intermediate behaviour. Therefore, it is possible that frost damage could be confounded with another LF. We also observed inconsistent results for the tolerance to high temperatures at the end of the grain filling. This LF was described by 2 different variables: *nd25hm* and *st25hm*. *nd25hm* was the 11<sup>th</sup> variable introduced in the factorial regression model, while *st25hm* was the 12<sup>th</sup> one. This can be due to a non linear response of yield to the variables describing high temperatures during grain filling. Factorial regression is indeed based on a linearity hypothesis of the effects of environmental variables describing LF on yield. In particular, the genotypic parameters in FREG correspond to the slopes of the relationship between the yield (more precisely its interaction effect) and the values of the environmental variables in each environment. This relationship is supposed to be linear, whereas this may not be true (Semenov and Porter, 1995). In particular, threshold effects can exist, which are not taken well into account in the environmental variable description, and which can result in uncertainty concerning the assessment of the tolerance scores. Progress in these topics depends on agronomic studies. However, a first conclusion would be to discard all variables describing an LF, as soon as another one describing the same LF has been introduced into the model.

Instability of the genotypic parameters in relation to the introduction of other variables was observed in some cases. This was mainly the case for parameters associated with the variable describing the pressure of septoria during grain filling, whereas parameters describing other LF in the same period (as powdery mildew) were quite stable. Greater risks of confounding with other LF obviously exist for septoria tolerance scores as compared to powdery mildew. This can be due to possible confusion between the symptoms of *Stagonospora nodorum blotch* and *Septoria tritici blotch*, to which genotypes show different resistance. Other confusion may also arise from different causes of leaf senescence such as water stress, nitrogen deficiency or other aggressions. Additionally, it is known that non-orthogonality between covariables makes it difficult to estimate parameters in a factorial regression (van Eeuwijk et al., 2004). Because of the risks of confusion between septoria and other LF, it is possible that this problem is more crucial for this disease. The instability of the parameters associated with dryness at the onset of stem elongation for the ultimate steps in the factorial regression also raises a question regarding the best step to be considered for estimating genotypic tolerances to the LF.

Assessment of genotypic tolerance scores from FREG by including all significant environmental variables presents the advantage of involving all the environmental characteristics responsible for the yield variations. Nevertheless, this does not necessarily provide the best accuracy of the parameters. For instance, the parameters associated with septoria were more unstable in the last steps of the factorial regression, and the correlation between estimated tolerance scores and observed ones was higher in the first steps of the model. For brown rust also, the best correlation was observed in the 8<sup>th</sup> step, and the first step provided more consistent tolerance scores with observed ones than in the last steps. This suggests that the best step to determine genotypic parameter values for different environmental variables could be the one at which each variable is introduced into the model. However, the step for which uncertainty about the parameters is lowest should be considered as well. Another solution could be to take into account the stability of the genotypic parameters before choosing which ones to consider in calculation of tolerance scores, or to average the genotypic parameters. Here also, further studies are needed to consider the most statistically reliable way of choosing the step of FREG to be kept.

Genotypic tolerances can easily be compared for LF with low standard errors. This was observed for several LF: high temperatures near meiosis or at the end of grain filling, low cumulated temperature during winter, low radiation at meiosis, dryness at the end of stem elongation, and brown rust. In contrast, uncertainty was high for nitrogen deficiency and low photothermic ratio during stem elongation. It appears therefore that differences in genotypic tolerance to these LF is more difficult to demonstrate. Nevertheless, the method is of interest considering the difficulty usually met in

**Table 2.23.** Genotypic tolerance marks to the limiting factors deduced from the complete FREG model on a 1-9 scale. (1) global tolerance, (2) intrinsic tolerance (= global tolerance corrected by the lateness of the genotypes). Minimal and maximal marks are in bold, corresponding respectively to minimal and maximal genotypic tolerance levels. Codes of the variables are given in Table 2.7 p.87.

Variable	Winter period			Stem elongation										Grain filling							
	stmpw	ndfr		nsddr		rdtmpf30		nitkn		ndi10m	nd25m	spetpmf	nd25ef		sradfh	nd25fh	mldkf	brkf	sepkf	nd25hm	st25hm
	(1)	(1)	(2)	(1)	(2)	(1)	(2)	(1)	(2)	(1)	(1)	(1)	(1)	(2)	(1)	(1)	(1)	(1)	(1)	(1)	(1)
CAR	<b>2.4</b>	3.3	<b>2.7</b>	5.0	4.6	6.7	5.8	4.6	3.9	<b>2.5</b>	<b>2.3</b>	<b>2.4</b>	7.1	6.5	3.2	<b>2.8</b>	4.0	7.1	3.2	<b>2.2</b>	6.9
D404	<b>7.6</b>	5.6	6.9	<b>3.0</b>	3.5	<b>2.9</b>	<b>3.3</b>	4.6	5.4	7.1	6.8	<b>7.6</b>	3.4	4.4	<b>6.9</b>	<b>7.2</b>	5.4	5.9	7.1	<b>7.8</b>	<b>2.8</b>
D428	5.2	5.7	6.3	3.7	3.8	5.0	5.0	3.4	<b>3.5</b>	5.0	5.1	5.4	6.8	<b>7.2</b>	5.5	5.1	6.4	6.3	5.7	4.8	5.9
FAR	5.1	5.6	6.1	5.9	6.2	5.9	5.9	6.2	<b>6.5</b>	5.9	5.1	4.9	3.2	3.4	3.7	4.4	6.4	6.5	5.2	5.1	4.0
RIT	3.9	5.5	4.2	4.5	<b>3.2</b>	6.9	4.9	5.4	3.8	4.7	5.0	4.7	7.0	5.3	3.8	3.9	4.6	6.3	4.2	3.4	6.8
SID	6.7	4.1	5.8	3.5	4.6	3.2	4.4	3.7	5.1	5.6	5.4	6.1	5.2	6.9	6.6	6.8	4.1	5.1	<b>7.3</b>	6.0	5.5
SOI	2.8	2.6	3.6	3.9	4.8	5.4	6.4	<b>3.2</b>	4.1	2.9	2.9	3.8	3.5	4.7	<b>3.1</b>	3.0	<b>7.0</b>	<b>2.5</b>	5.0	3.8	4.8
TRE	3.5	<b>2.5</b>	3.4	4.0	4.7	5.8	<b>6.7</b>	3.4	4.2	3.4	2.8	5.0	4.1	5.1	3.4	4.0	<b>3.0</b>	<b>7.5</b>	<b>2.7</b>	3.4	<b>7.2</b>
V401	5.3	6.3	6.0	<b>7.0</b>	<b>6.8</b>	<b>7.1</b>	6.1	6.4	5.7	6.8	5.6	5.1	5.5	4.7	3.6	4.0	5.0	5.4	6.3	4.6	5.3
V402	6.7	<b>7.5</b>	<b>7.3</b>	5.0	4.4	5.8	4.5	<b>6.8</b>	6.2	<b>7.5</b>	<b>7.7</b>	7.1	<b>7.2</b>	6.3	6.0	6.1	5.5	6.1	5.5	6.1	5.3
V409	6.9	5.7	5.9	4.6	4.4	4.7	4.0	4.4	4.2	6.7	6.9	6.7	5.6	5.4	6.0	6.2	4.4	6.8	5.1	6.4	4.5
VIR	6.4	6.4	6.8	5.6	5.7	6.2	6.0	5.1	5.1	7.3	6.6	6.6	<b>2.8</b>	<b>2.8</b>	3.9	4.8	<b>7.0</b>	6.2	5.5	6.0	3.2
<i>Std. error</i>	1.4	1.5	1.7	2.0	2.2	1.9	2.3	2.2	2.5	1.5	1.3	1.4	1.8	1.8	2.1	1.8	2.0	1.5	1.7	1.2	1.8

determining genotypic reactions to these LF from an experimental viewpoint. It can be noted that there is no relationship between the uncertainty in the genotypic tolerances and the weight of the LF in the trial network. Indeed, the uncertainty in the genotypic tolerance scores was low for brown rust, but higher for low radiation and high temperatures at the beginning of the grain filling and dryness at the beginning of the stem elongation, even though these last LF played a major role in the MET, as for diseases during grain filling, similar to that described in a previous study (Lecomte et al., submitted). The role of high temperatures near meiosis was globally low, while the uncertainty in the tolerance scores was low. Therefore the differences in uncertainty for the tolerance scores are probably more due to differences in the genetic diversity investigated in our study, the genotype tolerance being more variable for some LF than for others. Furthermore, a wider diversity of genotypes would probably lead to better discrimination.

The tolerance scores have been expressed in a 1-9 increasing scale, where the minimal and maximal values correspond respectively to the minimal and maximal tolerance level observed in this MET. Therefore, the tolerance scores obtained by this method are related to the genotypic diversity investigated in the network, and the scores can show differences with already known scores if the explored diversity is higher or lower. Nevertheless, the ranking of the genotypes should be preserved among several evaluation sources. To define more accurate tolerance scores, the method should involve a comparison between several MET results.

#### 4.3. Variable relationships between genotypic tolerance and lateness

Variable relationships were observed between the global genotypic tolerance scores and lateness at heading, making difficult, in some cases, to distinguish the global tolerance from the intrinsic one. The late genotypes appeared more resistant to several LF occurring before flowering: winter frost, dryness at the beginning of stem elongation, low photothermic ratio during the 30 days before flowering, nitrogen deficiency and high temperature between heading and flowering. These differences between early and late genotypes can be explained by different periods of exposure to the LF. For instance, nitrogen deficiency before flowering is less severe for late genotypes because mineralisation is more active at the time of heading or flowering, and because the late genotypes have more time to assimilate the newly available nitrogen. Barbottin (2004) indeed found a decrease in the maximal amount of nitrogen assimilated between genotypes, which was related to the earliness at heading, and jointly a slight increase in the maximal assimilation rate. Therefore, if genotypes show quite a high susceptibility to nitrogen deficiencies during stem elongation, it could be due to their earliness rather than to particular intrinsic susceptibilities to this LF. In contrast, LF occurring at the end of the crop cycle (high temperatures, water deficit or some diseases) are usually more severe at the end of the grain filling period and therefore affect more the late genotypes.

For other LF, the susceptibility period of wheat is quite short. Therefore, they can have an effect on the early or on the late genotypes, depending on the trial or on the year. In our study, it could be the case, for instance, for the high temperatures at meiosis or between heading and flowering, or for the low radiation at meiosis. Demotes-Mainard et al. (1996) indeed showed a short susceptibility period to the latter. Nevertheless, such results were not visible in our study as the LF may affect early genotypes in some trials, and late genotypes in others. Thus, the varying developmental stages at which the LF occurred among trials could hide the true relationship.

## 5. Conclusions

Crop diagnosis based on the observation of a few number of probe genotypes provides a good enough description of environments to compare the behaviour of a larger set of genotypes: the descriptive variables of LF were indeed relevant to partition GEI. In addition, these variables correspond to verified biological effects, whereas analysing GEI with a number of *a priori* variables, or with all available variables on genotypes or environments in a MET, may give a good statistical partitioning of GEI, but with fortuitous correlated variables with yield variations. Performing a factorial regression on all genotypes evaluated in the MET enables assessment of genotypic tolerance

**Table 2.24.** Correlation scores between the global tolerance scores obtained at each step of the FREG model (from 1 to 16 covariables introduced) and resistance scores deduced from the observations on the trials, between the global tolerance scores and the lateness at heading, and between the corrected tolerance scores by the lateness and the observed resistance scores, for the three limiting factors septoria, brown rust and powdery mildew during the grain filling.

<b>Septoria</b>																
Number of variables in the model	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Global score / Observed score	0.07	0.08	-0.18	-0.10	-0.10	-0.10	-0.09	-0.23	0.06	0.08	0.09	0.29	0.28	0.13	0.29	0.28
<i>Global score / Lateness</i>	-0.54 *	-0.58 *	-0.62 **	-0.59 **	-0.60 **	-0.59 **	-0.44	-0.39	-0.15	-0.004	0.09	-0.13	-0.14	-0.32	-0.26	-0.28
Corrected score / Observed score	0.54 *	0.59 **	0.32	0.38	0.40	0.40										

<b>Brown rust</b>																
Number of variables in the model			3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Global score / Observed score			0.83 ***	0.81 ***	0.89 ***	0.88 ***	0.87 ***	0.90 ***	0.89 ***	0.87 ***	0.85 ***	0.72 ***	0.69 **	0.71 ***	0.65 **	0.67 **
<i>Global score / Lateness</i>			0.20	0.21	0.11	0.15	0.10	0.18	0.11	0.17	0.18	0.31	0.29	0.33	0.34	0.32

<b>Powdery mildew</b>																
Number of variables in the model								8	9	10	11	12	13	14	15	16
Global score / Observed score								0.49	0.49	0.47	0.45	0.49	0.49	0.47	0.54 *	0.65 **
<i>Global score / Lateness</i>								-0.25	-0.24	-0.28	-0.29	-0.28	-0.24	-0.10	-0.10	-0.04

\* significant correlation at the 10% threshold  
 \*\* significant correlation at the 5% threshold  
 \*\*\* significant correlation at the 1% threshold



to the LF. The combination of both "Crop Diagnosis" and the statistical factorial regression model "FREG" appears very interesting with regards to increasing knowledge about MET and genotype adaptation, based on the exploitation of the high number of trial networks set up every year on genotypes during the breeding process, or after their registration. The expanding knowledge about genotypic tolerance to environmental constraints is highly complementary with results from analytical experiments. In particular, the method we propose makes it possible to rapidly get information about a large range of genotypes (those being evaluated in the trials) from observations made on only some of them (the probe genotypes). The possibility of characterising varieties in this way, using new criteria, as compared to official catalogues (GEVES, 1994), should facilitate the choice of varieties with relation to their adaptation to the diversity of environments and cropping systems, which is an increasing necessity because of the requirements for durable development (Jeuffroy and Meynard, 2005).

Furthermore, the described method could be further improved by:

- refining the descriptive variables of LF, by the use of new variables having a linear effect on yield, or by defining better effect thresholds of LF. Our method can help to assess these thresholds;
- choosing carefully the probe genotypes so that they best describe varying genotypic responses to the environments, although it is difficult to describe the whole diversity of possible behaviour;
- choosing the best steps for estimating genotypic parameters in the factorial regression.

### **Acknowledgements.**

Many people contributed to this work, from trial establishment to development of methodology. We expressly acknowledge each of them: Paul Bataillon, Denis Beghin, Pierre Bérard, Nathalie Gallic, Jean-Yves Morlais, and the experimental teams in Clermont-Ferrand, Dijon, Le Moulon, Mons and Rennes; Claire Baril, Marie-Hélène Bernicot, Jean-Baptiste Denis, Sabine Demotes-Mainard, Gérard Doussinault, Philippe Gate, Jean-Marie Nolot, Bernard Rolland, Michel Rousset and Maxime Trottet. We also acknowledge Marie-Hélène Jeuffroy, Gilles Charmet, Nathalie Munier-Jolain and François-Xavier Oury for their helpful reading of the manuscript, and Richard Thompson and Vivienne Gianinazzi-Pearson for language corrections.

**Tableau 2.25.** Résultat des analyses de variance effectuées sur les réseaux 1b, 2 et 3  
(pour le réseau 1b, le tableau est la version française du tableau 2.19).

<b>Réseau 1b</b>							
Source	ddl	Somme de carrés	% (1)	% effet (2)	Carré moyen	F	Pr > F
Modèle	376	104643.5			278.3	24.8	<.0001
Gen	11	9062.5	8.7		823.9	73.5	<.0001
Milieu	28	79266.0	75.7	100	2830.9	252.6	<.0001
Site	4	24697.4		31.2	6174.4	550.9	<.0001
Année	2	21610.3		27.4	10805.2	964.1	<.0001
Conduite	4	14341.8		18.1	3585.5	319.9	<.0001
Rep(milieu)	29	1276.1	1.2		44.0	3.9	<.0001
Gen*Milieu	308	15038.8	14.4	100	48.8	4.4	<.0001
Gen*Site	44	4251.1		28.3	96.6	8.6	<.0001
Gen*Année	22	1770.3		11.8	80.5	7.2	<.0001
Gen*Cond	44	1666.8		11.1	37.9	3.4	<.0001
Erreur	302	3384.7			11.2		
<b>Coef de détermination (R<sup>2</sup>)</b>		<b>Coef de variation</b>	<b>Ecart-type résiduel</b>		<b>Rdts moyen</b>		
<b>96.9</b>		<b>4.52</b>	<b>3.34</b>		<b>74.12</b>		

<b>Réseau 2</b>							
Source	ddl	Somme de carrés	%	%effet	Carré moyen	F	Pr > F
Modèle	197	78200.6			397.0	43.5	<.0001
Gen	23	7502.1	9.6		326.2	35.7	<.0001
Milieu	7	62777.1	80.3	100	8968.2	982.8	<.0001
Site	3	19269.8		30.7	6423.3	703.9	<.0001
Cond	1	41083.8		65.4	41083.9	4502.1	<.0001
Rep(milieu)	6	189.5	0.2		31.6	3.5	0.0033
Gen*Milieu	161	7731.9	9.9	100	48.0	5.3	<.0001
Gen*Site	69	2485.8		32.2	36.0	4.0	<.0001
Gen*Cond	23	4198.9		54.3	182.6	20.0	<.0001
Erreur	132	1204.6			9.1		
<b>Coef de détermination (R<sup>2</sup>)</b>		<b>Coef de variation</b>	<b>Ecart-type résiduel</b>		<b>Rdts moyen</b>		
<b>98.5</b>		<b>3.82</b>	<b>3.02</b>		<b>79.17</b>		

<b>Réseau 3a</b>							
Source	ddl	Somme de carrés	%	%effet	Carré moyen	F	Pr > F
Modèle	323	206161.1			638.3	35.0	<.0001
Gen	9	20913.8	10.1		2323.8	127.6	<.0001
Milieu	26	152904.7	74.2	100	5881.0	322.8	<.0001
Site	6	76800.4		50.2	12800.1	702.6	<.0001
Année	1	309.3		0.2	309.3	17.0	<.0001
Conduite	2	35801.4		23.4	17900.7	982.6	<.0001
Rep(milieu)	54	4846.9	2.4		89.8	4.9	<.0001
Gen*Milieu	234	27495.6	13.3	100	117.5	6.5	<.0001
Gen*Site	54	7808.2		28.4	144.6	7.9	<.0001
Gen*Année	9	1727.5		6.3	192.0	10.5	<.0001
Gen*Cond	18	4841.2		17.6	269.0	14.8	<.0001
Erreur	433	7888.1			18.2		
<b>Coef de détermination (R<sup>2</sup>)</b>		<b>Coef de variation</b>	<b>Ecart-type résiduel</b>		<b>Rdts moyen</b>		
<b>96.3</b>		<b>5.68</b>	<b>4.27</b>		<b>75.08</b>		

(1) : en % de la variation expliquée par le modèle

(2) : en % de la variation due à l'effet correspondant (milieu ou Interaction G-M)

## **2.5.2. Validation de la caractérisation des génotypes dans d'autres réseaux expérimentaux**

### **Introduction**

En mettant en œuvre maintenant une démarche identique dans d'autres réseaux expérimentaux, nous nous donnons comme objectif de conforter ou de relativiser la validité des résultats que nous avons obtenus dans le premier réseau : Parvient-on toujours à une bonne explication de l'interaction génotype – milieu avec les variables issues du diagnostic agronomique ? Peut-on conclure sur une validité plus générale des notes génotypiques de tolérance aux facteurs limitants, et sur le choix du modèle de régression factorielle à prendre en compte pour estimer ces notes ? Si la réponse à ces questions est affirmative, on pourra alors considérer que l'estimation de la tolérance des génotypes aux facteurs limitants apparus dans un réseau expérimental présente une fiabilité intéressante, notamment pour les facteurs limitants dont on ne peut pas noter facilement les effets (stress hydrique, excès de températures, carence en azote...). Par suite, la méthode que nous proposons pourra apparaître comme un moyen prometteur pour accéder à une meilleure connaissance des génotypes, sans recourir à des expérimentations spécifiques, qui sont coûteuses et difficiles à conduire.

Les résultats obtenus dans les réseaux 2 et 3 seront comparés à ceux que nous avons obtenus dans le réseau 1b (partie précédente). Leur présentation suivra une logique similaire :

1- Nous présenterons tout d'abord les parts d'interaction expliquées par les variables décrivant les facteurs limitants, identifiées par le diagnostic agronomique, dans un modèle de régression factorielle, pour chacun des 3 réseaux étudiés.

2- Puis nous analyserons l'instabilité des paramètres génotypiques déterminés au cours des différentes étapes de la régression factorielle, au fur et à mesure que les variables successives sont introduites. Cette instabilité nous contraint à poursuivre l'étude simultanée de l'ensemble des paramètres génotypiques obtenus à toutes les étapes de la régression factorielle (corrélation avec la résistance observée, lien avec la précocité), avant de conclure sur l'étape qu'il est préférable de prendre en compte.

3- Nous regarderons ensuite le lien entre les notes de tolérance déduites de la régression factorielle et la précocité des génotypes, et nous verrons que cette relation doit être prise en compte pour choisir l'étape de la régression factorielle à laquelle il est préférable de retenir les coefficients génotypiques.

4- Pour valider les notes obtenues et pour choisir le modèle de régression factorielle à prendre en compte, nous comparerons ensuite les notes de tolérance obtenues et les notes de résistance déduites des observations, pour certaines maladies dont les effets ont pu être observés, et nous verrons comment la correspondance entre ces notes peut éventuellement être améliorée par la prise en compte de la précocité des génotypes.

5- Suivant le même objectif, nous étudierons si les classements des notes de tolérance obtenues pour des génotypes communs à plusieurs réseaux sont conservés ou non d'un réseau à l'autre.

6- Enfin, nous présenterons les incertitudes obtenues sur les paramètres génotypiques aux différentes étapes de la régression factorielle et nous observerons si le modèle qui présente la plus faible incertitude correspond à la meilleure correspondance entre les notes de tolérance calculées et les notes de résistance déduites des observations.

Nous pourrions en tirer des conclusions ou des pistes de travail, pour identifier la procédure qui apparaît aujourd'hui le plus à même d'apporter une estimation fiable de la tolérance des génotypes aux facteurs limitants.

**Tableau 2.26.** Variables explicatives de l'interaction par ordre d'introduction dans la régression factorielle, part de la somme de carrés d'écart (SCE) de l'interaction expliquée et part des degrés de liberté (ddl) de l'interaction utilisée, pour les 3 réseaux 1b, 2 et 3 (le code des variables est celui du tableau 2.7 p.78).  
(pour le réseau 1b, le tableau est la version française du tableau 2.21)

	Variable	Part SCE	Part SCE	ddl	Part ddl	Probabilité		
Ordre	introduite	d'interaction	d'interaction	cumulés	d'interaction			
		partielle	cumulée		cumulée			
<b>Réseau 1b</b>	1	sfrpc	9.5	9.5	11	3.6	<.0001	-a : variable déterminée sur le témoin CAR
	2	njssb	9.0	18.5	22	7.1	<.0001	
	3	brpa	7.3	25.8	33	10.7	<.0001	-b : variable déterminée sur le témoin RIT
	4	spetpmfb	4.8	30.7	44	14.3	<.0001	
	5	nj25mc	8.1	38.8	55	17.9	<.0001	-c : variable déterminée sur le témoin SOI
	6	rgstf30b	4.3	43.1	66	21.4	<.0001	
	7	nj25efd	4.2	47.3	77	25.0	<.0001	-d : variable déterminée sur le témoin TRE
	8	orpc	3.5	50.8	88	28.6	<.0001	
	9	njdgc	3.3	54.1	99	32.1	<.0001	
	10	srglflb	3.4	57.5	110	35.7	<.0001	
	11	nj25lmc	2.8	60.2	121	39.3	0.0003	
	12	st25lmc	6.3	66.5	132	42.9	<.0001	
	13	nji10md	3.1	69.6	143	46.4	<.0001	
	14	rbetaa	1.8	71.4	154	50.0	0.0157	
	15	stmphvb	5.7	77.1	165	53.6	<.0001	
	16	nj25flc	3.8	81.0	176	57.1	<.0001	
<b>Réseau 2</b>	1	brpa	37.3	37.3	23	14.3	<.0001	-a : variable déterminée sur le témoin RIT
	2	sfmob	29.0	66.2	46	28.6	<.0001	
	3	njssb	13.6	79.8	69	42.9	<.0001	-b : variable déterminée sur le témoin SOI
	4	nji10mb	11.2	91.0	92	57.1	<.0001	
<b>Réseau 3</b>	1	brpa	22.0	22.0	9	3.8	<.0001	-a : variable déterminée sur le témoin CAR
	2	stmphva	8.7	30.7	18	7.7	<.0001	
	3	innfb	4.7	35.4	27	11.5	<.0001	-b : variable déterminée sur le témoin REC
	4	spetpmfa	7.2	42.6	36	15.4	<.0001	
	5	sfrpa	5.4	48.0	45	19.2	<.0001	-c : variable déterminée sur le témoin SOI
	6	vrpa	5.1	53.0	54	23.1	<.0001	
	7	rgstema	3.2	56.2	63	26.9	<.0001	
	8	orpb	4.0	60.2	72	30.8	<.0001	
	9	sdfmfb	2.4	62.6	81	34.6	<.0001	
	10	spetphvc	1.9	64.5	90	38.5	0.001	
	11	sdfmb	2.9	67.3	99	42.3	<.0001	
	12	jrp	1.9	69.3	108	46.2	0.0009	

## Résultats

### 1. Analyse de l'interaction : modèle interactif complet et régression factorielle

Nous avons effectué une analyse de variance des rendements à 0% d'eau (Rdts) de l'ensemble des lignées, sur les 3 réseaux 1b, 2 et 3 avec les modèles (1) (modèle interactif simple) et (2) (modèle de structuration avec les effets lieu, année et conduite : voir partie 2.2.5 p.81). Le réseau 1 n'a pas été analysé du fait du trop faible nombre de génotypes communs aux différentes années. Pour le réseau 2, l'analyse de l'interaction n'a porté que sur 8 milieux de l'année 2002 ("intensifs" et "extensifs"), car trop peu de génotypes étaient communs à plusieurs années expérimentales.

Le modèle interactif simple décrit bien les variations dans les 3 réseaux puisque les coefficients de détermination des 3 analyses sont respectivement de 96.9, 98.5 et 96.3% pour les réseaux 1b, 2 et 3 (tableau 2.25). Les effets dus aux génotypes sont comparables entre les 3 réseaux (8.7, 9.6 et 10.1% de la variation totale), les effets dus aux milieux sont fortement prépondérants (respectivement 75.8, 80.3 et 74.2%) et les effets d'interaction sont également comparables (14.4, 9.9 et 13.3%). Quand on regarde les composantes de l'effet milieu, on s'aperçoit que l'année joue un rôle important dans le réseau 1b, qui comporte 3 années (c'est le plus fort carré moyen de tous les effets introduits dans le modèle), mais que ce rôle est faible dans le réseau 3 qui ne comporte que 2 années. Au contraire, les variations de conduites culturales et les sites expérimentaux apportent une grande diversité dans le réseau 3 (ces deux effets présentent les plus forts carrés moyens). Dans le réseau 2, ce sont les variations de conduites culturales qui sont responsables de la plus grande partie des variations de rendement observées. Pour les composantes de l'interaction, on constate que dans le réseau 1b c'est le site expérimental qui a joué le rôle le plus important, alors que dans les réseaux 2 et 3 c'est d'abord la conduite culturale qui a entraîné des différences de réactions des génotypes.

Si on décompose l'interaction au moyen d'un modèle de régression factorielle utilisant les covariables mises en évidence dans les diagnostics agronomiques, on observe que (tableau 2.26) :

- Pour le réseau 1b, comme indiqué dans la partie précédente (2.5.1), 16 variables permettent d'expliquer 81% de l'interaction, et nous avons mis en évidence le rôle de la septoriose, de la rouille brune et de l'oidium pendant le remplissage des grains (*srpfc*, *brpa* et *orpc*), de la sécheresse au début et à la fin de la montaison (*njssb* et *spetpmfb*), des fortes températures au cours de différentes périodes (*nj25mc*, *nj25efd* et *nj25flc*, *nj25lmc* et *st25lmc*), des faibles rayonnements ou quotient photothermique (*nji10md*, *srglflld* et *rgstf30b*), des faibles températures et du gel hivernal (*stmphvb* et *njdgc*), ainsi que des carences en azote pendant la montaison (*rbetaa*).

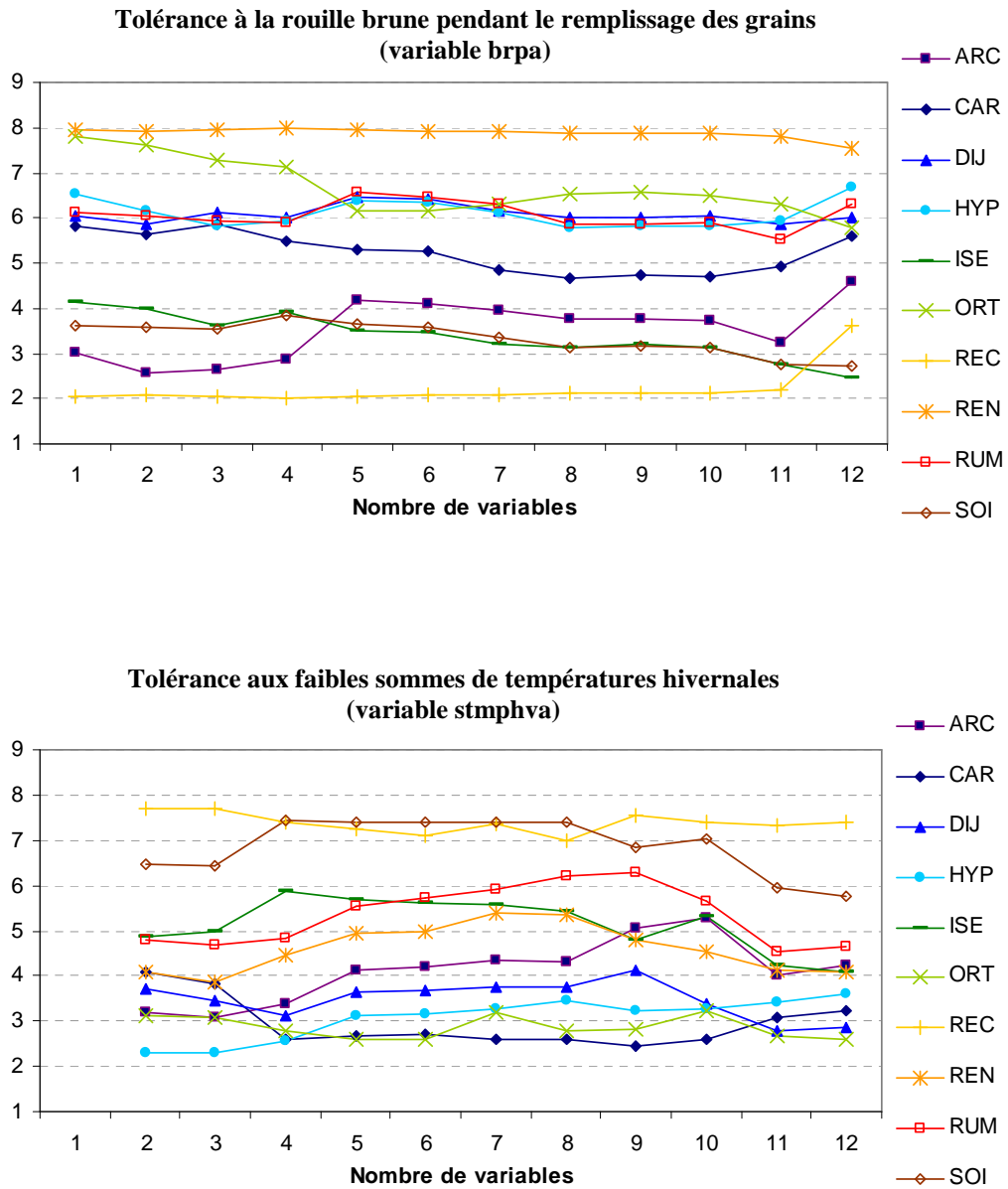
- En comparaison, pour le réseau 2, seules 4 variables apparaissent dans la régression factorielle, mais elles permettent d'expliquer 91% de l'interaction : la rouille brune pendant le remplissage (*brpa*) qui a elle seule explique 37.1% de l'interaction, la septoriose pendant la montaison (*sfmob* : 29%), la sécheresse au début de la montaison (*njssb* : 13.6%) et les faibles rayonnements à la méiose pollinique (*nji10mb* : 11.2%).

- Pour le réseau 3, 12 variables explicatives permettent de décomposer 69.3% de l'interaction. On retrouve le poids important des maladies pendant le remplissage des grains : rouille brune (*brpa* qui explique 22% de l'interaction), septoriose (*sfrpa* : 5.4%), oidium (*orpb* : 4%) et rouille jaune (*jrpj* : 1.9%). Apparaissent également les faibles températures hivernales (*stmphva* : 8.7%), les carences en azote pendant la montaison (*innfb* : 4.7%), la sécheresse et le déficit hydrique en fin de montaison (*spetpmfa* : 7.2%, *sdfmfb* : 2.4%), la sécheresse pendant la phase hivernale (*spetphvc* : 1.9%) et le déficit hydrique à la fin du remplissage des grains (*sdfmb* : 2.9%), la verse pendant le remplissage (*vrpa* : 5.1%), et le faible quotient photothermique au début de la montaison (*rgstema* : 3.2%).

### 2. Variation des notes de tolérance en fonction du nombre et de la nature des covariables introduites dans le modèle de régression factorielle

Les coefficients génotypiques associés à chacune des variables explicatives de l'interaction dans le modèle de régression factorielle sont une estimation de la tolérance des différents génotypes aux

**Figure 2.18.** Evolution des notes de tolérance à la rouille brune pendant le remplissage des grains (1<sup>ère</sup> variable introduite) et aux faibles sommes de températures hivernales (2<sup>e</sup> variable introduite) dans le réseau 3, en fonction du nombre de covariables introduites dans la régression factorielle.



facteurs limitants (voir figure 2.5 p.82). Pour pouvoir les comparer et pour que leurs valeurs correspondent à celles qui sont habituellement utilisées pour apprécier la tolérance des génotypes, nous avons converti ces paramètres sur une échelle de 1 à 9, conforme à l'échelle officielle du GEVES, où 1 représente le niveau de résistance le plus faible et 9 le niveau le plus élevé.

Comme nous l'avons déjà partiellement observé pour le réseau 1b (voir partie 2.5.1, figure 2.17 p.118), nous constatons que ces notes peuvent varier en fonction du nombre et de la nature des variables introduites dans la régression factorielle. La stabilité des notes de tolérance apparaît meilleure dans le réseau 3, comme illustré sur la figure 2.18 pour les deux premières variables introduites : la pression de rouille brune pendant le remplissage des grains et les faibles sommes de températures hivernales.

La totalité des graphes impliquant toutes les variables introduites dans la régression pour les 3 réseaux est présentée en annexe 12.

### 3. Relation entre les notes de tolérance déduites de la régression factorielle et la précocité des génotypes

Nous avons calculé les corrélations entre les notes de tolérance déduites de l'analyse et la tardiveté des génotypes, qui est l'opposé de la précocité, exprimée en nombre de jours entre le 1<sup>er</sup> janvier et la date d'épiaison ou de floraison (tableau 2.27). Une comparaison des relations obtenues avec le modèle complet pour des facteurs limitants communs aux deux réseaux 1b et 3 est représentée sur la figure 2.19 (et toutes les relations sont présentées en annexe 13).

Nous n'avons pas observé de corrélation significative entre les notes de tolérance calculées et la tardiveté des génotypes dans le réseau 2, et l'examen des relations entre notes de tolérance et tardiveté à l'épiaison ne permet pas d'envisager une forme de relation qui ne serait pas linéaire (annexe 13).

Dans le réseau 3, on observe des corrélations significatives négatives pour les faibles sommes de températures hivernales (*stmphva*, aux étapes 2, 3, 4 et 11 de la régression factorielle), pour la septoriose pendant le remplissage des grains (*sfrpa*, aux étapes 5 à 8 de la régression factorielle), pour la verse pendant le remplissage (*vrpa*, à 6 étapes sur 7), et pour les faibles quotients photothermiques au début de la montaison (*rgstema*, seulement à l'étape 10) : pour ces 4 facteurs limitants, les génotypes tardifs s'avèrent plus sensibles. Au contraire, les génotypes tardifs apparaissent plus tolérants (corrélations significatives positives) pour les carences en azote jusqu'à la floraison (*innfb*, étapes 5 à 11 de la régression factorielle), et pour l'oidium pendant le remplissage des grains (*orpb*, à toutes les étapes de la régression factorielle qui impliquent la variable correspondante).

Ces résultats sont cohérents avec ceux que l'on a obtenus dans le réseau 1b pour la tolérance à la septoriose pendant le remplissage des grains, pour la tolérance aux faibles sommes de températures hivernales (corrélation négative : figure 2.19), et pour la tolérance à une carence en azote jusqu'à la floraison (corrélation positive : les génotypes tardifs sont plus tolérants que les génotypes précoces aux carences en azote pendant la montaison). Pour la tolérance à l'oidium pendant le remplissage des grains, les génotypes tardifs sont moins affectés que les génotypes précoces dans le réseau 3, mais il n'y a pas de relation dans le réseau 1b. Pour la tolérance aux faibles quotients photothermiques, la liaison est positive dans le réseau 1b quand ce facteur est déterminé dans les 30 jours qui précèdent la floraison, et elle est négative au contraire dans le réseau 3 quand ce facteur est pris en compte uniquement au début de la montaison. D'autres facteurs limitants étaient communs à ces deux réseaux : la rouille brune pendant le remplissage, pour laquelle on observe dans les deux cas des corrélations positives mais non significatives, et la sécheresse en fin de montaison, pour laquelle on n'observe pas de relation stable dans ces deux réseaux.

### 4. Relation entre les notes de résistance déduites des observations et les notes de tolérance déduites de la régression factorielle

Pour les facteurs limitants comme les maladies dont on peut observer les symptômes au champ, nous avons comparé les notes de résistance déduites des observations aux notes de tolérance obtenues





à partir des paramètres génotypiques de la régression factorielle. Les corrélations obtenues sont présentées dans le tableau 2.28.

Pour le réseau 1b, nous avons relevé (partie 2.5.1) que toutes les corrélations sont élevées pour la rouille brune pendant le remplissage des grains (la meilleure : 0.90 étant obtenue pour 8 covariables introduites dans le modèle) et qu'elles ne sont pas améliorées par la correction liée à la précocité des génotypes. Pour l'oidium pendant le remplissage, la meilleure valeur et la seule significative (0.65) est obtenue pour le modèle complet, et elle est très légèrement améliorée quand la note est corrigée par la précocité (0.67), alors que toutes les autres sont nettement améliorées, une seule d'entre elles restant non-significative. La corrélation pour la note de tolérance à la septoriose pendant le remplissage n'est pas bonne quand la note calculée n'est pas corrigée par la précocité des génotypes : la meilleure valeur est seulement de 0.29, alors qu'on obtient 0.59 quand les notes sont corrigées par la précocité, cette valeur étant significative.

Dans le réseau 2, les estimations de tolérance correspondent bien aux observations pour la rouille brune pendant le remplissage : la meilleure valeur (0.82) est obtenue pour le premier modèle, qui correspond à l'introduction de la covariable décrivant la pression de rouille brune dans les essais, mais les autres sont également élevées et significatives. La correction par la précocité n'améliore pas la corrélation. Pour la tolérance à la septoriose pendant la montaison, la corrélation est bonne et significative seulement avec les notes de résistance déduites des observations pendant le remplissage (on obtient 0.72 avec le modèle complet), et non pas avec les notes de résistance obtenues pendant la montaison. La prise en compte des notes corrigées par la précocité améliore légèrement la corrélation avec la résistance observée pour les deux premiers modèles, non pour le dernier.

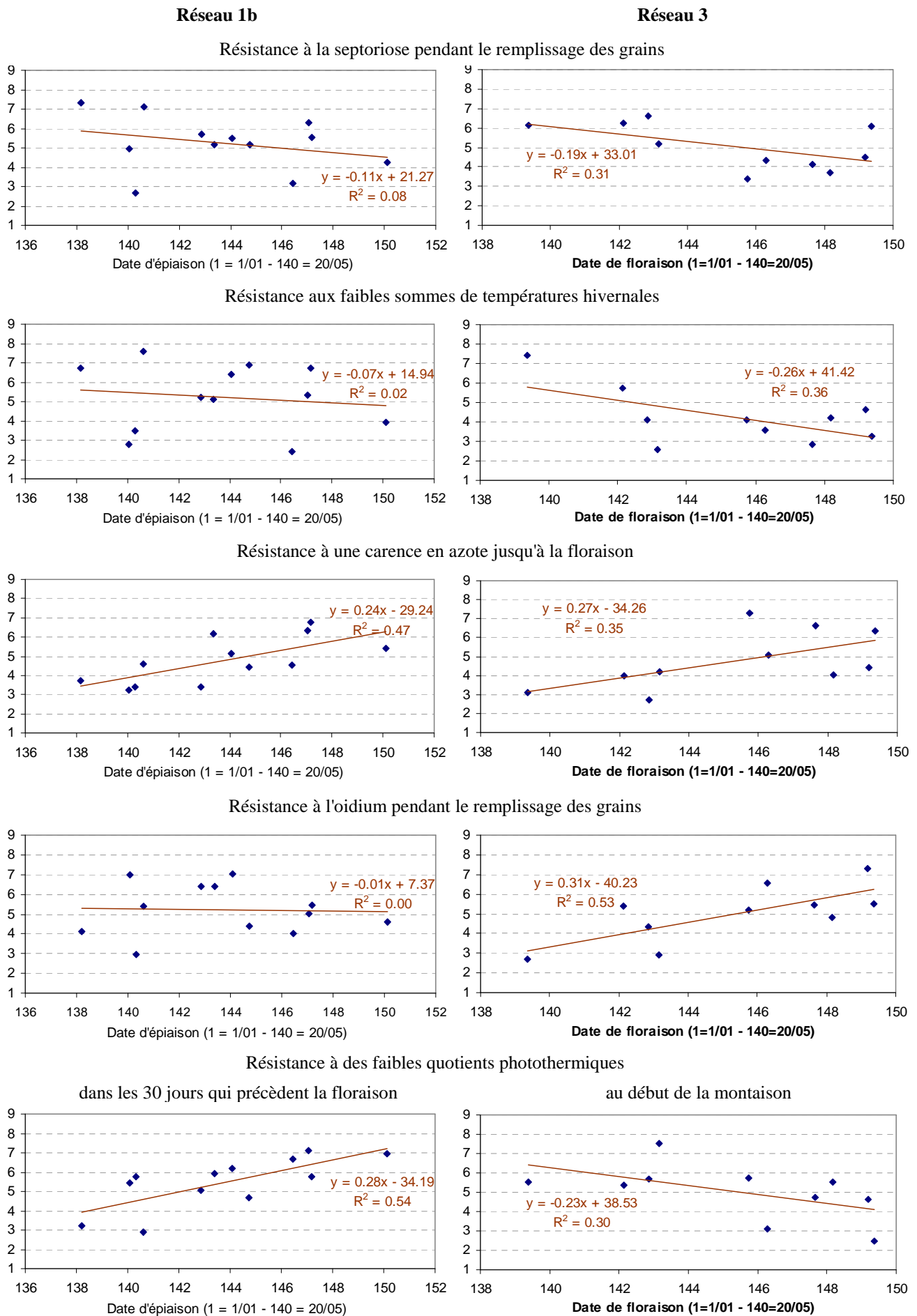
Dans le réseau 3, les corrélations obtenues sont très élevées et significatives pour la rouille brune pendant le remplissage des grains (la meilleure corrélation, de 0.92, est obtenue pour le modèle complet). On constate ici, comme pour les réseaux 1b et 2 que la corrélation n'est pas améliorée quand on cherche à corriger les notes par la précocité. Pour la rouille jaune pendant le remplissage, qui est la dernière variable introduite dans le modèle, la corrélation est significative (0.66), et elle n'est que très faiblement améliorée quand on utilise les notes corrigées par la précocité. Pour l'oidium pendant le remplissage, la valeur de corrélation la plus élevée est obtenue avec la note de résistance pendant la montaison, pour le modèle complet, mais elle n'est pas significative (0.62), et la prise en compte des notes corrigées n'améliore pas la corrélation, au contraire. Pour la septoriose, la corrélation est faible et non significative (0.21 pour le modèle complet), elle est légèrement améliorée par la correction des notes par la précocité des génotypes, mais reste non significative.

## 5. Comparaison des classements des notes de tolérance calculées pour des génotypes communs aux différents réseaux

Un autre moyen de juger la qualité des notes de tolérance déduites de la régression factorielle est de comparer les classements des génotypes communs aux différents réseaux, pour leur tolérance à des facteurs limitants identiques. Les génotypes communs sont : RIT et SOI pour les réseaux 1b et 2, CAR et SOI pour les réseaux 1b et 3. Pour la présentation des résultats de ces comparaisons, nous avons pris en compte 3 notes : celle qui est déterminée par le modèle correspondant à l'introduction de la covariable dans la régression factorielle, celle qui est déterminée au moment où l'incertitude sur les paramètres est la plus faible, et celle qui correspond au modèle complet. Nous avons également effectué la comparaison entre les notes corrigées par la précocité des génotypes, quand la corrélation entre les notes initiales et les notes de précocité était significative (tableau 2.29). Comme un écart-type est associé aux paramètres génotypiques dans la régression factorielle, il est possible de déterminer une incertitude sur les notes de tolérance, qui nous renseigne sur la valeur des différences observées entre deux génotypes. Dans les lignes qui suivent, nous avons essentiellement raisonné sur les différences supérieures à l'écart-type calculé pour chaque note de tolérance.

On constate qu'entre les réseaux 1b et 2 le classement des génotypes RIT et SOI est conservé pour la tolérance à la septoriose, que celle-ci soit déterminée pendant le remplissage des grains (*sfrp*, réseau 1b) ou pendant la montaison (*sfmo*, réseau 2) : RIT apparaît plus sensible que SOI, alors que les notes officielles de résistance à cette maladie sont les mêmes pour ces deux variétés (tableau 2.4). Pour

**Figure 2.19.** Comparaison des relations entre les notes de résistance calculées à partir du modèle complet de régression factorielle et la tardiveté des génotypes, pour des facteurs limitants communs aux réseaux 1b et 3.



la tolérance aux faibles rayonnements autour de la méiose pollinique en revanche (*nji10m*), il n'y a pas concordance des classements entre RIT et SOI : RIT est jugée plus tolérante que SOI dans le réseau 1b et plus sensible dans le réseau 2.

Entre les réseaux 1b et 3, il y a cohérence des classements de CAR et de SOI pour la tolérance à l'oidium pendant le remplissage des grains (*orp*) : SOI est jugée plus tolérante que CAR (dans le réseau 3, cela n'est vérifié que pour les notes corrigées par la précocité), et cela est conforme avec les notes officielles de résistance de ces deux variétés (tableau 2.4 p.75 : la note officielle de CAR est 5, celle de SOI, 7). Pour la tolérance à la rouille brune pendant le remplissage des grains (*brp*), CAR est plus tolérante que SOI, ce qui est également conforme aux différences de sensibilité connues de ces deux génotypes. Pour la tolérance à la septoriose pendant le remplissage des grains (*sfrp*), SOI est jugée plus tolérante que CAR quand les notes de tolérance ne sont pas corrigées par la précocité (dans le réseau 1b), et quand on corrige les notes par la précocité dans le réseau 3, c'est CAR qui est jugée la plus tolérante.

Pour les autres facteurs limitants, on n'observe pas simultanément, dans les deux réseaux comparés, des différences de notes supérieures à l'écart-type. RIT apparaît plus sensible que SOI à la sécheresse au début de la montaison dans le réseau 2 (*njss*), plus tolérante à la rouille brune pendant le remplissage des grains dans le réseau 1b (*brp*). Entre les réseaux 1b et 3, CAR apparaît plus sensible que SOI aux faibles sommes de températures hivernales (*stmphv*) et à la sécheresse en fin de montaison (*spetpmf*), alors qu'elle apparaît plus tolérante aux carences en azote pendant la montaison (*rbeta* et *innf*), mais la prise en compte des notes corrigées par la précocité pour le modèle aboutissant à la plus faible incertitude sur les paramètres atténue fortement la différence qui est alors plus faible que l'écart-type.

## 6. Incertitude sur les notes de tolérance aux facteurs limitants obtenue dans les différents modèles

Nous constatons dans les réseaux 1b et 2 que la plus faible incertitude sur les paramètres génotypiques n'est pas systématiquement obtenue avec le modèle correspondant à l'introduction de chaque variable, ni avec le modèle complet (tableau 2.30). Dans le réseau 3 en revanche, le modèle qui permet la plus faible incertitude est plus fréquemment celui qui correspond à l'introduction de chaque variable. Dans les 3 réseaux, on n'observe pas non plus de lien visible entre la plus faible incertitude sur les paramètres et la qualité des notes (estimée par la corrélation entre ces notes et les notes de résistance déduites des observations : voir tableau 2.28). On observe cependant que l'incertitude sur les paramètres croît pour les différentes covariables introduites, avec leur ordre d'introduction : l'écart-type est globalement plus faible pour les premières variables introduites que pour les dernières, mais pour une même variable, il n'y a pas de lien entre l'écart-type et le numéro d'ordre du modèle.

## Discussion

### 1. Pertinence des variables environnementales retenues dans le diagnostic pour expliquer l'interaction

Les parts de variation dues aux effets génotype, milieu et interaction génotype - milieu sont proches des valeurs décrites par Baril (1992) et par Brancourt-Hulmel (1999). La part d'interaction expliquée par le modèle de régression factorielle le plus complet est légèrement inférieure dans le réseau 3 (69.3% contre 81 et 91% dans les réseaux 1b et 2), mais cette valeur reste élevée si on la compare avec d'autres analyses similaires. Brancourt-Hulmel *et al.* (1997) indiquent qu'en général la régression factorielle permet d'expliquer de 50 à 70% de l'interaction, et Baril (1992) a obtenu une décomposition de 91% de l'interaction, en utilisant à la fois des covariables environnementales et génotypiques. Nous avons atteint également cette valeur dans le réseau 2, alors que nous n'avons utilisé que des covariables environnementales, et que nous n'avons retenu que les variables dont l'effet principal était négatif (pour que l'effet moyen des variables corresponde bien à une réduction du rendement). Nos

**Tableau 2.28.** Corrélations entre les notes de tolérance calculées par la régression factorielle et les notes de résistance déduites des observations dans les 3 réseaux étudiés, en fonction du nombre de covariables introduites (le modèle à une seule covariable "1 cov" est le modèle où la variable décrivant le facteur limitant étudié est la seule introduite). La première corrélation utilise les notes déduites directement des paramètres de la régression factorielle, la deuxième les notes corrigées par la précocité. Pour chaque variable apparaissent en gras et en bleu les corrélations significatives au seuil de 5%, et en rouge la valeur la plus élevée en valeur absolue. (pour le réseau 1b, le tableau reprend une partie des données du tableau 2.24, p.121)

<b>Réseau 1b (nombre d'individus : 12 ; seuil de significativité à 5% : 0.576)</b>																	
<i>Tolérance à la septoriose pendant le remplissage des grains.</i>																	
Nb de covariables	1 cov	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Note initiale	0.07	0.07	0.08	-0.18	-0.10	-0.10	-0.10	-0.09	-0.23	0.06	0.08	0.09	<b>0.29</b>	0.28	0.13	<b>0.29</b>	0.28
Note corrigée	0.54	0.54	<b>0.59</b>	0.32	0.38	0.40	0.40	0.24	0.05	0.17	0.08	0.02	0.39	0.38	0.37	0.49	0.50
<i>Tolérance à la rouille brune pendant le remplissage des grains.</i>																	
Nb de covariables	1 cov		3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	
Note initiale	<b>0.73</b>		<b>0.83</b>	<b>0.81</b>	<b>0.89</b>	<b>0.88</b>	<b>0.87</b>	<b>0.90</b>	<b>0.89</b>	<b>0.87</b>	<b>0.85</b>	<b>0.72</b>	<b>0.69</b>	<b>0.71</b>	<b>0.65</b>	<b>0.67</b>	
Note corrigée	<b>0.74</b>		<b>0.83</b>	<b>0.81</b>	<b>0.88</b>	<b>0.87</b>	<b>0.87</b>	<b>0.90</b>	<b>0.88</b>	<b>0.87</b>	<b>0.85</b>	<b>0.73</b>	<b>0.69</b>	<b>0.72</b>	<b>0.66</b>	<b>0.68</b>	
<i>Tolérance à l'oidium pendant le remplissage des grains.</i>																	
Nb de covariables	1 cov							8	9	10	11	12	13	14	15	16	
Note initiale	0.38							0.49	0.49	0.47	0.45	0.49	0.49	0.47	0.54	<b>0.65</b>	
Note corrigée	<b>0.60</b>							<b>0.61</b>	<b>0.60</b>	<b>0.60</b>	<b>0.59</b>	<b>0.63</b>	<b>0.60</b>	0.51	<b>0.58</b>	<b>0.67</b>	

<b>Réseau 2 (nombre d'individus : 22 ; seuil de significativité à 5% : 0.423)</b>					
<i>Tolérance à la rouille brune pendant le remplissage des grains.</i>					
Nb de covariables	1 cov	1	2	3	4
Note initiale	<b>0.82</b>	<b>0.82</b>	<b>0.81</b>	<b>0.81</b>	<b>0.78</b>
Note corrigée	<b>0.82</b>	<b>0.82</b>	<b>0.80</b>	<b>0.81</b>	<b>0.78</b>

<i>Tolérance à la septoriose pendant la montaison.</i>					
Nb de covariables	1 cov	2	3	4	
Note initiale (1)	(*)	-0.04	0.07	-0.00	→ (1) Corrélation avec la notation de septoriose pendant la montaison
Note corrigée (1)	(*)	-0.03	0.07	-0.00	
Note initiale (2)	(*)	<b>0.70</b>	<b>0.69</b>	<b>0.72</b>	→ (2) Corrélation avec la notation de septoriose pendant le remplissage des grains
Note corrigée (2)	(*)	<b>0.76</b>	<b>0.72</b>	<b>0.71</b>	

<b>Réseau 3 (nombre d'individus : 10 ; seuil de significativité à 5% : 0.632)</b>													
<i>Tolérance à la rouille brune pendant le remplissage des grains.</i>													
Nb de covariables	1cov	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Note initiale	<b>0.74</b>	<b>0.74</b>	<b>0.72</b>	<b>0.75</b>	<b>0.73</b>	<b>0.86</b>	<b>0.86</b>	<b>0.86</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.85</b>	<b>0.92</b>
Note corrigée	0.50	0.50	0.49	0.49	0.48	0.54	0.54	0.56	0.58	0.58	0.58	0.58	<b>0.63</b>
<i>Tolérance à la septoriose pendant le remplissage des grains.</i>													
Nb de covariables	1cov					5	6	7	8	9	10	11	12
Note initiale	-0.48					0.07	0.07	0.08	0.03	-0.05	-0.06	-0.02	<b>0.21</b>
Note corrigée	-0.47					0.22	0.23	0.22	0.13	0.01	-0.00	0.04	<b>0.32</b>
<i>Tolérance à l'oidium pendant le remplissage des grains.</i>													
Nb de covariables	1cov								8	9	10	11	12
Note initiale (1)	(*)								0.54	0.60	0.60	0.60	<b>0.62</b>
Note corrigée (1)	(*)								0.12	0.19	0.18	0.19	<b>0.22</b>
Note initiale (2)	(*)								-0.16	-0.14	-0.14	-0.14	-0.13
Note corrigée (2)	(*)								-0.31	-0.30	-0.29	-0.29	-0.27
<i>Résist. à la rouille jaune pendant le remplissage.</i>													
Nb de covariables	1cov												12
Note initiale	-0.07												<b>0.66</b>
Note corrigée	0.40												<b>0.67</b>

(\*) dans le modèle de régression simple à une seule covariable, les effets principaux des variables décrivant la septoriose dans le réseau 2 et l'oidium dans le réseau 3 ont un signe positif, ce qui est incohérent avec l'effet attendu des facteurs limitants décrits (ceux-ci doivent en effet entraîner une diminution du rendement). Conformément aux règles que nous nous sommes données, il n'était donc pas possible de prendre en compte ces variables seules dans l'analyse.

résultats apparaissent donc très satisfaisants en terme de décomposition de l'interaction, ce qui indique que les variables environnementales identifiées par le diagnostic agronomique apportent une information pertinente pour décrire les variations de rendements de l'ensemble des génotypes.

L'ajout de variables décrivant des facteurs limitants comme la verse ou les maladies, dont l'apparition a été constatée sur les essais, alors que ces variables ne sont pas apparues dans le diagnostic s'est avéré utile dans le réseau 3, où la verse pendant le remplissage est effectivement une des variables explicatives de l'interaction. Cela signifie que, dans ce cas, les génotypes révélateurs n'étaient pas suffisamment représentatifs des comportements des autres génotypes évalués dans le réseau. En particulier concernant la sensibilité à la verse, leur choix n'a pas été assez judicieux. Il est possible que la plus faible part d'interaction expliquée dans ce réseau doive être reliée à une insuffisante pertinence des génotypes révélateurs (en particulier, ce réseau ne comportait pas de génotype révélateur tardif).

Quand on analyse les résultats d'un réseau d'essais en utilisant la régression factorielle, il est donc possible que d'autres variables environnementales que celles qui ont été retenues à partir des génotypes révélateurs soient également explicatives de l'interaction. Pour le savoir, il faudrait tester un nombre beaucoup plus grand de variables descriptives des milieux expérimentaux, ce dont certains auteurs se sont approchés (Voltas *et al.*, 2005). Mais cela constituerait un travail très lourd, dans lequel, de plus, le rôle agronomique des variables n'est pas garanti. Notre démarche de tri des variables par des génotypes révélateurs, qui prend également en compte le signe de l'effet principal des variables introduites, nous semble augmenter cette garantie. Nous avons effectivement constaté que le diagnostic permet d'identifier correctement les principaux facteurs limitants qui ont affecté l'ensemble des génotypes expérimentés (voir partie 2.3.1 p.87). Mais il convient de bien choisir les témoins révélateurs, aussi différents et complémentaires que possible, de façon à ce que le plus grand nombre de facteurs limitants soient mis en évidence, et de se donner la possibilité d'ajouter des variables descriptives qui correspondent à des contraintes observées mais qui peuvent ne pas avoir été mises en évidence par les génotypes révélateurs.

L'instabilité de certains paramètres génotypiques en fonction du nombre et de la nature des covariables introduites montre la dépendance qui subsiste entre les covariables. Une amélioration de la démarche pourrait aussi provenir d'une autre méthode de sélection des covariables dans la régression factorielle : nous avons retenu une méthode progressive ('*forward*'), alors qu'une méthode pas à pas (comparable à la méthode '*stepwise*' de la régression linéaire), permettrait de retirer les variables initialement introduites qui ne sont plus significatives dans une étape ultérieure. Mais ce type de sélection n'est pas toujours possible en analyse de variance, selon le progiciel utilisé (par exemple sous SAS, la sélection '*stepwise*' n'existe qu'en régression linéaire). Il serait également intéressant de tester une méthode qui consisterait à comparer à chaque étape toutes les régressions possibles, pour identifier celle qui est la plus explicative (méthode de maximisation du  $R^2$ ).

## 2. Validité des notes de tolérance aux facteurs limitants déduites de la régression factorielle

### *Comparaison des notes de tolérance aux facteurs limitants avec les notes de résistance déduites des observations*

Pour les facteurs limitants dont nous avons pu vérifier l'action par des observations sur les essais (ce qui est le cas essentiellement des maladies du feuillage), la comparaison des notes de tolérance estimées avec les notes de résistance déduites des observations doit nous permettre de juger la qualité des estimations, de nous aider à identifier à quelle étape dans le modèle de régression factorielle il est préférable de calculer les notes de tolérance, et de conclure sur l'intérêt d'utiliser plutôt les notes de tolérance initiales (non corrigées par la précocité) ou les notes corrigées par la précocité des génotypes.

Pour la rouille brune, dont les symptômes peuvent difficilement être confondus avec d'autres causes de destruction du feuillage, nous avons constaté une bonne concordance entre la tolérance calculée par les paramètres de la régression factorielle et la résistance déduite des observations. Dans le réseau 3, la concordance est bonne également pour la rouille jaune, bien que la variable correspondante ait été introduite en dernier dans la régression factorielle. Cela signifie que la qualité

**Tableau 2.29.** Comparaison des notes de tolérance à des facteurs limitants identiques, obtenues pour les génotypes communs aux différents réseaux : RIT et SOI pour les réseaux 1b et 2, CAR et SOI pour les réseaux 1b et 3. Les différences supérieures à l'écart-type sont visualisées par les signes > ou <.

	Réseau 1b				Réseau 2			
	modèle *	RIT	SOI	ET	modèle *	RIT	SOI	ET
Tolérance à la sécheresse au début de la montaison (variable <i>njss</i> )	2	2.70	3.51	1.26	3	2.48	3.23	1.48
	5	2.17	2.52	1.17	4	2.31 <	3.69	1.31
	16	4.53	3.94	1.95	4	2.31 <	3.69	1.31
Tolérance aux faibles rayonnements à la méiose pollinique ( <i>nji10m</i> )	13	5.33	3.87	1.87	4	2.28 <	4.13	1.28
	15	4.68 >	2.88	1.43	4	2.28 <	4.13	1.28
	16	4.71 >	2.92	1.47	4	2.28 <	4.13	1.28
Tolérance à la rouille brune pendant le remplissage ( <i>brp</i> )	3	5.21 >	2.27	1.27	1	2.01	2.78	1.01
	7	4.75 >	2.24	1.24	3	1.91	2.76	0.86
	16	6.27 >	2.49	1.49	4	2.20	2.74	0.88
Résist. à la septoriose rempliss. (rés.1b : <i>sfrp</i> ) ou montaison (rés. 2 : <i>sfmo</i> )	1	4.64 <	7.36	1.24	2	2.88	3.68	1.02
	1	4.64 <	7.36	1.24	2	2.88	3.68	1.02
	16	4.22	4.96	1.69	4	2.19 <	4.09	1.19

	Réseau 1b				Réseau 3			
	modèle *	CAR	SOI	ET	modèle *	CAR	SOI	ET
Tolérance aux faibles sommes de températures hivernales ( <i>stmphv</i> )	15	2.62	3.09	1.62	2	4.09 <	6.48	1.29
	16	2.38	2.80	1.38	2	4.09 <	6.48	1.29
	16	2.38	2.80	1.38	12	3.25 <	5.76	1.59
Tolérance à la sécheresse en fin de montaison (variable <i>spetpmf</i> )	4	7.23	6.14	1.77	4	2.43 <	7.43	1.43
	16	2.39	3.77	1.39	4	2.43 <	7.43	1.43
	16	2.39	3.77	1.39	12	5.17	4.30	1.88
Tolérance aux carences en azote pendant la montaison ( <i>rbeta</i> et <i>innf</i> )	14	4.47	2.99	1.99	3	6.95 >	4.48	1.68
	14 (2)	3.76	3.42	2.38	11	6.75 >	4.02	1.63
	15	3.81	2.74	1.74	11 (2)	5.31	4.62	1.83
Tolérance à l'oidium pendant le remplissage (variable <i>orp</i> )	16	4.56	3.22	2.22	12	6.36 >	3.99	1.71
	16 (2)	3.86	4.05	2.49	8	5.33	5.30	1.68
	8	4.06 <	7.10	1.75	8 (2)	4.16 <	6.86	2.14
Tolérance à la rouille brune pendant le remplissage ( <i>brp</i> )	10	3.56 <	6.75	1.73	8	5.33	5.30	1.68
	16	4.01 <	7.01	1.96	8 (2)	4.16 <	6.86	2.14
	16	4.01 <	7.01	1.96	12	5.52	5.38	1.71
Tolérance à la septoriose pendant le remplissage (variable <i>sfrp</i> )	12 (2)	4.09 <	6.80	2.20	12 (2)	4.09 <	6.80	2.20
	3	4.27 >	2.27	1.27	1	5.81 >	3.60	1.03
	7	4.78 >	2.24	1.24	4	5.50 >	3.83	1.02
Tolérance à la septoriose pendant le remplissage (variable <i>sfrp</i> )	16	7.11 >	2.49	1.49	12	5.58 >	2.73	1.47
	1	2.24 <	7.36	1.24	5	5.75	6.52	1.86
	1	2.24 <	7.36	1.24	5 (2)	6.90 >	4.51	2.10
	16	3.17 <	4.96	1.69	7	5.96	6.43	1.79
	16	3.17 <	4.96	1.69	9 (2)	7.11 >	5.20	1.89
	16	3.17 <	4.96	1.69	12	6.07	6.22	2.38

\* Pour chaque facteur limitant, les résultats de 3 modèles sont présentés. Le premier est celui qui correspond à l'introduction de la variable décrivant le facteur limitant, le second est celui qui présente la plus faible incertitude sur les paramètres (l'écart-type est minimal), le troisième correspond au modèle complet, incluant toutes les covariables significatives. Ces modèles peuvent être confondus (par exemple quand le premier modèle est également celui pour lequel l'incertitude est la plus faible, ou quand la variable en question est la dernière variable introduite dans la régression factorielle).  
(2) : notes corrigées par la précocité quand la corrélation notes initiales / précocité est significative.

de l'estimation de la tolérance n'est pas nécessairement dégradée pour les dernières variables introduites.

Pour la septoriose, nous avons signalé (partie 2.5.1 p.119) que les symptômes de cette maladie peuvent être plus facilement confondus avec d'autres causes de dessèchement du feuillage, ce qui peut expliquer les moins bonnes corrélations observées entre la tolérance calculée et la résistance observée. Nous avons d'autre part constaté, dans le réseau 1b, que la qualité des notes de tolérance à cette maladie était nettement améliorée quand ces notes étaient corrigées par la précocité des géotypes (tableau 2.28). De plus, des décalages entre la date d'apparition des symptômes et la date des notations, ou entre la date d'effet des maladies et la manifestation des symptômes, peuvent expliquer que les notes de tolérance à la septoriose pendant la montaison dans le réseau 2 sont mieux corrélées aux notes déduites des observations pendant le remplissage. La même explication est possible pour la meilleure corrélation des notes de tolérance à l'oidium pendant le remplissage avec les notes déduites des observations pendant la montaison dans le réseau 3.

#### *Comparaison des classements des géotypes communs à différents réseaux.*

Les différences entre notes de tolérance obtenues d'un réseau à l'autre peuvent résulter du fait que nous n'avons pas exploré la même variabilité génétique dans chaque cas. Il est donc possible que des notes de tolérance sensiblement différentes aient été affectées à un même géotype, lors de son évaluation dans deux réseaux différents. En revanche, si la méthode que nous proposons est fiable, les tolérances estimées pour deux géotypes dans des réseaux différents doivent conserver le même classement. Nous avons peu de géotypes communs entre les réseaux qui ont servi à notre étude (seulement les géotypes révélateurs). Mais nous avons constaté que les cas d'inversion de classement ou d'incohérence avec les résistances connues étaient rares. Ainsi les classements des tolérances ont été bien conservés ou sont conformes à ce que l'on connaît des sensibilités variétales pour l'oidium et pour la rouille brune pendant le remplissage des grains (réseau 1b et 3). Dans le réseau 2 toutefois, Ritmo est apparue aussi sensible que Soissons à la rouille brune. Nous avons vu (tableau 2.28) que la qualité des notes n'est pas améliorée par la prise en compte de la précocité : on ne peut donc pas retenir l'explication d'une action tardive de la rouille brune, qui aurait affecté plus fortement Ritmo (variété tardive) que Soissons.

Pour la tolérance à la septoriose, Ritmo a été jugée plus sensible que Soissons dans les réseaux 1b et 2, alors que les notes officielles de résistance de ces deux variétés sont identiques. Or nous avons vu que pour cette maladie, il existait un lien entre la sensibilité et la tardiveté des géotypes (tableau 2.27). Même si ce lien n'était pas significatif à toutes les étapes de la régression factorielle, il est vraisemblable que la plus grande tardiveté de Ritmo ait davantage exposé cette variété aux développements parasitaires de fin de cycle, ce qui se traduit par des pertes de rendement plus importantes. La note de tolérance calculée à partir des paramètres de la régression factorielle tient compte des pertes de rendement. Il est donc compréhensible que l'on estime Ritmo plus sensible, alors que les symptômes observés à une date donnée (et la note de résistance du GEVES est basée sur ces symptômes) ne sont pas plus importants que pour la variété Soissons.

Nous avons observé une incohérence pour la tolérance aux *faibles rayonnements autour de la méiose pollinique*, pour laquelle Soissons a été jugée plus sensible que Ritmo dans un cas (réseau 1b), alors que c'est l'inverse dans l'autre (réseau 2). Mais l'on sait que ce facteur limitant a une période d'action très courte (Demotes-Mainard *et al.*, 1996) et qu'il peut donc survenir dans la période de sensibilité des géotypes appartenant à une certaine classe de précocité dans un réseau donné ou pour une année donnée, alors qu'il affectera une autre classe de précocité dans une autre situation. On peut donc s'attendre à une telle instabilité de classement pour tous les facteurs limitants qui agissent sur une période très courte.

Les notes de tolérance correspondent à la pente de la relation entre les écarts de rendement estimés et les valeurs des variables environnementales décrivant les facteurs limitants dans chacun des milieux (figure 2.5 p.82), relation qui est supposée linéaire, alors que nous l'avons vu, ce n'est pas systématiquement le cas. Il peut également exister un effet de seuil, imparfaitement pris en compte dans le calcul des variables, et qui a pu exagérer leur rôle ou au contraire le masquer : pour certaines variables, aucun seuil n'était connu, mais le diagnostic agronomique peut aider à en établir ; pour d'autres variables, il peut permettre d'améliorer les seuils initialement pris en compte (voir





annexe 10). Des imprécisions dans la détermination de la note de tolérance peuvent résulter des approximations qui subsistent actuellement.

### 3. Relation entre les notes de tolérance et la précocité

Pour les deux facteurs limitants communs aux réseaux 1b et 3 pour lesquels nous avons observé une corrélation significative avec la précocité des génotypes, c'est à dire la septoriose pendant le remplissage des grains et les carences en azote pendant la montaison, les relations entre les notes de tolérance et la précocité sont cohérentes entre les deux réseaux : la tolérance à la septoriose décroît avec la tardiveté des génotypes, alors que la tolérance aux carences en azote pendant la montaison augmente avec la tardiveté des génotypes. Pour la septoriose, nous avons vu (voir partie 2.5.1 p.120) que cela pouvait être expliqué par le fait qu'au moment du développement de la maladie, les génotypes tardifs sont plus éloignés de la fin de leur cycle que les génotypes précoces. Pour l'azote, Barbottin (2004) a confirmé nos résultats en observant que, pour les régimes de fertilisation classique dans les essais variétés, les génotypes tardifs absorbaient davantage d'azote que les génotypes précoces, et que leur vitesse d'assimilation de l'azote était également légèrement supérieure (et voir partie 2.5.1 p.120).

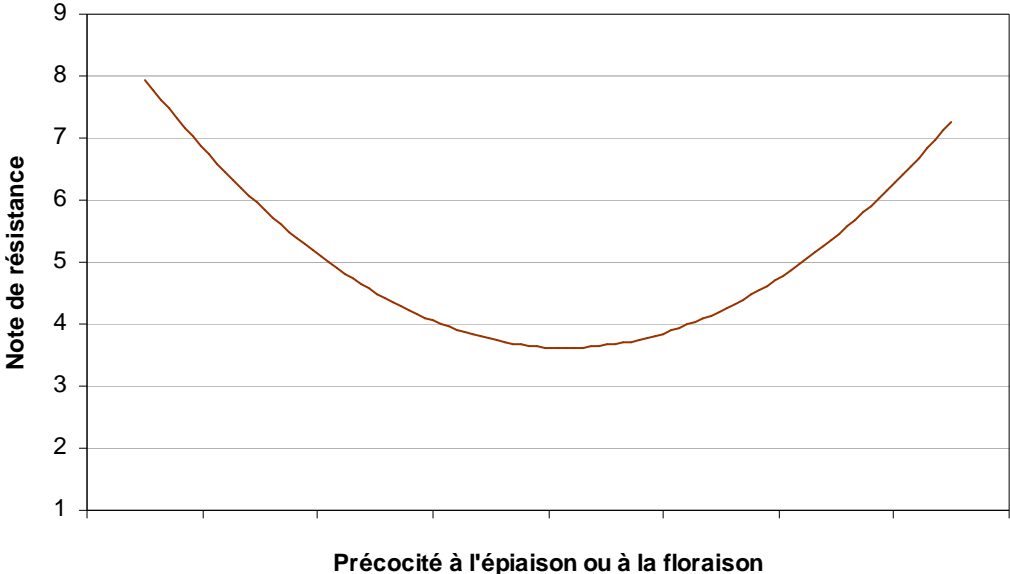
La tolérance aux faibles quotients photothermiques augmente avec la tardiveté des génotypes quand ce facteur est pris en compte dans les 30 jours qui précèdent la floraison (réseau 1b), alors qu'elle diminue quand on le considère au début de la montaison (réseau 3). Cela ne constitue pas réellement une incohérence dans la mesure où le facteur limitant n'est pas défini exactement sur les mêmes périodes, même si elles sont en partie communes. Pour d'autres facteurs limitants, nous n'avons observé des corrélations significatives que pour un seul réseau : ainsi, dans le réseau 1b, les génotypes tardifs apparaissent plus tolérants aux fortes températures à la méiose, aux fortes températures entre épiaison et floraison et aux dégâts de gel hivernal, et, dans le réseau 3, ils apparaissent plus tolérants à l'oidium et plus sensibles à la verse pendant le remplissage des grains dans ce même réseau.

On peut penser que pour des facteurs limitants qui agissent sur une période longue (par ex. les faibles quotients photothermiques dans les 30 jours qui précèdent la floraison, ou la pression parasitaire pendant le remplissage des grains...) il est plus probable de trouver une relation linéaire avec la précocité que pour un facteur limitant qui intervient de façon beaucoup plus ponctuelle, comme par ex. les faibles rayonnements ou les fortes températures à la méiose (Demotes-Mainard *et al.*, 1996). Comme nous l'avons évoqué dans le paragraphe précédent, dans ce second cas, le facteur limitant a pu toucher des génotypes d'une certaine classe de précocité, mais pas ceux qui sont plus précoces ou plus tardifs. Dans une telle situation, il n'y a pas de relation linéaire entre la tolérance et la précocité des génotypes, mais il peut y avoir un lien d'une autre nature, par exemple polynomial, comme nous l'avons illustré dans un cas fictif (figure 2.20). Dans les différents réseaux que nous avons étudiés, le nombre de génotypes n'était sans doute pas suffisant pour nous permettre de mettre en évidence de telles formes de relations (annexe 13).

Quand une relation entre la tolérance et la précocité existe, la tolérance de certains génotypes peut être due à un phénomène d'évitement du facteur limitant, lié au fait que la période d'apparition du facteur limitant et la période de sensibilité de ces génotypes ne coïncident pas, ou à une atténuation ou au contraire une aggravation du facteur limitant dans le temps. Nous avons vu que c'était le cas par exemple pour la septoriose qui s'aggrave en fin de cycle et pour les carences en azote de fin de montaison, qui tendent à diminuer pour les génotypes tardifs. Si l'on veut comparer ce que nous appelons les tolérances "intrinsèques" des génotypes (c'est-à-dire indépendantes de leur précocité), il est donc nécessaire de s'affranchir du biais lié à la précocité. Si au contraire l'expérimentateur cherche d'abord à connaître les risques de pertes de rendement courus par différents génotypes, la prise en compte des notes non corrigées par la précocité rend bien compte, par exemple, de l'exposition plus importante des génotypes tardifs aux facteurs limitants de fin de cycle. Le mode de correction que nous avons retenu prend en compte l'écart des notes de tolérance initiales à la droite de régression avec la précocité. Il n'est valable qu'en cas de relation linéaire entre les notes initiales et la précocité.

L'attribution des notes visuelles pour les attaques parasitaires n'a pas pris en compte les différences de précocité entre génotypes, puisque dans les réseaux expérimentaux ces notes sont attribuées le plus

**Figure 2.20.** Relation non linéaire fictive entre la précocité et la note de résistance à un facteur limitant.



souvent à date fixe, indépendamment du stade des génotypes. L'effet plus marqué des maladies du remplissage sur le rendement des génotypes tardifs n'est donc pas pris en compte par la notation, alors qu'au contraire les notes de tolérance calculées traduisent les différences de réaction des variétés aux facteurs limitants, jugées par leur effet sur le rendement. Les résultats que nous avons obtenus tendent à montrer que la correction des notes de tolérance par la précocité des génotypes donne des résultats plus proches des observations quand on observe une forte liaison entre les notes de précocité et les notes de tolérance. C'était notamment le cas pour la tolérance à la septoriose.

#### **4. À quelle étape dans la régression factorielle prendre en compte les paramètres génotypiques pour estimer la tolérance des génotypes ?**

Le problème de la sélection des covariables dans un modèle de régression factorielle a déjà été évoqué par différents auteurs (Denis, 1988 ; van Eeuwijk *et al.*, 1996, 2004), qui ont insisté notamment sur le fait que les problèmes étaient accrus par la non-orthogonalité des covariables. Nous avons effectivement constaté que les notes de tolérance peuvent montrer des fluctuations importantes en fonction du nombre et de la nature des variables introduites dans la régression factorielle. Il est donc nécessaire de s'interroger sur l'étape optimale pour estimer les notes de tolérance aux facteurs limitants. Parmi les 4 solutions que nous jugeons possibles *a priori*, nous pouvons conclure que :

- Il semble nécessaire de calculer les paramètres génotypiques dans une régression multiple, et non pas en introduisant individuellement les covariables dans une régression simple. En effet, nous avons constaté que les corrélations entre les notes de résistance déduites des observations et les notes de tolérance estimées dans un modèle de régression simple sont toujours inférieures aux meilleures corrélations observées. Elles sont même parfois très mauvaises. Dans deux cas, le modèle de régression simple a dû être écarté d'emblée dans la mesure où l'effet principal de la covariable était positif (tableau 2.28). L'instabilité parfois importante des paramètres, que l'on observe pour certaines variables au cours des étapes successives de la régression factorielle, tend également à montrer que des confusions sont possibles entre les effets d'une variable et celui des variables qui sont introduites après elle, et qu'une estimation qui ne prendrait pas en compte ces effets risque de ne pas être fiable.

- Ni le modèle complet, ni le modèle correspondant à l'introduction de chaque covariable n'est systématiquement celui qui permet la meilleure adéquation entre les notes de tolérance calculées et les notes de résistance déduites des observations. On peut penser que le modèle complet est le plus approprié, car le rôle de chacune des variables tient compte de l'intervention de toutes les variables qui ont un effet significatif sur l'interaction. Nous avons effectivement constaté que ce modèle donne les meilleures estimations de tolérance pour les 4 maladies observées dans le réseau 3, ainsi que pour la septoriose dans le réseau 2, et pour l'oidium dans le réseau 1b. Mais pour la rouille brune dans le réseau 1b, le modèle complet est un des moins bons (la meilleure estimation étant obtenue à la 8<sup>e</sup> étape de la régression factorielle), et dans le réseau 2 c'est le premier modèle, celui qui correspond à l'introduction de la variable "rouille brune", qui donne la meilleure estimation.

- Enfin, le modèle qui donne la plus faible incertitude sur les paramètres génotypiques n'est jamais celui qui correspond à la meilleure estimation des tolérances (tableau 2.30).

En absence d'une réponse générale évidente sur le choix du modèle de régression factorielle, il nous semble préférable d'adopter le modèle complet, qui donne le plus souvent satisfaction, et qui permet de déterminer tous les paramètres génotypiques à partir d'un seul et même modèle. Mais l'instabilité et la dégradation des estimations que l'on observe par exemple pour la rouille brune dans les dernières étapes de la régression factorielle (réseau 1b) montre qu'il est nécessaire de poursuivre les analyses sur ce point. On pourrait envisager par exemple d'établir un critère de stabilité des paramètres génotypiques au cours de l'introduction des covariables successives, de façon à ne pas retenir des paramètres à une étape où ils présentent une trop grande instabilité. Il apparaît souhaitable de visualiser systématiquement sur un graphique l'évolution des notes au cours des étapes successives de la régression factorielle, pour identifier les variables pour lesquelles les notes sont les plus instables, et pour identifier les étapes où cette instabilité est la plus grande.

Les résultats que nous avons obtenus permettent d'obtenir des conclusions intéressantes sur la tolérance des génotypes aux facteurs limitants observés dans un réseau expérimental, mais l'indécision

qui subsiste sur le choix du modèle de régression factorielle à prendre en compte montre la nécessité de consolider les conclusions que l'on peut porter sur le comportement des génotypes par des résultats d'autres années ou d'autres réseaux.

### 2.5.3. Conclusion de la partie 2.5

Le diagnostic agronomique permet d'identifier des variables descriptives des facteurs limitants que l'on peut utiliser pour décomposer efficacement l'interaction génotype - milieu. Une décomposition basée sur la régression factorielle, qui utilise les variables descriptives des facteurs limitants, permet de déterminer des coefficients génotypiques pour chaque génotype et pour chaque variable, qui peuvent être considérés comme une estimation de la tolérance des génotypes aux contraintes du milieu. La qualité de l'estimation repose sur :

- Une bonne identification des facteurs limitants ayant affecté les différents essais. Dans ce but, le diagnostic agronomique doit décrire de façon exhaustive l'ensemble des facteurs limitants apparus sur tous les génotypes, ce qui suppose de bien veiller au nombre et à la complémentarité des génotypes révélateurs de façon à ce qu'ils décrivent au mieux la diversité des réponses génotypiques aux milieux. Nous avons observé que dans les cas où les génotypes révélateurs n'ont pas permis d'identifier des facteurs limitants visibles, comme la verse ou certaines maladies, l'ajout des variables environnementales correspondantes dans l'analyse de l'interaction peut s'avérer nécessaire.

- Une bonne définition des variables décrivant les facteurs limitants, en cherchant autant que possible à utiliser des variables dont l'effet sur le rendement est linéaire, et en améliorant les seuils d'effet de ces variables.

- Un choix judicieux de l'étape à laquelle il faut prendre en compte les paramètres génotypiques dans la régression factorielle. Il semble qu'en général le modèle complet soit le plus satisfaisant, mais une observation de la stabilité des paramètres génotypiques est nécessaire, pour éviter d'utiliser les paramètres génotypiques qui seraient trop instables. Un critère de stabilité des paramètres génotypiques devrait sans doute être défini, qui permettrait de guider ce choix.

- La description de la relation entre les notes de tolérance et la précocité des génotypes, de façon à distinguer la tolérance intrinsèque des génotypes de celle qui est liée aux périodes d'action des facteurs limitants affectant différemment les génotypes de précocités contrastées.

Dans la mesure où l'on peut estimer la tolérance des génotypes à des contraintes dont l'effet est difficilement observable, cette démarche peut enrichir considérablement la connaissance des génotypes mis en évaluation dans un réseau expérimental. Nous avons ainsi pu estimer la tolérance des génotypes à diverses maladies, aux carences en azote pendant la montaison, mais aussi à la sécheresse au début de la montaison, à l'insuffisance de rayonnement au voisinage de la méiose pollinique ou pendant le début du remplissage des grains, aux fortes températures autour de la floraison et pendant le remplissage des grains, ainsi qu'aux conditions hivernales défavorables. Au-delà des facteurs limitants, le diagnostic agronomique peut permettre de juger aussi l'adaptation des génotypes à des techniques de culture comme les semis moins denses ou les semis tardifs, dans la mesure où ces techniques se traduisent par des variations de facteurs limitants à l'échelle du réseau expérimental, et où les variables correspondant à ceux-ci sont bien introduites dans le diagnostic.

Obtenir ces informations par des expérimentations spécifiques, où l'on chercherait à contrôler les effets recherchés, serait très lourd et très coûteux, et la plupart des acteurs impliqués dans l'évaluation des variétés ne sont pas prêts à cet investissement. Pourtant, cette information est contenue dans les réseaux expérimentaux puisque la diversité des résultats des génotypes dans les différents milieux expérimentaux traduit leur adaptation aux contraintes apparues. Notre méthode d'analyse permet finalement d'extraire cette information et de la mettre en forme par une appréciation concrète de la tolérance des génotypes aux facteurs limitants, dans une échelle de notation qui correspond aux habitudes des acteurs de l'évaluation des variétés.

**Tableau 2.31.** Part de variation des écarts de rendements expliquée dans les réseau 1 et 1b pour chacun des 4 géotypes révélateurs (R<sup>2</sup> des modèles de régression linéaire multiple, voir tableau 2.13 p.99).

<b>Géotype</b>	<b>Réseau 1</b> (61 milieux)	<b>Réseau 1b</b> (29 milieux)	<i>Différence</i>
<b>CAR</b>	61.5	95.1	33.6
<b>RIT</b>	62.7	85.2	22.5
<b>SOI</b>	53.5	78.3	24.8
<b>TRE</b>	54.9	79.8	24.9

## **2.6. Robustesse de la démarche associant le diagnostic agronomique et la régression factorielle – Perspectives pour l'améliorer et la simplifier**

### **Introduction**

La démarche présentée dans les chapitres précédents a été mise en œuvre dans des réseaux expérimentaux de dimensions très diverses : le diagnostic proprement dit a été appliqué sur des réseaux qui comportaient de 11 à 61 milieux expérimentaux, et jusqu'à 109 milieux si l'on fusionne différents réseaux. L'association du diagnostic agronomique et de la régression factorielle a été appliquée sur des réseaux de 8 à 29 milieux, pour un nombre de génotypes qui allait de 10 à 24, ce qui ne couvre pas toute la diversité des réseaux expérimentaux existants, mais donne déjà une bonne idée du domaine de validité de la démarche.

Pour obtenir un jugement complet de la **robustesse de la démarche au nombre de milieux**, il reste nécessaire d'observer l'évolution des notes génotypiques de tolérance aux facteurs limitants quand le nombre de milieux pris en compte augmente. Pour cela, nous étudierons les notes de tolérance obtenues sur les 4 génotypes révélateurs dans le réseau INRA de 1995 à 1997 (réseau 1b) et dans le réseau INRA de 1995 à 1999 (réseau 1), qui contient le précédent. Pour juger la **robustesse de la démarche au nombre de génotypes**, nous comparerons les résultats de la caractérisation des génotypes obtenue dans le réseau INRA de 1995 à 1997, sur l'ensemble des génotypes et sur les seuls génotypes révélateurs.

Nous avons vu dans la première partie que de fortes contraintes sont exprimées par les acteurs de l'évaluation variétale, quant aux possibilités d'effectuer des observations et des prélèvements sur les essais, pour collecter des informations supplémentaires, et pour disposer du temps nécessaire à un traitement plus complet des résultats d'essais (partie 1.3.6 p.41). Or la réalisation du diagnostic agronomique apporte inévitablement une charge de travail supplémentaire : différentes informations sur les milieux et sur les génotypes révélateurs doivent être collectées (prélèvements, données météorologiques), ces données s'ajoutant aux suivis les plus courants pratiqués sur les essais. L'ensemble de l'analyse, comportant le diagnostic agronomique et l'analyse de l'interaction par régression factorielle, doit le plus souvent être réalisée juste après les récoltes, dans un délai très court. Il s'agit donc de "trouver le bon instrument de médiation", au sens de Béguin et Rabardel (2000), qui permette aux acteurs d'atteindre leurs objectifs en matière de connaissance des variétés et d'optimisation des réseaux, en respectant leurs contraintes, et autant que possible sans entraîner de bouleversements des pratiques qu'il serait impossible d'assumer. Les expérimentateurs interrogés à ce sujet indiquent que l'idéal serait de disposer d'un outil "presse-bouton" qui nécessiterait le moins de manipulations additionnelles possible par rapport aux procédures de traitements actuelles des résultats expérimentaux.

Nous nous demanderons donc dans quelle mesure le travail lié à l'ensemble "diagnostic – régression factorielle" peut être allégé, tout en gardant une fiabilité satisfaisante, qui passe notamment par l'exigence de décrire de la façon la plus exhaustive possible l'ensemble des facteurs limitants qui peuvent intervenir dans le réseau expérimental. Dans ce sens, nous examinerons plus particulièrement : la **réduction du nombre de génotypes révélateurs** (voire leur suppression), et les **possibilités d'allègement ou de remplacement de certains prélèvements et contrôles** sur les essais.

**Tableau 2.32.** Analyse de variance et part d'interaction expliquée par les covariables environnementales dans le modèle de régression factorielle appliqué aux réseaux 1 et 1b sur les 4 géotypes révélateurs.

<b>Réseau 1</b>								
Source	ddl	Somme de carrés	% R <sup>2</sup> IGM	% R <sup>2</sup> cumulé	Carré moyen	F	Pr > F	
Modèle	308	114907.6			373.1	27.7	<.0001	
Gen	3	9390.0			3130.0	232.27	<.0001	
Milieu	60	92691.7			1544.9	114.6	<.0001	
Rep(milieu)	65	1531.4			23.6	1.8	0.002	
Gen*milieu	180	11294.5			62.7	4.7	<.0001	
1 jrpd	3	1578.9	14.0	14.0	526.3	39.0	<.0001	
2 nj25lma	3	888.8	7.9	21.8	296.3	22.0	<.0001	
3 vrpa	3	653.2	5.8	27.6	217.7	16.2	<.0001	
4 orpc	3	544.9	4.8	32.5	181.6	13.5	<.0001	
5 sfrpd	3	470.9	4.2	36.6	157.0	11.6	<.0001	
6 st25lmc	3	355.8	3.2	39.8	118.6	8.8	<.0001	
7 st25efc	3	366.9	3.2	43.0	122.3	9.1	<.0001	
8 srgfla	3	310.4	2.7	45.8	103.5	7.7	<.0001	
9 nj25efc	3	186.9	1.7	47.4	62.3	4.6	0.004	
10 spetpe1b	3	191.2	1.7	49.1	63.7	4.7	0.003	
11 njssb	3	465.9	4.1	53.2	155.3	11.5	<.0001	
12 brpc	3	207.7	1.8	55.1	69.2	5.1	0.002	
13 rgstemb	3	171.5	1.5	56.6	57.2	4.2	0.006	
Erreur	188	2534.5			13.5			
<b>Coef de détermination (R<sup>2</sup>)</b>		<b>Coef de variation</b>	<b>Ecart-type résiduel</b>		<b>Rdts moyen</b>			
<b>97.8</b>		<b>5.23</b>	<b>3.67</b>		<b>70.22</b>			

<b>Réseau 1b</b>								
Source	ddl	Somme de carrés	% R <sup>2</sup> IGM	% R <sup>2</sup> cumulé	Carré moyen	F	Pr > F	
Modèle	143	47778.1			334.1	25.2	<.0001	
Gen	3	5238.4			1746.1	131.8	<.0001	
Milieu	28	38891.8			1389.0	104.8	<.0001	
Rep(milieu)	28	431.8			15.4	1.16	0.293	
Gen*milieu	84	3216.1			38.3	2.9	<.0001	
1 st25lmb	3	969.5	30.1	30.1	323.2	24.4	<.0001	
2 rbetab	3	476.9	14.8	45.0	159.0	12.0	<.0001	
3 nj25mc	3	266.1	8.3	53.2	88.7	6.7	0.0004	
4 merpb	3	142.3	4.4	57.7	47.4	3.6	0.017	
5 nj25fla	3	175.4	5.5	63.1	58.5	4.4	0.006	
6 brpc	3	123.4	3.8	67.0	41.1	3.1	0.031	
Erreur	83	1100.0			13.3			
<b>Coef de détermination (R<sup>2</sup>)</b>		<b>Coef de variation</b>	<b>Ecart-type résiduel</b>		<b>Rdts moyen</b>			
<b>97.7</b>		<b>4.99</b>	<b>3.64</b>		<b>72.99</b>			

### 2.6.1. Robustesse de la démarche vis-à-vis du nombre de milieux

#### Résultats

Concernant le diagnostic agronomique, c'est-à-dire l'identification et la quantification des facteurs limitants du rendement apparus dans les différents milieux, nous avons vu que le passage du réseau 1b (comportant 29 milieux, de 1995 à 1997) au réseau 1 qui le recouvre (61 milieux, de 1995 à 1999), entraînait une diminution de la part de variation expliquée de 22 à 34% selon les génotypes révélateurs (voir tableau 2.31, tiré du tableau 2.13 de la partie 2.3.2 p.99). Une bonne partie des facteurs limitants identifiés est commune aux deux réseaux, mais nous avons observé la disparition dans le réseau 1 d'un certain nombre de facteurs limitants identifiés dans le réseau restreint 1b (tableau 2.13) : excès d'eau hivernal (*xeauhv*), faibles températures hivernales (*stmphv*), déficit hydrique au début de la montaison (*sdfem*) et sécheresse en fin de montaison (*spetpmf*), faibles rayonnements au voisinage de la méiose (*nji10m*), fortes températures à la méiose (*nj25m*), carences en azote pendant la montaison (*rbeta*), fortes températures au début du remplissage des grains (*nj25fl*). Au contraire, d'autres facteurs limitants moins nombreux, absents dans le réseau 1b, sont apparus dans le réseau 1 plus vaste : faibles rayonnements hivernaux (*srglhv* et *rgsthv*), rouille jaune pendant le remplissage des grains (*jrp*) et verse pendant le remplissage des grains (*vrp*).

Dans ces réseaux 1 et 1b, nous avons déterminé, au moyen d'une régression factorielle, les tolérances aux facteurs limitants des 4 génotypes révélateurs CAR, RIT, SOI et TRE. L'analyse n'a porté que sur ces 4 génotypes car ce sont les seuls qui soient communs à l'ensemble des milieux du réseau 1. Pour chacun des deux réseaux, les variables utilisées sont celles qui décrivent tous les facteurs limitants qui ont été identifiés dans le diagnostic correspondant. Pour chaque réseau, on a ainsi 20 facteurs limitants x 4 génotypes révélateurs = 80 covariables potentielles (tableau 2.13). De cette façon, on arrive à expliquer 56.6% de l'interaction au moyen de 13 covariables dans le réseau 1, et 67.0% de l'interaction avec 6 covariables dans le réseau 1b (tableau 2.32). Dans le réseau 1, les 13 covariables correspondent à 10 facteurs limitants différents du fait que 3 facteurs sont décrits chacun par deux variables (les fortes températures en fin de remplissage des grains, décrites par *nj25lma* et *st25lmc*, les fortes températures entre épiaison et floraison, décrites par *st25efc* et *nj25efa* et la sécheresse au début de la montaison, décrite par *spetpe1b* et *njssb*). Dans le réseau 1b en revanche, les 6 covariables introduites décrivent bien 6 facteurs limitants différents.

On constate des différences dans la nature et dans l'ordre d'introduction des variables : seuls deux facteurs limitants communs sont explicatifs de l'interaction : les fortes températures en fin de remplissage des grains (décrites par les variables *nj25lma* apparue en 2<sup>e</sup> position et *st25lmc* apparue en 6<sup>e</sup> position dans le réseau 1, et *st25lmb* apparue en 1<sup>ère</sup> position dans le réseau 1b), et la rouille brune pendant le remplissage (variable *brpc* dans les deux réseaux, apparues respectivement en 12<sup>e</sup> et 6<sup>e</sup> position). Pour ces facteurs limitants communs, on observe une bonne cohérence des notes de tolérance pour la rouille brune pendant le remplissage des grains (variable *brpc*, voir tableau 2.33 : la corrélation des notes obtenues dans les deux réseaux est de 0.80), la variété SOI apparaissant toujours la plus sensible. Pour les fortes températures à la fin du remplissage des grains, la cohérence des notes n'est satisfaisante que quand on utilise la première variable introduite dans le réseau 1 pour décrire ce facteur limitant (c'est à dire la variable *nj25lma* : on obtient ainsi une corrélation de 0.62 avec les notes correspondant à la variable *st25lmb* dans le réseau 1b). Si on prend la deuxième variable introduite (*st25lmc* dans le réseau 1), il n'y a pas de corrélation. Pour ce facteur limitant, SOI apparaît comme étant la variété la plus tolérante (notes de 7.5 et de 7.9 pour *nj25lma* dans le réseau 1 et *st25lmb* dans le réseau 1b), alors que la variété qui apparaît la plus sensible est RIT dans le réseau 1 (note de 2.5) et CAR dans le réseau 1b (note de 2.1).

On observe une corrélation négative entre les notes de tolérance aux fortes températures à la fin du remplissage et la date d'épiaison dans les deux réseaux (mais seule la corrélation obtenue dans le réseau 1, pour la variable *nj25lma*, est significative). Pour la tolérance à la rouille brune, on n'observe pas de corrélation significative avec la précocité.



**Tableau 2.33.** Nature des variables décrivant les facteurs limitants, ordre d'introduction et notes de tolérance obtenues pour le modèle complet, pour les 4 génotypes révélateurs dans les deux réseaux 1 et 1b (les codes des variables sont identiques à ceux des tableaux 2.7 p.78, la dernière lettre indiquant sur quel génotype révélateur elle a été déterminée : voir tableau 2.26 p.123). Pour les notes de tolérance, figurent en rouge les notes minimales et en bleu les notes maximales. Pour les corrélations, figurent en rouge les valeurs négatives, et en bleu les valeurs positives.

<b>Réseau 1</b>														
	ordre	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
	depi	jrpd	nj25lma	vrpa	orpc	sfrpd	st25lmc	st25efc	srglfla	nj25efa	spetpe1b	njssb	brpc	rgstemb
CAR	144.6	<b>7.19</b>	4.58	<b>2.28</b>	<b>7.56</b>	3.31	4.15	5.69	7.14	5.99	<b>7.24</b>	2.94	<b>7.07</b>	<b>6.46</b>
RIT	148.9	<b>2.81</b>	<b>2.46</b>	<b>7.72</b>	<b>2.44</b>	<b>7.54</b>	<b>7.45</b>	<b>7.43</b>	<b>7.22</b>	6.14	6.55	<b>2.80</b>	4.73	6.38
SOI	136.1	6.82	<b>7.54</b>	4.95	7.45	6.04	<b>2.55</b>	4.29	6.53	<b>3.56</b>	3.24	3.33	<b>2.93</b>	<b>3.54</b>
TRE	136.7	7.07	6.47	4.43	7.23	<b>2.46</b>	5.26	<b>2.57</b>	<b>2.78</b>	<b>6.44</b>	<b>2.76</b>	<b>7.20</b>	5.21	6.26
<i>ET</i>		<i>1.81</i>	<i>1.46</i>	<i>1.28</i>	<i>1.44</i>	<i>1.46</i>	<i>1.55</i>	<i>1.57</i>	<i>1.78</i>	<i>2.56</i>	<i>1.76</i>	<i>1.80</i>	<i>1.93</i>	<i>2.54</i>
Corrélation avec la date d'épiaison		<b>-0.74</b>	<b>-0.98**</b>	0.35	<b>-0.76</b>	0.45	0.71	<b>0.92*</b>	0.64	0.49	<b>0.91*</b>	<b>-0.61</b>	0.46	0.62
<b>Réseau 1b</b>														
	ordre	1	2	3	4	5	6							
	depi	st25lmb	rbetab	nj25mc	merpb	nj25fla	brpc							
CAR	146.3	<b>2.10</b>	3.34	6.14	<b>3.01</b>	<b>2.89</b>	6.68							
RIT	150.3	4.96	<b>2.44</b>	<b>7.15</b>	3.15	5.38	6.51							
SOI	138.5	<b>7.90</b>	<b>7.56</b>	4.60	<b>6.99</b>	<b>7.11</b>	<b>2.99</b>							
TRE	139.0	6.28	2.92	<b>2.85</b>	4.53	6.43	<b>7.01</b>							
<i>ET</i>		<i>1.10</i>	<i>1.44</i>	<i>1.85</i>	<i>2.01</i>	<i>1.89</i>	<i>1.99</i>							
Corrélation avec la date d'épiaison		<b>-0.68</b>	<b>-0.63</b>	<b>0.91*</b>	<b>-0.82</b>	<b>-0.64</b>	0.49							

\* : Corrélation significative au seuil de 10%

\*\* : Corrélation significative au seuil de 5%

*depi* : date d'épiaison en quantièmes

*ET* : écart-type sur les notes de tolérance

## Discussion

Nous avons déjà constaté que la part de variation expliquée par le diagnostic agronomique diminue avec l'augmentation du nombre et de la diversité des milieux (voir partie 2.3.2 p.97). De la même façon, on observe une diminution de la part d'interaction expliquée et un morcellement du rôle de chacun des facteurs limitants quand la taille du réseau augmente. Ceci illustre une dilution du rôle de chaque facteur limitant avec l'augmentation du nombre de milieux, que nous avons déjà relevée. L'augmentation du nombre de milieux augmente en effet la diversité des facteurs limitants et fait diminuer l'importance relative de chacun d'eux, dans la mesure où ils ne concernent qu'un sous-ensemble des milieux du réseau. Alors que le réseau 1b est inclus dans le réseau 1, les variables explicatives de l'interaction sont assez différentes entre les deux analyses, et deux facteurs limitants seulement sont communs (les fortes températures en fin de remplissage des grains et la rouille brune pendant le remplissage des grains).

Deux solutions pourraient être envisagées pour améliorer la correspondance entre les deux diagnostics :

- Elever le seuil du risque  $\alpha$  retenu pour l'introduction des variables dans la régression linéaire multiple, ce qui permettrait d'inclure davantage de variables explicatives dans le diagnostic. Mais le risque  $\alpha$  correspond à la probabilité de conclure à l'existence d'un effet qui n'existe pas dans la réalité. Et la valeur que nous avons utilisée (valeur proposé par défaut par le logiciel SAS) est de 15%, ce qui n'est déjà pas très sévère.

- Travailler par diagnostics emboîtés, dont l'intérêt a été montré dans la partie 2.3.2 (p.102) sur le réseau 3, et imposer, dans le diagnostic sur le réseau le plus important, la présence des variables qui ont été identifiées comme étant explicatives dans un sous-ensemble de ce réseau. Par exemple, on peut travailler par conduites culturales, en effectuant un premier diagnostic sur les seules conduites intensives pour lesquelles on a plus de chances de voir apparaître des facteurs limitants d'origine climatique, car ils sont peu masqués par des facteurs limitants comme les maladies qui apparaissent dans les conduites non traitées. L'analyse peut ensuite être élargie aux conduites susceptibles de faire apparaître d'autres facteurs limitants (maladies pour les conduites non traitées aux fongicides, azote pour les conduites avec réduction de la fertilisation azotée...), tout en gardant les variables apparues dans le premier diagnostic.

Le nombre de variables introduites est plus important dans l'analyse du réseau 1, mais 3 facteurs limitants sont décrits par deux variables différentes (*nj25lma* et *st25lmc*, *st25efc* et *nj25efc*, *spetpe1b* et *njssb*). Pour ces 3 facteurs limitants, la corrélation entre les notes correspondant aux deux variables est mauvaise, voire négative. Cela peut être expliqué par une compensation de la première variable dont l'effet sur le rendement n'est pas parfaitement linéaire, par la deuxième, décrivant le même facteur limitant, la procédure de régression cherchant à obtenir un meilleur ajustement entre le rendement et l'effet du facteur limitant. Nous avons évoqué (partie 2.3.1 p.92) le fait que la linéarité des effets n'était sans doute pas parfaite, mais qu'on pouvait espérer des améliorations par la mise au point de nouvelles variables. Compte tenu de la mauvaise corrélation entre les notes obtenues pour les deux variables décrivant le même facteur limitant, il sera préférable dans les analyses ultérieures, de supprimer toutes les variables décrivant un même facteur limitant dans le jeu des covariables qui peuvent être introduites dans la régression factorielle, à partir du moment où l'une d'entre elles a été introduite.

Avec cette réserve, la cohérence entre les notes obtenues sur les deux réseaux est satisfaisante, comme la cohérence des relations entre ces notes et la précocité des génotypes. Ces résultats peuvent également être comparés avec ceux que nous avons obtenus dans le réseau 1b sur les douze génotypes : la tolérance aux fortes températures à la méiose (*nj25m*) est corrélée positivement avec la tardiveté des génotypes (les génotypes tardifs sont plus tolérants), ce qui était également le cas dans l'analyse qui portait sur l'ensemble des génotypes (tableau 2.27, où *nj25m* est la 5<sup>e</sup> variable introduite). Toutefois, compte tenu du faible nombre de génotypes étudiés ici, le niveau de signification des corrélations est très faible (avec 4 individus le seuil de signification pour un risque de 5% est de 0.95, pour un risque de 10% : 0.90), et l'allure de la relation entre tolérance et précocité peut être complètement modifiée par la sensibilité ou la tolérance d'un seul génotype. Une validation plus

complète de la conformité des estimations de tolérance entre deux réseaux emboîtés comme les réseaux 1 et 1b devrait donc porter sur un plus grand nombre de génotypes.

## **Conclusion**

L'augmentation du nombre de milieux analysés jusqu'à 60 à 100 milieux s'accompagne d'une diminution de la part de variation expliquée par le diagnostic. Une amélioration de sa fiabilité pourrait être obtenue par la réalisation de diagnostics emboîtés, où on imposerait dans le diagnostic sur le réseau le plus global les covariables apparues dans le diagnostic sur différents sous-réseaux. Les parts de variation expliquées ont été très bonnes avec une diminution du nombre de milieux (jusqu'à une dizaine), et nous n'avons pas observé de limite inférieure en-dessous de laquelle le diagnostic perd sa fiabilité. Nous avons indiqué qu'il est préférable d'analyser au moins deux années expérimentales simultanément, compte-tenu de l'importance de l'effet année dans les variations.

Dans l'analyse de l'interaction, on retrouve un effet de multiplication et de dilution des facteurs limitants explicatifs avec l'augmentation du nombre de milieux. La nature des facteurs limitants explicatifs de l'interaction peut changer de façon relativement importante, mais nous avons retrouvé une cohérence satisfaisante pour l'estimation de la tolérance des génotypes aux facteurs limitants communs à deux réseaux emboîtés.

**Tableau 2.34.** Conséquence d'une diminution du nombre de géotypes révélateurs sur le nombre et la nature des facteurs limitants identifiés par le diagnostic agronomique dans le réseau 1b (ce tableau est déduit du tableau 2.13 p.99, dans lequel on pourra retrouver les valeurs des R<sup>2</sup> et des paramètres associés à chacune des variables introduites).

		Facteurs limitants pré-floraison										Facteurs limitants post-floraison						Nb		
<b>4 géotypes</b>				njdg	njss	spetpmf	rgstf30	nj25m	rbeta			srglfl	nj25fl	nj25lm	st25lm	orp	sfrp	merp	<b>20</b>	
CAR					spetpmf							nj25fl			orp	sfrp	merp			
RIT	xeauhv	stmphv		njss						nj25ef	stOf	srglfl	nj25fl		orp					
SOI			njss			nji10m						srglfl		nj25lm	orp	brp	sfrp			
TRE			njss	sdfem								srglfl			orp		sfrp			
<b>3 géotypes</b>					spetpmf							nj25fl		st25lm	orp	sfrp	merp	<b>16</b>		
RIT	xeauhv	stmphv		njss			nji10m			nj25ef	stOf	srglfl			orp	brp	sfrp			
SOI			njss									srglfl	nj25fl		orp	brp	sfrp			
TRE			njss	sdfem								srglfl		nj25lm	orp		sfrp			
CAR	xeauhv	stmphv	njdg	njss	spetpmf	rgstf30		nj25m	rbeta			srglfl	nj25fl	nj25lm		orp	sfrp	merp	<b>19</b>	
SOI				njss			nji10m			nj25ef	stOf	srglfl			orp	brp	sfrp			
TRE			njss	sdfem								srglfl		nj25lm	orp		sfrp			
CAR			njdg	njss	spetpmf	rgstf30		nj25m	rbeta			srglfl	nj25fl	nj25lm	st25lm	orp		sfrp	merp	<b>14</b>
RIT				njss	spetpmf							srglfl	nj25fl		orp		sfrp	merp		
TRE			njss	sdfem								srglfl		nj25lm	orp		sfrp			
CAR			njdg	njss	spetpmf	rgstf30		nj25m	rbeta			srglfl	nj25fl	nj25lm	st25lm	orp		sfrp	merp	<b>19</b>
RIT	xeauhv	stmphv		njss	spetpmf		nji10m			nj25ef	stOf	srglfl	nj25fl		orp	brp	sfrp	merp		
SOI			njss									srglfl		nj25lm	orp		sfrp			
<b>2 géotypes</b>				njdg	njss	spetpmf	rgstf30	nj25m	rbeta			srglfl	nj25fl	nj25lm	st25lm	orp		sfrp	merp	<b>13</b>
CAR				njss	spetpmf							srglfl	nj25fl		orp		sfrp	merp		
RIT			njdg	njss	spetpmf	rgstf30		nj25m	rbeta			srglfl	nj25fl	nj25lm		orp		sfrp	merp	<b>18</b>
CAR	xeauhv	stmphv		njss			nji10m			nj25ef	stOf	srglfl			orp	brp	sfrp			
SOI			njss									srglfl	nj25fl	nj25lm		orp		sfrp	merp	
TRE			njss	sdfem	spetpmf	rgstf30		nj25m	rbeta			srglfl	nj25fl	nj25lm	st25lm	orp		sfrp	merp	<b>13</b>
CAR				njss								srglfl		nj25lm	orp		sfrp			
RIT	xeauhv	stmphv		njss	spetpmf		nji10m			nj25ef	stOf	srglfl	nj25fl		orp	brp	sfrp	merp	<b>14</b>	
SOI			njss									srglfl		st25lm	orp		sfrp			
TRE			njss	sdfem	spetpmf							srglfl	nj25fl		orp		sfrp	merp	<b>10</b>	
CAR				njss								srglfl		nj25lm	orp		sfrp			
RIT	xeauhv	stmphv		njss			nji10m			nj25ef	stOf	srglfl			orp	brp	sfrp	merp	<b>12</b>	
SOI			njss	sdfem								srglfl		nj25lm	orp		sfrp			
TRE			njss									srglfl			orp		sfrp			
<b>1 géotype</b>				njdg	njss	spetpmf	rgstf30	nj25m	rbeta			srglfl	nj25fl	nj25lm		orp		sfrp	merp	<b>12</b>
CAR				njss	spetpmf							srglfl	nj25fl		orp		sfrp	merp		
RIT				njss	spetpmf							srglfl	nj25fl		orp		sfrp	merp	<b>7</b>	
SOI	xeauhv	stmphv		njss			nji10m			nj25ef	stOf	srglfl			orp	brp	sfrp			
TRE			njss	sdfem								srglfl		nj25lm	orp		sfrp	merp	<b>8</b>	
CAR				njss								srglfl			orp		sfrp			
RIT				njss								srglfl			orp		sfrp	merp	<b>6</b>	
SOI				njss								srglfl			orp		sfrp			
TRE				njss								srglfl			orp		sfrp			

## 2.6.2. Robustesse de la démarche vis-à-vis du nombre de génotypes

### Résultats

#### 1. Conséquence d'une diminution du nombre de génotypes révélateurs

##### Sur le diagnostic des facteurs limitants

La diminution du nombre de génotypes révélateurs a des conséquences variables, selon les génotypes concernés, sur la détermination des facteurs limitants dans le diagnostic agronomique (tableau 2.34). Si on passe de quatre à trois génotypes révélateurs, une seule variable disparaît si le génotype supprimé est RIT ou TRE (cadres grisés du tableau 2.34). Et dans le cas de RIT, le facteur limitant décrit (les fortes températures en fin de remplissage des grains, variable *st25lm*) ne disparaît pas car il est également décrit par les génotypes CAR et TRE avec une autre variable (*nj25lm*). Dans le cas de TRE, le facteur limitant qui disparaît est le déficit hydrique au début de la montaison (décrit par la variable *sd fem*). Si le génotype révélateur supprimé est CAR, 4 facteurs limitants ne sont plus identifiés : le gel hivernal (*njdg*), les faibles quotients photothermiques dans les 30 jours qui précèdent la floraison (*rgstf30*), les fortes températures à la méiose (*nj25m*) et les carences en azote pendant la montaison (*rbeta*). Si le génotype révélateur supprimé est SOI, 6 facteurs limitants ne sont plus identifiés : l'excès d'eau et les faibles sommes de températures hivernales (*xeauhv* et *stmphv*), les faibles rayonnements à la méiose (*nji10m*), les fortes températures entre épiaison et floraison et le gel à la floraison (*nj25ef* et *stof*), et la rouille brune pendant le remplissage des grains (*brp*).

Quand on réduit le nombre de génotypes révélateurs à deux, le nombre de facteurs limitants identifiés varie de 10 seulement pour le couple RIT et TRE, à 18 pour le couple CAR et SOI. Dans ce deuxième cas, le seul facteur limitant effectivement perdu est le déficit hydrique au début de la montaison décrit par *sd fem* (car même si la variable *st25lm* disparaît, nous avons vu que les fortes températures en fin de remplissage sont également décrites par la variable *nj25lm* pour CAR).

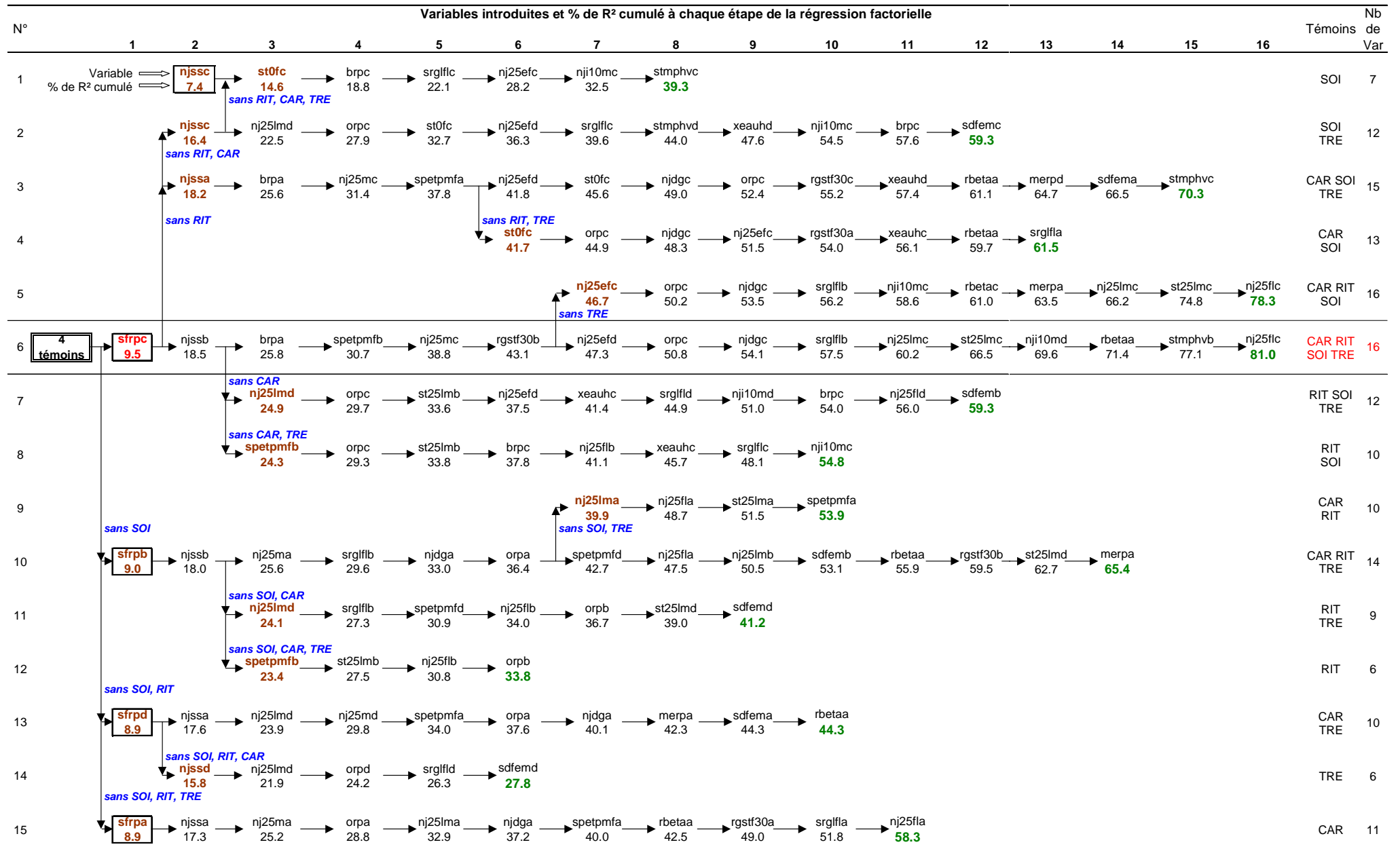
Quand on n'utilise qu'un seul génotype révélateur, CAR permet de mettre en évidence encore 12 facteurs limitants, alors que SOI permet d'en identifier 8, RIT 7 et TRE seulement 6.

##### Sur l'analyse de l'interaction

Nous avons vu que le modèle de régression factorielle construit à partir des 80 variables disponibles (20 variables x 4 génotypes révélateurs) permettait d'expliquer 81 % de l'interaction avec 16 covariables (tableau 2.26 p.123). A partir de ce modèle de base, le retrait d'un ou de plusieurs génotypes révélateurs entraîne une diminution du choix des covariables possibles pour un même facteur limitant (3 au lieu de 4 quand on n'utilise que 3 génotypes révélateurs, puis 2 au lieu de 4, etc...), mais entraîne aussi la disparition de certains facteurs limitants (figure 2.21). Ainsi, le retrait de SOI entraîne la disparition de toutes les variables dont le nom se termine par la lettre *-c*, ce qui impose par exemple le remplacement de la première variable introduite dans le modèle initial (*srpfc*) par une autre variable décrivant également la septoriose (et ici, c'est *srpfb* qui est introduite). Mais le retrait de ce génotype entraîne aussi la disparition des 6 facteurs limitants qu'il permettait d'identifier spécifiquement (ceux qui sont décrits par les variables *xeauhv*, *stmphv*, *nji10m*, *nj25ef*, *stof* et *brp*). Le modèle utilisant les facteurs limitants et les variables déterminés sur CAR, RIT et TRE (donc en retirant seulement SOI : 10<sup>e</sup> modèle de la figure 2.21) permet d'expliquer 65.4% de l'interaction avec 14 covariables, soit une perte de 15.6% par rapport au modèle de base.

Le retrait de CAR (7<sup>e</sup> modèle de la figure 2.21) entraîne la disparition de 4 facteurs limitants (décrits par les variables *njdg*, *rgstf30*, *nj25m* et *rbeta*), mais le modèle utilisant les facteurs limitants et les variables déterminées sur les trois autres génotypes (RIT, SOI et TRE) ne permet d'expliquer que 59.3% de l'interaction avec 12 covariables, soit une perte de 21.7% par rapport au modèle de base. Quand RIT est retirée (3<sup>e</sup> modèle), on perd tout de même 10.7% de part d'interaction expliquée, bien qu'une seule variable disparaisse (*st25lm*), mais on constate que les variables issues de RIT (celles dont le nom se termine par *-b*) interviennent fréquemment dans la décomposition de l'interaction pour

**Figure 2.21.** Conséquence d'une diminution du nombre de génotypes révélateurs sur le nombre et la nature des variables introduites et sur la part d'interaction expliquée dans la régression factorielle (% R<sup>2</sup> IGM), dans le réseau 1b (le code des variables est indiqué dans le tableau 2.7 p.78 et la dernière lettre indique de quel génotype la variable est issue : voir tableau 2.26 p.123). La figure doit être lue de la gauche vers la droite, sens d'introduction des variables dans les différents modèles. Le modèle initial à 4 génotypes révélateurs (GR) est celui de la 6e ligne. Le retrait d'un ou de plusieurs GR est indiqué en marge de chaque parcours (*sans SOI, sans RIT...*), et entraîne une modification des variables introduites. Dans les colonnes de droite sont récapitulés les GR utilisés dans chacun des modèles, ainsi que le nombre de covariables introduites.



le modèle de base. En comparaison, le retrait de TRE (5<sup>e</sup> modèle) n'entraîne qu'une diminution de 2.7% de la part d'interaction expliquée.

Les deux facteurs limitants "septoriose au début du remplissage des grains" et "sécheresse au début de la montaison" apparaissent systématiquement en première et deuxième position, à chaque fois qu'une variable permettant de les décrire est disponible (la septoriose disparaît quand on utilise SOI seul, car ce génotype révélateur n'a pas permis de mettre en évidence ce facteur limitant : 1<sup>er</sup> modèle de la figure 2.21) : la septoriose explique de 8.9 à 9.5% de l'interaction, et la sécheresse au début de la montaison de 6.9 à 9%. Au-delà, l'ordre des facteurs limitants peut être assez profondément modifié : la rouille brune apparaît toujours en troisième position quand elle est décrite par la variable *brpa* (déterminée sur CAR), mais plus tardivement quand on a retiré le témoin CAR (elle apparaît alors sous la forme *brpc*). Elle est malgré tout toujours présente, sauf quand on retire le témoin SOI, qui est le seul à mettre en évidence cette maladie (modèles 9 à 15).

Le tableau 2.35 permet de récapituler les parts d'interaction expliquées par les différents modèles utilisant les variables issues des 4 génotypes révélateurs, de 3, 2 ou un seul d'entre eux. Quand l'analyse utilise trois témoins, on constate qu'un rôle d'importance décroissante est joué par CAR, puis SOI, puis RIT et enfin TRE. Ceci est conforme aux résultats obtenus avec un seul témoin : la part de variation expliquée par les variables issues d'un seul témoin décroît de CAR à TRE en passant par SOI et RIT (58.3, 39.3, 33.8 puis 27.8% respectivement). Pour deux témoins, c'est le couple (CAR, SOI) qui est le plus intéressant pour expliquer l'interaction. On constate que, malgré leur précocité comparable, SOI et TRE sont assez complémentaires, puisque le couple (SOI, TRE) arrive en deuxième position pour décomposer l'interaction. A l'inverse, CAR et RIT, et CAR et TRE sont peu complémentaires et permettent de moins bien décomposer l'interaction que CAR seul (respectivement 53.9 et 45.8%, alors que CAR seul permet d'expliquer 58.3% de l'interaction).

## 2. Conséquence d'une variation du nombre total de génotypes étudiés sur l'analyse de l'interaction

Quand on passe de douze génotypes étudiés à quatre dans le réseau 1b, la part d'interaction expliquée avec les variables identifiées sur les quatre génotypes révélateurs passe de 81% avec 16 covariables, à 67% avec 6 covariables (tableau 2.36, extrait des tableaux 2.26 p.123 et 2.32 p.133). Le poids individuel des covariables, jugé par la part d'interaction partielle expliquée, est nettement plus élevé dans l'analyse des quatre génotypes révélateurs seuls : la première variable introduite (*st25lmb*) explique déjà 30.1% de l'interaction, alors que dans l'analyse des douze génotypes la première variable introduite (*sfrpc*) explique 9.5% de l'interaction, et que le modèle à 6 covariables n'explique que 43.1% de l'interaction (contre 67% pour l'analyse des quatre génotypes révélateurs).

Cinq facteurs limitants ont été identifiés en commun dans ces deux analyses : les carences en azote pendant la montaison (décrites par *rbetaa* dans l'analyse des douze génotypes, et par *rbetab* dans l'analyse des quatre génotypes révélateurs), les fortes températures à la méiose (*nj25mc* dans les deux analyses), les fortes températures au début du remplissage des grains (respectivement *nj25flc* et *nj25fla*), les fortes températures en fin de remplissage (*nj25lmc* et *st25lmc* dans l'analyse des douze génotypes, *st25lmb* dans l'analyse des quatre génotypes révélateurs), et la rouille brune pendant le remplissage (respectivement *brpa* et *brpc*). Nous avons calculé les notes de tolérance à ces facteurs limitants dans les deux analyses, en utilisant le modèle de régression factorielle complet (à 16 covariables pour l'analyse sur douze génotypes, et à 6 covariables pour l'analyse sur quatre génotypes). Les corrélations obtenues entre les deux séries de notes sont élevées pour la rouille brune pendant le remplissage des grains et pour les fortes températures en fin de remplissage, quand on utilise dans l'analyse des douze génotypes la première variable apparue dans le modèle de régression factorielle (c'est à dire *nj25lmc* et non pas *st25lmc* : tableau 2.37). Toutes les autres corrélations sont non significatives.

**Tableau 2.35.** Part d'interaction expliquée et nombre de variables explicatives dans la régression factorielle utilisant les variables déterminées sur 4, 3, 2 ou 1 génotypes révélateurs, dans le réseau 1b.

Nombre de témoins	Témoins	% R <sup>2</sup> IGM	Nombre de covariables
4	CAR RIT SOI TRE	81.0	16
3	CAR RIT SOI	78.3	16
3	CAR SOI TRE	70.3	15
3	CAR RIT TRE	65.4	14
3	RIT SOI TRE	59.3	12
2	CAR SOI	61.5	13
2	SOI TRE	59.3	12
2	RIT SOI	54.8	10
2	CAR RIT	53.9	10
2	CAR TRE	45.8	10
2	RIT TRE	41.2	9
1	CAR	58.3	11
1	SOI	39.3	7
1	RIT	33.8	6
1	TRE	27.8	6

**Tableau 2.36.** Nombre et nature des covariables explicatives de l'interaction, et parts de variation expliquées, dans les régressions factorielles qui portent sur les 12 génotypes du réseau 1b ou sur les 4 génotypes révélateurs seuls (les codes des variables sont ceux du tableau 2.7 p.78 ; -a : variable déterminée sur le témoin CAR ; -b : sur RIT ; -c : sur SOI ; -d : sur TRE : voir tableau 2.26 p.123).

Ordre	12 génotypes			4 génotypes		
	Variable introduite	% R <sup>2</sup> interaction partiel	% R <sup>2</sup> interaction cumulé	Variable introduite	% R <sup>2</sup> interaction partiel	% R <sup>2</sup> interaction cumulé
1	sfrpc	9.5	9.5	st25lmb	30.1	30.1
2	njssb	9.0	18.5	rbetab	14.8	45.0
3	brpa	7.3	25.8	nj25mc	8.3	53.2
4	spetpmfb	4.8	30.7	merpb	4.4	57.7
5	nj25mc	8.1	38.8	nj25fla	5.5	63.1
6	rgstf30b	4.3	43.1	brpc	3.8	67.0
7	nj25efd	4.2	47.3			
8	orpc	3.5	50.8			
9	njdgc	3.3	54.1			
10	srgflb	3.4	57.5			
11	nj25lmc	2.8	60.2			
12	st25lmc	6.3	66.5			
13	nji10md	3.1	69.6			
14	rbetaa	1.8	71.4			
15	stmphvb	5.7	77.1			
16	nj25flc	3.8	81.0			



## Discussion

### 1. Quel est le nombre optimal de génotypes révélateurs ?

Notre étude a mis en évidence que tous les génotypes révélateurs n'ont pas la même efficacité pour le diagnostic : la perte d'information est plus grande si on retire SOI ou CAR (on perd en effet respectivement 6 et 4 facteurs limitants), plutôt que TRE ou RIT (perte de 1 facteur limitant à chaque fois). SOI est le génotype le plus original (qui révèle le plus de facteurs limitants spécifiques, et en particulier la rouille brune, qui est le 3<sup>e</sup> facteur explicatif de l'interaction), mais SOI présente le défaut de ne pas faire apparaître le facteur limitant "septoriose pendant le remplissage", qui est le plus explicatif de l'interaction. SOI ne permet pas non plus de révéler les fortes températures pendant le remplissage (apparues chez les 3 autres témoins), ce qui montre que ce génotype seul est insuffisant pour décrire correctement les conditions agronomiques dans lesquelles se sont déroulés les essais. CAR seul révèle davantage de facteurs limitants et, au regard de l'analyse de l'interaction, son rôle est également plus important. Les deux génotypes CAR et SOI apparaissent en fait très complémentaires : quand on ne conserve que ces deux génotypes révélateurs, 18 variables subsistent sur les 20 apparues dans l'analyse utilisant les 4 génotypes révélateurs, ce qui correspond à la disparition d'un seul facteur limitant sur les 19 qui ont été mis en évidence dans ce réseau. En comparaison, SOI et RIT, qui sont les deux génotypes révélateurs utilisés dans le réseau 2, ne permettent d'identifier ici que 14 facteurs limitants. Et on peut donc penser que dans le réseau 2, qui a été utilisé pour une partie de notre étude (voir partie 2.3.2 p.97), une perte d'information non négligeable a résulté du choix de ces deux variétés comme génotypes révélateurs. Pour choisir les génotypes révélateurs, il apparaît donc très important de prendre en compte à la fois le rôle individuel et la complémentarité des génotypes.

A chaque fois que l'on a réduit le nombre de facteurs limitants décrits, il y a vraisemblablement eu une augmentation du risque de confusion d'effets entre facteurs limitants. Par exemple, la 3<sup>e</sup> variable introduite dans la régression factorielle qui utilise les variables issues des 4 génotypes révélateurs décrit la rouille brune (*brpa*), ce qui montre le rôle important de ce facteur limitant pour expliquer les variations de comportement de l'ensemble des génotypes. Quand on supprime le génotype révélateur SOI, qui est le seul à décrire la rouille brune, d'autres facteurs limitants apparaissent à la 3<sup>e</sup> place, selon les variables disponibles : fortes températures en fin de remplissage des grains (*nj25lm*), ou à la méiose (*nj25m*), sécheresse en fin de montaison (*spetpmf*). Il est vraisemblable que ces variables sont intégrées dans le modèle à la faveur d'une confusion d'effets, due à l'absence de variable décrivant la rouille brune. Nous avons également constaté que le gel à la floraison (variable *stOf*), absent dans le modèle utilisant toutes les variables disponibles, n'apparaît que lorsqu'on retire le témoin RIT. Il est probable qu'il s'agit dans ce cas de la compensation d'une autre variable qui n'est plus intégrée dans l'analyse, comme par exemple la variable *st25lm*, qui a été identifiée par RIT.

Les combinaisons de génotypes révélateurs qui apparaissent les plus intéressantes sont : pour un génotype seulement, CAR ; pour deux, le couple (CAR, SOI) ; pour trois, c'est le triplet (CAR, SOI, TRE) qui permet d'identifier le plus de facteurs limitants : le retrait de RIT n'entraîne pas de diminution du nombre de facteurs limitants décrits, alors que le retrait de TRE entraîne déjà la perte d'un facteur limitant (la sécheresse au début de la montaison). Or, un des objectifs initiaux de notre travail était de perdre le moins d'information possible sur les facteurs limitants, afin de limiter au maximum les confusions d'effets entre facteurs limitants dans la caractérisation des milieux et des génotypes. Le choix du triplet (CAR, SOI, TRE) apparaît donc judicieux pour la caractérisation des milieux.

Pour la caractérisation des génotypes en revanche, le triplet (CAR, RIT, SOI) permet de nettement mieux décomposer l'interaction, et donc de mieux prendre en compte l'ensemble des contraintes pour estimer les tolérances génotypiques. Même si RIT n'apporte pas d'information spécifique sur les facteurs limitants, plusieurs variables déterminées sur cette variété se sont montrées plus explicatives de l'interaction que celles qui ont été identifiées sur les autres génotypes révélateurs. Au contraire, les variables déterminées sur la variété TRE apportent finalement moins d'information dans l'analyse de l'interaction, en particulier parce que le facteur limitant spécifique identifié par cette variété (variable *sd fem*) n'est pas apparu dans la régression factorielle basée sur les 4 témoins. De plus, le retrait de RIT entraîne la perte d'environ 10% de l'explication de l'interaction, contre seulement 2.7% pour TRE.

**Tableau 2.37.** Comparaison des notes de tolérance aux facteurs limitants communs aux deux analyses (12 génotypes ou 4 génotypes dans le réseau 1b), obtenues dans le modèle complet, pour les 4 génotypes révélateurs ; corrélations avec la date d'épiaison, et corrélations entre notes décrivant les mêmes facteurs limitants dans les deux analyses (les codes des variables sont identiques à ceux des tableaux 2.7 p.78 et 2.26 p.123). Pour les notes de tolérance, figurent en rouge les notes minimales et en bleu les notes maximales. Pour les corrélations, figurent en rouge les valeurs négatives, et en bleu les valeurs positives.

		depi	rbetaa	nj25mc	nj25flc	nj25lmc	st25lmc	brpa
<b>Analyse sur les 12 génotypes</b>	CAR	146.3	4.6	2.3	<b>2.8</b>	<b>2.2</b>	6.9	7.1
	RIT	150.3	<b>5.4</b>	<b>5.0</b>	3.9	3.4	6.8	6.3
	SOI	138.5	<b>3.2</b>	2.9	3.0	<b>3.8</b>	<b>4.8</b>	<b>2.5</b>
	TRE	139.0	3.4	<b>2.8</b>	<b>4.0</b>	3.4	<b>7.2</b>	<b>7.5</b>
	<i>ET</i>		2.22	1.31	1.81	1.19	1.83	1.49
	Min		3.2	2.3	2.8	2.2	4.8	2.5
	Max		5.4	5.0	4.0	3.8	7.2	7.5
	Corr depi		<b>0.998 **</b>	0.63	0.10	-0.47	0.48	0.40
Corrélation entre les deux analyses			-0.65	0.56	0.42	0.96 **	-0.65	0.99 **
		depi	rbetab	nj25mc	nj25fla	st25lmb		brpc
<b>Analyse sur les 4 génotypes révélateurs</b>	CAR	146.3	3.3	6.1	<b>2.9</b>	<b>2.1</b>		6.7
	RIT	150.3	<b>2.4</b>	<b>7.2</b>	5.4	5.0		6.5
	SOI	138.5	<b>7.6</b>	4.6	<b>7.1</b>	<b>7.9</b>		<b>3.0</b>
	TRE	139.0	2.9	<b>2.8</b>	6.4	6.3		<b>7.0</b>
	<i>ET</i>		1.44	1.85	1.89	1.10		1.99
	Min		2.4	2.8	2.9	2.1		3.0
	Max		7.6	7.2	7.1	7.9		7.0
	Corr depi		-0.63	<b>0.91 *</b>	-0.64	-0.68		0.49

\* : Corrélacion significative au seuil de 10%

\*\* : Corrélacion significative au seuil de 5%

*depi* : date d'épiaison en quantièmes

*Corr depi* : corrélation entre les note de tolérance et la date d'épiaison

*ET* : écart-type sur les notes de tolérance

Ainsi, les variables déterminées sur RIT permettent de bien décrire le comportement de l'ensemble des génotypes. RIT est donc une variété intéressante à conserver pour l'analyse de l'interaction.

Décrire les milieux au moyen de trois génotypes révélateurs peut donner des résultats satisfaisants, proches de ceux que l'on obtient avec quatre génotypes si le triplet est bien choisi. Mais, comme on ne sait pas à l'avance quelle est la combinaison de trois génotypes qui apportera la meilleure explication de l'interaction, il est justifié de conserver quatre génotypes pour ne pas risquer de trop réduire la part d'interaction expliquée. Dans notre exemple en effet, on risque de perdre jusqu'à 21.7% de la part d'interaction expliquée si le triplet est mal choisi. Cette conclusion est renforcée si l'on considère que la non identification d'un seul facteur limitant est dommageable pour la caractérisation des milieux. Ces résultats sont conformes à ceux qui ont été obtenus dans une étude précédente (Brancourt-Hulmel *et al.*, 2001), dans laquelle le nombre de génotypes révélateurs était jugé au regard de leur capacité à décomposer l'interaction dans un modèle de régression factorielle biadditive. Parmi 7 génotypes révélateurs possibles, 3 judicieusement choisis occasionnaient une faible perte d'information ; 4 permettaient de garder une sécurité suffisante, dans la mesure où on ne sait pas à l'avance quels sont les génotypes qui permettront le mieux de décomposer l'interaction.

## 2. Peut-on se passer des génotypes révélateurs ?

Dans la mesure où un certain nombre de covariables environnementales ont été calculées, celles qui sont les plus explicatives de l'interaction peuvent être sélectionnées directement dans le modèle de régression factorielle. C'est ce qu'ont fait nombre d'auteurs, par exemple, parmi les travaux les plus récents : Epinat-Le Signor *et al.* (2001) sur le maïs, Voltas *et al.* (2005) sur le blé. Voltas *et al.* (2005) ont effectué une caractérisation assez poussée des milieux (dans laquelle il manquait tout de même le facteur limitant azote), sans utiliser de génotypes révélateurs, mais en se basant sur la moyenne des génotypes mis en expérimentation. Effectivement, le calcul de certaines variables décrivant les milieux n'impose pas d'avoir des génotypes révélateurs si on utilise les notations de stades, de maladies... réalisées sur les essais. Plus anciennement, Brown *et al.* (1983) ont ainsi classé des milieux au moyen de variables environnementales externes aux plantes, comme les températures et la photopériode.

**Mais l'obtention de certaines variables, parmi celles que nous avons utilisées, nécessite des prélèvements sur les plantes**, qui ne peuvent pas être réalisés sur l'ensemble des génotypes, en raison de la charge de travail que cela représente : dates du stade épi 1cm, variables décrivant l'alimentation azotée (taux d'azote des plantes, rapport "azote absorbé / nombre de grains", indice de nutrition azotée). Tant qu'il n'est pas possible de se passer de ces prélèvements, il apparaît donc nécessaire de choisir des génotypes qui vont représenter l'ensemble de l'essai.

Les prélèvements pourraient être réalisés sur des variétés témoins officielles ou sur des variétés de référence introduites par l'expérimentateur. Mais il faut rappeler l'importance d'avoir des précocités contrastées, car les valeurs prises par des variables calculées sur des périodes différentes peuvent être assez différentes, et un génotype peut "esquiver" un facteur limitant simplement parce que sa période de sensibilité ne correspond pas à la période d'apparition du facteur (Desclaux, 1996 p.119). De plus, les variétés témoins officielles ne sont pas choisies en fonction de l'étalement de leurs précocités, ce qui peut conduire à des manques dans la gamme des précocités représentées. **Une seconde nécessité apparaît donc, celle d'orienter le choix des génotypes sur lesquels il est nécessaire de réaliser les prélèvements.**

Par ailleurs, les génotypes révélateurs apportent une contribution spécifique à la caractérisation des milieux :

- **Le calcul de certaines variables** (par exemple, le rapport "azote absorbé / nombre de grains") **nécessite d'avoir des références génotypiques** qui sont issues d'expérimentations relativement lourdes. Nous avons vu également que les seuils d'action de certaines variables environnementales (comme par exemple les sommes de rayonnement au cours d'une période donnée du cycle) pouvaient dépendre du génotype (voir annexe 10). Mais on peut penser qu'à l'avenir cette contrainte pourrait être minimisée : des travaux sont réalisés actuellement pour établir des variables indépendantes du génotype, ou pour déterminer les références à partir de modèles.

- **Les génotypes révélateurs permettent également de calculer des écarts de la variable expliquée** (par exemple le rendement ou les composantes du rendement), **par rapport à une valeur**

**de référence.** L'utilisation des écarts à des valeurs de référence est indispensable (1) si l'on veut regrouper plusieurs génotypes entre eux (ou alors il faut d'abord retirer l'effet moyen de chaque génotype), (2) si l'on veut estimer l'effet global des facteurs limitants dans un réseau ou dans un essai, et (3) si l'on veut comparer des diagnostics entre plusieurs réseaux. L'emploi de modèles pourrait permettre de minimiser le travail de collecte de références, mais sans le supprimer totalement.

- Au cours du diagnostic agronomique, **les génotypes révélateurs permettent enfin de trier les facteurs limitants qui ont eu un rôle** dans les différents essais, de façon à n'introduire que ceux-là dans l'analyse de l'interaction. Dans l'explication des variations de rendement, nous n'avons retenu que les variables descriptives qui étaient corrélées positivement avec une augmentation des pertes de rendement. Nous avons montré que le rôle des facteurs limitants peut être validé par la concordance entre facteurs limitants identifiés pour plusieurs génotypes révélateurs, et entre facteurs limitants identifiés pour le rendement et pour les composantes du rendement, par la comparaison des facteurs limitants apparus dans des couples de situations expérimentales qui ne diffèrent que par une conduite culturale, et par l'analyse des corrélations entre variables décrivant les facteurs limitants. Etant donné que l'introduction de covariables dans un modèle de régression peut résulter d'un artefact statistique (une corrélation fortuite avec la variable expliquée), l'étape du diagnostic sur les génotypes révélateurs apporte une garantie de validité agronomique des variables qui sont retenues pour décomposer l'interaction.

Une argumentation définitive de l'intérêt des génotypes révélateurs devrait toutefois s'appuyer sur la comparaison des résultats que nous obtenons en sélectionnant les variables environnementales au moyen du diagnostic agronomique, et au moyen d'une analyse de l'interaction qui utiliserait directement toutes les variables environnementales disponibles sans l'étape préalable du diagnostic.

### 3. Influence du nombre total de génotypes évalués

Quand le nombre total de génotypes étudiés dans le réseau expérimental passe de 12 à 4, nous constatons que la part individuelle expliquée par les premiers facteurs limitants qui permettent de décomposer l'interaction augmente fortement, alors que le nombre total de facteurs limitants explicatifs diminue. Et la décomposition de l'interaction que nous avons obtenue pour 4 génotypes est moins poussée que pour 12. Il apparaît donc que le nombre de 4 génotypes est trop faible pour effectuer une analyse de l'interaction suffisamment fiable.

Concernant la cohérence des notes de tolérance aux facteurs limitants apparus comme explicatifs de l'interaction dans les deux analyses, celle effectuée avec les douze génotypes et celle effectuée avec les quatre génotypes révélateurs seulement, les deux seules corrélations significatives (pour les fortes températures en fin de remplissage des grains et pour la rouille pendant le remplissage) sont positives, ce qui montre une bonne cohérence entre les résultats des deux analyses. Mais l'analyse devrait porter sur un nombre de génotypes plus important pour conforter ces conclusions, étant donné que de nombreux réseaux d'évaluation des variétés comptent un nombre de génotypes qui peut aller jusqu'à une cinquantaine. Une analyse complète de la robustesse vis-à-vis du nombre de génotypes analysés devrait également se baser sur l'étude de différentes combinaisons de génotypes possibles, à partir d'un jeu de données existant. Dans notre cas par exemple, à partir de l'analyse sur douze génotypes, on pourrait tester toutes les combinaisons de onze génotypes possibles, puis toutes celles de dix... jusqu'à toutes les combinaisons possibles de deux génotypes.

## Conclusion

Dans le réseau que nous avons étudié, le nombre idéal de génotypes révélateurs est de quatre, même si trois génotypes judicieusement choisis pourraient donner des résultats équivalents. Dans l'état actuel des choses, pour obtenir une description complète des facteurs limitants et pour garantir leur validité agronomique, il ne nous apparaît pas possible de supprimer les génotypes révélateurs.

Une réduction du nombre total de génotypes jusqu'à 4 nous semble se traduire par une décomposition moins fiable de l'interaction, dans la mesure où moins de facteurs limitants sont impliqués et où la part d'interaction expliquée est plus faible.

### 2.6.3. Possibilités d'amélioration et de simplification de la démarche

Les observations et prélèvements actuellement requis pour réaliser le diagnostic agronomique sont présentés en annexe 14. En plus des contrôles et observations habituellement réalisés sur des essais variétaux (indiqués par exemple dans les protocoles du GEVES), ils comportent notamment :

- L'implantation d'une ou deux parcelles supplémentaires de chacun des génotypes révélateurs, dans chaque répétition, de façon à permettre des prélèvements.

- Le repérage de la date des stades de développement : semis, levée, stade épi 1cm et épiaison sur les génotypes révélateurs. Repérer la date du stade épi 1cm des génotypes révélateurs nécessite de réaliser des prélèvements réguliers d'une vingtaine de plantes pour observer la hauteur de l'épi dans la tige principale.

- Un comptage de pieds après la levée ou en sortie d'hiver.

- Au moins un prélèvement, à la floraison ou à maturité, pour effectuer un diagnostic sur l'azote : INN floraison (Lemaire et Gastal, 1997 ; Lemaire et Meynard, 1997) ou calcul de la quantité d'azote absorbé à maturité, rapporté au nombre de grains par m<sup>2</sup> (Meynard et Limaux, 1987). Le prélèvement à maturité permet également de déterminer certaines composantes du rendement (poids de 1000 grains notamment).

- Le recueil des données météo journalières : température mini et maxi, précipitation et évapotranspiration potentielle, rayonnement global ; en général, ces données peuvent être obtenues auprès de stations météo de proximité (réseau de Météo-France, station de recherche, station mobile).

Par rapport au diagnostic très complet décrit par les agronomes (Boiffin *et al.*, 1981 ; Leterme *et al.*, 1984 ; Doré *et al.*, 1997), certains contrôles n'ont pas été effectués ou certaines informations n'ont pas été intégrées : histoire culturale de la parcelle expérimentale, nature et vitesse de réchauffement du sol, structure du sol et éventuelles discontinuités, distribution des racines et profondeur d'enracinement.

Pour mettre au point notre démarche, nous sommes volontairement partis sur une base de prélèvements et de contrôles assez large, de façon à disposer des meilleures variables descriptives des facteurs limitants, et pour se donner la possibilité de contrôler la validité des résultats. Compte tenu des contraintes qui existent dans la gestion des réseaux expérimentaux, nous avons déjà allégé cette base de travail (en réduisant par exemple le nombre de variables initiales, en ne déterminant plus que les principales composantes du rendement), mais nous devons nous interroger sur les possibilités de simplifier encore le diagnostic, tout en préservant sa fiabilité. La discussion sur les possibilités d'allègement et d'amélioration portera sur les points suivants :

- 1- Supprimer le prélèvement à maturité et la détermination des composantes du rendement (PMG, NGm<sup>2</sup>...).

- 2- Simplifier la description du facteur limitant azote et supprimer le prélèvement à la floraison.

- 3- Supprimer le prélèvement au stade épi 1cm.

- 4- Simplifier ou améliorer les variables décrivant le déficit hydrique.

- 5- Améliorer les variables permettant d'identifier un déficit de rayonnement.

- 6- Améliorer les variables permettant de décrire les maladies.

#### 1. Peut-on supprimer le prélèvement à maturité et la détermination des composantes du rendement (PMG, NGm<sup>2</sup>, ...) ?

Le prélèvement à maturité est justifié par le calcul de certaines composantes du rendement, notamment le PMG, et par déduction le NGm<sup>2</sup>, mais aussi par la caractérisation du statut azoté des plantes, quand celle-ci repose sur le critère  $\beta = \text{azote absorbé à maturité} / \text{nombre de grains}$  (Meynard et Limaux, 1987), ou sur un critère comparable comme le rapport *azote absorbé / matière sèche totale aérienne à maturité* (Limaux, 1999). Dans ce cas, il faut prélever les plantes entières et mesurer la biomasse aérienne et la teneur en azote des plantes à maturité. Si l'on dispose d'un autre moyen pour caractériser l'alimentation azotée (par exemple, calcul de l'INN floraison), le prélèvement de plantes

entières n'est pas nécessaire, et l'on peut se contenter de prélever des épis dans le but de déterminer le PMG, à chaque fois qu'un diagnostic agronomique sur le PMG sera recherché.

Dans le réseau 1b (INRA 1995-1997), nous avons constaté une bonne convergence entre les facteurs limitants identifiés sur le rendement et ceux qui étaient explicatifs des écarts de NGm<sup>2</sup> et de PMG (voir partie 2.3.1 p.87). Ceci nous autorise à limiter le diagnostic au seul rendement pour caractériser des essais variétaux, le travail sur les deux composants NGm<sup>2</sup> et PMG pouvant être considéré comme une sécurité supplémentaire, ou être destiné à identifier de façon plus fine des facteurs limitants dont le rôle sur le rendement n'est pas prépondérant, ou qui peuvent être masqués par des facteurs limitants importants (par exemple, des facteurs limitants du NGm<sup>2</sup> masqués par des facteurs limitants importants du PMG).

Comme il existe un écart variable entre le PMG déterminé sur les grains récoltés à la moissonneuse-batteuse et le PMG déterminé sur les grains issus d'un prélèvement séparé sur les plantes, la détermination du PMG repose souvent sur un prélèvement spécifique, distinct de la récolte moissonneuse-batteuse (mais cet écart n'est pas aussi fort pour une moissonneuse-batteuse expérimentale que pour une moissonneuse-batteuse agricole). Un travail est encore à faire pour étudier l'influence de cet écart sur la qualité du diagnostic et pour savoir si un diagnostic reposant sur un PMG issu de la récolte moissonneuse-batteuse serait suffisamment fiable. Cela représenterait en effet une économie de travail non négligeable dans le suivi des essais variétaux.

## **2. Peut-on simplifier la description du facteur limitant azote et supprimer le prélèvement à la floraison ?**

Dans les différents réseaux que nous avons étudiés, le facteur limitant azote a été décrit par le rapport  $\beta = \text{azote absorbé à maturité} / \text{nombre de grains}$  (Meynard et Limaux, 1987), ou par l'indice de nutrition azotée à la floraison (Lemaire et Gastal, 1997 ; Lemaire et Meynard, 1997), cette deuxième variable présentant l'avantage d'être indépendante de la variété, et donc de ne pas nécessiter de référence variétale. Sa fiabilité apparaît également meilleure dans la mesure où, dans l'élaboration du rendement du blé, c'est la phase de formation du nombre de grains qui est la plus sensible aux carences en azote (Boiffin *et al.*, 1981). Mais les deux variables nécessitent un prélèvement, à la floraison pour l'INN floraison, ou à la maturité pour le rapport  $\beta$ , ce qui représente une charge de travail comparable. En fonction des contraintes des expérimentateurs et des calendriers de suivi des essais, le prélèvement floraison pourra être préféré au prélèvement à maturité, mais il est encore impossible de s'affranchir aujourd'hui de l'un des deux. Des espoirs résident cependant dans l'emploi de méthodes physiologiques ou radiométriques, avec des outils comme les chlorophyll-meters (Monje et Bugbee, 1992 ; Reeves *et al.*, 1993, cités par Vouillot *et al.*, 1998 ; Vianay, 2002 ; et voir note 30 p.33). Ces méthodes sont basées sur la mesure des changements de teneur en chlorophylle des plantes sous l'effet de carences en azote, et de la modification de la réflectance du couvert. Cependant, l'interprétation des mesures doit être faite en comparaison avec des références variétales, ce qui impose de ne les utiliser que sur des génotypes révélateurs.

## **3. Peut-on supprimer le prélèvement au stade épi 1cm ?**

Le prélèvement au stade épi 1cm sur les génotypes révélateurs est justifié par la détermination de la date du stade épi 1cm, pour le calcul de variables environnementales caractéristiques des conditions du début de la montaison, et par la mesure de la biomasse et du taux d'azote des plantes au début de la montaison, ce qui permet de juger les conditions d'alimentation azotée du peuplement au cours de la phase hivernale. Le deuxième objectif peut être écarté d'emblée dans la mesure où l'on considère que la caractérisation du statut azoté des plantes à la floraison est suffisant pour identifier les problèmes d'alimentation azotée qui ont précédé ce stade (Jeuffroy et Bouchard, 1999). Mais l'identification de la date du stade épi 1cm reste indispensable pour le calcul des variables environnementales qui couvrent la période hivernale ou le début de la montaison. Pour éviter d'effectuer des prélèvements réguliers de plantes au début de la montaison permettant d'encadrer la date du stade épi 1cm, des modèles de

prévision de la date du stade épi 1cm ont été établis (voir par exemple le modèle développé par Arvalis : Gate, 1995), mais leur précision est nettement inférieure à celle d'une détermination visuelle basée sur des coupes de l'apex du maître-brin sur un nombre de plantes suffisant. Par exemple, le modèle d'Arvalis permet d'identifier la date du stade épi 1cm avec une erreur moyenne de 35 dj (degrés x jours). Mais la mise en œuvre de ce modèle impose de connaître les besoins en vernalisation de la variété, le phyllotherme (durée en dj d'émission de deux feuilles successives) et la durée du jour (Gate, 1995). Sous réserve de pouvoir renseigner ces variables, et en acceptant une incertitude supérieure à celle de la détermination visuelle du stade épi 1cm (une incertitude de 35 dj correspond à une durée de 3 à 4 jours pour des températures moyennes journalières d'environ 10°C), le prélèvement au début de la montaison pourrait donc être évité.

#### 4. Peut-on simplifier ou améliorer les variables décrivant le déficit hydrique ?

Le déficit hydrique est un des facteurs limitants importants à prendre en compte dans le diagnostic. Sa détermination impose d'établir le bilan hydrique de la culture (Brochet et Gerbier, 1974) et donc de connaître les précipitations et l'évapo-transpiration potentielle (ETP) journalières. La détermination la plus précise de l'ETP est l'ETP de Penman (Penman, 1956), où les formules dérivées (Seguin, 1975), mais cette donnée n'est pas toujours accessible à proximité des essais. On est ainsi souvent amené à utiliser un autre mode de calcul, l'ETP Turc (présentée par Seguin, 1975), basée essentiellement sur la température moyenne journalière et sur le rayonnement. Sa validité est régionale, mais elle est plus imprécise à l'échelle d'un champ ou d'une parcelle expérimentale que l'ETP Penman (Seguin, 1975). Le calcul du déficit hydrique impose également d'estimer la réserve en eau du sol, déduite de la texture du sol (teneur en argile, limons et sables) et de la profondeur d'enracinement (Jamagne *et al.*, 1977). La détermination précise de cette dernière variable impose d'effectuer un profil cultural pour observer jusqu'à quelle profondeur les racines sont descendues, ce qui n'est pas envisageable dans la conduite courante des essais variétaux. De plus, un coefficient cultural  $k$  dépendant de l'indice foliaire du couvert végétal permet de calculer l'évaporation maximale (ETM) en fonction de l'évaporation potentielle ( $k=ETM/ETP$ ), l'évapotranspiration réelle (ETR) étant ensuite calculée à partir de l'ETM en fonction de l'eau disponible. Comme l'évolution de l'indice foliaire n'est jamais mesurée dans les essais variétaux, ce coefficient cultural est estimé, en fonction du stade de la culture. De toutes ces approximations, il résulte une incertitude élevée dans l'établissement du bilan hydrique et dans le calcul du déficit hydrique.

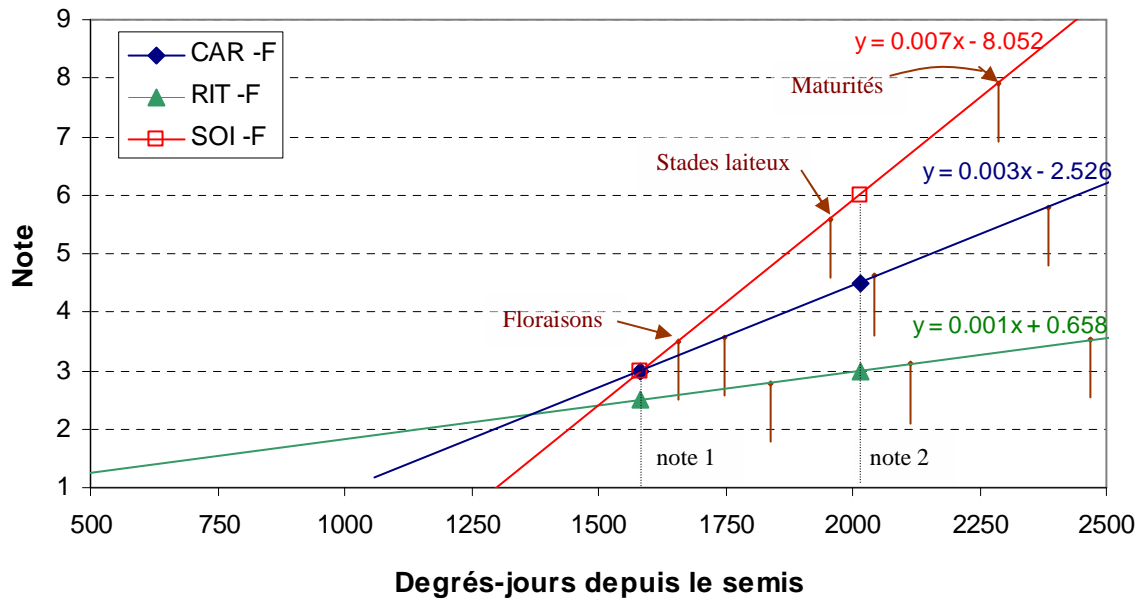
Ici, plus qu'une simplification des variables permettant d'estimer le déficit hydrique, il s'agirait donc de mettre au point une méthode d'estimation du déficit et des variables descriptives qui, tout en étant simples à mettre en œuvre, seraient plus précises que la détermination actuelle du bilan hydrique. De nombreuses études vont dans ce sens, mais elles font souvent appel à des méthodes trop lourdes pour des essais variétaux, parce qu'elles nécessitent des contrôles réguliers et un appareillage relativement coûteux. Par exemple, Briggs *et al.* (1999) utilisent un test basé sur la mesure des pertes d'électrolytes dans les plantes soumises au stress. Ces auteurs citent aussi Sullivan (1971) qui a mesuré les changements de perméabilité membranaire liés au stress hydrique, et Vasquez-Tello *et al.* (1990) qui se sont basés sur les variations de la résistance membranaire. Turner *et al.* (1994) ont utilisé également la conductance membranaire, et le potentiel hydrique foliaire, comme Kobata *et al.* (1992). D'autres auteurs ont cherché à établir des indicateurs de sécheresse plus simples, par exemple Dencic *et al.* (2000) qui se sont basés sur les écarts de rendement eux-mêmes. Dans un diagnostic multilocal sur les variations de rendement et de qualité de l'orge de brasserie, Le Bail et Meynard (2003) utilisent des mesures de l'abondance isotopique naturelle du carbone ( $\delta^{13}C$ ) dans les parties aériennes. Ce descripteur s'avère relativement simple d'emploi et discriminant, mais présente l'inconvénient de nécessiter un prélèvement de plante entière et une analyse coûteuse.

Des sondes d'humidité du sol, ou tensiomètres<sup>60</sup>, peuvent représenter une alternative intéressante à l'établissement du bilan hydrique : ils consistent en une mesure de la résistance électrique du sol au moyen de deux électrodes implantées dans le sol à différentes profondeurs. Les tensiomètres sont installés en sortie d'hiver et retirés au moment de la récolte, les valeurs de résistance sont relevées sur

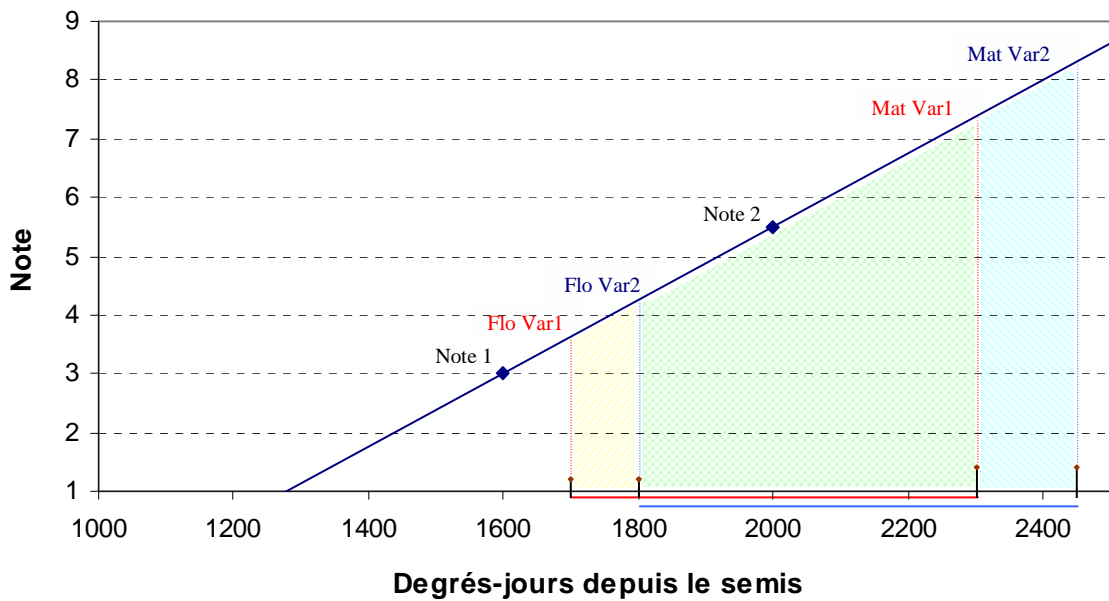
<sup>60</sup> Système *Watermark* de Challenge Agriculture, rue Fleurie – 37340 Ambillou, ou système *Nardeux*. Voir note 29 p.33.



**Figure 2.22.** Evolution des notes visuelles de septoriose en fonction de la somme des degrés-jours depuis le semis, dans le milieu R6-F pour les 3 variétés CAR, RIT et SOI.



**Figure 2.23.** Aire sous la droite d'évolution d'une maladie à partir de 2 notations, en fonction de la somme des degrés-jours depuis le semis, pour 2 variétés de précocités différentes (cas fictif).



un boîtier que l'on connecte aux électrodes. Un relevé hebdomadaire est suffisant quand la demande en eau n'est pas très forte, deux à trois relevés sont utiles en revanche quand on est en période de forte demande climatique. La fiabilité de ces mesures n'est pas satisfaisante dans tous les types de sol (notamment les sols présentant d'importantes remontées capillaires d'eau, les sols à forte composante argileuse, où apparaissent des fentes de retrait lors du dessèchement, ce qui entraîne un mauvais contact entre les sondes et le sol), mais elles pourraient permettre d'ajuster les éléments du bilan hydrique pour le rendre beaucoup plus précis : l'estimation de la réserve en eau du sol pourrait ainsi être améliorée de façon à ce que l'apparition du déficit hydrique coïncide avec l'élévation de la résistance lue sur les tensiomètres. De ce fait, il devrait être possible d'améliorer sensiblement la fiabilité du bilan hydrique.

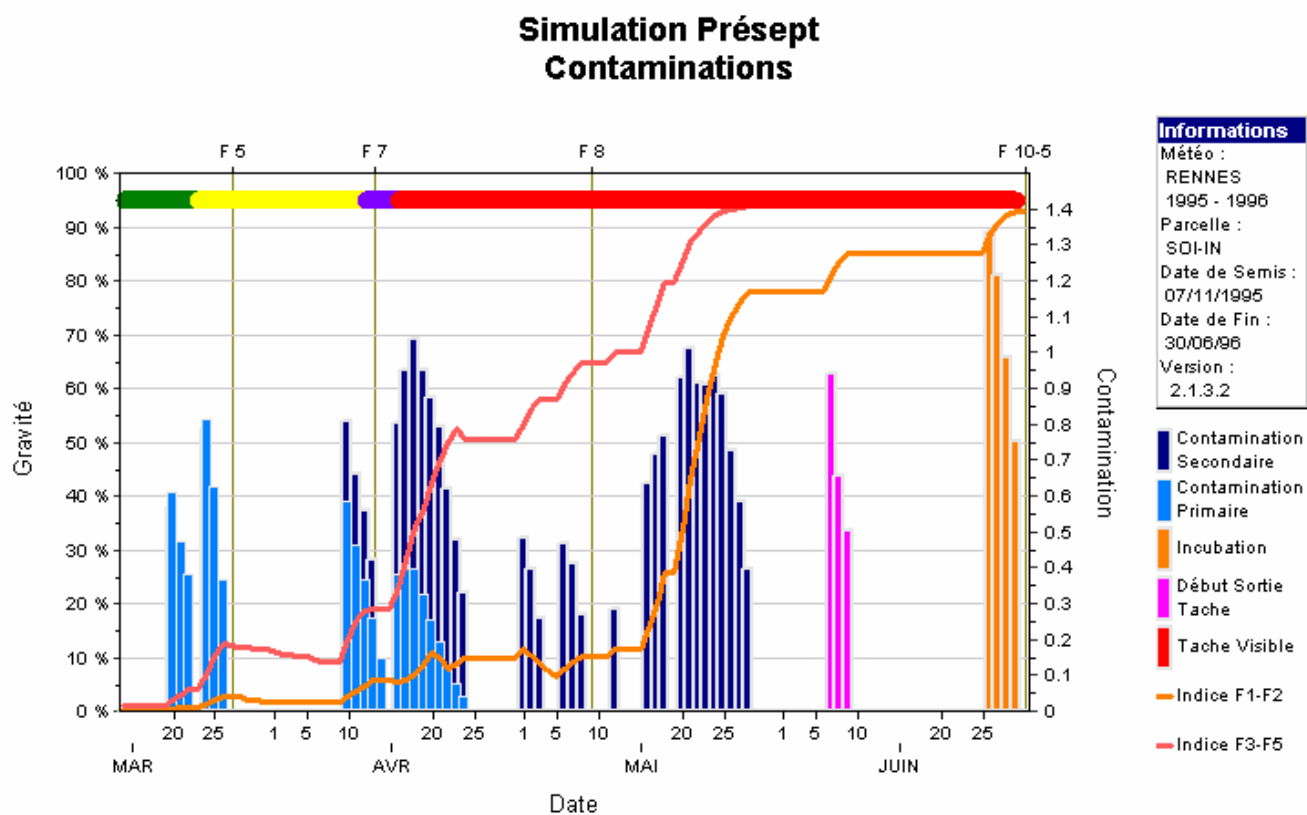
## 5. Peut-on améliorer les variables permettant d'identifier un déficit de rayonnement ?

La réduction du rayonnement a des conséquences sur la production de matière sèche du couvert végétal, et par suite, sur le rendement qui peut être obtenu (Gosse *et al.*, 1986). Plus spécifiquement, au voisinage de la méiose pollinique, de faibles rayonnements entraînent l'apparition d'une stérilité gamétique qui provoque une diminution du nombre de grains par épi et du nombre de grains par m<sup>2</sup> (Fisher, 1985 ; Demotes-Mainard, 1994). Pour décrire les risques d'accident climatique à la méiose, nous avons utilisé plusieurs descripteurs déduits de travaux agronomiques, notamment le quotient photothermique déterminé pendant les 30 jours qui précèdent la floraison (variable *rgstf30*, inspirée de Fisher, 1985, tableau 2.7 p.78), la somme des rayonnements entre le stade méiose-100dj et le stade épiaison (variable *srglmg*), et entre les stades méiose-5jours et le stade méiose+5jours (*srglmm*), ainsi que le nombre de jours et les sommes de rayonnements globaux journaliers inférieurs au seuil de 1045 J/cm<sup>2</sup> entre la méiose-5j et la méiose+5j (variables *nji10m* et *sri10m*, inspirées de Demotes-Mainard *et al.*, 1996). Concernant ces deux derniers critères, il est vraisemblable que le seuil de 1045J/cm<sup>2</sup> varie avec la variété, mais il existe surtout une forte incertitude sur la date de la méiose pollinique, qui dans notre étude a été déterminée au moyen d'un modèle empirique (Gate, 1995 ; voir partie 2.2.3 p.77). Cette incertitude a justifié l'emploi d'autres variables beaucoup plus globales (*srglmg* et *srglmm*), pour décrire le rayonnement. Comme il n'est pas envisageable d'effectuer une détermination précise de la date de la méiose pollinique dans les essais variétaux, il faut aujourd'hui se contenter de cette approximation, et les principaux progrès à attendre pour améliorer la fiabilité des variables décrivant les conditions de rayonnement autour de la méiose pollinique résident donc dans une meilleure détermination de la date de la méiose pollinique.

## 6. Peut-on améliorer les variables permettant de décrire les maladies ?

Les maladies sont apparues comme des facteurs limitants prépondérants dans les 3 réseaux que nous avons étudiés. Il s'agissait principalement de la septoriose (*Mycosphaerella graminicola*), de la rouille brune (*Puccinia recondita*), de l'oidium (*Erysiphe graminis*) et de la rouille jaune (*Puccinia striiformis*) pendant le remplissage des grains. Mais les maladies du pied et de l'épi sont aussi apparues dans l'un ou l'autre des diagnostics, ainsi que la septoriose et l'oidium pendant la montaison (voir partie 2.3.2 p.97 et annexe 7). Le modèle linéaire n'est généralement pas le plus approprié pour décrire les effets des maladies sur le rendement (Madden *et al.*, 1981). Ce type de modèle suppose en effet qu'à une note d'intensité de maladie donnée correspond une perte de rendement donnée, et que l'accroissement des dégâts visuels liés aux maladies est en relation linéaire avec les pertes de rendement, ces deux points n'étant en général pas vérifiés. De plus, il existe également des effets de seuil dans cette relation, que certains auteurs ont cherché à modéliser avec un seuil inférieur pour les symptômes, en-dessous duquel il n'y a pas d'effet sur le rendement, et un seuil supérieur pour les pertes de rendement, au-dessus duquel les pertes n'augmentent plus (Madden *et al.*, 1981). Malgré tout, pour un même génotype, de bonnes liaisons entre le rendement et la surface foliaire nécrosée ont été observées pour différents niveaux d'infestation quand l'observation des nécroses est effectuée à la même date pour tous les traitements : Forrer et Zadocks (1983) ont ainsi obtenu pour la septoriose des

**Figure 2.24.** Exemple d'une simulation Présept (développement de la septoriose sur feuillage) réalisée avec les données de l'essai de Rennes 1996, variété SOI (Bisiaux et Pajares, 2002).



coefficients de détermination qui atteignent 75%, et 80% dans une régression linéaire multiple intégrant plusieurs étages foliaires.

Mais les notations de maladies ne sont pas réalisées au même moment dans les différents essais d'un réseau, et une notation à date fixe ne correspond pas au même stade de développement pour des variétés de précocités différentes. A titre d'illustration, la figure 2.22 montre l'évolution de la note de septoriose sur feuilles observée pour trois variétés dans l'essai R6-F (Rennes 1996, conduite non traitée aux fongicides). Dans cet essai, une première notation a été effectuée vers 1600 dj, juste avant la floraison de la variété SOI, et une seconde vers 2000 dj, peu après la floraison de RIT, mais déjà après le stade laiteux de SOI. On constate que la cinétique de la maladie est très différente pour les 3 variétés : elle augmente très vite pour SOI, moyennement pour CAR et évolue au contraire très peu pour RIT. Ainsi, si une seule notation avait été effectuée, on aurait jugé l'essai de façon très différente si la notation s'était située vers 1600 dj ou vers 2000 dj. Entre des essais qui, souvent, ne sont notés qu'une seule fois, à des moments très différents par rapport aux stades des variétés, ces différences de jugement est inévitable. Dans le cas de la figure 2.22, la première notation seule est manifestement insuffisante pour décrire les différences d'attaques par la septoriose entre les 3 variétés. La seconde en revanche décrit vraisemblablement assez bien les différences, bien que les variétés CAR et RIT soient plus tardives que SOI et donc ont subi plus longtemps les effets de la maladie.

Dans le cas fictif de la figure 2.23, où une maladie présente la même évolution sur deux variétés de précocités différentes, une notation à même date sur les deux variétés (par exemple vers 2000 dj) ne renseigne pas correctement sur les différences d'effets de la maladie entre ces deux variétés, dans la mesure où la variété la plus tardive est pénalisée plus longtemps et par un développement plus important de la maladie en fin de cycle. Pour espérer distinguer correctement les effets des maladies, les variables descriptives doivent donc intégrer à la fois l'intensité de la maladie, sa cinétique, et la position de la courbe d'évolution de la maladie par rapport au stade des génotypes. Une solution serait d'utiliser une note calculée à stade constant, à partir de la courbe d'évolution de la maladie établie pour chaque variété, dans tous les essais d'un même réseau. Ainsi, pour le cas représenté sur la figure 2.22, la note de septoriose au stade laiteux obtenue pour CAR, RIT et SOI est respectivement de 3.11, 4.61 et 5.59. Pour décrire la nuisibilité des maladies, de nombreux auteurs ont plutôt utilisé l'aire sous la courbe d'évolution de la maladie, qui peut éventuellement être délimitée par les stades-repères floraison et maturité, et ont montré l'intérêt de cette variable, par rapport à une note ou une surface foliaire nécrosée à une date donnée, pour décrire les variations de rendement (Wilcoxson *et al.*, 1975 ; Forrer et Zadocks, 1983 ; Pretorius, 1983). Sur la figure 2.23, bien que l'évolution de la maladie soit identique pour les deux génotypes, la prise en compte de l'aire sous la courbe entre les stades floraison et maturité permet de bien prendre en compte l'effet prolongé de la maladie pour le génotype le plus tardif.

Mais corriger les notes pour les ramener à stade constant, ou calculer l'aire sous la courbe, nécessitent de décrire la courbe d'évolution des maladies en fonction du temps, ce qui impose d'avoir au moins deux notations à deux dates différentes. Tous les auteurs qui ont étudié la cinétique d'évolution des maladies ont même montré qu'une description correcte de l'évolution des maladies doit utiliser non pas une droite, mais une courbe sigmoïdale (Zadocks et Schein, 1979 ; Forrer et Zadocks, 1983 ; Madden 1983), dont l'établissement nécessite au moins 3 points. Or dans les réseaux d'évaluation des variétés, il n'est le plus souvent effectué qu'une seule notation, parfois à une date tardive, ce qui rend impossible la description de la cinétique des maladies.

Pour tenter de contourner ce problème sans alourdir le suivi des essais, une autre solution serait d'utiliser des modèles de développement des maladies comme ceux qui ont été développés par le Service de la Protection des Végétaux (par exemple *Presept*<sup>61</sup> pour la septoriose, *Spirouille*<sup>62</sup> pour la rouille brune, *Top*<sup>63</sup> pour le piétin-verse). Ces modèles sont destinés à établir un niveau de risque pour aider les agriculteurs dans leur prise de décision en matière de traitements fongicides. De ce fait, ils ne permettent pas de distinguer des parcelles qui diffèrent par des interventions culturales comme la fertilisation ou les traitements fongicides (mais ils intègrent la phénologie, c'est à dire le stade des plantes, et éventuellement des facteurs aggravant le niveau de risque comme le type de sol et le

<sup>61</sup> *Presept* : SRPV de Montpellier, DRAF Languedoc-Roussillon, rue Alco, 34080 Montpellier cedex

<sup>62</sup> *Spirouille* : SRPV de Bordeaux, DRAF Aquitaine, 51 rue Kiéser, 33077 Bordeaux cedex

<sup>63</sup> *Top* : SRPV de Toulouse, Cité administrative bât. E, Bd Armand Duportal, 31074 Toulouse

précédent cultural). Les différences de sensibilités variétales sont sommairement prises en compte, voire non prises en compte (ce qui est le cas du modèle Présept). L'estimation fournie par ces modèles ne peut donc convenir telle quelle pour décrire l'importance des maladies dans les différentes situations expérimentales d'un réseau, mais on pourrait envisager de corriger l'estimation des dégâts sur les plantes qu'ils procurent par la ou les observations réalisées dans chacun des essais étudiés. Pour le modèle Présept (voir la simulation effectuée par Bisiaux et Pajares, 2002, avec les données de Rennes 1996 : figure 2.24), les dégâts sont estimés par un pourcentage de surface foliaire nécrosée sur les feuilles supérieures (indice F1-F2) ou sur les feuilles inférieures (indice F3-F5). Dans la mesure où on aura établi une correspondance satisfaisante entre cet indice et les notes de maladies issues des observations, on peut envisager de corriger l'indice Présept par les observations. De cette façon, avec une seule notation, on pourrait rétablir la cinétique de la maladie dans chacune des parcelles expérimentales, puis calculer les notes à stade constant, ou calculer l'aire sous la courbe, ou utiliser directement l'indice Présept corrigé, à stade constant.

## **Conclusion**

Plusieurs perspectives intéressantes sont apparues pour améliorer et simplifier la démarche de diagnostic. Si l'on veut déterminer la date du stade épi 1cm avec une précision supérieure à celle qui est obtenue par modélisation (c'est à dire de l'ordre de 3 à 4 jours), il ne paraît pas possible actuellement de supprimer tout prélèvement autour de ce stade. Mais l'on peut espérer s'affranchir à terme de tout prélèvement à la floraison ou à maturité, dans la mesure où l'on ne souhaite pas effectuer de diagnostic sur les composantes du rendement (PMG ou NGm<sup>2</sup>), et dans la mesure où on aura mis au point d'autres méthodes pour caractériser l'alimentation azotée des plantes (comme les méthodes radiométriques en cours de développement). Il existe également des perspectives intéressantes d'amélioration des variables descriptives de deux types de facteurs limitants : le déficit hydrique et certaines maladies. Des besoins d'amélioration subsistent, qui s'adressent aux agronomes, notamment pour améliorer les modèles de prévision des stades de développement comme le stade méiose pollinique.

## 2.7. Conclusion de la partie 2

Dans cette partie, nous avons montré comment le diagnostic agronomique permet de caractériser les milieux d'un réseau expérimental et de les regrouper, et comment, quand on analyse l'interaction génotype - milieu par un modèle de régression factorielle, on pouvait estimer la tolérance des génotypes évalués vis-à-vis des contraintes apparues dans les milieux :

- Le diagnostic agronomique est réalisé sur un petit nombre de génotypes révélateurs. La caractérisation des milieux repose sur l'identification et la quantification de l'effet des facteurs limitants du rendement, ce qui permet de comparer leur poids au sein d'un même milieu expérimental, de comparer les milieux entre eux pour un facteur limitant particulier, et de les classer pour l'ensemble des facteurs limitants apparus. Les méthodes de diagnostic développées jusqu'alors, basées sur l'observation des déviations de Rdt, de NGm<sup>2</sup> et de PMG et des variables descriptives des milieux, ne nous permettaient qu'une distinction qualitative des milieux pour l'intensité des facteurs limitants, et relevaient d'une expertise difficilement transmissible.

- Le regroupement des milieux basé sur la contribution des facteurs limitants aux pertes de rendements, s'est avéré efficace par rapport au comportement de tous les génotypes évalués, dans la mesure où, quelque soit le nombre de groupes de milieux retenu, la variation expliquée par les groupes de milieux est supérieure à la variation subsistant à l'intérieur des groupes. Le diagnostic agronomique est donc une réponse possible aux questions que se posent les gestionnaires de réseaux expérimentaux qui cherchent à optimiser leur réseau en évitant les situations redondantes, ou en recherchant de nouvelles situations originales. Ces objectifs peuvent être atteints sur la base d'expérimentations légères qui ne portent que sur quelques génotypes, ou sur des sous-ensembles de génotypes dans des expérimentations déjà en place.

- Quand on analyse l'interaction génotype - milieu sur l'ensemble des génotypes évalués, au moyen d'une régression factorielle qui utilise comme covariables les variables environnementales décrivant les facteurs limitants identifiés par le diagnostic, il est possible d'estimer la tolérance des génotypes vis-à-vis de ces facteurs limitants par les coefficients génotypiques déterminés dans le modèle de régression factorielle. Cette possibilité est particulièrement intéressante pour améliorer la connaissance du comportement des génotypes par rapport à des facteurs limitants difficiles à observer, où dont l'étude est lourde et coûteuse.

Par rapport à une description *a priori* des milieux dans laquelle un certain nombre de variables environnementales sont intégrées dans l'analyse de l'interaction génotype - milieu, nous avons insisté sur l'importance de vérifier que les variables utilisées pour décrire l'interaction correspondent bien à des facteurs limitants qui ont effectivement joué un rôle dans les variations de rendement à l'échelle du réseau. En effet, il est indispensable de minimiser les risques de confusions d'effets entre variables, risques inhérents aux techniques de régression linéaire employées (en particulier dans l'analyse de l'interaction).

Pour cela, plusieurs garanties ont été recherchées. Tout d'abord, nous avons cherché à décrire le plus grand nombre possible de facteurs limitants susceptibles d'intervenir, sans en privilégier aucun avant l'analyse. La validité de ces facteurs a été appréciée par la qualité d'ajustement entre pertes de rendement estimées et pertes de rendement observées (partie 2.3.1 p.87) : celle-ci s'est avérée bonne ou très bonne pour des nombres de milieux de l'ordre de dix à trente. Au-delà, la part de variation expliquée diminue, mais nous avons encore obtenu des parts de variation expliquées de 50 à 60% avec des nombres de milieux de l'ordre de 60 à 100 (partie 2.3.2 p.97). La validité du diagnostic a également été vérifiée par la comparaison de couples de situations expérimentales qui ne diffèrent que par une conduite de culture (par exemple : conduite traitée aux fongicides et conduite non traitée), et par l'étude des corrélations entre les variables qui sont apparues dans le diagnostic et l'ensemble des variables disponibles (partie 2.3.1).

De plus, nous avons observé une bonne convergence entre les variables explicatives des écarts de rendement et celles qui expliquent les écarts des composantes NGm<sup>2</sup> et PMG. Une conséquence de ce dernier résultat est que l'on peut restreindre le diagnostic au rendement seul, si l'on ne cherche pas à identifier plus précisément des contraintes spécifiques de l'élaboration du nombre de grains ou du remplissage des grains. Dans une optique de simplification et de rapidité de la démarche, cela permet

une substantielle économie de travail. Toutefois, dans le cas où l'on chercherait à expliquer les écarts de NGm<sup>2</sup> et de PMG, pour obtenir une vérification supplémentaire de la pertinence des variables retenues, ou pour décrire les contraintes qui ont agi spécifiquement sur ces deux composantes, une amélioration des variables explicatives des variations du NGm<sup>2</sup> et du PMG est encore nécessaire. La possibilité de travailler sur le PMG déterminé sur les grains récoltés à la moissonneuse-batteuse au lieu de grains issus d'un prélèvement séparé doit également être explorée.

La convergence entre génotypes révélateurs est également un moyen de vérifier la validité des facteurs limitants identifiés. Une bonne convergence a ainsi été observée pour des facteurs limitants majeurs. Les divergences qui ont été relevées n'invalident pas la méthode, mais elles illustrent une complémentarité utile entre génotypes révélateurs, garantissant que le plus grand nombre possible de facteurs limitants qui ont effectivement joué un rôle ont bien été identifiés. Pour décrire au mieux la diversité des contraintes apparues sur tous les génotypes, une attention particulière doit être apportée au choix des génotypes révélateurs. Nous avons montré que trois génotypes révélateurs judicieusement choisis permettent de décrire presque autant de facteurs limitants que les quatre génotypes initialement disponibles dans notre étude. Le meilleur triplet permet également de décomposer l'interaction presque aussi bien que quatre génotypes. Mais comme il est très difficile de savoir à l'avance quel est le bon triplet de génotypes à prendre en compte, il nous est apparu préférable d'utiliser quatre génotypes révélateurs, choisis notamment sur leurs différences de précocité (partie 2.6.2 p.136). Pour bien tirer parti de la complémentarité entre génotypes révélateurs, il est apparu également préférable de faire un diagnostic génotype révélateur par génotype révélateur, plutôt que de les analyser simultanément (partie 2.3.1 p.87).

L'observation des relations individuelles entre les variables décrivant les facteurs limitants et les écarts de rendement ou des composantes du rendement peut également permettre une validation du rôle des différents facteurs limitants. Mais elle est également un moyen d'améliorer les seuils d'effet de ces variables, qui sont utilisés pour convertir toutes les variables sur une échelle commune (annexe 10). Leur méconnaissance est encore la cause d'incertitudes dans l'estimation des contributions individuelles des différents facteurs limitants aux pertes de rendement.

L'hypothèse de linéarité de l'effet des variables sur le rendement s'est avérée satisfaisante, mais il apparaît utile de travailler à la mise au point de variables qui présenteront une linéarité meilleure, dont l'obtention sera plus facile et rapide. Ceci concerne notamment les carences en azote, le stress hydrique, les accidents de fécondation. Nous avons montré que des espoirs existent dans ce sens (partie 2.6.3 p.142).

La qualité d'ajustement entre les pertes de rendement estimées par le diagnostic et les pertes de rendement observées diminue avec l'augmentation de la taille et de la diversité des réseaux (partie 2.3.2 p.97). Ceci peut être expliqué par le fait que des facteurs limitants dominants, qui séparent le réseau en groupes de milieux contrastés (par exemple les maladies du feuillage qui opposent des essais traités aux fongicides et des essais non-traités) masquent souvent le rôle de facteurs secondaires, qui ont agi de façon moins prononcée ou sur un nombre de milieux plus faible (par exemple des facteurs climatiques), et qui de ce fait n'apparaissent pas dans le diagnostic le plus global. Pour remédier à ce problème, il sera utile de tester des diagnostics emboîtés, en commençant par un ou plusieurs diagnostic sur des sous-ensembles d'essais (avec par exemple des conduites culturales relativement homogènes), puis en élargissant l'analyse à un ensemble plus large de milieux appartenant au même réseau, en imposant que les variables apparues dans les diagnostics restreints soient intégrées dans le diagnostic global. Sinon, nous n'avons pas mis en évidence de limite inférieure au nombre de milieux en-dessous de laquelle la qualité du diagnostic diminue. Mais il apparaît plus sûr de travailler sur au moins deux années expérimentales, pour pouvoir mettre en évidence des facteurs limitants qui ont affecté de façon comparable les milieux d'une même année culturale.

La caractérisation de milieux isolés apparaît possible, mais doit être effectuée à partir d'un diagnostic très global, et l'ajustement que l'on peut espérer est de l'ordre de 50 à 60%, ce qui est inférieur à l'ajustement que l'on peut obtenir pour des milieux appartenant au réseau dans lequel a été réalisé le diagnostic. Toutefois, nous pensons qu'il devrait être possible d'obtenir un diagnostic plus généraliste, en utilisant la méthode des diagnostics emboîtés (partie 2.3.2).

La décomposition de l'interaction génotype - milieu permise par les variables environnementales décrivant les facteurs limitants, qui ont été sélectionnées par le diagnostic agronomique, s'est avérée très satisfaisante. Ainsi, avec un modèle de régression factorielle biadditive, la part d'interaction expliquée est comparable à celle que l'on obtient avec le modèle multiplicatif, considéré comme modèle de référence pour l'efficacité de la décomposition (partie 2.5.1 p.114). Quand la décomposition est effectuée avec un modèle de régression factorielle, la part d'interaction expliquée varie de 69 à 91% selon le réseau, pour des nombres de génotypes évalués qui vont de 10 à 22 (partie 2.5.2 p.122). A cette étape de l'analyse, nous avons montré que, dans les cas où les génotypes révélateurs n'ont pas permis d'identifier des facteurs limitants visibles comme la verse ou certaines maladies, il pouvait s'avérer nécessaire d'ajouter les variables environnementales correspondantes dans la liste des variables candidates pour expliquer l'interaction génotype - milieu, en les déterminant directement sur l'ensemble des génotypes évalués dans le réseau (en prenant la valeur moyenne, ou la valeur maximale dans chaque essai...).

Les résultats de l'estimation de la tolérance des génotypes aux facteurs limitants sont très prometteurs, dans la mesure où nous avons obtenu dans plusieurs cas de bonnes ou très bonnes corrélations entre la résistance déduite des observations et la tolérance estimée par la régression factorielle. Ces résultats ouvrent des perspectives particulièrement intéressantes pour améliorer la connaissance du comportement des génotypes dans les réseaux expérimentaux, notamment vis-à-vis de facteurs limitants dont les effets sont difficilement observables et dont l'étude est difficile ou coûteuse (carences en azote, sécheresse, insuffisance de rayonnement, fortes températures à certains stades ou certaines périodes de développement, conditions hivernales défavorables...). Au-delà des facteurs limitants, cette méthode peut permettre de juger aussi l'adaptation des génotypes à diverses techniques de culture comme les semis moins denses ou les semis tardifs. Toutefois, des investigations supplémentaires apparaissent nécessaires pour choisir judicieusement l'étape à laquelle il faut prendre en compte les paramètres génotypiques dans la régression factorielle pour le calcul des notes de tolérance. Il semble qu'en général le modèle le plus complet soit le plus satisfaisant, mais une observation de la stabilité des paramètres génotypiques est nécessaire, pour éviter d'utiliser des paramètres génotypiques à une étape où ils seraient trop instables. Un critère de stabilité des paramètres génotypiques entre les modèles successifs de régression factorielle pourrait sans doute être défini, qui permettrait de guider ce choix (partie 2.5.2 p.130).

Cette démarche est intéressante également pour mettre en évidence la relation entre la tolérance à certains facteurs limitants et la précocité des génotypes. Décrire et prendre en compte cette relation permet de distinguer la tolérance intrinsèque des génotypes de celle qui est liée aux périodes d'action des facteurs limitants affectant différemment les génotypes de précocités contrastées. Et une visualisation de cette relation est utile pour choisir le mode de correction des notes de tolérance (linéaire, quadratique...) permettant d'estimer la tolérance intrinsèque des génotypes. La qualité de cette relation dépend du nombre de génotypes évalués, tout comme la qualité de la décomposition de l'interaction génotype - milieu. Nous n'avons obtenu qu'une réponse partielle à la question du nombre de génotypes qu'il est possible d'analyser simultanément, dans la mesure où nous n'avons pas effectué d'analyse systématique avec un nombre décroissant de génotypes, à partir du nombre initial dont nous disposions. Mais il est apparu que 4 génotypes est un nombre insuffisant pour obtenir une décomposition intéressante de l'interaction et une estimation suffisamment fiable de la tolérance des génotypes aux facteurs limitants (partie 2.6.2 p.136).

L'association des deux outils d'analyse "diagnostic agronomique" sur des génotypes révélateurs et "régression factorielle" sur l'ensemble des génotypes évalués allie la puissance des méthodes statistiques et une vérification de la vraisemblance agronomique des variables retenues pour expliquer l'interaction génotype - milieu. Nous avons souligné l'importance de confronter les diagnostics agronomiques obtenus dans plusieurs réseaux expérimentaux et de comparer les notes de tolérance aux facteurs limitants issues de ces différents diagnostics sur des génotypes communs, pour obtenir un jugement plus définitif de leur fiabilité et de leur stabilité. Mais, même si des progrès sont encore à accomplir, cette association apparaît aujourd'hui très prometteuse pour améliorer l'exploitation des informations contenues dans un réseau expérimental dans le sens d'une connaissance accrue des génotypes et d'une meilleure gestion des réseaux expérimentaux.



Cette méthode apparaît suffisamment fiable pour être proposée aux acteurs de l'évaluation des variétés, désireux de mieux connaître leurs milieux expérimentaux, ou préoccupés d'optimiser leurs réseaux d'évaluation, ou cherchant à mieux exploiter l'information sur le comportement des géotypes, qui est contenue dans les résultats des réseaux. Pour apporter une réponse à ces attentes, un outil d'aide à la connaissance des milieux, à l'optimisation des réseaux et à l'évaluation des variétés, basé sur les résultats que nous avons présentés est en cours de développement à l'INRA (Prost et Lecomte, 2005).

## **Discussion générale.**

Au cours de la réalisation de ce travail, s'est opéré un changement radical de perspective dans notre façon de concevoir un outil d'aide à l'évaluation des variétés. Notre problématique, centrée sur le développement du diagnostic agronomique associé à la régression factorielle, a progressivement intégré le point de vue des acteurs : au départ, nos compétences agronomiques et notre connaissance des travaux de sélection et de l'expérimentation variétale nous ont engagés à chercher des fonctionnalités qui correspondaient à des besoins que nous connaissions (décrire les milieux pour comprendre les variations de performances des variétés, et pour optimiser les réseaux). Par notre activité de coordination de réseaux d'évaluation variétale à l'INRA, par nos relations fréquentes avec des sélectionneurs, nous appréhendions certaines des contraintes liées à l'évaluation variétale. Mais notre regard était plus centré sur l'outil que sur les acteurs, et pour nous, l'outil sur lequel nous avons commencé à travailler ne pouvait que susciter l'intérêt, car l'information qu'il permettait d'extraire allait enrichir la connaissance variétale. Il allait tout naturellement être appliqué à des réseaux idéaux du même type que ceux que nous avons l'habitude d'analyser. Et nous considérions que la totalité des contrôles nécessaires sur les milieux pour la mise en œuvre d'un nouvel outil d'évaluation variétale pouvaient être réalisés dès lors que les apports de l'outil en montreraient l'importance. Pour un concepteur d'outils, il apparaît finalement difficile de s'affranchir de ce point de vue, qui a pourtant été dénoncé par un certain nombre d'auteurs qui ont travaillé sur l'innovation (Staudenmaier, 1985 ; Akrich, 1990, 1993 ; Dubuisson et Hennion, 1996).

Prenant en compte les usages de l'expérimentation par les acteurs, nous avons intégré à notre problématique la *difficulté d'ajouter des observations dans les essais*, la *nécessité d'automatiser les opérations, de travailler vite*, la *nécessité d'utiliser un mode de présentation des résultats proche des façons habituelles de décrire les variétés*. Nous avons cherché à automatiser le diagnostic, car la démarche d'analyse, relativement complexe, pratiquée par les agronomes (Sebillotte, 1980 ; Boiffin et Meynard, 1982 ; Meynard et Sebillotte, 1982 ; Meynard et David, 1992 ; Leterme *et al.*, 1994 ; Doré *et al.*, 1997) n'était pas envisageable dans le suivi des réseaux d'essais variétaux. Nous nous sommes également interrogés sur la possibilité de supprimer la mesure des composantes du rendement (partie 2.3.1 p.87), et sur la simplification des contrôles sur les milieux (partie 2.6.3 p.142).

L'analyse et la description de la diversité des usages de l'expérimentation variétale se sont imposées comme une étape incontournable pour espérer identifier les acteurs qui pouvaient tirer profit de cet outil, et pour que l'outil puisse évoluer de façon à mieux répondre à leurs attentes. Les enquêtes de la partie 1 nous ont clairement montré que tous les acteurs ne chercheraient pas à tirer les mêmes informations d'un outil associant diagnostic agronomique et régression factorielle, et que leurs objectifs, la configuration de leurs réseaux, leurs contraintes et leurs besoins étaient très divers.

Ainsi, des évolutions sont possibles, tant du point de vue de l'outil, pour qu'il soit mieux adapté à des objectifs ou à des contraintes particuliers, que du point de vue des acteurs de l'évaluation des variétés, qui pourront trouver une réponse à certaines de leurs attentes, et, en s'appropriant l'outil, infléchir éventuellement leur pratique, leur façon d'évaluer les génotypes, voire leurs objectifs de travail.

## 1. Un outil en réponse à des besoins clairement identifiés

Affirmer que notre outil répond à des besoins suppose qu'à la fois la diversité des usages de l'expérimentation et l'outil lui-même aient été correctement décrits. Ne décrire que l'outil aurait permis d'aboutir à la série de questions de la fin de la partie 2 (2.6.3 p.142), sur les façons d'optimiser l'emploi de l'outil, en le destinant aux réseaux idéaux évoqués ci-dessus. Mais cela n'aurait pas permis de distinguer les acteurs intéressés de ceux qui ne le sont pas, d'identifier de nouveaux besoins par rapport à ceux qui avaient été imaginés au départ, ni de faire évoluer l'outil pour qu'il prenne mieux en compte les attentes des acteurs. A l'inverse, il était nécessaire d'avoir bien décrit les fonctionnalités de l'outil pour identifier les acteurs susceptibles d'être intéressés, ceux avec qui la poursuite du développement est possible, et pour élaborer une communication sur l'outil dans laquelle la réponse à des questions particulières soit bien mise en avant.

L'outil de diagnostic agronomique associé à la régression factorielle présente deux grandes fonctionnalités : 1)- il apporte **un regard critique sur les réseaux expérimentaux**, et 2)- il permet de **caractériser les variétés vis-à-vis des contraintes du milieu**.

L'étude conduite dans la partie 1 nous permet de suggérer que **la première fonctionnalité** pourrait répondre aux besoins des acteurs de *l'inscription des variétés*, pour justifier le choix des essais qui doivent être retenus pour la cotation des variétés, et pour limiter ainsi les risques de contestations de la part des obtenteurs. Il pourrait aussi être utilisé pour optimiser les réseaux expérimentaux de l'inscription en identifiant les conditions agronomiques sur-représentées et celles qui sont au contraire sous-représentées, et permettre ainsi une réflexion sur une diversification des sites ou des conduites expérimentales. L'outil pourrait aussi répondre aux attentes des acteurs concernés par l'usage que nous avons appelé "*Référencement technique local*", qui élaborent un message sur les facteurs limitants caractéristiques d'une campagne culturale donnée. Ces acteurs ont déjà une bonne connaissance de leurs milieux, mais il n'ont pas les moyens de quantifier l'importance des contraintes apparues une année particulière. Ici, l'outil pourrait être appliqué sur plusieurs années expérimentales et sur plusieurs conduites culturales, ce qui peut compenser le faible nombre d'essais réalisés chaque année. Dans ses fonctionnalités "groupement des essais" et "optimisation des réseaux", notre outil pourrait également être valorisé par les acteurs du "*Référencement technique national*".

**La seconde fonctionnalité** pourrait être valorisée par tous les acteurs qui cherchent à connaître les variétés, à les positionner, à faire de la préconisation d'emploi. Avec notre outil, la recherche d'explications aux variations de résultats se concrétise par le poids relatif des différents facteurs limitants dans les essais du réseau, et par l'estimation de la tolérance des génotypes à ces facteurs limitants. Sont concernés en particulier les acteurs de la "*Fin de sélection*", du "*Développement*" (dans sa dimension "*collecte de références*"), et du "*Référencement technique à l'échelle nationale*". Ici, la configuration des réseaux (nombre de sites expérimentaux, homogénéité des listes variétales) est souvent favorable à l'utilisation de notre outil, mais elle supposera d'ajouter des contrôles sur les milieux, ce qui est susceptible d'entraîner un surcoût. L'utilisation de l'outil par ces acteurs pourrait n'être envisageable que si ce surcoût est léger, et/ou si, par le biais de la première fonctionnalité, il est possible de réaliser des économies en réduisant le nombre d'essais. Une préoccupation très importante chez certains acteurs a été mise en évidence au cours de l'étude : connaître l'adaptation des variétés à des techniques ou à des milieux particuliers (date ou densité de semis, sols superficiels ou à réchauffement lent,...). C'est le cas en particulier des acteurs concernés par l'usage "*Développement - collecte de références*", qui cherchent de plus en plus à associer des préconisations de conduites à la recommandation d'une variété. Et nous avons vu que notre outil est susceptible d'apporter des réponses très concrètes vis-à-vis de ce besoin.

L'outil semble moins pertinent pour les acteurs dont les décisions s'appuient sur les résultats moyens de chaque génotype dans le réseau, et qui ne cherchent pas à expliquer les écarts de performances des génotypes entre essais. Ainsi, dans sa fonctionnalité "caractérisation des génotypes", et selon les règles actuelles de jugement des génotypes, il ne correspond pas bien aux attentes des acteurs de *l'inscription*, bien que les réseaux expérimentaux gérés par ces acteurs s'y prêteraient très bien. Mais si l'objectif de connaître les variétés, qui est second aujourd'hui, prenait une place plus importante, l'outil permettrait un important apport d'information. Cet outil n'est pas destiné aux acteurs de la "*Sélection précoce*", qui travaillent sur un nombre réduit de sites expérimentaux qu'ils connaissent suffisamment bien, et qui cherchent surtout à éliminer les génotypes dont les performances sont insuffisantes, avant de réellement connaître les génotypes qu'ils vont continuer à sélectionner. Il n'est pas adapté non plus aux usages que nous avons appelé "*Développement commercial*", "*Coordination technique régionale*" et "*Transformation - meunerie*", à cause de l'hétérogénéité des configurations expérimentales et de la difficulté à obtenir suffisamment d'informations sur les milieux dans les deux premiers cas, ou à cause d'objectifs très spécifiques dans le troisième (connaissance de la réponse des variétés aux variations de fertilisation azotée). Pour l'usage "*Référencement technico-commercial*", cet outil pourrait contribuer à la construction de la connaissance des variétés, qui est recherchée par des acteurs qui ne trouvent pas suffisamment d'informations adaptées à leur contexte particulier dans le message des obtenteurs et des acteurs de l'inscription. Mais, dans la mesure où les acteurs du référencement technico-commercial sont satisfaits

de leur mode de fonctionnement actuel, l'adoption de notre outil est fortement conditionnée par la démonstration de son intérêt.

Les acteurs de la recherche n'ont pas été enquêtés dans la première partie de notre étude. Il est clair cependant qu'ils pourraient tirer profit de la mise en œuvre de notre outil dans leurs réseaux expérimentaux. Ainsi, la détermination de la fréquence des différents facteurs limitants et de leurs conséquences sur des variables de production comme le rendement ou la qualité peuvent contribuer à définir l'orientation des programmes de génétique. Notre outil peut également permettre d'identifier des génotypes dont les comportements sont très différents, qui seraient susceptibles d'être utilisés pour la recherche de QTL<sup>64</sup> ou de gènes d'intérêt. Des travaux récents ont ainsi montré l'intérêt de caractériser les milieux pour étudier la stabilité des QTL (Leflon *et al.*, 2004).

Notre outil de diagnostic peut également enrichir le travail des agronomes qui cherchent à modéliser le comportement variétal, en interaction avec les caractéristiques du milieu et des itinéraires techniques. Ainsi, dans un travail conduit sur le réseau 3 de notre étude (Barbottin *et al.*, 2005), une caractérisation des milieux avec notre méthode a permis de montrer qu'il existait une relation stable entre la quantité d'azote remobilisé vers les grains et la quantité d'azote assimilé par la plante avant la floraison, quelque soit le génotype, et pour une grande gamme de conditions environnementales. En particulier, cette relation a été conservée dans les milieux où sont apparus du stress hydrique ou des fortes températures pendant le remplissage des grains, ainsi que dans les milieux où l'assimilation de l'azote après floraison s'est avérée forte. Nous avons constaté en revanche que la remobilisation de l'azote a été nettement affectée dans les milieux où le développement des maladies pendant le remplissage (rouille brune, rouille jaune et septoriose) était important, et la déviation par rapport à la relation était d'autant plus importante que le génotype était sensible à ces maladies. Ici, la caractérisation des milieux a donc permis d'établir le domaine de validité d'une relation concernant l'élaboration de la qualité des grains, et d'identifier les facteurs qui perturbaient cette relation.

De manière générale, le diagnostic est un auxiliaire précieux de la modélisation, comme le soulignent Meynard *et al.* (2001) : en permettant d'identifier les facteurs limitants majeurs de la production, il permet de hiérarchiser les fonctions à intégrer dans le modèle. Certains facteurs limitants dont nous avons montré l'importance (déficit de rayonnement à la méiose, températures basses en hiver, maladies cryptogamiques) sont, de fait, rarement pris en considération par les modèles agronomiques classiques. La quasi impossibilité à obtenir des modèles qui soient valables dans une grande gamme de situations différentes (Porter *et al.*, 1993 ; Bindi et Porter, 1994 ; Jamieson *et al.*, 1998 ; Landau *et al.*, 2000) augmente l'intérêt de la complémentarité entre diagnostic et modélisation.

## 2. L'alimentation de l'outil en données

Pour pouvoir être appliqué, l'outil de diagnostic agronomique associé à la régression factorielle requiert un certain nombre de contrôles et d'observations sur les milieux et les génotypes révélateurs. Nous avons insisté sur le fait que, comme on ne peut jamais savoir à l'avance quels sont les facteurs limitants qui vont intervenir, la fiabilité maximale de la méthode requiert que tous les facteurs susceptibles de limiter le rendement soient décrits. Mais le volume de travail mobilisable pour le recueil de données de terrain est nécessairement contraint, particulièrement sur les réseaux d'évaluation variétale, en comparaison avec les réseaux des agronomes dédiés au diagnostic régional (Boiffin *et al.*, 1981 ; Leterme *et al.*, 1994 ; Doré *et al.*, 1997). En conséquence, dans la partie 2 de notre étude, nous n'avons pas effectué de contrôle sur l'état structural du sol, la profondeur d'enracinement a été estimée en fonction du type de sol, et nous avons considéré que les espèces adventices ont été partout correctement maîtrisées. Malgré tout, la plus grande partie des facteurs limitants possibles ont été décrits, ce qui est une situation favorable par rapport à la plupart de celles que nous avons rencontrées chez les différents acteurs de l'évaluation des variétés.

La caractérisation aussi complète que possible des milieux d'évaluation suppose de recueillir des données chiffrées sur les milieux (données météorologiques journalières, nature et profondeur du sol) et de suivre plus particulièrement quelques génotypes révélateurs (partie 2.6.3 p.142) pour :

<sup>64</sup> *QTL* : Quantitative Trait Loci, fraction du génome intervenant dans la détermination d'un caractère quantitatif.

- Dater les stades de développement (semis, levée, stade "épi 1cm" et épiaison), desquels sont déduits d'autres stades-repère (méiose, floraison, stade laiteux, maturité physiologique : voir partie 2.2.3 p.77), permettant de calculer des variables environnementales par grandes phases du cycle cultural.

- Effectuer des prélèvements pour déterminer la date du stade "épi 1cm" et apprécier les conditions d'alimentation azotée. Ce sont ces prélèvements qui posent le plus problème dans le suivi des essais variétaux.

Il n'est pas possible de se passer de la date du stade épi 1cm, mais nous avons vu qu'elle peut être déterminée par la modélisation, sous réserve d'informations supplémentaires (besoins en vernalisation du génotype révélateur, phyllotherme et durée du jour : voir partie 2.6.3.3 p.143). Cette détermination comporte une incertitude de 3 à 4 jours (Gate, 1995). Si cette incertitude peut être acceptée (ce qui supposerait d'en évaluer les conséquences sur la fiabilité du diagnostic), l'estimation de la date du stade épi 1cm n'imposera plus d'effectuer des prélèvements pour suivre l'évolution de la hauteur des épis au début de la montaison.

La caractérisation des conditions d'alimentation azotée doit être réalisée à chaque fois qu'on court le risque de carences en azote. Si la description du facteur limitant azote n'est pas effectuée, une caractérisation des milieux peut tout de même être envisagée, mais avec un risque accru de confusions d'effets (une variable corrélée à celle qui permettrait de décrire le facteur limitant azote risquant d'apparaître à sa place). Cela n'aura vraisemblablement pas trop de conséquence dans les réseaux bien fertilisés, où l'azote est rarement limitant (mais des conditions climatiques défavorables, comme la sécheresse au début de la montaison, peuvent perturber l'assimilation de l'azote, même s'il a été apporté en quantité suffisante). En revanche, la caractérisation du statut azoté des plantes est nécessaire à chaque fois qu'une variation de fumure azotée est effectuée, et quand l'évaluation des génotypes a lieu sous des conduites à faible niveau d'intrants (qui comporte notamment une réduction de la fertilisation azotée). Ces conditions pourront être de plus en plus fréquentes, compte-tenu de l'évolution du contexte économique et réglementaire qui incite à rechercher de nouvelles variétés adaptées à la réduction des intrants (Meynard et Girardin, 1991 ; Hervé, 1995 ; Loyce *et al.*, 2001 ; Jeuffroy et Meynard, 2005). En tout état de cause, dans les réseaux d'inscription, l'absence de régulateur de croissance incite les expérimentateurs à raisonner la fertilisation azotée un peu en-dessous des besoins théoriques. Des carences modérées peuvent donc se produire. A l'avenir, il serait nécessaire de pouvoir recourir à un descripteur de l'alimentation azotée d'utilisation plus aisée, comme l'HydroN-Tester (voir note 30 p.33 et partie 2.6.3.2 p.143). Mais des travaux agronomiques doivent encore être poursuivis pour rendre cette substitution opérationnelle.

Réaliser les contrôles sur le milieu et les prélèvements de plantes représente une contrainte d'autant plus importante que les personnes qui vont exploiter l'information obtenue ne sont pas celles qui conduisent les essais, en particulier lorsque les essais sont réalisés dans le cadre de partenariats ou de prestations. Les essais sont alors très souvent conduits et suivis selon des modes standards qu'il est difficile de modifier. Mais des réseaux d'évaluation où des partenaires poursuivent le même objectif pourraient permettre la mise en place d'une démarche commune de caractérisation des milieux. C'est le cas des réseaux de "*Fin de sélection*", voire de "*Développement – collecte de référence*". Les visites d'essais, fréquentes chez les acteurs qui relèvent de ces usages, pourraient aussi être l'occasion d'un recueil de données appropriées, sous réserve de disposer de moyens de description rapide des principales contraintes du milieu (notamment carences en azote), car ici, la réalisation de prélèvements est difficile à envisager.

Pour l'usage que nous avons appelé "*Référencement technique national*", les mesures ou contrôles doivent faire l'objet d'une argumentation serrée, car l'acteur effectuant la synthèse nationale n'a pas d'autorité directe sur les expérimentateurs. Mais ceux-ci étant eux-mêmes engagés dans le "*Référencement technique local*", l'enjeu pour le référencement national est de leur montrer l'intérêt d'une caractérisation des milieux pour la communication réalisée au niveau régional et pour la connaissance de l'adaptation locale des génotypes.

Les contraintes liées à la caractérisation des milieux interdisent pratiquement l'emploi de l'outil que nous proposons aux usages de "*Développement commercial*" et de "*Transformation - meunerie*" :

d'une part, les réseaux concernés présentent une grande hétérogénéité, surtout dans le premier cas ; d'autre part, le faible nombre de génotypes n'est pas favorable à leur caractérisation par l'analyse de l'interaction génotype - milieu.

La description des milieux basée sur les génotypes révélateurs suppose une certaine pérennité de ces génotypes. La durée de vie des témoins officiels (dits "témoins CTPS") dans les réseaux d'inscription est variable, mais certains restent assez longtemps pour permettre une continuité (de l'ordre de 5 à 6 ans, voire plus). Dans tous les réseaux qui utilisent ces témoins, on peut donc estimer que la pérennité est satisfaisante pour pouvoir accumuler des références et constituer des réseaux pluriannuels avec ces variétés comme génotypes révélateurs. Dans des réseaux où les témoins sont les variétés dominantes du marché, souvent à une échelle régionale, des changements plus rapides peuvent intervenir. Mettre en œuvre l'outil que nous proposons supposera de veiller à une continuité suffisante (de l'ordre de 5 ans), et de préparer les changements de témoins en collectant à l'avance des références sur les variétés émergentes (rendement maximal, valeur des indicateurs de l'alimentation azotée, éventuellement composantes du rendement).

### 3. Atouts de notre outil par rapport aux autres outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu

Dans notre inventaire des grands types d'outils proposés par les techniciens ou les chercheurs, nous avons observé que les outils qui ont été assez bien adoptés par les utilisateurs sont ceux qui permettent d'améliorer la fiabilité des résultats et la qualité expérimentale (plans d'expérience, analyse de variance), ou ceux qui apportent une aide à la conduite des cultures (notamment : méthode du bilan azoté, tensiomètres sur les espèces irriguées... : voir partie 1.3.5 p.39). En revanche, les outils d'analyse de l'interaction, de caractérisation ou de classification des milieux ne sont pratiquement pas utilisés. Nous avons vu que cela pouvait être relié à plusieurs causes (partie 1.4.4 p.56) :

- ce qu'apportent ces outils ne rejoint pas les objectifs des acteurs ;
- l'utilisation de ces outils nécessite un investissement important en temps et en savoir-faire ;
- la démonstration de leur intérêt pour la connaissance des génotypes a été peu faite, ou a été faite dans des termes qui ne correspondaient pas aux notions ou au vocabulaire employés par les acteurs.

Parmi ces outils, la régression conjointe (Yates et Cochran, 1938 ; Finlay et Wilkinson, 1963) est relativement facile à mettre en œuvre et ne requiert aucune information additionnelle sur les essais autre que la variable expliquée (le rendement le plus souvent). Elle permet de juger la réaction des génotypes au caractère favorable ou défavorable des milieux, qui est apprécié par la moyenne des rendements de tous les génotypes en chaque lieu. Mais l'impossibilité de traduire les réactions des génotypes en terme de sensibilité ou de tolérance aux contraintes des milieux limite l'intérêt de cette méthode. La régression factorielle biadditive (Denis, 1988, 1991 ; Van Eeuwijk *et al.*, 1995 ; Brancourt-Hulmel *et al.*, 2000) est l'outil le plus efficace pour décomposer l'interaction génotype - milieu au moyen de covariables (Brancourt-Hulmel et Lecomte, 2003, et voir partie 2.5.1 p.114). Mais l'objectif des acteurs de l'évaluation des variétés n'est pas d'obtenir la meilleure décomposition possible de l'interaction, mais d'obtenir une information exploitable sur les tolérances variétales. Or la décomposition de l'interaction repose sur plusieurs termes multiplicatifs, constitués chacun d'une combinaison linéaire de covariables. Une même covariable peut donc être introduite plusieurs fois dans les différents termes multiplicatifs, et par suite, plusieurs paramètres génotypiques peuvent être associés à cette même covariable, ce qui complique fortement l'estimation des tolérances variétales. Il semble donc bien que la régression factorielle biadditive n'est pas employée parce que la plus-value qu'elle apporte ne correspond pas aux attentes des acteurs.

Pour qu'un outil soit utilisé, il doit comporter des fonctionnalités qui apportent une information directement exploitable. Le caractère très hermétique d'un grand nombre d'outils, notamment ceux qui permettent d'analyser l'interaction génotype - milieu, a vraisemblablement fortement pénalisé leur adoption par les acteurs.

Parmi les deux grandes fonctionnalités de notre outil, que nous avons rappelées plus haut, c'est sans doute la deuxième (améliorer la connaissance des génotypes par l'estimation de leur tolérance aux facteurs limitants) qui suscite le plus d'intérêt. Mais l'intérêt de la première de ces fonctionnalités

(caractériser les milieux de façon approfondie) est néanmoins affirmée par plusieurs d'entre eux. Le diagnostic des facteurs limitants pris isolément pourrait donc directement intéresser certains acteurs (ceux de l'inscription et du référencement technique local). Mais le diagnostic peut aussi contribuer à optimiser les réseaux, sans passer par une analyse de l'interaction génotype – milieu. De ce fait, un plus grand nombre d'acteurs (notamment ceux du référencement technique national) peuvent être intéressés par cet outil.

La deuxième grande fonctionnalité (connaître les génotypes) est liée à la régression factorielle, dont plusieurs auteurs ont montré l'intérêt pour améliorer la connaissance des génotypes (Denis, 1980, 1988 ; van Eeuwijk 1995 ; Brancourt-Hulmel, 1999). Mais la caractérisation des milieux a rarement été aussi approfondie que ce que nous avons entrepris (une des plus complètes sur le blé est celle de Voltas *et al.*, 2005, dans laquelle il manque cependant une caractérisation du statut azoté des plantes), et la validation agronomique des variables introduites et des paramètres génotypiques n'avait pas encore été entreprise, ce qui a pu freiner la confiance des acteurs dans cet outil. Une des originalités de notre outil réside en fait dans l'association du diagnostic et de la régression factorielle.

En effet, nous avons tenté de garantir la validité agronomique des covariables retenues pour expliquer l'interaction génotype - milieu, par la sélection initiale des variables au moyen du diagnostic agronomique, et par l'ajout d'une contrainte de signe des paramètres associés aux covariables, pour que leur effet sur le rendement soit bien conforme à ce qui en est attendu. Nous pensons également que la conversion des paramètres génotypiques dans une échelle qui correspond à celle qui est habituellement utilisée pour présenter la résistance des variétés facilite beaucoup la claire perception du fait que ces paramètres représentent une estimation des tolérances variétales (Lecomte *et al.*, 2002, et journée de restitution des résultats du contrat de branche INRA – GIE C5 – ITCF du 12/11/2002 : voir note 41 p.57). Par ailleurs, nous avons montré que les notes de tolérance estimées correspondent bien aux résistances connues ou observées sur les essais, pour certains des facteurs limitants dont les effets peuvent être observés (voir parties 2.5.1 p.117-118 et 2.5.2 p.124 et 127), et nous avons montré que notre outil permettait de caractériser des variétés par rapport à certaines techniques de culture (date, densité de semis,...). Ce dernier point est un exemple de réponse à des besoins que nous n'avions pas perçus au départ, qui ont été mis en évidence au cours de l'analyse de la partie 1, et qui ont été intégrés dans l'outil.

Mais la nécessité de caractériser les milieux d'une façon suffisamment approfondie peut représenter un frein à l'emploi de notre outil. Son adoption est donc conditionnée par la démonstration de l'importance de cette caractérisation pour améliorer la connaissance des génotypes, ce que nous avons tenté de réaliser dans ce mémoire. Elle pourra être facilitée également par la mise au point de descripteurs de certains facteurs limitants dont la caractérisation reste lourde aujourd'hui. C'est le cas en particulier de la caractérisation du statut azoté des plantes et de la détermination de la date du stade épi 1cm, qui nécessitent des prélèvements sur certaines parcelles élémentaires (voir parties 2.6.3.2 et 2.6.3.3 p.143).

Un autre frein, général pour l'emploi des outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu, est qu'ils nécessitent des compétences biométriques pointues, et qu'ils ne sont accessibles que sur des progiciels scientifiques (SAS, Intera, S-Plus). Or dans les réseaux expérimentaux, il est indispensable de pouvoir travailler rapidement, et sur un outil dont les fonctionnalités sont proches des préoccupations des personnes qui ont à traiter les résultats. En ce sens, le développement de notre outil sur un support logiciel grand public, avec une interface conviviale (Prost et Lecomte, 2005) devrait grandement faciliter son adoption par les acteurs désireux de mieux valoriser les informations contenues dans leurs réseaux expérimentaux. Nous l'avons conçu en prenant en compte les contraintes des acteurs, notamment la nécessité d'aller vite et l'obtention de résultats simples à interpréter.

#### **4. Un regard critique des acteurs sur les résultats de l'outil**

L'appréciation par les utilisateurs de la qualité d'un outil passe par une confrontation entre les conclusions qu'il apporte et la connaissance que les utilisateurs ont déjà acquise. Dans le cas de notre outil, cette connaissance porte en partie sur les milieux expérimentaux : tous les expérimentateurs ont



une idée plus ou moins précise de ce qui a pu limiter le rendement dans leurs essais. Les manifestations de certains facteurs limitants sont visibles (maladies, verse, éventuellement sécheresse...), d'autres sont invoqués régulièrement pour expliquer des défauts de production (excès de température, défaut de rayonnement...). L'apparition de ces facteurs limitants dans le diagnostic sera une condition de la confiance accordée à l'outil, sachant qu'il apporte aussi une information nouvelle que les expérimentateurs ne peuvent pas facilement vérifier, à savoir l'estimation des poids relatifs des différents facteurs limitants, et notamment de ceux qui sont visibles par rapport à ceux qui ne le sont pas.

A partir du moment où les facteurs limitants sont bien établis, la régression factorielle estime des tolérances variétales que l'utilisateur n'a pas les moyens de critiquer, sauf pour les résistances déjà connues (maladies, verse). Seule la concordance entre notes estimées et notes déduites des observations directes est à même d'établir une confiance dans les autres notes, bien que les classements obtenus par la régression factorielle intègrent aussi l'effet de la précocité des génotypes, ce qui peut perturber sensiblement les utilisateurs de l'outil. Rappelons aussi que les notes de tolérance aux facteurs limitants obtenues à l'issue de la régression factorielle dépendent de la variabilité génétique explorée dans les essais. Une autre liste variétale peut conduire à des notes différentes, mais le classement des génotypes doit en revanche être conservé.

Ces réflexions ont des conséquences sur la conception d'un outil comme le nôtre, pour aider à l'analyse des réseaux d'évaluation variétale. Si l'expérimentateur n'a pas confiance dans le diagnostic agronomique, par exemple parce qu'un facteur limitant manifeste n'est pas mis en évidence par les génotypes révélateurs, ou que le poids donné à un facteur limitant ne correspond pas à ce à quoi s'attend l'expérimentateur, il faut que celui-ci ait la possibilité de rajouter des variables pour l'étape suivante, qui est celle de l'analyse de l'interaction. Une illustration en a été donnée dans le réseau 3 de notre étude, où aucun des génotypes révélateurs n'était versé, alors que ce facteur limitant était visible sur d'autres génotypes, et qu'il s'est avéré explicatif de l'interaction (partie 2.5.2 p.127). Le fait d'avoir analysé les points forts et les limites de l'outil au regard des pratiques actuelles et des besoins des acteurs incite à laisser des possibilités d'action aux utilisateurs, pour que puisse être prise en compte leur propre expertise.

## 5. Une co-évolution des acteurs et de l'outil

Dans la conception de l'outil, la prise en compte des attentes et des contraintes des acteurs (voir point 3 ci-dessus) s'est traduite par les fonctionnalités proposées (caractérisation des milieux par le poids relatif des facteurs limitants, présentation de ces contributions aux pertes de rendement sous forme graphique, comparaison des milieux, regroupement des essais, caractérisation des génotypes par des notes de tolérance aux facteurs limitants, possibilité de juger les génotypes pour leur adaptation à des techniques de culture), et par la recherche d'une simplicité et d'une rapidité de mise en œuvre (utilisation de la régression linéaire multiple à la place d'un diagnostic agronomique basé sur une démarche d'expert, utilisation de la régression factorielle plutôt que la régression factorielle biadditive pour l'analyse de l'interaction). Nous avons considéré que la version informatisée de l'outil devait aussi proposer des choix par défaut (notamment pour les descripteurs de facteurs limitants) : certains acteurs ont clairement dit qu'il leur fallait un outil "presse-bouton". Mais elle doit offrir à ses utilisateurs des options leur permettant d'aller plus loin dans l'approfondissement des analyses (par exemple : choix d'une limite au regroupement des milieux dans une démarche de structuration du réseau ; possibilité d'ajouter des variables décrivant des contraintes identifiées visuellement, par exemple sur d'autres génotypes que les génotypes révélateurs, et qui ne sont pas apparues dans le diagnostic ; visualisation des relations entre les notes de tolérance et la précocité des génotypes...).

L'adaptabilité de l'outil à une diversité d'acteurs importante suppose aussi que puissent être prises en compte les situations où il n'a pas été possible d'obtenir toutes les informations requises sur les milieux. Nous avons vu que les conséquences de telles absences sont variables selon le type de facteur limitant manquant et selon le type de réseau : par exemple, une mauvaise détermination de la date du stade épi 1cm et des variables qui en dépendent peut avoir des conséquences importantes quand on a mesuré le rôle majeur joué par la sécheresse au début de la montaison (que ce rôle soit direct ou

indirect, sur l'alimentation azotée); inversement, l'absence d'une caractérisation de l'alimentation azotée peut avoir des conséquences réduites dans un réseau où la fertilisation azotée est raisonnée de façon à bien couvrir les besoins. Mais il faudrait pouvoir proposer une estimation des risques encourus, basée à la fois sur la fréquence des facteurs limitants (voir annexe 9), sur le poids des facteurs limitants manquants et sur les risques de confusions entre facteurs limitants.

Un certain nombre d'acteurs peuvent noter les contraintes par des notations du type présence / absence, par exemple au cours de visites d'essais. La variable correspondante est une variable qualitative qui n'est pas prise en compte dans un modèle de régression linéaire, mais peut l'être dans un modèle d'analyse de variance. L'estimation des poids des facteurs limitants dans le diagnostic serait alors plus sommaire (elle reposerait sur la comparaison des pertes de rendement moyennes entre les groupes de milieux correspondant aux différents niveaux obtenus pour chacun de ces facteurs). Pour l'analyse de l'interaction génotype - milieu, des variables qualitatives peuvent être prises en compte au même titre qu'un site expérimental, une conduite de culture ou une année culturale (van Eeuwijk *et al.*, 1996), mais l'estimation des tolérances variétales serait également compliquée dans un tel modèle.

L'analyse des usages entraîne une évolution de l'outil, et soulève des pistes pour des évolutions ultérieures. Symétriquement, la conception de l'outil (partie 2 de la thèse) nous a permis d'entrevoir des possibilités d'évolution de certains de ces usages, à partir du moment où un outil comme l'association du diagnostic agronomique et de la régression factorielle sera disponible et proposé sous une forme facilement accessible. Certaines évolutions des pratiques des acteurs peuvent ainsi être imaginées.

- Tout d'abord, pour un certain nombre d'entreprises, une évolution devrait être engagée pour **lever certaines contraintes** : dédier une personne spécialisée à la centralisation et à l'analyse des résultats d'essais, réaliser ou faire réaliser les contrôles nécessaires sur les milieux, ce qui peut donner lieu à des négociations dans le cas d'essais conduits en partenariat.

- Ensuite, **des choix concrets pourront découler de l'adoption de notre outil**, comme le choix de milieux expérimentaux ou de conduites permettant d'extérioriser des comportements génotypiques contrastés, l'abandon de certains essais analytiques si l'information extraite des réseaux expérimentaux permet d'apporter les réponses recherchées (par exemple : essais de dates ou de densité de semis). Parmi les critères utilisés pour choisir les génotypes ou pour communiquer sur eux, nous avons mis en évidence le rôle prépondérant du rendement, de la précocité, de la qualité, puis des facteurs de régularité du rendement (FRR)... Cette prééminence existe-t-elle par défaut, parce qu'il est difficile aujourd'hui d'obtenir des informations sur d'autres critères d'adaptation des génotypes à des contextes culturels particuliers ? Si d'autres facteurs pouvaient être plus facilement décrits, ne pourraient-ils pas devenir prépondérants ?

- **Les objectifs de certains acteurs eux-mêmes ne pourraient-ils pas évoluer** suite à l'adoption d'un outil tel que celui que nous proposons, du fait qu'il peut significativement accroître les possibilités de jugement des génotypes ? A l'intérieur de la typologie des usages que nous avons présentée, des acteurs n'ont pas exprimé le besoin d'aller plus loin que le traitement des données qu'ils effectuent déjà (notamment, ceux qui ne cherchent pas à caractériser la stabilité de la production, ou ceux qui ne recherchent pas d'explications aux variations de résultats). Mais ce comportement ne pourra-t-il pas évoluer à partir du moment où de nouvelles possibilités de traitement des données et d'exploitation de l'information seront accessibles ? Par exemple, pour des réseaux qui présentent des caractéristiques intéressantes pour la mise en œuvre de notre outil, comme les réseaux qui sont destinés au *référencement technique et commercial*, si l'information sur les tolérances des variétés devient plus facile à récupérer et à mettre en forme, la communication sur les variétés pourrait s'en trouver modifiée. Pour l'usage de *l'inscription*, l'analyse de la partie 1 a montré l'importance accordée aux informations permettant de juger les essais et de décider ceux qui seront retenus dans la synthèse décisionnelle. Nous avons vu que l'évaluation des variétés ne prend pas en compte la variabilité de leurs performances et qu'en définitive la connaissance des variétés est un objectif second. Ces éléments ne rendent pas cet usage de l'expérimentation très réceptif *a priori* à notre outil. Mais nous avons vu que les réseaux d'inscription ont une configuration idéale pour mettre en œuvre cet outil tel qu'il a été présenté dans la partie 2 ; et nous avons pu insister sur les fonctionnalités qui permettent de caractériser les milieux et d'optimiser les réseaux. Si l'on prend en compte le rôle majeur des informations sur les variétés qui sont issues de l'inscription (notes GEVES), pour tous les acteurs qui

interviennent en post-inscription, on se dit que l'intérêt collectif de la filière serait qu'un tel outil soit utilisé sur les essais d'inscription, ce qui supposerait de faire évoluer cet usage, et de donner une place plus importante à l'objectif de connaissance des variétés. Ainsi, la conception de l'outil nous amène à un autre regard sur les usages, qui ne sont plus définis d'avance et immuables, mais susceptibles d'évoluer.

L'analyse que nous avons conduite a permis de faire un état des usages existants, des attentes et des contraintes qui les caractérisent. La façon dont les acteurs adoptant un outil tel que l'association du diagnostic agronomique et de la régression factorielle pourront évoluer constitue un travail à part entière, et serait un prolongement intéressant de l'état des lieux que nous avons présenté.

## 6. Elargissement de la démarche à la qualité des grains

L'ensemble de la démarche, associant diagnostic agronomique et régression factorielle, a été appliqué au rendement, mais pourrait, *a priori*, être appliquée aux composantes de la qualité des grains.

Ainsi, le taux de protéines, qui est une variable très importante pour la commercialisation des récoltes, dépend de facteurs du milieu spécifiques, qui jouent sur l'accumulation de l'azote dans les grains, mais dépend également de la quantité d'amidon stocké dans les grains, comme le rendement (Simmonds, 1995 ; Feil, 1997 ; Jeuffroy *et al.*, 2000, Le Bail et Meynard, 2003). On pourrait contourner cet obstacle en appliquant, à l'instar de Le Bail et Meynard (2003), la démarche de diagnostic des facteurs limitants à la quantité d'azote accumulé dans les grains (rendement en protéines), en utilisant les variables environnementales appropriées (on sait par exemple, que l'optimum de températures pour l'accumulation d'amidon pendant le remplissage des grains est plus faible que l'optimum pour l'accumulation de l'azote : Spiertz, 1977 ; Jeuffroy *et al.*, 2000). Des deux diagnostics, sur le rendement et sur le rendement en protéines, on pourrait déduire les facteurs du milieu ayant spécifiquement affecté le taux de protéines dans un réseau donné. On pourrait ainsi compléter l'identification des génotypes qui se démarquent de façon intéressante dans la relation de compensation entre rendement et taux de protéines (Monaghan *et al.*, 2001 ; Oury *et al.*, 2003), en mettant en évidence ceux qui présentent une stabilité intéressante dans des situations où des facteurs du milieu défavorables sont intervenus.

De nombreux acteurs pourraient être intéressés par une application du diagnostic agronomique à la quantité d'azote accumulée dans les grains, ou au taux de protéines, compte-tenu du caractère stratégique de cette donnée. Sa prise en compte est d'une acuité particulière aujourd'hui pour l'inscription, le règlement ayant récemment évolué pour réaliser les analyses non plus sur un mélange de grains issus de différents essais, mais sur plusieurs essais individuels. Pour appliquer un diagnostic agronomique sur la quantité d'azote absorbé, une réflexion doit avoir lieu pour déterminer les génotypes révélateurs, à choisir pour la diversité de leurs comportements par rapport à l'assimilation et à la remobilisation de l'azote, mais aussi pour les différences de variation de leur taux de protéines en fonction de l'alimentation azotée et des facteurs du milieu. On sait que d'importantes différences variétales existent dans ce domaine (Le Gouis *et al.*, 2000 ; Barbottin *et al.*, 2005).

## 7. Elargissement de la démarche à d'autres espèces

Le blé tendre est une espèce majeure dans le paysage agricole français : elle est bien connue sur le plan agronomique, le nombre de variétés inscrites chaque année est élevé (de l'ordre de 20 à 25) ; de nombreux essais sont mis en place, par les obtenteurs, à l'étape de l'inscription et en post-inscription, au sein des organismes de multiplication – distribution et par les organismes techniques. Nous avons vu que quelques réseaux d'étude des variétés de blé tendre sont constitués d'un nombre réduit d'essais, mais qu'ils sont souvent intégrés à des réseaux plus vastes qui permettraient d'utiliser l'outil que nous avons mis au point.

Pour d'autres cultures annuelles (orge, riz, pois, colza, maïs, tournesol,...), des connaissances agronomiques suffisamment complètes ont également été accumulées (Crozat *et al.*, 1986 ; Crozat et

Chitapong, 1988 ; Doré, 1992 ; Aubry et al., 1994 ; Clermont-Dauphin *et al.*, 1995 ; cités par Doré *et al.*, 1997), qui permettraient d'appliquer une démarche similaire de diagnostic des facteurs limitants, moyennant l'adaptation des variables descriptives des facteurs limitants que nous avons utilisées sur le blé, ou la définition de nouveaux descripteurs qui prendraient en compte les particularités de l'espèce. Par exemple, pour une espèce à floraison indéterminée comme le pois, il faudrait prendre en compte le recouvrement des phases de développement (floraison – stade limite d'avortement – maturité) entre les différents étages florifères. Des modèles ont été développés pour décrire ces relations de compétition et de compensation entre étages (Munier-Jolain *et al.*, 2005).

Le nombre d'essais dans les réseaux mis en place sur d'autres cultures annuelles est généralement plus faible que chez le blé tendre, ce qui nous amène à revenir sur la robustesse de notre outil par rapport au nombre d'essais (partie 2.6.1 p.133). Celle-ci est apparue satisfaisante dans la mesure où nous avons obtenu de bonnes parts de variation expliquées avec des réseaux de l'ordre de 10 milieux. Mais le principal problème devient alors celui de la limitation du nombre de variables environnementales qui peuvent être introduites dans le diagnostic ou dans l'analyse de l'interaction si le nombre de milieux diminue trop fortement<sup>65</sup>. A l'étape du diagnostic, la présence de variétés communes dans des réseaux différents (par exemple qui s'enchaînent chronologiquement) permettrait d'appliquer la démarche en utilisant ces variétés comme géotypes révélateurs, ce qui suppose de bien les connaître, et que l'information circule entre les acteurs de l'évaluation. Pour l'analyse de l'interaction, une réflexion menée sur le tournesol par Foucteau (2001), a montré qu'on pouvait progresser sur l'intégration des résultats de différents réseaux, et prendre en compte un certain degré d'hétérogénéité des listes variétales, en utilisant notamment des modèles d'analyse mixtes (à effets fixes et aléatoires). Mais on arrive toujours à une limite dans l'hétérogénéité des listes variétales, à partir de laquelle l'estimation des paramètres dans les modèles n'est plus possible.

## Conclusions

La première partie de notre étude a permis de mettre en évidence la diversité des objectifs des acteurs de l'évaluation des variétés de blé tendre, ainsi que la diversité des modes d'évaluation existants. Nous avons pu ordonner cette diversité en définissant dix usages de l'expérimentation variétale, basés sur les objectifs et les critères de jugement des variétés d'une part, et sur la configuration des réseaux expérimentaux d'autre part : l'inscription, la sélection précoce, la fin de sélection, le développement "collecte de références", le développement commercial, le référencement technico-commercial, le référencement technique national, la coordination technique régionale, le référencement technique local et la transformation - meunerie. Nous avons également défini cinq grands types d'outils, existant ou à imaginer, susceptibles de répondre aux besoins de ces différents usages : des outils de diagnostic rapide pour certains facteurs limitants, utilisables au cours des visites d'essais, des outils de caractérisation globale des milieux dans un réseau, des outils de regroupement des essais et d'optimisation des réseaux, des outils d'analyse de l'interaction géotype - milieu permettant de caractériser les géotypes, et des outils de comparaison des variétés deux à deux.

Dans la deuxième partie, nous avons montré qu'un outil associant le diagnostic agronomique à la régression factorielle permettait d'extraire une information très riche des réseaux d'évaluation variétale, (1) en décrivant les milieux d'évaluation par la nature des facteurs limitants et par leur contribution aux pertes de rendement sur des géotypes révélateurs, et (2) en estimant la tolérance de tous les géotypes évalués à ces facteurs limitants. L'outil que nous proposons peut aussi être utilisé pour structurer un réseau expérimental en constituant des groupes d'essais dans lesquels les classements des géotypes sont comparables. Par suite, cet outil peut être utilisé pour optimiser les réseaux expérimentaux en supprimant des milieux redondants, et en raisonnant l'introduction de nouveaux milieux ou de nouvelles techniques de culture.

<sup>65</sup> Si  $n$  est le nombre de milieux, on ne peut introduire que  $n-1$  variables environnementales : voir introduction de la partie 2.3.2 p.97.

La confrontation des deux parties de notre étude nous a permis d'identifier les usages susceptibles de valoriser les fonctionnalités de notre outil : ceux qui se préoccupent de mieux connaître les milieux d'évaluation ou d'optimiser leur réseau expérimental (inscription, référencement technique local, référencement technique national), et ceux qui cherchent d'abord à mieux connaître les génotypes (fin de sélection, développement "collecte de références"). Elle a également permis de mettre en avant la nécessité de mieux prendre en compte les configurations particulières des réseaux et les contraintes de plusieurs usages pour la conception d'un tel outil : (1) il ne s'agit pas de réseaux idéaux, tels que ceux des organismes de recherche, en terme de nombre d'essais, d'homogénéité des listes variétales ; (2) les possibilités d'ajouter des observations ou des contrôles sont souvent réduites ; (3) il faut pouvoir analyser les résultats très rapidement et avec un outil simple à utiliser.

Cette confrontation nous a conduits à envisager des améliorations dans les fonctionnalités de l'outil initial ou d'en imaginer de nouvelles (par exemple : intégrer des variables décrivant les variations de techniques de culture comme les dates et densité de semis, au même titre que les facteurs limitants). Nous avons également cherché à automatiser le diagnostic par l'emploi d'un outil statistique comme la régression linéaire multiple, pour répondre à la contrainte de faible temps disponible. Et un développement sur un support logiciel grand public est en cours pour proposer un outil facilement accessible, ce qui limitera l'investissement des acteurs en terme de moyens et de compétence.

Mais, symétriquement, cette confrontation nous a permis d'envisager l'évolution de certains usages, à partir du moment où les acteurs concernés auront perçu ce que l'outil peut leur apporter. On peut penser que la contrainte de coût de l'expérimentation, qui incite les acteurs à réduire leurs réseaux expérimentaux, et la nécessité d'évaluer plus rapidement les génotypes dans des conditions culturales plus variées (notamment sous des conduites à faible niveau d'intrants), augmentera l'intérêt des acteurs pour ce type d'outil. Mais l'adoption de notre outil suppose qu'il soit présenté avec un vocabulaire et des notions qui correspondent à ceux que les acteurs utilisent habituellement (pertes de rendement, notes de tolérance...). La conception d'un outil permet donc de percevoir les usages, non comme des entités immuables, mais comme des notions susceptibles d'évoluer. L'adoption de l'outil pourrait en effet se traduire par une modification des critères de choix des génotypes, voire une redéfinition des priorités pour certains usages. En ce sens, notre étude est un point de départ pour observer comment des acteurs peuvent s'approprier un outil, le modifier ou le développer, et pour observer également comment ils pourront faire évoluer leurs pratiques et leur organisation, que ce soit pour mettre en œuvre l'outil ou pour valoriser l'information nouvelle qu'il génère.

Dans le processus de conception d'outils, nous ne mésestimons pas l'importance d'outils développés en suivant une démarche essentiellement cognitive, car cette démarche est un des moteurs du progrès des connaissances (Sebillotte, 1996, p.160), et c'est elle qui nous permet d'entrevoir ce que des activités concrètes comme l'évaluation des variétés pourraient gagner en adoptant de nouvelles techniques ou méthodes de travail. A partir du moment où les techniques et connaissances agronomiques ou biométriques existent, nous nous devons de chercher à les exploiter pour les rendre utilisables par les acteurs. Mais nous ne pouvons pas faire l'économie de leur adaptation aux attentes et aux contraintes des acteurs : il s'agit de combler le chaînon manquant entre outils théoriques et utilisateurs. Même si cela est complexe, cette thèse a tenté de montrer qu'il était possible d'analyser la demande sociale, dans le domaine particulier de l'évaluation des variétés, afin de mieux y répondre, que cela a des conséquences à la fois sur la conception des outils, et vraisemblablement sur les acteurs eux-mêmes.

---

## **Références bibliographiques**

- Akrich, M., 1990. De la sociologie des techniques à une sociologie des usages. L'impossible intégration du magnétoscope dans les réseaux câblés de première génération. *Techniques et culture* 16, 83-110.
- Akrich, M., 1993. Les objets techniques et leurs utilisateurs. De la conception à l'action. *Raisons pratiques* 4, 35-57.
- Argillier, O., Hébert, Y., Barrière, Y., 1994. Statistical analysis and interpretation of line x environment interaction for biomass yield in maize. *Agronomie* 14, 661-672.
- Aubry, C., Latiri-Souki, K., Doré, T., Griner, C., 1994. Diagnostic des facteurs limitants du rendement du blé dur en parcelles d'agriculteurs dans une petite région semi-aride en Tunisie. *Agronomie* 14, 213-227.
- Balfourier, F., Charmet, G., 1991. Relationships between agronomic characters and ecogeographical factors in a collection of French perennial ryegrass populations. *Agronomie* 11, 645-657.
- Barbottin, A., 2004. Utilisation d'un modèle de culture pour évaluer le comportement des génotypes : Pertinence de l'utilisation d'Azodyn pour analyser la variabilité du rendement et de la teneur en protéines du blé tendre. *Thèse de Docteur-Ingénieur de l'INAPG*, 237p.
- Barbottin, A., Lecomte, C., Bouchard, C., Jeuffroy, M.H., 2005. Nitrogen remobilization during grain filling in wheat: Genotypic and Environmental Effects. *Crop Sci.* 45, 1141-1150.
- Baril, C.P., 1992. Factor regression for interpreting genotype-environment interaction in bread wheat trials. *Theor. Appl. Genet.* 83, 1022-1026.
- Baril, C.P., Denis, J.B., Brabant, P., 1994. Selection of environments using simultaneous clustering based on genotype x environment interaction. *Can. J. Plant Sci.* 74, 311-317.
- Baril, C.P., Denis, J.B., Wustman, P., van Eeuwijk, F.A., 1995. Analysing genotype by environment interaction in Dutch potato variety trials using factorial regression. *Euphytica* 82, 149-155.
- Becker, H., Léon, J., 1988. Stability Analysis in Plant Breeding. *Plant Breeding*, 101, 1-23.
- Beckett, J.L., 1982. Variety x environment interactions in sugar beet variety trials. *J Agric Sci Camb* 98, 425-435.
- Béguin, P., Rabardel, P., 2000. Designing for instrument-mediated activity. *Scandinavian Journal of Information Systems* 12, 173-191.
- Bergonzini, J.C., Ledoux, H., 1994. Les techniques de rééchantillonnage. *Documents de travail de la mission biométrie - N° 2-94*, CIRAD, 97p.
- Bernicot, M.H., Lecomte, C., Brancourt-Hulmel, M., 1997. Adaptation en culture et caractéristiques variétales. *Rapport final du contrat de branche 1994-1996, Ministère de l'Agriculture/ITCF, GIE-Club des 5, Nickerson, INRA. Mai 1997.*
- Biarnès-Dumoulin, V., Denis, J.B., Lejeune-Hénaut, I., Etévé, G., 1996. Interpreting yield instability in pea using genotypic and environmental covariates. *Crop Sci.* 36, 115-120.
- Bindi, M., Porter, J.R., 1994. A test of the growth simulation model AFRCWHEAT2 on winter wheat varieties grown in extreme climatic conditions. *Proceedings of the third congress of the European Society for Agronomy, Padova University, Abano-Padova, Italy, 18-22 September 1994*. Borin M, Sattin M Eds, pp. 316-317.
- Bisiaux, C., Pajares, R., 2002. Comparaison de plusieurs indicateurs de la Septoriose pour décrire les variations de rendement, de poids de mille grains et de nombre de grains au m<sup>2</sup>. *Mémoire d'ingénieur ENESAD*, 26p.
- Bizeul, D., 1998. Le récit des conditions d'enquête : exploiter l'information en connaissance de cause. *R. franç. Sociol.* XXXIX-4, 751-787.
- Blanchet, A., 1991. Dire et faire dire : l'entretien. *Armand Colin, Collection U, série Psychologie*, 173 p.
- Blanchet, A., et Gotman, A., 1992. L'enquête et ses méthodes : l'entretien. *Nathan Université, Sociologie, Collection 128*, 125p.
- Boiffin, J., Caneill, J., Meynard, J.M., Sebillotte, M., 1981. Elaboration du rendement et fertilisation azotée du blé d'hiver en Champagne crayeuse. I – Protocole et méthode d'étude d'un problème technique régional. *Agronomie* 1 (7), 549-558.
- Boiffin, J., Meynard, J.M., 1982. Exemple d'une approche régionale pour détecter les facteurs et conditions limitant le rendement d'une culture : Cas du blé d'hiver en Champagne crayeuse. *Bull. Tech. Inf., Spécial "Fertilité du Milieu et Agriculture"*, M. Sebillotte ed., n°370-372, 571-529.
- Boiffin, J., Sebillotte, M., 1982. Fertilité, potentialité, aptitudes culturelles. Signification actuelle pour l'agronome. *Bull. Tech. Inf.*, n°370-372, 345-353.
- Brancourt-Hulmel, M., Lecomte, C., 1994. Sélection et stabilité du rendement chez le blé tendre d'hiver. *Agronomie* 14, 611-625.

- Brancourt-Hulmel, M., Biarnès-Dumoulin, V., Denis, J.B., 1997. Points de repère dans l'analyse de la stabilité et de l'interaction génotype - milieu en amélioration des plantes. *Agronomie* 17, 219-246.
- Brancourt-Hulmel, M., 1999. Crop diagnosis and probe genotypes for interpreting genotype x environment interaction in winter wheat trials. *Theor. Appl. Genet.* 99, 1018-1030.
- Brancourt-Hulmel, M., Lecomte, C., Meynard, J.M., 1999. A Diagnosis of Yield-Limiting Factors on Probe Genotypes for Characterizing Environments in Winter Wheat Trials. *Crop Sci.* 39, 1798-1808.
- Brancourt-Hulmel, M., Denis, J.B., Lecomte, C., 2000. Determining environmental covariates which explain genotype x environment interaction in winter wheat through probe genotypes and biadditive factorial regression. *Theor. Appl. Genet.* 100, 285-298.
- Brancourt-Hulmel, M., Lecomte, C., Denis, J.B., 2001. Choosing probe Genotypes for the Analysis of Genotype x Environment Interaction in Winter Wheat Trials. *Theor and Appl Genetics*, 103:371-382.
- Brancourt-Hulmel, M., Lecomte, C., 2003. Effect of Environmental Variates on Genotype x Environment Interaction of Winter Wheat : A comparison of Biadditive Factorial Regression to AMMI. *Crop Sci.* 43, 608-617.
- Brancourt-Hulmel, M., Doussinault, G., Lecomte, C., Bérard, P., Le Buanec, B., Trottet, M., 2003. Genetic Improvement of Agronomic Traits of Winter Wheat Cultivars Released in France from 1946 to 1992. *Crop Sci.* 43, 37-45.
- Brandle, J.E., Arthur, L.M., 1992. A comparative evaluation of two methods of selecting locations used for testing spring wheat cultivars. *Theor. Appl. Genet.* 83, 301-304.
- Briggs, K.G., Kiplagat, O.K., Johnson-Flanagan, A., 1999. Effects of pre-anthesis moisture stress on floret sterility in some semi-dwarf and conventional height spring wheat cultivars. *Can. J. Plant Sci.* 79, 515-520.
- Brochet, P., Gerbier, N., 1974. L'évapotranspiration. Aspect agrométéorologique. Evaluation pratique de l'évapotranspiration potentielle. (Edition revue et complétée). *Monographie de la Météorologie Nationale*, n°65, Paris, 67p.
- Brown, K.D., Sorells, M.E., Coffman, W.R., 1983. Method for classification and evaluation of testing environments. *Crop Sci.* 23, 889-893.
- Calderini, D.F., Slafer, G.A., 1998. Changes in yield and yield stability in wheat during the 20<sup>th</sup> century. *Field Crops Res.* 57, 335-347.
- Calderini, D.F., Slafer, G.A., 1999. Has yield stability changed with genetic improvement of wheat yield ? *Euphytica* 107, 51-59.
- Calderini, D.F., Abeledo, L.G., Savin, R., Slafer, G.A., 1999. Effect of temperature and carpel size during pre-anthesis on potential grain weight in wheat. *J. agric. Sci. Camb.* 132, 453-459.
- Campariol, L., 1992. Blé tendre : Le turn-over variétal en chiffres. *Semences et Progrès* 71, 8-14.
- Caussanel, J.P., Kafiz, B., Carteron, A., 1993. Yield response of spring wheat to increasing densities of spring oats and various forms of post-emergence weed control. *Agronomie* 13, 815-827.
- Cerf, M., Meynard, J.M., (à paraître en 2006). Diversité d'usages d'outils d'aide à la conduite des cultures: quels enseignements pour la création conjointe des outils et de leurs usages ? *Natures, Sciences, Sociétés*.
- Charmet, G., Balfourier, F., Ravel, C., Denis, J.B., 1993. Genotype x environment interactions in a core collection of French perennial ryegrass populations. *Theor. Appl. Genet.* 86, 731-736.
- Chevalier-Gérard, C., Denis, J.B., Meynard, J.M., 1994. Perte de rendement due aux maladies cryptogamiques sur le blé tendre d'hiver. Construction et validation d'un modèle de l'effet du système de culture. *Agronomie* 14, 305-318.
- Chloupek, O., Hrstkova, P., Schweigert, P., 2003. Yield and its stability, crop diversity, adaptability and response to climate change, weather and fertilisation over 75 years in the Czech Republic in comparison to some European countries. *Field Crops Res.* 85, 167-190.
- Clermont-Dauphin, C., Meynard, J.M., Cabidoche, Y.M., 2003. Devising fertiliser recommendations for diverse cropping systems in a region: the case of low-input bean/maize intercropping in a tropical highland of Haïti. *Agronomie* 23, 673-681.
- Colson, J., Wallach, D., Bouniols, A., Denis, J.B., Jones, J.W., 1995. Mean squared error of yield prediction by SOYGRO. *Agronomy Journal* 87, 397-402.
- Cochran, W., Cox, G., 1957. *Experimental Designs*. Wiley, New-York, 2<sup>d</sup> Ed.
- Cooper, M., Fox, P.N., 1996. Environmental characterization based on probe and reference genotypes. In: *Cooper, M. and Hammer GL (eds), Plant adaptation and crop improvement, CAB international 529-547.*



- Cooper, M., Byth, D.E., DeLacy, I.H., Woodruff, D.R., 1993. Predicting grain yield in Australian environments using data from CIMMYT international wheat performance trials. II. The application for classification to identify environmental relationships which exploit correlated response to selection. *Field Crop Res.* 32, 323-342.
- Corsten, L.C.A., Denis, J.B., 1990. Structuring interaction in 2-way ANOVA tables by clustering. *Biometrics* 46, 207-225.
- Cosentino, S., Patane, C., Guarnaccia, P., Mauromicale, G., 1994. Relations between soil water content, ecophysiological parameters and grain filling period in durum wheat (*Triticum durum* Desf.) grown in mediterranean environment. *Proc. 3<sup>rd</sup> ESA Congress*, Abano – Padova, Italy, 94-95.
- Couvreur, F., Gate, P., 1993. Le gel constitue t-il un risque important ? *Persp. Agric.* 178 (mars 1993), 76-81.
- Crossa, J., Gauch, H.G., Zobel, R.W., 1990. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of 2 international maize cultivar trials. *Crop Sci.* 30, 493-500.
- Crozat, Y., Sitticharoenchai, A., Kaewvongsri, P., Pronpinatpong, S., Chitapong, P., 1986. The Improvement of Rice Cultivation in Sathing Phra Area, Songkla Lake Basin: Illustration of a Methodology based on the Yield Differentiation Between Farmer's Plots. *Thai-French farming systems research project, Faculty of Natural Resources, Publication No. 6, Prince of Songkla University, Songkhla.*
- Crozat, Y., Chitapong, P., 1988. The on-farm agronomical survey: a tool for grading limiting factors of a crop and designing new technologies. *Farming Systems Research and Development in Thailand. Illustrated Methodological Considerations and Recent Advances. GRET/Prince of Songkla University, France/Thailand*, pp.85-108.
- CTPS - Ministère de l'Agriculture, 1991-1993. *Programme de recherche "Techniques d'expérimentation en vue de l'évaluation des variétés"*.
- CTPS - Ministère de l'Agriculture, 1994-1996. *Programme de recherche "Amélioration de l'évaluation des potentialités variétales du blé tendre pour prévoir le comportement des variétés et leur adaptation régionale"*.
- CTPS - Ministère de l'Agriculture, 1996-1999. *Programme de recherche "Aspects méthodologiques d'une démarche qualité pour l'étude des variétés de blé tendre et de maïs"*.
- CTPS - Ministère de l'Agriculture, 2000-2002. *Programme de recherche "Analyser et prédire la stabilité du rendement et de la teneur en protéines du blé tendre d'hiver" (B03385)*.
- CTPS - Ministère de l'Agriculture, 2005. Règlements techniques d'examen des variétés de céréales à paille. 95p.
- Darré, J.P., 1993. Construction des choses et sens des actes. Buts et moyens de l'analyse du dialogue entre J. Lasseur et Aimé A. *Raisons et pratiques, Dossier "Dialogue avec un éleveur ovin"*, pp. 153-163.
- Darré, J.P., Hubert, B., 1993. Les raisons d'un éleveur sont notre raison de coopérer. *Raisons et pratiques, Dossier "Dialogue avec un éleveur ovin", Introduction*, pp. 109-115.
- David, C., Jeuffroy, M.H., Henning, J., Meynard, J.M., 2005. Yield variation of organic winter wheat: a diagnostic study in the Southeast of France. *Agronomie* 25, 213-223.
- Debaeke, P., Puech, J., Casals, M.L., 1996. Elaboration du rendement du blé d'hiver en condition de déficit hydrique. I. Etude en lysimètre.- *Agronomie* 16, 3-23.
- Decoux, G., Denis, J.B., 1991. INTERA, version 3.3. Logiciels pour l'interprétation statistique de l'interaction entre 2 facteurs. *Laboratoire de biométrie INRA*, route de Saint-Cyr, F78026 Versailles Cedex, France, 175p.
- Déjardin, B., 1994. Ecophysiologie du blé tendre d'hiver. Etude fréquentielle du risque de sécheresse au début de la montaison au domaine d'Epoisses (INRA de Dijon-Brennières). *Mémoire BTS, LEGTA de Dijon-Quétigny*, 86p.
- Demotes-Mainard, S., 1994. Effets de rayonnements faibles et de températures basses à la méiose sur la fertilité gamétique du blé tendre d'hiver. *Thèse de Doctorat, Institut National Agronomique de Paris-Grignon, Paris, France*, 178p.
- Demotes-Mainard, S., Doussinault, G., Meynard, J.M., 1996. Abnormalities in male developmental program of winter wheat induced by climatic stress at meiosis. *Agronomie* 16, 505-515.
- Dencic, S., Kastori, R., Kobiljski, B., Duggan, B., 2000. Evaluation of grain yield and its components in wheat cultivars and landraces under near optimal and drought conditions. *Euphytica* 113, 43-52.
- Denis, J.B., 1979. Structuration de l'interaction. *Biom. Praxim.* 19, 15-34.
- Denis, J.B., 1980. Analyse de régression factorielle. *Biom. Praxim.* 20, 1-34.
- Denis, J.B., Vincourt, P., 1982. Panorama des méthodes statistiques d'analyse des interactions génotype x milieu. *Agronomie* 2, 219-230.

- Denis, J.B., 1988. Two way analysis using covariates. *Statistics* 19, 123-132.
- Denis, J.B., 1991. Ajustement de modèles linéaires et bilinéaires sous contraintes linéaires avec données manquantes. *Rev. Stat. Appl.* 34, 5-24.
- Denis, J.B., 1998. BIAREG Splus functions to perform Biadditive Regressions. *Technical report, Unité de Biométrie et Intelligence Artificielle, INRA, domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas Cedex, France.*
- Desclaux, D., 1996. De l'intérêt de génotypes révélateurs de facteurs limitants dans l'analyse des interactions génotype x milieu chez le soja (Glycine max. L. Merrill). *Thèse de doctorat. Institut national polytechnique de Toulouse.* Toulouse, France, 227p.
- Doorenbos, J., Kassam, A.H., Bentvelsen, C.L.M., 1992. Yield response to water. *FAO irrigation and drainage Paper*, 163-170.
- Doré, T., 1992. Analyse, par voie d'enquête, de la variabilité des rendements et des effets précédent du pois protéagineux de printemps (*Pisum sativum* L.). *Thèse de Doctorat de l'INA-PG, Paris.*
- Doré, T., Sebillotte, M., Meynard, J.M., 1997. A diagnostic method for assessing regional variations in crop yields. *Agric. Syst.* 54, 169-188.
- Dubuisson, S., Hennion, A., 1996. Le design : l'objet dans l'usage. La relation objet-usager dans le travail de trois agences. *Presse de l'école des Mines de Paris*, 121 p.
- Eberhart, S.A., Russel, W.A., 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6, 36-40.
- Edgerton, D., 1998. De l'innovation aux usages. Dix thèses éclectiques sur l'histoire des techniques. In : *Pour une histoire des usages. Annales HSS* n<sup>os</sup> 4-5, 815-837.
- Efron, B., 1979. The Jackknife, the Bootstrap and Other Resampling Plans. *Society for Industrial and Applied Mathematics*, Philadelphia, 1982.
- Epinat-Le Signor, C., Dousse, S., Lorgeou, J., Denis, J.B., Bonhomme, R., Carolo, P., Charcosset, A., 2001. Interpretation of Genotype x Environment Interactions for Early Maize Hybrids over 12 Years. *Crop Sci.* 41, 663-669.
- Evans, L.T., Fischer, R.A., 1999. Yield Potential: Its Definition, Measurement, and Significance. *Crop Sci.* 39, 1544-1551.
- Feil, B., 1997. The inverse yield-protein relationship in cereals: possibilities and limitations for genetically improving the grain protein yield. *Trends in Agronomy*, vol. 1, 103-119.
- Finlay, K.W., Wilkinson, G.N., 1963. The analysis of adaptation in a plant-breeding program. *Aust. J. Agric. Res.* 14, 742-754.
- Fischer, R.A., 1985. Number of kernels in wheat crops and the influence of solar radiation and temperature. *J. Agric. Sci. Camb.* 105, 447-461.
- Fleury, A., Limaux, F., 1987. Comment la comparaison globale de nombreux essais a pu conduire à des références régionales pour le blé en Lorraine. *BTI* 417, 95-110.
- Forrer, H.R., Zadocks, J.C., 1983. Yield reduction in wheat in relation to leaf necrosis caused by *Septoria tritici*. *Neth. J. Pl. Path.* 89, 87-98.
- Foucteau, V., 2001. Méta-analyse statistique : intégration de trois réseaux d'expérimentation pour améliorer l'efficacité de la sélection des variétés de tournesol. *Thèse de Docteur-Ingénieur de l'INAPG*, 175 p.
- Foucteau, V., El Daouk, M., Baril, C., 2001. Interpretation of Genotype-by-Environment interaction in two sunflower experimental networks. *Theor. Appl. Genet.* 102, 327-334.
- Gallagher, J.N., Biscoe, P.V., 1978. Radiation absorption, growth and yield of cereals. *Journal of Agricultural Science*, 91 (1), 47-60.
- Gallais, A., 1992a. Adaptation et adptabilité en amélioration des plantes. *Le sélectionneur français* 42, 55-57.
- Gallais, A., 1992b. Bases génétiques et stratégie de sélection de l'adaptation générale. *Le sélectionneur français* 42, 59-78.
- Gate, P., 1995. Ecophysiologie du blé. De la plante à la culture. *Lavoisier, Tec and Doc*, Paris, 430p.
- Gauch, H.G., 1992. Statistical analysis of regional yield trials : AMMI analysis of factorial designs. *Elsevier*, Amsterdam.
- Génermont, J., 1985. Phénotype et génotype. *Encyclopaedia Universalis* 14, p.429.
- GEVES (Groupe d'Etude et de contrôle des Variétés et des Semences), 1994. *Bulletin des variétés - Céréales*. La Minière, F-78285 Guyancourt. 404 p.
- GEVES, 2000. Protocole technique d'étude VAT et règles de décision VAT. *Réseau National d'Expérimentation du CTPS*. GEVES, La Minière.

- Ghiglione, R., Matalon, B., 1985. Les enquêtes sociologiques, théorie et pratique. *Armand Colin, Collection U, série Sociologie, 4<sup>e</sup> édition*, 301p.
- Gollob, H.F., 1968. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychom.* 33, 73-115.
- Gosse, G., Varlet-Grancher, C., Bonhomme, R., Chartier, M., Allirand, J.M., Lemaire, G., 1986. Production maximale de matière sèche et rayonnement solaire intercepté par un couvert végétal. *Agronomie* 6, 47-56.
- Green, T.R., Erskine, R.H., 2004. Measurement, scaling, and topographic analyses of spatial crop yield and soil water content. *Hydrological Processes* 18, 1447-1465.
- Haji, H.M., Hunt, L.A., 1999. Genotype x environment interactions and underlying environmental factors for winter wheat in Ontario. *Can. J. Plant Sci.* 79, 497-505.
- Hamblin, J., Fisher, H.M., Ridings, H.I., 1980. The choice of locality for plant breeding when selecting for high yield and general adaptation. *Euphytica* 29, 161-168.
- Hervé, Y., 1995. Le sélectionneur face aux conséquences de la nouvelle politique agricole commune. *Le Sélectionneur Français* 45, 31-54.
- Hulmel, M., 1999. Expliquer l'interaction génotype x milieu par des génotypes révélateurs chez le blé tendre d'hiver. *Thèse de doctorat. Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Rennes*. Rennes, France, 154p.
- Hunt, L.A., van der Poorten, G., Pararajasingham, S., 1991. Postanthesis temperature effects on duration and rate of grain filling in some winter and spring wheats. *Can. J. Plant Sci.* 71, 609-617.
- Iglesias, A., Rosenzweig, C., Pereira, D., 2000. Agricultural impacts of climate change in Spain: developing tools for a spatial analysis. *Global Environmental Change* 10, 69-80.
- Jacobs, D., 1989. SAS Macro Grftree. *University of Maryland*. College Park, Maryland 20742, USA.
- Jamagne, M., Betremieux, R., Begon, J.C., Mori, A., 1977. Quelques données sur la variabilité dans le milieu naturel de la réserve en eau des sols. *BTI n°324-325*, pp. 627-641.
- Jamieson, P.D., Porter, J.R., Goudriaan, J., Ritchie, J.T., van Keulen, H., Stol, W., 1998. A comparison of the models AFRCWHEAT2, CERES Wheat, Sirius, SUCROS2 and SWHEAT with measurements from wheat grown under drought. *Field Crops Res.* 55, 23-44.
- Javeau, C., 1982. L'enquête par questionnaire. Manuel à l'usage du praticien. *Editions de l'organisation, Paris et éditions de l'Université de Bruxelles*.
- Jeuffroy, M.H., Bouchard, C., 1999. Intensity and Duration of Nitrogen Deficiency on Wheat Grain Number. *Crop Sci* 39, 1385-1393.
- Jeuffroy M.H., Recous S, 1999. Azodyn: a simple model simulating the date of nitrogen deficiency for decision support in wheat fertilization. *Eur. J. Agr.*, 10, 129-144.
- Jeuffroy, M.H., Girard, M.L., Barré, C., 2000. Qualité du blé tendre : comprendre et prévoir la teneur en protéines des grains. *Persp. Agric.* 261, 24-31.
- Jeuffroy, M.H., Meynard, J.M., 2005. De quelles variétés l'agriculture durable a-t-elle besoin ? *Séance de l'Académie d'Agriculture du 1<sup>er</sup> juin 2005*, 11p.
- Jonard, P., 1951. Les blés tendres cultivés en France. *INRA, Paris*, 491p.
- Jonard, P., Koller, J., 1951. Les facteurs de la productivité chez le blé. *Ann. Amélior. Plantes* 1, 256-276.
- Jonard, P., 1964. Etude comparative de la croissance de deux variétés de blé tendre. *Ann. Amélior. Plantes* 14, 101-130.
- Justes, E., Mary, B., Meynard, J.M., Machet, J.M., Thelier-Huche, L., 1994. Determination of a Critical Dilution Curve for Winter Wheat Crops. *Annals of Botany* 74, 397-407.
- King, J.E., 1977. The incidence and economic significance of diseases in cereals in England and Wales. *Proceedings of the 1977 British Crop Protection Conference – Pests and Diseases*, pp. 677-687.
- Kobata, T., Palta, J.A., Turner, N.C., 1992. Rate of Development of Postanthesis Water Deficits and Grain Filling of Spring Wheat. *Crop Sci.* 32, 1238-1242.
- Lacaze, X., Roumet, P., 2004. Environment characterisation for the interpretation of environmental effect and genotype x environment interaction. *Theor. Appl. Genet.* 109, 1632-1640.
- Landau, S., Mitchell, R.A.C., Barnett, V., Colls, J.J., Craignon, J., Payne, R.W., 2000. A parsimonious, multiple regression model of wheat yield response to environment. *Agricultural and forest meteorology* 101, 151-166.
- Le Bail, M., Meynard, J.M., 2003. Yield and protein concentration of spring malting barley: the effects of cropping systems in the Paris Basin (France). *Agronomie* 23, 13-27.

- Lecomte, C., Hulmel, M., Bernicot, M.H., 1993. Utilisation du diagnostic agronomique pour modéliser l'interaction génotype-environnement. Expérimentation INRA/ITCF. Dans : "Évaluation de la valeur agronomique des variétés de céréales à paille". *Techniques d'expérimentation en vue de l'évaluation des variétés*. Comité scientifique du CTPS, 5 mai 1993, INRA, Paris, 149p.
- Lecomte, C., 1994. Diagnostic agronomique sur les essais interstations du groupe céréales. *CR réunion scientifique du groupe céréales de l'INRA*. INRA, Station de Génétique et d'Amélioration des Plantes, Dijon, France, pp. 150-168.
- Lecomte, C., Brancourt-Hulmel, M., 1996. Analysis of the genotype-environment interaction in a trial network of winter wheat varieties, using an agronomic characterization of the trials. *10th International Conference on Mechanization of Field Experiments, IAMFE / FRANCE '96*. Paris/Versailles, France, July 8-12, 1996. Published by The International IAMFE Center, Uppsala, Sweden, pp. 61-76.
- Lecomte, C., Jeuffroy, M.H., Rolland, B., 2002. Screening variétal bas intrants et diagnostic agronomique des facteurs limitants. *Contrat de branche GIE Club5-INRA-ITCF "Itinéraires techniques adaptés aux variétés rustiques de blé tendre"*. Rapport d'étape 2002.
- Lecomte, C., Giraud, A., Aubert, V., 2003. Testing a predicting model for frost resistance of winter wheat in natural conditions. *Agronomie* 23, 51-66.
- Leflon, M., Laperche, A., Rong, W.Y., Le Gouis, J., Lecomte, C., Béghin, D., Brancourt-Hulmel, M., 2004. Interpreting QTL x environment interaction and QTL specificity to environments for kernel number in winter wheat with an environmental characterization based on probe genotypes. *Poster presented at the 4<sup>th</sup> International Crop Science Congress (4ICSC), Sept 26 - Oct 1, Brisbane, Australia*.
- Le Gouis, J., Béghin, D., Heumez, E., Pluchard, P., 2000. Genetic differences for nitrogen uptake and nitrogen use efficiency in winter wheat. *Eur. J. Agron.* 12, 163-173.
- Lemaire, G., Gastal, F., 1997. Nitrogen uptake and distribution in plant canopies. In *"Diagnosis of the nitrogen status in crops"* G Lemaire ed., Springer-Verlag, Heidelberg, Germany, 3-43.
- Lemaire, G., Meynard, J.M., 1997. The use of the Nitrogen Nutrition Index for the analysis of agronomical data. In *"Diagnosis of the nitrogen status in crops"* G Lemaire ed., Springer-Verlag, Heidelberg, Germany, 45-55.
- Leterme, P., Manichon, H., Roger-Estrade, J., 1994. Analyse intégrée des rendements du blé tendre et de leurs causes de variation dans un réseau de parcelles d'agriculteurs du Thymerais. *Agronomie* 14, 341-361.
- Liang, G.H.L., Heyne, E.G., Walter, T.L., 1966. Estimates of variety x environment interactions in yield of three small grains and their significance on the breeding programs. *Crop Sci.* 6, 135-139.
- 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 de Doctorat, Institut National Polytechnique de Lorraine*. 154p. + annexes.
- Lin, C.S., Binns, M.R., Lefkovitch, L.P., 1986. Stability Analysis: Where do we stand ? *Crop Sci.*, 26, 894-900.
- Lin, C.S., Binns, M.R., 1988. A Method of analyzing cultivar x location x year experiment: a new stability parameter. *Theor. Appl. Genet.*, 76, 425-430.
- Llewellyn, R.V., Featherstone, A.M., 1997. A comparison of crop production functions using simulated data for irrigated corn in western Kansas. *Agricultural Systems* 54, 521-538.
- Loyce, C., Rolland, B., Bernicot, M.H., Bouchard, C., Doussinault, G., Hasle, H., Meynard, J.M., 2001. Les variétés de blé tolérantes aux maladies : une innovation majeure à valoriser par des itinéraires techniques économes. *Persp. agric.*, 268, 50-56.
- Mackenzie, D., 1990. *Inventing Accuracy*. Cambridge, Ma., MIT Press.
- Madden, L.V., Pennypacker, S.P., Antle, C.E., Kingsolver, C.H., 1981. A Loss Model for Crops. *Phytopathology* 71 (7), 685-689.
- Madden, L.V., 1983. Measuring and Modelling Crop Losses at the Field Level. *Phytopathology* 73 (11), 1591-1596.
- Mandel, J., 1969. The partitioning of interaction in analysis of variance. *Journal of Research of the National Bureau of Standards B. Mathematical Sciences* 73B, 309-328.
- Mandel, J., 1971. A new analysis of variance model for non-additive data. *Technometrics* 13, 1-18.
- Masle-Meynard, J., 1981. Elaboration du nombre d'épis d'un peuplement de blé d'hiver en situation de compétition pour l'azote. I- Mise en évidence d'un stade critique pour la montée d'une talle. *Agronomie* 1, 623-632.
- Masle, J., Doussinault, G., Sun, B., 1989. Response of Wheat Genotypes to Temperature and Photoperiod in Natural Conditions. *Crop Sci.* 29, 712-721.

- MENESR, 1994-1996. Etude de la rusticité des variétés de céréales et de maïs et recherche de variabilité pour ce caractère, permettant d'orienter la création variétale dans le cadre d'une agriculture à faibles intrants. *Contrat de branche entre l'INRA et Nickerson-Limagrain*. Rapport final, juillet 1997, 32 p.
- Mennan, H., Bozoglu, M., Isik, D., 2003. Economic thresholds of *Avena* spp., and *Alopecurus myosuroides* in winter wheat fields. *Pakistan Journal of Botany* 35, 147-154.
- Meynard, J.M., Boiffin, J., Caneill, J., Sebillotte, M., 1981. Elaboration du rendement et fertilisation azotée du blé d'hiver en Champagne Crayeuse. II. Type de réponse à la fumure azotée et application de la méthode du bilan prévisionnel. *Agronomie* 1, 795-806.
- Meynard, J.M., Sebillotte, M., 1982. Diagnostic sur les causes de variation du rendement du blé dans une petite région. La fatigue des sols. 23<sup>e</sup> colloque SFP, Versailles, 21-22 octobre 1982. *Les colloques de l'INRA* n°17, 1983.
- Meynard, J.M., Limaux, F., 1987. Prévision des rendements et conduite de la fertilisation azotée – cas du blé d'hiver. *C.R. Acad. Agric. Fr.* 73 (3), 117-132.
- Meynard, J.M., Ribeyre, C., Boudon, O., Laurent, E., 1988. Pour mieux connaître les variétés de blé : analyser l'élaboration de leur rendement. *Persp. Agric.* 131 (Décembre 1988), 17-24.
- Meynard, J.M., Girardin, Ph., 1991. Produire autrement. *Courrier de la Cellule Environnement de l'INRA* 15, 1-19.
- Meynard, J.M., David, G., 1992. Diagnostic sur l'élaboration du rendement des cultures. *Cahiers Agriculture* 1, 9-19.
- Meynard, J.M., Sebillotte, M., 1994. L'élaboration du rendement du blé, base pour l'étude des autres céréales à paille. In: *Elaboration du rendement des principales cultures annuelles* (D Picard, L Combe eds), Editions INRA, Paris, 31-51.
- Meynard, J.M., Doré, T., Habib, R., 2001. L'évaluation et la conception de systèmes de culture pour une agriculture durable. *C.R. Acad. Agric. Fr.* 87(4), 223-236.
- Monaghan, J.M., Snape, J.W., Chojecki, A.J.S., Kettlewell, P.S., 2001. The use of grain protein deviation for identifying wheat cultivars with high grain protein concentration and yield. *Euphytica* 122, 309-317.
- Monje, O.A., Bugbee, B., 1992. Inherent limitations of non destructive chlorophyll meters: a comparison of two types of meters. *Hortscience* 27, 69-71.
- Monteith, J.L., 1972. Solar radiation and productivity in tropical ecosystems. *Journal of Applied Ecology* 9 (3), 747-766.
- Munier-Jolain, N., Biarnès, V., Chaillet, I., Lecœur, J., Jeuffroy, M.H., 2005. Agrophysiologie du pois protéagineux. *INRA, ARVALIS-Institut du végétal, UNIP, ENSAM*, 281p.
- Noori, H., Fard, P.A., Abdollahi, G.A., Ghanbalani, G.N., Kharazi-Pakdel, A., 2002. The quantitative loss assessment of sunn pest of wheat (*Eurygaster integriceps* Put.) in Ghazvin region. *Applied Entomology and Phytopathology* 69, 155-169.
- Oury, F.X., Bérard, P., Brancourt-Hulmel, M., Depatureaux, C., Doussinault, G., Galic, N., Giraud, A., Heumez, E., Lecomte, C., Pluchard, P., Rolland, B., Rousset, M., Trottet, M., 2003. Yield and grain protein concentration in bread wheat: a review and a study of multi-annual data from a French breeding program. *J. Genet. & Breed.* 57, 59-68.
- Paquet, J., 1959. Caractéristiques d'adaptation des blés destinés à la plaine de Limagne. *Ann. Amélior. Plantes* 9, 421-434.
- Parisot-Baril, C., 1992. Etude de la stabilité du rendement chez le blé tendre d'hiver (*Triticum aestivum* L. Thell.). *Thèse de Doctorat de l'Université Paris-Sud – Centre d'Orsay*, 210 p.
- Penman, H.L., 1956. Evaporation: an introductory survey. *Neth. J. Agr. Sci.* (1) 9-29.
- Perkins, J.M., Jinks, J.L., 1968. Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. *Heredity* 23, 339-356.
- Peterson, C.J., 1992. Similarities among Test Sites Based on Cultivar Performance in the Hard Red Winter Wheat Region. *Crop Sci.* 31, 907-912.
- Porter, J.R., Jamieson, P.D., Wilson, D.R., 1993. Comparison of the wheat simulation models AFRCWHEAT2, CERES Wheat and SWHEAT for non-limiting conditions of growth. *Field Crops Res.* 33, 131-157.
- Pretorius, Z.A., 1983. Disease progress and yield response in spring wheat cultivars and lines infected with *Puccinia graminis* F. sp. *tritici*. *Phytophylactica* 15, 35-45.
- Prost, L., Gauffreteau, A., Tristant, D., 2003. Mais où vont les nouvelles variétés de blé tendre? *Projet d'ingénieur, DAA Agronomie – Environnement, INAPG, Paris, février 2003*, 28p.

- Prost, L., Lecomte, C., 2005. Cahier des charges de l'outil de Diagnostic Agronomique des facteurs limitants et de caractérisation des génotypes. *INRA, Centre de Grignon, UMR Agronomie*, 39p.
- Rameau, C., Denis, J.B., 1992. Characterization of environments in long-term multi-site trials in Asparagus, through yield of standard varieties and use of environmental covariates. *Plant Breed* 109, 183-191.
- Reeves, D.V., Mask, P.L., Wood, C.W., Delaney, D.P., 1993. Determination of wheat nitrogen status with a hand held chlorophyll meter: influence of management practices. *J. Plant Nutr.* 16, 769-781.
- Rémy, J.C., Hébert, J., 1977. Le devenir des engrais azotés dans le sol. *C.R. Acad. Agric. Fr.*, 63 (11), 700-710.
- Reynolds, M.P., Trethowan, R., Crossa, J., Vargas, M., Sayre, K.D., 2002. Physiological factors associated with genotype by environment interaction in wheat. *Field Crops Res.* 75, 139-160.
- Rosielle, A.A., Hamblin, J., 1981. Theoretical Aspects of Selection for Yield in Stress and Non-Stress Environments. *Crop Sci.* 21, 943-946.
- SAS® System, Release 8.01.01, 1999-2000. *SAS® Institute Inc.*, Cary, NC, USA.
- Schoeny, A., Jeuffroy, M.H., Lucas, P., 2000. Influence of Take-All Epidemics on Winter Wheat Yield Formation and Yield Loss. *Phytopathology* 91, 694-701.
- Schott, J.J., 2000. Le dispositif national d'appréciation de la valeur agronomique et technologique des variétés (VAT) : Bilan et perspectives. 2<sup>ème</sup> journée méthodologique du GEVES, 24 nov. 2000, INRA, Paris.
- Sebillotte, M., Boiffin, J., Caneill, J., Meynard, J.M., 1978. Sécheresse et fertilisation azotée du blé d'hiver. Essai d'analyse de situations au champ par l'étude des composantes du rendement. *Science du Sol*, 3, 197-214.
- Sebillotte, M., 1980. An analysis of yield elaboration in wheat. In : *Wheat technical monograph*. CIBA-GEIGY, Basel, pp. 25-32.
- Sebillotte, M., 1996. Les mondes de l'agriculture, une recherche pour demain. *INRA Editions*, 258p.
- Seguin, B., 1975. Etude comparée des méthodes d'estimation d'ETP en climat méditerranéen du sud de la France (région d'Avignon). *Ann. Agron.* 26, 671-691.
- Semenov, M.A., Porter, J.R., 1995. Climatic variability and the modelling of crop yields. *Agricultural and Forest Meteorology* 73, 265-283.
- Shah, N.H., Paulsen, G.M., 2003. Interaction of drought and high temperature on photosynthesis and grain-filling of wheat. *Plant and Soil* 257, 219-226.
- Simmonds, N. W., 1995. The relation between yield and protein in cereal grain. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 67, 309-315.
- Sinebo, W., 2005. Trade off between yield increase and yield stability in three decades of barley breeding in a tropical highland environment. *Field crops Res.* 92, 35-52.
- Sivalapan, S., O'Brien, L., Ortiz-Ferrara, G., Hollamby, G.J., Barclay, I., Martin, P.J., 2003. A comparative study for yield performance and adaptation of some Australian and CIMMYT/ICARDA wheat genotypes grown at selected locations in Australia and the WANA region. *Austr. J. of Agric. Res.* 54, 91-100.
- Sofield, I., Evans, L.T., Cook, M.G., Wardlaw, I.F., 1977. Factors influencing the rate and duration of grain filling in wheat. *Aust. J. Plant Physiol.* 4, 785-797.
- Spiertz, A., 1977. The influence of temperature and light intensity on grain growth in relation to the carbohydrate and nitrogen economy of the wheat plant. *Neth. J. agric. Sci.* 25, 182-197.
- Splus® System, Release 3.4, 1998, 1996. *MathSoft Engineering & Education, Inc.*, Cambridge, MA, USA.
- Staudenmaier, J.M., 1985. Technology's Storytellers : Reweaving the Human Fabric. *Cambridge, Ma., MIT Press*.
- Stone, P.J., Nicolas, M.E., 1995. Comparison of sudden heat stress with gradual exposure to high temperature during grain filling in two wheat varieties differing in heat tolerance. I- Grain growth. *Aust. J. Plant. physiol.* 22, 935-944.
- Sullivan, C.Y., 1971. Techniques for measuring plant drought stress. Pages 1-18 in *KL Larson and JD Eastin, eds. Drought injury and resistance in crops*. CSSA, Madison, WI.
- Tashiro, T., Wardlaw, I.F., 1990. The response to high temperature shock and humidity changes prior to and during the early stages of grain development in wheat. *Aust. J. Plant Physiol.* 17, 551-561.
- Tranchefort, J., Philippeau, G., Bernicot, M.H., 1993. Importance relative des interactions dans un réseau d'étude des variétés. Illustration sur le blé tendre d'hiver. Dans : "Évaluation de la valeur agronomique des variétés de céréales à paille". "Techniques d'expérimentation en vue de l'évaluation des variétés". Comité scientifique du CTPS, 5 mai 1993, INRA, Paris, 149p.

- Triboi, E., Ntonga, J., 1993. Effet de l'azote et du rayonnement sur le développement des feuilles et de l'épi chez le blé d'hiver : mise en place de l'appareil foliaire et de la structure de l'épi. *Agronomie* 13, 253-265.
- Tuckey, J.W., 1949. One degree of freedom for non-additivity. *Biometrics* 5, 232-242.
- Turner, N.C., Prasertsak, P., Setter, T.L., 1994. Plant Spacing, Density, and Yield of Wheat Subjected to Postanthesis Water Deficits. *Crop Sci.* 34, 741-748.
- 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 Eeuwijk, F.A., Keizer, L.C.P., Bakker, J.J., 1995. Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials : II. An application to data from the Dutch Maize Variety Trials. *Euphytica* 84, 9-22.
- Van Eeuwijk, F.A., Denis, J.B., Kang, M.S., 1996. Incorporating additional information on genotypes and environments in models for two-way genotype by environment tables. In: *Genotype by Environment Interaction*. (Kang MS, Gaugh HG, Eds), CRC-Press, Boca Raton 15-49.
- Van Eeuwijk, F.A., Malosetti, M., Yin, X., Struik, P.C., Stam, P., 2004. Modeling differential phenotypic expression. In : "New discussions for a diverse planet", *Proceedings of the 4<sup>th</sup> International Crop Science Congress, 26 Sep – 1 Oct 2004, Brisbane, Australia*.
- Vargas, M., Crossa, J., van Eeuwijk, F., Sayre, K.D., Reynolds, M.P., 2001. Interpreting treatment x environment interaction in agronomy trials. *Agronomy Journal* 93 (4), 949-960.
- Vasquez-Tello, A., Zuily-Fodil, Y., Pham Thi, A.T., Vieira da Silva, J.B., 1990. Electrolyte and Pi leakages and soluble sugar content as physiological tests for screening resistance to water stress in *Phaseolus* and *Vigna* Species. *J. Exp. Bot.* 41, 827-832.
- Veron, S.R., Paruelo, J.M., Sala, O.E., Lauenroth, W.K., 2002. Environmental controls of primary production in agricultural systems of the Argentine Pampas. *Ecosystems* 5, 625-635.
- Vianay, E., 2002. Classement précoce des parcelles de blé tendre d'hiver selon la teneur en protéines à l'aide du chlorophyll-meter, éléments de méthodologie. *Rapport de stage de 4<sup>e</sup> année, ISARA*, 71p.
- Volta, J., van Eeuwijk, F.A., Sombrero, A., Lafarga, A., Igartua, E., Romagosa, I., 1999. Integrating statistical and ecophysiological analyses of genotype by environment interaction for grain filling of barley. I. Individual grain weight. *Field Crops Res.* 62, 63-74.
- Volta, J., Lopez-Corcoles, H., Borrás, G., 2005. Use of biplot analysis and factorial regression for the investigation of superior genotypes in multi-environmental trials. *Europ. J. Agronomy* 22, 309-324.
- Vouillot, M.O., Huet, P., Boissard, P., 1998. Early detection of N deficiency in a wheat crop using physiological and radiometric methods. *Agronomie* 18, 117-130.
- Wilcoxson, R.D., Skovmand, B., Atif, A.H., 1975. Evaluation of wheat cultivars for ability to retard development of stem rust. *Ann. Appl. Biol.* 80, 275-281.
- Woodruff, D.R., Tonks, J., 1983. Relationship between Time of Anthesis and Grain Yield of Wheat Genotypes with Differing Developmental Patterns. *Aust. J. Agric. Res.* 34, 1-11.
- Wricke, G., (von), 1962. Über eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen. *Z. Pflanzenzücht* 47, 92-96.
- Yan, W., Hunt, L.A., 2001. Interpretation of Genotype x Environment Interaction for Winter Wheat Yield in Ontario. *Crop Sci.* 41, 19-25.
- Yates, F., Cochran, W.G., 1938. The analysis of groups of experiments. *J. Agric. Sci.* 28, 556-580.
- Zadocks, J.C., Schein, R.D., 1979. Epidemiology and plant disease management. *Oxford Univ. Press, New York*, 427 pp.
-