

Faculté des bioingénieurs

Phénotypage suivi d'une étude de la variabilité génétique de l'angle et de la croissance racinaire pour un panel de diversité composé de blé tendre (*Triticum aestivum*) et de blé dur (*Triticum turgidum*).

Projet SolACE

Auteur : Blaise Mottoulle
Promoteur(s) : Xavier Draye
Lecteur(s) : Guillaume Lobet & Stephan Declerck
Année académique 2018-2019
Bioingénieur : Sciences agronomiques

Le déficit hydrique et la déficience en nutriments font partie des principales causes qui affectent le rendement du blé tendre (*Triticum aestivum*) et du blé dur (*Triticum turgidum*). Une bonne compréhension de l'architecture racinaire de ces deux espèces est un enjeu majeur pour la sélection des variétés les plus résilientes aux stress abiotiques.

Dans le cadre du projet SolACE (Solutions for improving Agroecosystems and Crop Efficiency for water and nutrients use), ce mémoire aura pour but le *phénotypage* et l'étude de la variabilité génétique de la croissance racinaire et de l'angle entre les racines séminales. En effet, il est établi que l'angle racinaire joue un rôle majeur dans la profondeur d'enracinement et donc l'acquisition de l'eau et des nutriments par la plante.

Pour *phénotyper* un large panel de diversité. La méthode des *rhizoslides* a été utilisée afin d'étudier l'architecture racinaire d'un grand nombre de plantes à un stade précoce de développement.

Grâce aux données phénotypiques récoltées et intégrées dans des modèles statistiques , une héritabilité au sens large, pour l'angle et la croissance racinaire a pu être estimée. Supérieure à 50%, elle laisse sous-entendre que ces deux caractères peuvent être des bons critères de sélection dans un but d'amélioration végétale et de conception d'un idéotype.

Remerciements

Je tiens tout d'abord à remercier mon promoteur Monsieur Xavier Draye, professeur à l'Université Catholique de Louvain pour son encadrement et son expertise tout au long de ce mémoire. Grâce à sa passion et sa bonne humeur, je me suis découvert un attrait pour la génétique quantitative.

Je remercie également mes lecteurs, messieurs Guillaume Lobet et Stephan Declerck, professeurs à l'UCLouvain, pour leur attention portée à mon travail.

Ensuite, je remercie Clothilde Collet, doctorante à l'Université Catholique de Louvain pour son accompagnement. Son suivi et ses conseils avisés à chaque étape du mémoire m'ont été d'une grande aide.

Je remercie aussi Thomas Dagbert pour son précieux support durant les expériences réalisées pour ce mémoire ainsi que toute l'équipe de l'ECAV (ELI-A) pour son aide dans le traitement d'images et sa bonne humeur.

Je me tourne maintenant vers Rebecca Marion du SMCS pour toute son assistance durant le traitement statistique des résultats des expériences de ce mémoire.

Je remercie à présent Loïc Van Audenhaege (University of Southampton). Son esprit scientifique aiguisé et ses conseils m'ont été d'une grande aide pendant la rédaction de ce mémoire.

Enfin je remercie ma sœur Astrid, Donika, Aurore et Clément pour vos relectures.

Table des matières

<u>I.</u>	<u>INTRODUCTION.....</u>	<u>8</u>
<u>II.</u>	<u>ÉTAT DES CONNAISSANCES</u>	<u>11</u>
1.	ESPECES ETUDIEES : LE BLE TENDRE ET LE BLE DUR	11
2.	LE SYSTEME RACINAIRE DU BLE	11
3.	INFLUENCE ENVIRONNEMENTALE SUR LES RACINES DU BLE	12
4.	NOTION D'IDEOTYPE	13
I.	IDEOTYPE RACINAIRE.....	15
5.	ÉTUDE DE L'ANGLE RACINAIRE	17
I.	INFLUENCE DE L'ENVIRONNEMENT DU SOL SUR LE RGA.....	17
6.	RAPPELS DE GENETIQUE QUANTITATIVE	18
I.	NOTION D'HERITABILITE	18
II.	NOTION D'HETEROSIS.....	21
III.	DEMARCHES D'UNE CARTOGRAPHIE QTL	22
IV.	QTL CONNUS POUR LE RGA DU BLE	27
7.	METHODES DE PHENOTYPAGE DU SYSTEME RACINAIRE	28
I.	HORS-SOL.....	29
II.	EN SOL	34
<u>V.</u>	<u>MATERIELS ET METHODES.....</u>	<u>35</u>
1.	MATERIEL GENETIQUE.....	36
I.	BLE TENDRE	36
II.	BLE DUR	37
III.	BLE DUR EPO ET BLE TENDRE HYBRIDE	37
2.	PROTOCOLE EXPERIMENTAL.....	39
I.	PREPARATION DES PLAQUES DE GERMINATIONS	39
II.	DESIGN.....	40
3.	TRAITEMENT DES IMAGES	44
I.	TRACE SUR SMARTROOT	44
II.	FORMAT RSML	49
4.	ANALYSE STATISTIQUE DES DONNEES	51
I.	TRAITEMENT DES DONNEES PAR R	51
II.	CONSTRUCTION DU MODELE MIXTE	54
<u>VI.</u>	<u>RESULTATS.....</u>	<u>57</u>

1. RESULTATS DU MODELE MIXTE POUR L'ANGLE RACINAIRE	57
I. DROITE RESULTATS DU MODELE MIXTE POUR LES DEUX ESPECES CONFONDUES.....	57
II. RESULTATS DU MODELE MIXTE POUR L'ANGLE RACINAIRE DU BLE TENDRE.....	68
III. RESULTATS DU MODELE MIXTE POUR L'ANGLE RACINAIRE DU BLE DUR.....	69
IV. HÉRITABILITÉ ET HÉTÉROSIS POUR L'ANGLE RACINAIRE.....	72
2. RÉSULTATS DU MODÈLE MIXTE POUR LA CROISSANCE RACINAIRE.....	74
I. RÉSULTATS DU MODÈLE MIXTE POUR LE BLÉ TENDRE.....	74
II. HETEROSIS POUR LA CROISSANCE RACINAIRE	78
3. CALCUL DES COEFFICIENTS DE VARIATION DE L'ANGLE RACINAIRE ET DE LA CROISSANCE	
RACINAIRE TOTALE DU BLE TENDRE	79
4. RELATION ENTRE LA CROISSANCE RACINAIRE TOTALE ET L'ANGLE RACINAIRE.....	80
I. RELATION CROISSANCE-ANGLE RACINAIRE POUR LE BLE TENDRE	80
 <u>VII. DISCUSSION</u>	 <u>82</u>
 1. VARIABILITE DUE A L'ENVIRONNEMENT : IMPACT DE LA HAUTEUR DE LA COLONNE D'EAU	82
I. IMPACT SUR L'ANGLE ET LA CROISSANCE RACINAIRE DU BLE TENDRE	82
II. IMPACT SUR L'ANGLE RACINAIRE DU BLE DUR.....	82
2. VARIABILITE GENETIQUE ET HERITABILITE	83
3. HETEROSIS POUR LES VARIETES HYBRIDES	84
I. HETEROSIS POUR L'ANGLE RACINAIRE.....	84
II. HETEROSIS POUR LA CROISSANCE RACINAIRE	85
4. LIMITATIONS DES EXPÉRIENCES	85
 <u>VIII. CONCLUSION ET PERSPECTIVES</u>	 <u>87</u>
 <u>IX. BIBLIOGRAPHIE</u>	 <u>89</u>
 <u>X. ANNEXES</u>	 <u>93</u>

Liste des abréviations et mots-clés

- ABA = Acide abscissique
- EPO = Evolutionary Pre-breeding pOpulation
- G = Valeur génotypique
- GWAS = Genome Wide Association Study
- H^2 = Héritabilité au sens large
- h^2 = Héritabilité au sens étroit
- I_{GE} = Interaction génotype- environnement
- LD = Linkage Disequilibrium
- QTL = Quantitative Trait Locus
- RGA = Root Growth Angle
- RSA = Root System Architecture
- RSML = Root System Markup Language
- scode = SolACE code
- SolACE = Solutions for improving Agroecosystems and Crop Efficiency for water and nutrients use
- P = Valeur phénotypique
- VA = Variance de la valeur additive
- VD = Variance de la valeur de dominance
- VE = Variance environnementale
- VR = Variance résiduelle
- VG = Variance de la valeur génotypique
- VP = Variance de la valeur phénotypique

Mots clés :

Angle racinaire, croissance racinaire, héritabilité, hétérosis, blé tendre, blé dur, hauteur de la colonne d'eau, modèle linéaire mixte.

Listes des figures et tableaux

Liste des figures

- Figure 1 Évolution de la superficie agricole et du nombre d'exploitations en France
- Figure 2 Chaîne des impacts à attendre du changement climatique sur l'agriculture
- Figure 3 schéma de la démarche conception-évaluation d'un idéotype)
- Figure 4 Idéotype racinaire de maïs pour l'acquisition de l'eau et de l'azote
- Figure 5 Exemple de RGA pour une graine de blé
- Figure 6 Principe d'une démarche d'analyse QTL
- Figure 7 Conceptualisation du linkage disequilibrium
- Figure 8 LD intrachromosomique pour un panel de blé durs méditerranéens
- Figure 9 Schéma d'un rhizoslide
- Figure 10 Schéma d'un gel chamber
- Figure 11 Exemple d'un rhizotron
- Figure 12 Rhizotron cylindrique (Rhizotubes).
- Figure 13 Dispositif automatisé pour le screening des rhizotrons
- Figure 14 Plateforme aéroponique RootPhAir située à Louvain-la-Neuve (UCLouvain)
- Figure 15 Dispositions des graines sur le rhizoslide
- Figure 16 Photo d'une boîte microplaques utilisée pour le design.
- Figure 17 Résumé du design expérimental complet
- Figure 18 Ligne du temps et métadonnées des expériences et capture des images
- Figure 19 Photo prise de profil d'un rhizoslide
- Figure 20 Time serie d'un rhizoslide
- Figure 21 Exemple de superposition d'un tracé Smartroot
- Figure 22 Zoom sur les " marques " utilisées pour l'analyse backward
- Figure 23 Structure du format RSML
- Figure 24 Utilisations du format RSML

- Figure 25 Exemple de droites de régression du modèle linéaire mixte pour l'angle racinaire
- Figure 26 Distribution de l'angle racinaire en fonction du niveau d'eau pour tous les génotypes testés
- Figure 27 Évolution de la moyenne de l'angle racinaire pour les génotypes utilisés. Les génotypes sont triés par ordre croissant d'angle moyen
- Figure 28 Graphique des résidus du modèle mixte expliquant l'angle racinaire en fonction de la moyenn
- Figure 30 Boxplots des résidus du modèle mixte de l'angle racinaire pour le facteur niveau d'eau
- Figure 31 Boxplots des résidus du modèle mixte de l'angle racinaire pour le facteur expérience
- Figure 32 QQ plot et distribution normale des résidus du modèle mixte de l'angle racinaire
- Figure 33 Droites de régression linéaire du modèle mixte expliquant l'angle racinaire pour tous nos génotypes
- Figure 34 Boxplots des effets aléatoires en fonction du panel d'origine
- Figure 35 Distribution de l'angle racinaire en fonction du niveau d'eau pour le blé tendre et le blé dur (EPO et hybrides exclus)
- Figure 36 Droites de régression linéaire du modèle mixte expliquant l'angle racinaire pour le blé dur et le blé tendre (EPO et hybrides exclus)
- Figure 37 Distribution de l'angle racinaire en fonction du niveau d'eau pour les variétés de blé tendre
- Figure 38 Distribution de l'angle racinaire en fonction du niveau d'eau pour le blé dur
- Figure 39 Droites de régression du modèle linéaire mixte expliquant l'angle racinaire du blé dur
- Figure 40 Barchart représentant les moyennes des angles racinaires pour les génotypes parentaux et hybrides
- Figure 41 Évolution de la moyenne de la croissance racinaire pour les variétés de blé tendre

- Figure 42 Distribution de la croissance racinaire en fonction du niveau d'eau pour le blé tendre
- Figure 43 Droites de régression du modèle linéaire mixte expliquant la croissance racinaire du blé tendre
- Figure 44 Barchart représentant les moyennes de la croissance racinaire pour les génotypes parentaux et hybrides
- Figure 45 Nuage de points de la croissance racinaire totale en fonction de l'angle racinaire pour le blé tendre

Liste des tableaux

- Tableau 1 Influence des facteurs environnementaux du sol sur l'architecture racinaire du blé (Rich et Watt, 2013)
- Tableau 2 Panels de SolACE utilisés pour l'expérience
- Tableau 3 Variables de la table qui contient les métadonnées et la variable angle
- Tableau 4 Variables de la table qui contient les metadonnées, la variable angle, total_length et total_growth
- Tableau 5 Résultats de la régression linéaire expliquant la variation de l'angle racinaire
- Tableau 6 Résultats de la régression linéaire expliquant la variation de l'angle racinaire pour le blé tendre et le blé dur (EPO et hybrides exclus)
- Tableau 7 Résultats de la régression linéaire expliquant la variation de l'angle racinaire pour le blé tendre uniquement
- Tableau 8 Résultats de la régression linéaire expliquant la variation de l'angle racinaire pour le blé dur uniquement
- Tableau 9 Variance des effets aléatoires et héritabilité des différentes espèces
- Tableau 10 Valeurs moyennes d'angle racinaire pour les lignées hybrides et parentales
- Tableau 11 Résultats et estimations des paramètres du modèle linéaire mixte expliquant la croissance racinaire pour le blé tendre
- Tableau 12 Valeurs moyennes de la croissance racinaire pour les lignées hybrides et parentales

- Tableau 13 Coefficients de variation de l'angle et de la croissance racinaire du blé tendre
- Tableau 14 Résultats et estimations des paramètres du modèle linéaire mixte expliquant la croissance racinaire par l'angle, la row et exp pour le blé tendre

I. Introduction

Depuis le Néolithique jusqu'à notre ère, l'agriculture a été synonyme d'innovation et d'adaptation. Durant le XXe siècle, la mécanisation, les progrès de la génétique et l'industrialisation des engrais et produits phytosanitaires ont été les piliers d'une Révolution Verte qui décupla les rendements agricoles dans nos contrées. Néanmoins, ce modèle productiviste s'essouffle. Aujourd'hui, une série de défis économiques et environnementaux doivent être relevés par notre agriculture.

La libéralisation du secteur agricole et la mondialisation mettent tous les agriculteurs du monde en concurrence. Seules les exploitations les plus compétitives peuvent survivre. On assiste dès lors à une diminution du nombre d'agriculteurs corrélée à une augmentation de la taille des exploitations (Figure 1).

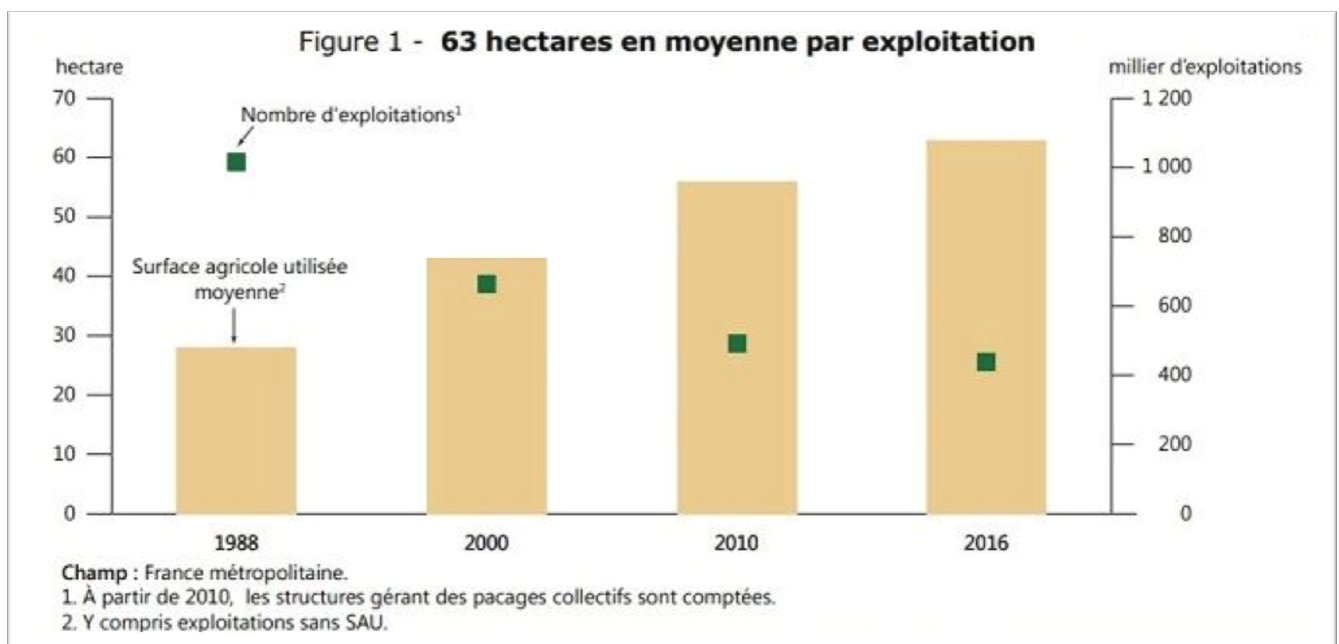


Figure 1 Évolution de la superficie agricole et du nombre d'exploitations en France (Agreste, 2016)

De ce fait, les agriculteurs doivent désormais constamment diminuer leurs coûts de production, notamment en limitant et raisonnant les apports en intrants chimiques.

En outre, les enjeux climatiques et environnementaux sont majeurs pour nos systèmes agricoles. Comme l'a récemment démontré le GIEC dans son dernier rapport, l'agriculture est en première ligne face au réchauffement climatique (GIEC, 2018). Sans un réel effort de la société pour inverser la tendance aux dérèglements du climat, les rendements agricoles devraient baisser de 2% par décennie à cause d'une intensification et d'une augmentation de la fréquence très probables d'évènements climatiques extrêmes, tels que les sécheresses (Figure 2).

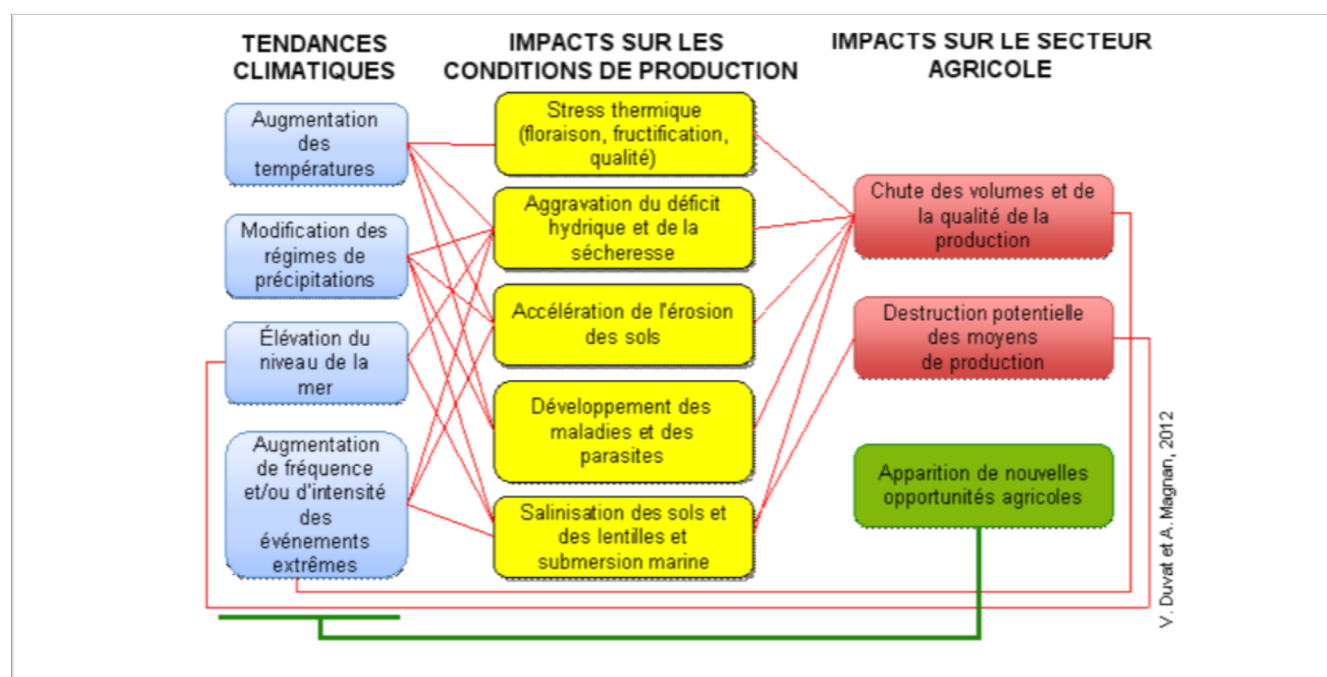


Figure 2 Chaîne des impacts à attendre du changement climatique sur l'agriculture (Duvat, 2012)

La Commission Européenne, consciente de ces défis soutient le projet SolACE (Solutions for improving Agroecosystems and Crop Efficiency for water and nutrients use) dans le cadre de son programme de recherche et d'innovations Horizon 2020. Impliquant 25 partenaires européens du milieu académique et du secteur privé, SolACE a pour but de tester des pratiques culturales plus appropriées et de contribuer à mettre au point des variétés captant plus efficacement les nutriments et résistant mieux à un déficit en eau et en azote.

SolACE se focalise sur trois espèces végétales primordiales pour notre société : la pomme de terre, le blé tendre et le blé dur.

Le stress hydrique est l'un des facteurs les plus limitants dans la production et le rendement du blé., de même, une déficience en éléments nutritifs tels que l'azote ou le phosphore impact négativement le rendement. Or, les racines constituent la première interface entre la plante, l'eau et les minéraux présents dans le sol. C'est pourquoi, il est essentiel de bien comprendre d'une part les processus qui contrôlent l'architecture racinaire et d'autre part comment l'information génétique influençant les racines peut être transmise au fil des générations.

Dans le cadre de ce mémoire, nous nous concentrerons sur le phénotypage de l'architecture racinaire du blé. Ce phénotypage est une étape importante et fait partie intégrante du processus d'amélioration végétale des génotypes résilients.

Plus précisément, ce mémoire a pour objectif la caractérisation d'un trait spécifique de l'architecture racinaire, l'angle racinaire, sous des conditions hydriques hétérogènes pour un panel de diversité de blé dur et tendre dans le cadre du projet SolACE.

II. État des connaissances

1. Espèces étudiées : le blé tendre et le blé dur

Le blé tendre (*Triticum aestivum*) et le blé dur (*Triticum durum*) font partie des céréales les plus cultivées mondialement. Herbacées annuelles de la famille des Poacées, leur importance est capitale en termes économiques mais aussi de sécurité alimentaire (Gavira et Bury, 2010). Depuis 30 ans, on assiste à une intensification de la culture du blé. Alors que sa production a triplé entre 1961 et 2011 pour atteindre un total de 691 millions de tonnes/an, la surface cultivée quant à elle ne cesse de diminuer depuis 1981. Le blé est une culture stratégique pour l'Europe, l'U.E étant le premier producteur mondial et compte pour 21% de la production mondiale en 2011. En 2018 ce ne sont pas moins de 720 millions de tonnes qui ont été produites en U.E. Cela représente 30 de moins que l'année précédente (ODA Group, 2018). Cette baisse de production peut notamment s'expliquer par les aléas climatiques qui ont touché l'Europe. D'où la nécessité de rendre la culture du blé plus résiliente aux stress et donc plus efficiente. Au-delà de son importance économique, le blé revêt une importance alimentaire primordiale pour l'alimentation humaine et pour celle du bétail.

2. Le système racinaire du blé

Le système racinaire du blé est composé d'une racine primaire verticale et de deux ou trois racines embryonnaires qui émergent de part et d'autre de la graine. Ces racines sont appelées racines séminales. Des racines dites « nodales » ou « coronaires » viendront s'embrancher sur les entrenœuds des différents talles. L'ensemble des racines peuvent elles-mêmes développer des ramifications et ce jusqu'au 3ème ordre (Rich et Watt, 2013).

L'eau joue un rôle essentiel dans le bon développement du blé. Une graine ne germe théoriquement dans le sol qu'avec un taux d'imbibition de 30% (Soltner, 1990). Les phases les plus critiques et exigeantes en eau se situent 20 jours avant l'épiaison et jusqu'à 35 jours après la floraison (Loue, 1982). Par conséquent, un manque d'eau, pendant certaines étapes

cruciales du cycle de développement, peut impacter drastiquement la production et le rendement du blé.

La racine est la première interface entre l'eau présente dans le sol et la plante. Il est donc essentiel en termes de sélection variétale de caractériser le plus précisément possible et d'optimiser l'architecture racinaire pour une meilleure acquisition de l'eau. Par exemple, en améliorant l'enracinement dans les couches plus profondes du sol ou même à la surface de la rhizosphère, certains effets négatifs du déficit hydrique peuvent être atténués parce que la plante pourra accéder à une réserve en eau plus importante (de Dorlodot et al, 2007).

3. Influence environnementale sur les racines du blé

Étant donnée la nature herbacée du blé, ses racines ne possèdent pas de cambium et sont donc obligées de croître et ou se ramifier afin de continuellement coloniser le sol. L'architecture du système racinaire ou « Root System Architecture » (RSA) est influencée par de nombreux facteurs qui façonnent et déterminent la distribution spatiale et temporelle des racines dans le sol. (Tableau 1).

La disponibilité en eau et en nutriment ainsi que la gravité guideront le tropisme des racines alors que les propriétés physiques du sol tels que la porosité, la texture et la température impacteront plus fortement l'élongation racinaire. L'anoxie jouera plutôt un rôle dans la sénescence et l'émergence de nouvelles racines nodales (Rich et Watt, 2013).

Tableau 3 Influence des facteurs environnementaux du sol sur l'architecture racinaire du blé (Rich et Watt, 2013)

	Gravity	Soil properties		O2 stress (hypoxia/anoxia)	Water stress	Temperature	Nutrients
		Texture	Structure/porosity				
Tropism	***	*	*	*	***	**	***
Elongation	*	***	***	***	*	***	*
Lateral root development	*	**	*	*	*	**	***
New nodal root growth	*	*	*	***	**	*	*
Senescence	*	*	*	***	**	**	*

*, of little importance; **, of moderate importance; ***, of high importance.

4. Notion d'idéotype

Le concept d'idéotype est important en amélioration végétale. Un idéotype est une conception de la plante idéale dont on attend qu'elle se comporte de manière prédictible et performante dans un environnement défini (Debaeke et al, 2014). Un idéotype est défini par un ensemble de traits, écophysologiques et morphologiques sélectionnés de façon à ce que le matériel végétal soit le mieux adapté à un environnement donné. La définition d'idéotypes de blé dur et de blé tendre est l'un des objectifs du projet SolACE.

Trois étapes sont nécessaires à la définition d'un idéotype (Figure 3).

1. Cibler les objectifs et définir un cahier des charges (par exemple stress hydrique, résistance à un pathogène, etc.)
2. Conception de l'idéotype en vue de répondre au cahier des charges
3. Évaluation de l'idéotype

Les étapes 2 et 3 sont interconnectées. En fonction de son évaluation, un idéotype potentiel peut être amélioré ou pas et ainsi retourner à l'étape de conception. La réalisation d'une plante correspondant à un idéotype repose sur au moins deux contraintes :

- Une contrainte technique à savoir la possibilité de sélectionner cette plante en fonction du cahier des charges.
- Une contrainte génétique où l'attention sera focalisée sur les concepts d'héritabilité et de variabilité génétique influençant les aspects morphologiques et écophysologiques.

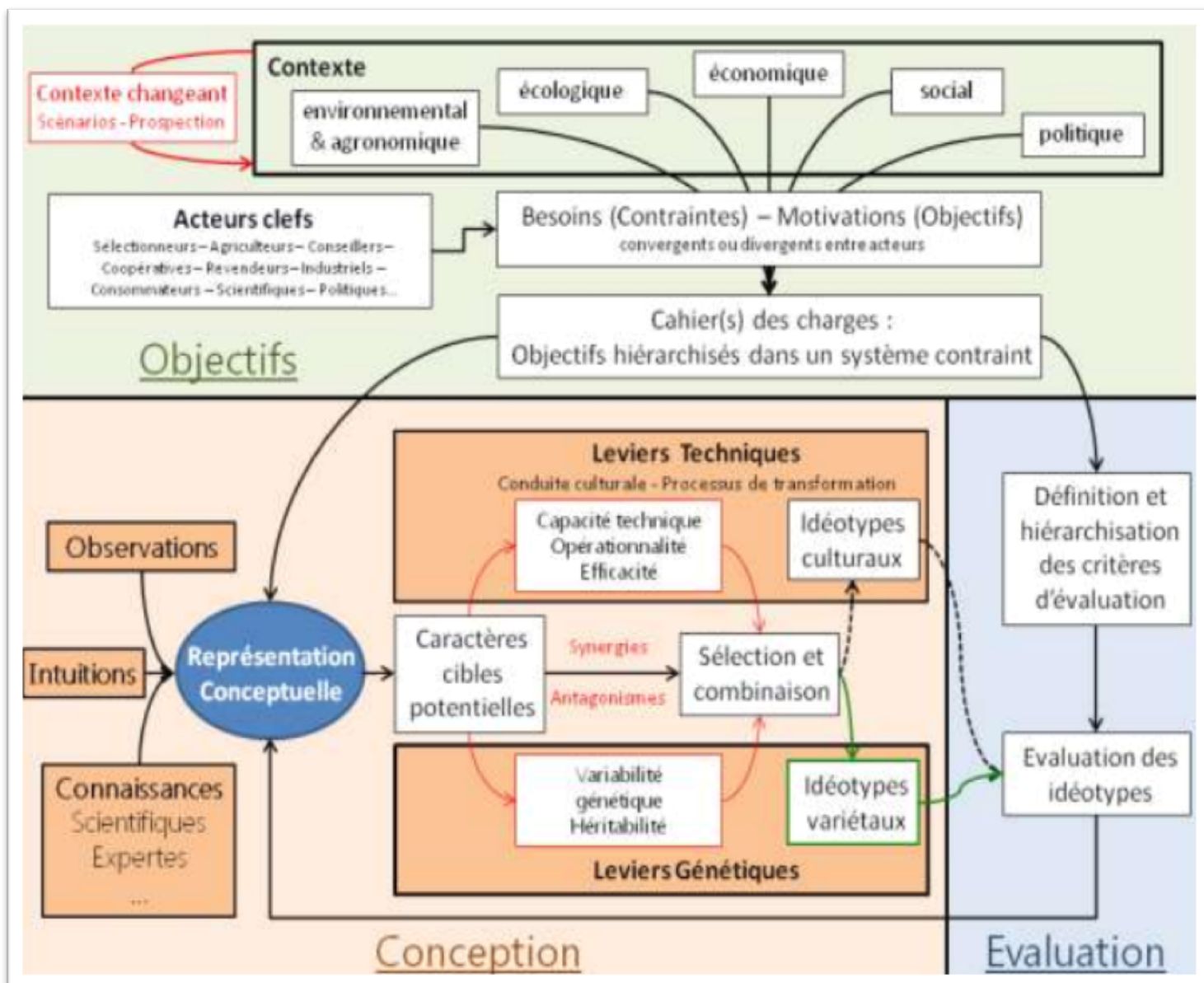


Figure 3 schéma de la démarche conception-évaluation d'un idéotype (Debaeke et al, 2014)

i. Idéotype racinaire

Pour SolACE, deux dimensions peuvent être identifiées pour définir le cahier des charges :

- L'efficacité d'utilisation et d'acquisition des nutriments tels que l'azote et le phosphore.
- L'efficacité pour l'acquisition de l'eau et tolérance au stress hydrique.

Sous ces conditions, plusieurs caractéristiques de la RSA du blé peuvent être optimisées. Pour citer quelques exemples, la profondeur d'enracinement (Hurd, 1974), la vitesse d'élongation (O'Brien, 1979), la distribution et la profondeur racinaire (Manske et Vleke, 2002), le diamètre des racines (Richards and Passioura, 1989), l'angle des racines séminales (Nakamoto et Oyagani, 1994) et enfin la quantité de matière sèche de l'ensemble des racines (Siddique et al, 1990). Ce sont des traits qui déterminent la région du sol qui pourra être exploitée par les racines et donc le potentiel d'acquisition d'eau et de nutriments par la plante. Ces critères sont sensiblement pareils pour le maïs et Lynch (2013) a recensé en détails quels étaient les critères d'un idéotype racinaire de maïs. Il paraît raisonnable de penser que l'on peut généraliser ces critères au blé (Figure 4).

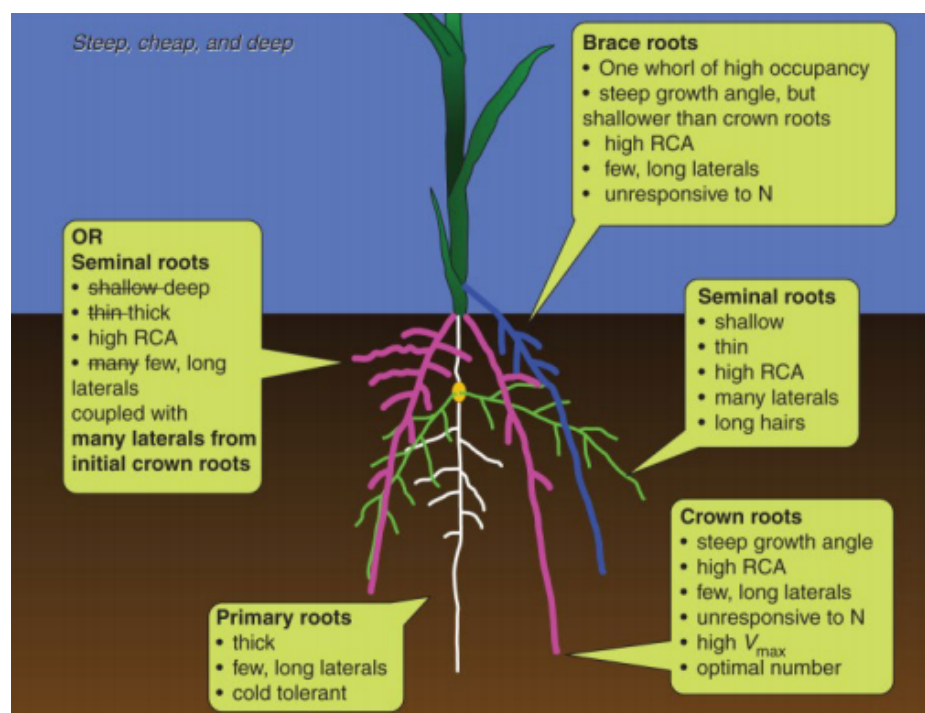


Figure 4 Idéotype racinaire de maïs pour l'acquisition de l'eau et de l'azote (Lynch, 2013)

- Racine primaire :
 - Un large diamètre facilite la pénétration des sols durs et augmente la force du puits;
 - Tolérance au froid : pour les variétés cultivées en climat tempéré où les températures printanières peuvent être sub-optimales.
- Racines séminales :
 - Un idéotype devrait comporter beaucoup de racines peu profondes, fines, avec de longs poils absorbants : des racines peu profondes et fines explorent facilement les couches supérieures du sol ;
- Racines coronaires :
 - Des racines coronaires très ramifiées. Ces dernières prendront en charge l'exploration des couches supérieures du sol est prise en charge, pendant que les racines séminales plongent rapidement en profondeur ;
 - Dans l'idéal au nombre de quelques-unes, leur verticalité accentue le prélèvement d'eau et de nitrate ;
 - Quelques longues racines latérales : le coût métabolique relatif d'une racine latérale est plus élevé que celui d'une racine axiale ; le niveau optimum doit donc balancer la demande pour l'exploration du sol et la demande métabolique. Une forte densité de courtes ramifications est propice au prélèvement d'éléments immobiles (phosphore, potassium, ammonium) mais limite le volume exploré. Au contraire, une faible densité de longues ramifications privilégie l'exploration d'un plus grand volume de sol et le prélèvement d'éléments mobiles (eau et nitrate) au dépit des éléments immobiles ;
- Racines d'ancrage (pour le maïs) :
 - Densité élevée sur le premier nœud : augmente le nombre de racines d'ancrage qui pénétreront le sol ;
 - Pour éviter le recouvrement des zones de déplétion et la compétition directe, les racines d'ancrages se doivent d'être moins verticales que les coronaires.
 - Quelques longues racines latérales .

5. Étude de l'angle racinaire

Dans le cadre de ce mémoire, le caractère qui nous intéresse est l'angle racinaire ou « Root Growth Angle » (RGA) qui correspond à l'angle racinaire entre les deux racines séminales les plus extrêmes (Figure 5).

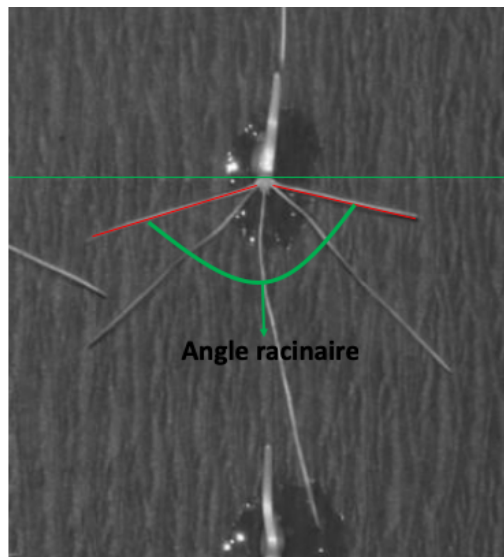


Figure 5 Exemple de RGA pour une graine de blé (Photo provenant des expériences de ce mémoire 04/07/2018))

i. Influence de l'environnement du sol sur le RGA

Un angle faible entre les racines séminales est un trait essentiel des variétés tolérantes aux conditions de sécheresses (Oyagani, 1994). C'est pourquoi il est primordial de connaître les facteurs écophysiologiques et génétiques qui contrôlent cet angle.

Des études sur le RGA d'*Arabidopsis thaliana* et le maïs ont démontré que la force de gravité impactait le RGA (Blancaflor et al, 1998 ; Ishikawa and Evans, 1993). A l'échelle cellulaire, quelques cellules de la columelle, les statolites, possèdent des organites riches en amidon appelés statocystes. Sous l'effet de la gravité, ces organites vont exercer une pression sur le cytosquelette et induire un signal qui provoquera une synthèse d'auxine, phytohormone régulant entre autres l'élongation racinaire (Morita et al, 2004). L'humidité et le potentiel hydrique impactent également la flexion racinaire via un hydrotropisme des racines (Takahashi et al, 2002). Cet hydrotropisme est principalement régulé par l'acide abscissique

(ABA). Dans certains cas, l'hydrotropisme et le gravitropisme peuvent être antagonistes, l'ABA compenserait alors les effets de l'auxine pour permettre à la racine de se développer vers les régions les plus humides du sol (Kazan, 2013).

Dans le cas du blé, des études ont confirmé le lien qui existe entre l'angle racinaire et la profondeur d'enracinement. En effet, un angle racinaire étroit entre les racines séminales sera le plus souvent associé à une profondeur racinaire plus importante. Alors qu'un angle large sera caractéristique d'un enracinement peu profond (Oyanagi, 1994). Cette dernière caractéristique n'est pas spécialement négative, en effet des racines aux angles plus larges seront beaucoup efficaces dans l'acquisition de phosphore et d'azote, ces derniers se retrouvant principalement dans les couches superficielles du sol (Lynch, 2011). Enfin Ramalingam et al (2017) ont conclu que pour les racines du riz, il existait un lien entre la texture du sol, la profondeur d'enracinement et l'angle racinaire. Ils ont établi dans leurs conditions expérimentales une relation entre ces deux caractères. La croissance racinaire (exprimée en croissance de densité racinaire) et le RGA étant contrôlés par le même locus, DRO1 du génome du riz.

6. Rappels de génétique quantitative

I. Notion d'héritabilité

Le RGA est un caractère quantitatif puisqu'il présente une distribution continue. Dans la section précédente quelques exemples d'effets environnementaux (gravité et eau) influençant le phénotype racinaire ont été exposés. Toutefois, celui-ci est aussi influencé par des facteurs génotypiques.

On définit la valeur phénotypique (P) d'un individu comme étant l'addition de la valeur génotypique (G), de la déviation due à l'environnement (E) et de l'interaction génotype-environnement (I_{GE}). Cette dernière est incluse dans E si l'environnement dans lequel on observe le caractère phénotypique est l'environnement normal de la population (Draye et Baret, 2013).

$$P = G + E + I_{GE}$$

Pour arriver à un idéotype variétal, il faut forcément choisir les candidats avec le meilleur potentiel au sein d'une population et appliquer une sélection sur base des caractères phénotypiques ciblés. Il est donc essentiel de savoir dans quelles mesures les prédispositions phénotypiques dépendent de la génétique et pourront être légués à la descendance.

Vu que la variance de la valeur phénotypique (VP) se décompose en la variance génotypique (VG) et la variance environnementale (VE). Il suffit d'estimer la part de VG dans la variabilité totale (VG+ VE).

On note h^2 , l'héritabilité comme étant la quantité de variation héritable.

$$H^2 = \frac{VG}{VG + \frac{VE}{N_{ind}}}$$

Où N_{ind} est le nombre moyen d'individus par génotype.

Une héritabilité de 0 nous indique que toute de la variation phénotypique est expliquée par des facteurs environnementaux. Cela veut dire qu'au sein d'une même population, tous les individus auraient le même génotype ou alors que leurs loci polymorphes (les régions de leurs génomes qui diffèrent) n'ont aucune influence sur le caractère étudié. A une héritabilité de 1 peut avoir deux explications.

- L'environnement n'a aucun effet sur le phénotype.
- La variabilité génotypique sera seule responsable de la diversité phénotypique. Pour cela, il faudrait que tous les individus de la population soient soumis strictement aux mêmes conditions environnementales ce qui est pratiquement impossible à avoir. Une manipulation en laboratoire peut cependant réduire jusqu'à un certain point cette variabilité des conditions extérieures.

L'équation ci-dessus correspond en réalité à la formule de l'héritabilité au sens large qui nous renseigne sur la part de la variance phénotypique due à la variabilité génétique. L'héritabilité peut être considérée comme le coefficient de régression du génotype sur le phénotype et peut être utilisée pour prédire G à défaut de P (de Vienne, 2017).

Néanmoins, l'héritabilité au sens large ne nous donne pas d'information sur la réponse à la sélection des caractères quantitatifs. En effet, la variance génotypique peut se décomposer de cette façon : $V_G = V_A + V_D$ où V_A correspond à la variabilité de la valeur additive. La valeur génétique additive rassemble l'ensemble des effets moyens des gènes, c'est-à-dire les effets transmis (en moyenne) à la descendance. V_D correspond à la variabilité de la valeur de dominance qui rassemble les effets liés aux interactions entre allèles. Ainsi la variance phénotypique se décompose de la sorte : $V_P = V_A + V_D + V_E$.

On définit alors l'héritabilité au sens étroit comme étant le rapport de la variabilité additive sur la variabilité totale.

$$h^2 = \frac{V_A}{V_P}$$

Pour mesurer ce paramètre, il est nécessaire de tenir compte des covariances du caractère étudié entre les individus apparentés. Il est donc primordial d'estimer l'héritabilité au sens étroit d'un caractère quand on veut construire un idéotype car elle nous renseigne sur la part héritable de la variabilité phénotypique. Grâce à elle on peut prédire la réponse à la sélection. De la même façon que pour l'héritabilité au sens large, h^2 est le coefficient de la régression linéaire de la valeur additive sur la valeur phénotypique.

La sélection sur base de l'angle racinaire n'est pas quelque chose de spécifique aux céréales. Ainsi, un phénotypage à haut-débit du RSA du haricot (*Phaseolus vulgaris* L) réalisé par Burridge et al (2016) a permis la mesure d' H^2 de 67% pour l'angle racinaire basal (l'angle entre la racine séminale la plus externe et l'horizontale). Dans le cas du soja (*Glycine max*), une autre légumineuse, Aao et al (2010) sont partis du principe que l'angle et la profondeur racinaire étaient liés et ont phénotypé le RSA du soja dans des conditions pédologiques acides et déficientes en phosphore. De leurs expériences ont découlé une héritabilité au sens large pour la profondeur racinaire de 55,56%.

De nombreuses études se sont portées sur le contrôle génétique de l'angle racinaire des graminées. Dans le cas de l'orge (*Hordeum vulgare* L), Jia et al (2010) ont pu obtenir une H^2 de 84,9% pour des plantes poussant dans un rhizotron avec un substrat de Klamann tandis que Robinson et al (2016) ont estimé une héritabilité de 64% pour d'autres lignées d'orge. Ces études démontrent que l'héritabilité de l'angle racinaire est un paramètre qui dépend des

conditions expérimentales Ainsi, pour des lignées pures et hybrides de sorgho croissant à différentes températures en serre (23 et 28°C), des valeurs respectives de H^2 ont été estimées à 29,3 et 46,6% (Singh et al., 2012). Utilisant la même méthode, Mace et al. (2012) ont mesuré une héritabilité de 73% pour d'autres lignées de sorgho.

Ces différences d'héritabilité ont aussi été observées pour les deux espèces de blé. Le H^2 de lignées de blé dur méditerranéen et des lignées de blé tendre australiens atteint la valeur de 87,8 % et 50% respectivement (Sanguinetti et al., 2007 ; Masnchadi et al., 2007) alors que ces deux expériences ont suivi le même protocole développé par Bengough et al (2004).

A ce stade il semble important de souligner que l'héritabilité n'est pas une valeur fixe. La valeur de H^2 dépend énormément des conditions environnementales et des populations étudiées. En effet pour des mêmes génotypes, différentes méthodes de mesures de l'angle racinaire peuvent donner deux valeurs d'héritabilité différentes (Richard & al, 2015).

ii. Notion d'hétérosis

La sélection et l'amélioration végétale peuvent parfois nous amener à concevoir des variétés hybrides affichent un effet d'hétérosis. C'est-à-dire une amélioration de la « vigueur » et des caractères quantitatifs suite à une hybridation. S'il y a hétérosis, alors pour deux parents génétiquement distincts, la moyenne parentale de la valeur d'un caractère donné sera inférieure à la valeur moyenne de la descendance hybride pour ce caractère. L'hétérosis est donc le paramètre qui correspond à la différence entre la moyenne de la descendance et la moyenne parentale. Dans ce cas-là on parle d'hétérosis aux « parents moyens ». Cependant, on peut aussi mesurer la vigueur hybride non plus par rapport à la moyenne parentale mais à la valeur du parent le plus performant. En calculant la différence entre les valeurs moyennes de celui-ci et celles de la descendance, on parlera d'hétérosis au « meilleur parent ». Ce paramètre essentiel lorsque que l'on développe des lignées hybrides est toutefois à relativiser aux conditions environnementales. En effet, son calcul repose sur la nécessité de phénotyper un caractère quantitatif. Or, l'environnement peut grandement impacter les valeurs prises par ce caractère.

Cet effet d'hétérosis est très utilisé en agronomie pour améliorer le rendement, que ce soit pour la taille des épis de maïs (Hu et al, 2017), le rendement des grains de blé (Akel et al, 2018) ou le rendement du riz par exemple (Joshi, 2001).

Dans le cas de l'architecture racinaire, de nombreux effets d'hétérosis ont déjà été étudiés notamment pour le maïs pour lequel, l'effet a pu être observé sur la croissance racinaire, quelques jours seulement après la germination sur papier filtre (humidité de 60% à 26°, photopériode de 16h de lumière) (Höcker et al, 2006).

Une meilleure vigueur hybride a été aussi observée pour l'angle racinaire. En champ à faible teneur azotée, des lignées hybrides de maïs et leurs parents ont été cultivées et récoltées après floraison. En mesurant l'angle racinaire, Hauck et al. (2015) ont observé un effet d'hétérosis, les hybrides présentant en moyenne un angle racinaire supérieur.

L'héritabilité nous permet donc d'évaluer le potentiel de sélection pour un caractère, le pourcentage de VA et VG dans la variabilité phénotypique, tandis que la mesure de l'hétérosis nous informe sur l'amélioration éventuelle d'un caractère par l'hybridation.

iii. Démarche d'une cartographie QTL

Les concepts d'héritabilité et d'hétérosis ont été mentionnés ci-dessus. Néanmoins, il est tout aussi important de pouvoir détecter les régions du génome qui vont contrôler les valeurs additives et génotypiques. C'est pourquoi il faut se familiariser avec la notion de QTL (Quantitative Traits Locus).

Le RGA et l'architecture racinaire au sens large, sont des caractères quantitatifs, c'est-à-dire qu'ils présentent une distribution continue. L'expression de ces caractères peut être contrôlée par un ou plusieurs gènes se situant sur des zones précises du génome nommée locus. Dans le cas d'un caractère quantitatif, on parlera de QTL. Étant donné qu'un grand nombre de gènes peuvent déterminer l'architecture racinaire, il existe probablement de nombreux QTL à identifier qui n'expliquent chacun qu'une partie de la variabilité génétique

du RSA. C'est en cartographiant du mieux possible les QTL que l'on pourra diriger au mieux la sélection (de Dorlodot et al, 2007).

Il existe plusieurs méthodes pour localiser les QTL. Les plus connues sont le « Single marker analysis », l'« Interval mapping » et la « GWAS » (Genome-Wide Association Study, étude d'association) (Buckler, 2002 ; Draye & Baret, 2013).

Bien que pas exactement semblables, ces méthodes d'identification reposent toujours sur la même démarche de base. Celle dernière repose sur la combinaison d'outils statistiques utilisant les données génétiques représentées par des marqueurs¹ et des données quantitatives mesurées par le phénotypage d'une population donnée (Figure 6) (Draye et Baret, 2013).

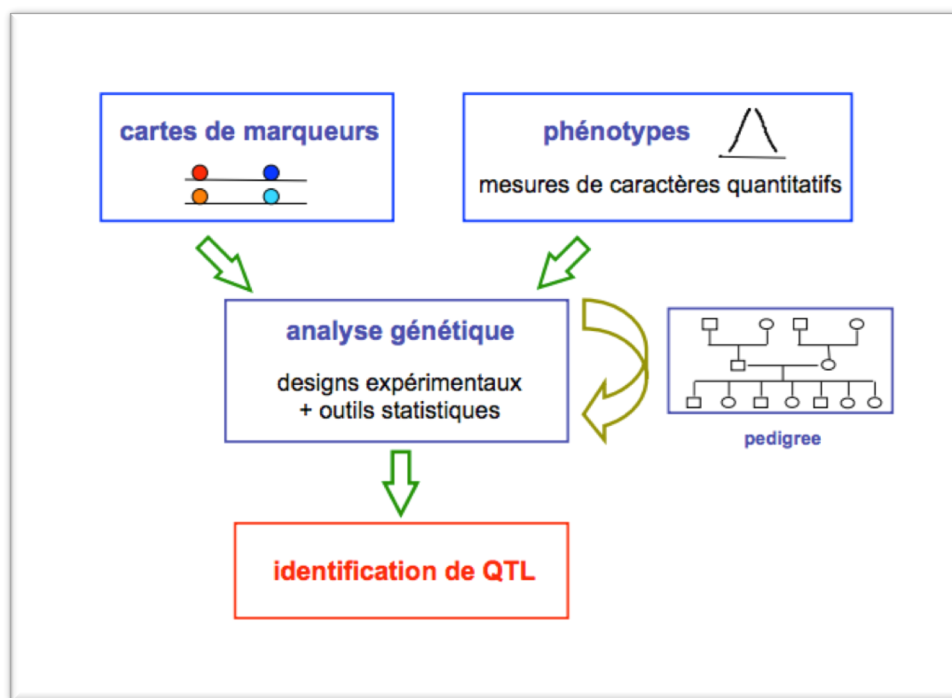


Figure 6 Principe d'une démarche d'analyse QTL (Draye et Baret, 2013)

¹ Un marqueur est élément génétique polymorphe, neutre et co-dominant dont on connaît la position sur le génome et dont on peut aisément déterminer la forme allélique fil des croisements (Prat et al, 2006)

L'étude d'association sera développée ici plus en détails. Cette méthode reposant sur le concept de déséquilibre de liaison nous permet d'inférer la position des QTL pour un panel d'individus dont on ne connaît pas les liens de parenté et ce avec une haute résolution.

I. Déséquilibre de liaison

Le « Linkage Disequilibrium » (LD) est « l'association non-aléatoire d'allèles à différents loci » (Flint-Garcia et al, 2003). Autrement dit, des allèles en LD auront tendance à co-ségréger ensemble plus souvent (Figure 7). La présence d'un LD est la conséquence d'une sélection, d'un croisement ou d'une mutation récente. En effet, une large population sans mutation, migration ni sélection sera en équilibre de liaison (Tuberosa et al, 2008).

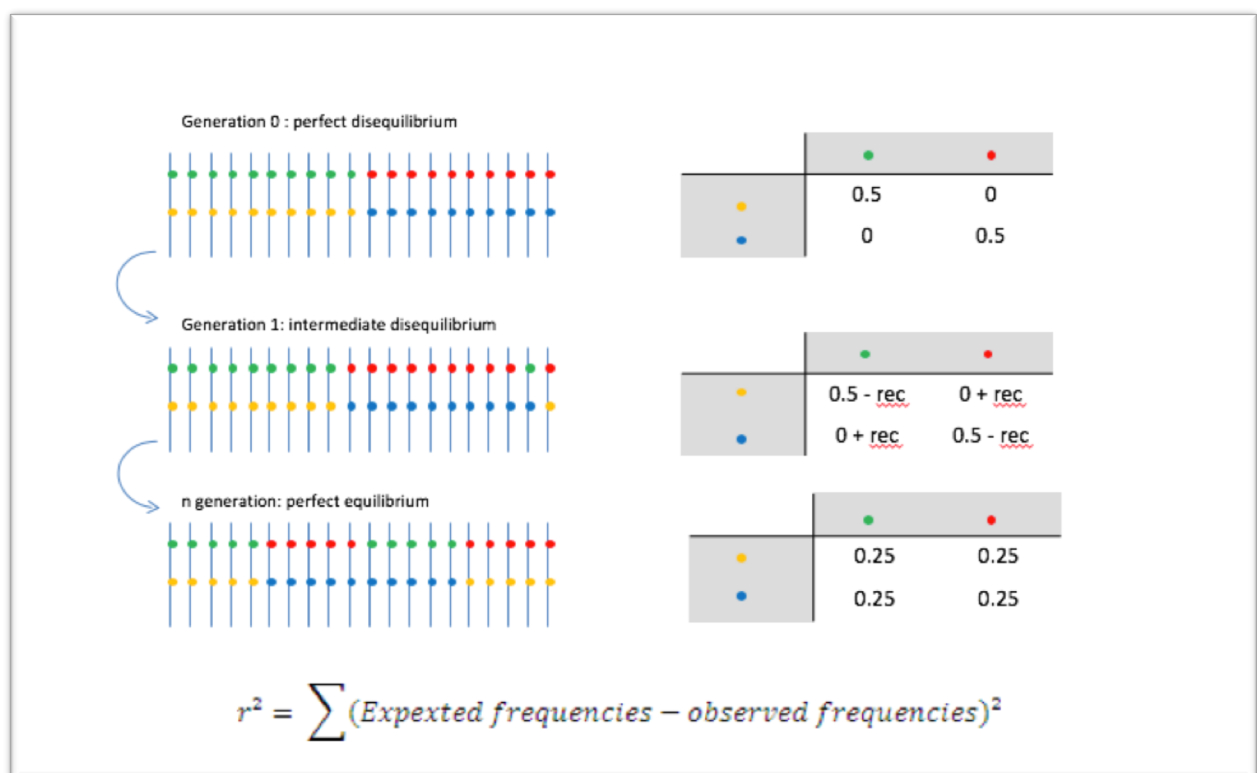


Figure 7 Conceptualisation du linkage disequilibrium (Raulier)

L'estimation du LD se calcule comme suit :

Soit deux loci biallèles A (A-a) et B (B-b) avec pour fréquences géniques π_A , π_a , π_B et π_b . Les fréquences des haplotypes seront donc π_{AB} , π_{Ab} , π_{aB} et π_{ab} . On peut alors définir D_{AB} , le déséquilibre de liaison par la différence entre les fréquences attendues et observées et par la relation :

$$D_{ab} = \pi_{AB} - (\pi_A * \pi_B)$$

Le coefficient de corrélation entre deux locus, en absence de structuration de la diversité, estimant la proximité entre deux locus détectés par association est donné par :

$$r^2 = (D_{ab})^2 / (\pi_A * \pi_a * \pi_B * \pi_b) \text{ (Flint-Garcia et al., 2003).}$$

Graphiquement, r^2 se représente en fonction de la distance entre les loci. Il est inversement proportionnel à la distance inter-locus (Figure 8).

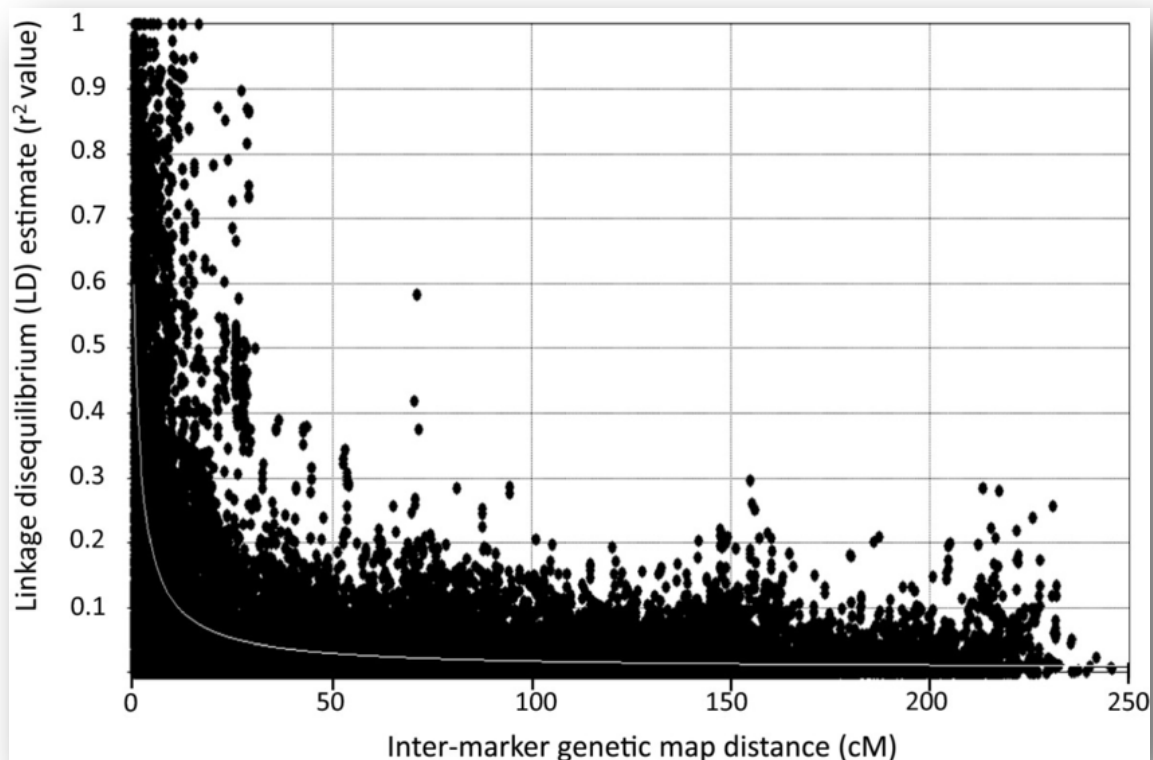


Figure 8 LD intrachromosomique pour un panel de blé durs méditerranéens (Maccaferri, 2014)

Ce lien entre le LD et la distance entre les loci dépend du taux de recombinaisons dans la population. Plus il y aura de recombinaisons, plus vite le LD décroît avec la distance (Tuberosa, 2008). Or, un LD qui diminue rapidement nécessitera une densité de marqueurs plus importante pour fournir une étude d'association avec une meilleure résolution. Et inversement, pour un LD qui diminue lentement, nous aurons besoin d'une plus faible densité de marqueurs et donc une résolution plus faible.

II. Étude d'association

Le Genome-wide association study (GWAS) permet de localiser des QTL. Ici, les marqueurs, de par leur nombre (entre 5000 et 10^6) sont localisés sur tout le génome. Il n'y a pas d'a priori sur les relations gènes-phénotypes. L'étude GWAS se base sur deux principes (Rafalski, 2010).

- Au moins un locus détermine le caractère quantitatif.
- Au moins un locus est en déséquilibre de liaison avec le locus qui détermine le caractère quantitatif.

Le GWAS autorise une analyse poly-caractère, une résolution très haute à condition d'un faible LD, un nombre élevé d'allèles par locus et le tout en un temps limité (Yu et Buckler, 2006).

Cependant, cette méthode présente un désavantage dû à la présence de structure de population. Cette limitation peut engendrer la détection de faux-positifs appelés QTL artéfactuels.

III. Structure de population

La structure de population est la conséquence de la présence au sein d'un panel de diversité de groupes d'individus avec des fréquences alléliques différentes sur la plupart des loci. C'est un signe que ces individus en question ont une histoire différente du reste du panel.

La structure de la population peut entraîner des différences significatives sur les fréquences d'allèles entre les sous-populations. Cela peut créer un LD inattendu entre des loci non liés du

génomique (Ersoz et al., 2009). Pour remédier à ce problème, il est indispensable d'estimer la structure de population à l'aide des outils statistiques. Dans le cas contraire, la sous-population aux fréquences alléliques différentes risque de provoquer une association « factice » entre un marqueur et un caractère phénotypique alors que ce marqueur n'est pas physiquement lié au locus qui détermine le caractère (Pritchard and Rosenberg, 1999).

IV. Procédure

Pour résumer, une identification d'un ou plusieurs QTL pour un caractère quantitatif par une étude d'association se fait selon 5 étapes (Kushawa et al, 2017).

1. Constituer un panel de diversité.
2. Phénotyper de façon la plus précise possible le caractère quantitatif que l'on souhaite étudier.
3. Génotypage de l'échantillon pour analyser la structure de population.
4. Estimation de la structure de population et du kinship.
5. Estimation du Linkage Disequilibrium.
6. Application du modèle statistique pour le GWAS.

iv. QTL connus pour le RGA du blé

Nous pouvons recenser une partie des QTL connus impliqués dans la variation du RGA.

Le RGA étant entre autres influencé par le gravitropisme et l'hydrotropisme, des QTL ont été identifiés pour ces deux paramètres (Hamada et al, 2012.). Une analyse QTL sur un panel de 194 génotypes asiatiques a révélé la présence de deux QTL sur les chromosomes 1B et 5D qui influencent le gravitropisme. Deux autres QTL en lien avec l'hydrotropisme ont été identifiés sur les chromosomes non homologues 1A et 2B. Il en résulte de cette étude, que le gravitropisme et l'hydrotropisme sont contrôlés par des facteurs génétiques indépendants (Hamada et al, 2012).

Le potentiel de sélection pour l'angle racinaire pour une meilleure résistance au déficit hydrique a été prouvé lors d'une analyse sur un panel de blé tendre australien. Six QTL du RGA ont été identifiés, ceux-ci ségrégant avec les variétés les plus adaptées aux conditions de sécheresse (Christopher et al, 2012)

Une étude de Maccaferri et al (2016) sur des variétés méditerranéennes (panel généré par Produttori Bologna) de blé dur a répertorié 30 QTL influençant le RGA pour deux populations biparentales : Colosseo x Lloyd (Co x Ld) et Meridiano x Claudio (Mr x Cl). Parmi ces 30 QTL, 6 s'avèrent indépendants du reste de la RSA. Des études approfondies sur ces derniers permettront d'optimiser la sélection du RGA sans affecter les autres caractères de la RSA. Trois autres QTL de l'étude ont révélé un effet additif de 10° sur le RGA (QRga.ubo-6A et QRga.ubo-2B pour Co x Ld et QRga.ubo-4B pour Mr x Cl). L'un d'eux, QRga.ubo-6A.2, est aussi présent pour tous les individus du panel de diversité dont provient les populations de l'étude. Neuf autres QTL sont corrélés avec d'autres paramètres quantitatifs comme le rendement du grain et le poids aux mille grains. Trois de ces 9 QTL (QRa-7B, QRa-6A.1 et QRa-7A.4) ont l'avantage d'être aussi présents lors d'essais multi-environnementaux ce qui fait d'eux des candidats idéaux pour le clonage et la sélection assistée par marqueurs.

Évidemment, ce sont des exemples non-exhaustifs, il existe dans la littérature de nombreuses études sur l'analyse QTL de l'architecture racinaire du blé et plus spécifiquement le RGA. Il est aussi important de savoir que la détection d'un QTL dépend énormément des conditions expérimentales et des populations analysées. Une cartographie des QTL qui contrôlent le RSA des variétés de SolACE permettra une sélection assistée par marqueur en vue de définir un idéotype.

7. Méthodes de phénotypage du système racinaire

Une cartographie QTL repose sur des données génotypiques et des données phénotypiques, c'est-à-dire une analyse et une quantification précise des caractères étudiés. La localisation des loci nécessitant un grand nombre d'individus, un phénotypage à haut-débit est nécessaire. Or avoir un accès facile aux racines est assez complexe puisque celles-ci se développent en sous-sol. Cette contrainte limite le nombre de techniques de phénotypage

possibles. Néanmoins, il existe un certain nombre d'alternatives pour pouvoir étudier les parties racinaires.

i. Hors-sol

Une première alternative est de réaliser des méthodes hors-sols qui présentent deux avantages :

- Elles sont non-destructives et permettent une observation directe.
- Réalisées en laboratoires, le facteur environnemental est plus facilement contrôlable. On peut ainsi travailler avec un environnement le plus neutre possible indépendamment des aléas climatiques.

Cependant, les méthodes hors-sols possèdent une limite majeure : le temps. Après une vingtaine de jours, il est difficile de maintenir en vie les individus, l'espace du labo devenant limitant pour les racines.

La suite de cette section détaillera quatre méthodes de phénotypage hors-sol couramment utilisées dans la littérature : le rhizoslide, le gel chamber, le rhizotron et la plateforme aéropnique. Cette liste est non-exhaustive et il existe de nombreux autres dispositifs.

I. Rhizoslides

Une première solution trouvée pour accéder facilement au système racinaire est le rhizoslide. Cela consiste en une plaque de plexiglass entourée de part et d'autre de papiers filtre eux-mêmes encadrés par une plaque transparente. L'eau et les nutriments seront convoyés par le papier filtre ou par un canal en PVC (Figure 9 section A). La graine sera déposée sur le sommet de la plaque de plexiglass. Les racines embryonnaires se développeront entre le papier filtre et le plexiglass, tandis que les racines nodales se développeront entre la plaque transparente et le plexiglass (Le Marié et al, 2014) (Figure 9, section B, C, D). Il existe une variante à cette méthode où la graine est fixée à un papier-filtre lui-même collé une plaque de plexiglass de sorte que les racines poussent dans le même plan que le papier (Cané et al, 2014).

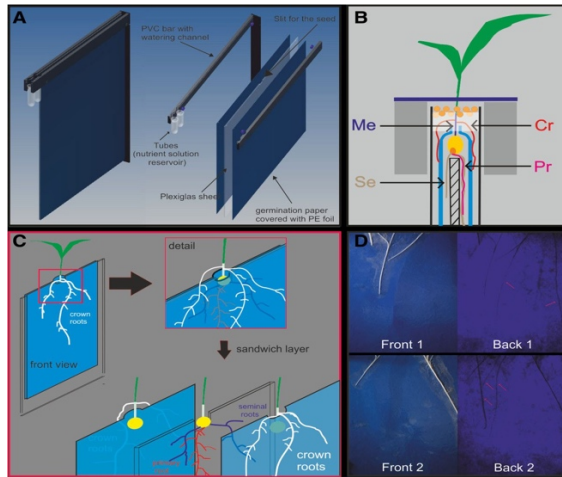


Figure 9 Schéma d'un rhizoslide (Le Marié, 2014)

II. Gel chamber

Cette technique de phénotypage repose sur la confection d'une chambre de germination. Cette chambre est constituée d'une plaque de pvc et d'une plaque transparente séparées de 6mm par des bandes de plexiglass qui entourent toutes les plaques. Trois espaces ouverts sur le haut permettent la circulation de l'air et l'élongation des tiges. La plaque de pvc est recouverte d'un gel d'agar sur lequel pousseront les racines de sorte que le gel « imite » la texture d'un sol humide. Au préalable, les graines sont désinfectées et germées sur papier filtre pendant trois jours avant d'être transférées sur le gel. Ainsi chaque chambre dispose de trois graines séparées de 5cm et se développant dans un milieu homogène (Figure 10). Les chambres sont maintenues à l'obscurité et la température ainsi que la durée de l'exposition dépendront du contexte de l'expérience (Bengough et al, 2004)

Bien que les rhizoslides et les gel chamber possèdent l'avantage de proposer un environnement homogène pour les graines qui s'y développent, leur utilisation peut devenir fastidieuses à partir du moment où on veut observer l'architecture racinaire pour un même génotype mais dans un milieu hétérogène. De plus, ces méthodes rendent laborieux un phénotypage à haut-débit, pourtant essentiel en génétique quantitative.

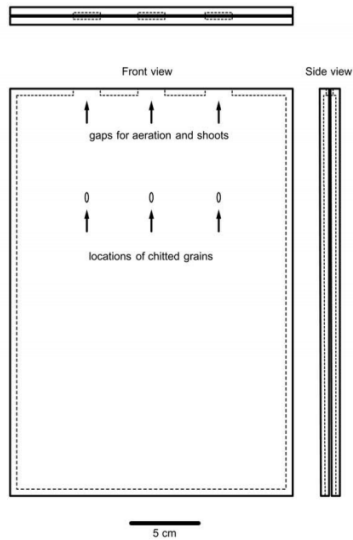


Figure 10 Schéma d'un gel chamber (Bengough et al, 2004)

III. Rhizotrons

Pour permettre le phénotypage à haut-débit en conditions hétérogènes, les rhizotrons sont idéaux. Ce dispositif est constitué de deux lames en verres au sein desquelles se trouvent un substrat (ici terre) et des plantes. De cette façon nous pouvons suivre en temps réel le développement racinaire (Figure 11).



Figure 11 Exemple d'un rhizotron (Institut für Bio- und Geowissenschaften/Pflanzenwissenschaften (IBG-2), 2013)

Le rhizotron a l'avantage de proposer une grande flexibilité pour la composition du substrat (Le Crenn, 2017). Nous pouvons par exemple, faire varier la quantité de sable entre plusieurs

rhizotrons, appliquer un stress biotique ou abiotique, etc. Nous pouvons également subdiviser le rhizotron en plusieurs compartiments et faire varier le substrat en fonction de ces subdivisions (Sartoni et al, 2015). Dans certains cas, le dispositif peut aussi être cylindrique (Figure 12).

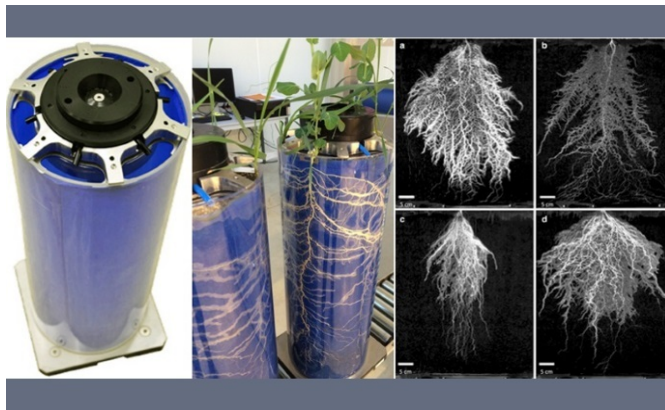


Figure 12 Rhizotron cylindrique (Rhizotubes). A gauche, un rhizotube vide. Au centre deux rhizotrons avec la plante et le substrat. A droite résultat du screening du rhizotron (Le Crenn, 2018).

Pour le phénotypage à haut-débit, les rhizotrons peuvent être connectés à des systèmes qui vont automatiser l'alimentation en eau et en nutriments et la capture photographique. (Figure 13)



Figure 13 Dispositif automatisé pour le screening des rhizotrons (mk technology group, 2018)

IV. Plateforme aéronique

Cependant, il y a des cas où l'on souhaite caractériser un grand nombre de système racinaires en diminuant au maximum l'influence d'un substrat tout en ayant un accès transparent au système racinaire. Pour ce faire, il existe la méthode de la plateforme aéronique.

En aéronie, les différents cultivars poussent sans substrat au sein d'une plateforme située dans des serres. Des brumisateurs, répartis dans le fond de la plateforme, alimentent les plantes en solution nutritive à intervalles réguliers. Les graines sont placées sur un support mobile robotisé qui va parcourir la plateforme. De cette façon, à chaque fois qu'une plante arrive à l'extrémité du bac, une caméra prend son système racinaire en photo. Un génotype sera ainsi photographié toutes les 2h, pendant trois semaines (Figure 14).

L'extraction des données sera réalisée grâce au logiciel de traitement d'image Aeroscan. Cette technique permet un phénotypage complet de l'architecture racinaire pour un grand nombres d'individus (500) (Draye et al, 2017).

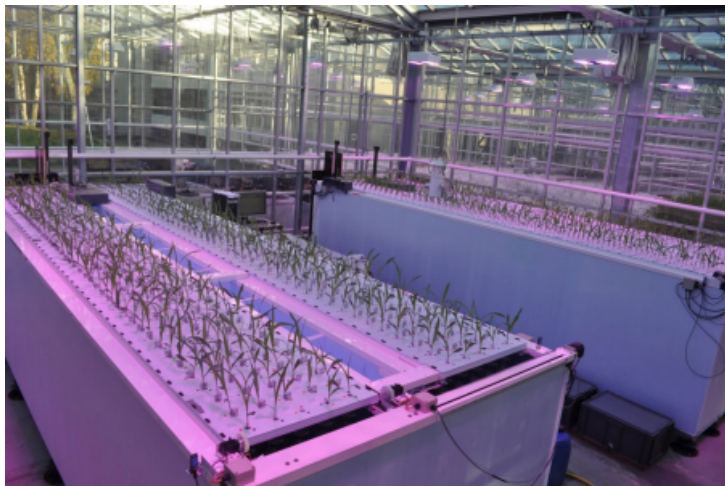


Figure 14 Plateforme aéronique RootPhAir située à Louvain-la-Neuve (Draye et al, 2017))

ii. En sol

A partir du moment où l'on veut étudier le système racinaire et les performances d'un cultivar en champs on appliquera le shovelomics. Cette méthode est assez simple, elle repose sur l'extraction de la plante cultivée en champs. Une fois déterrée, elle pourra être soumise à une série de mesures. Cette méthode bon marché présente néanmoins trois désavantages.

- Une parcelle assez grande est nécessaire pour accueillir le dispositif expérimental.
- La récolte et le lavage des racines sont des processus laborieux et limitants.
- A l'inverse des rhizotrons automatisés ou de la plateforme aéroponique, chaque système racinaire devra être caractérisé manuellement.

Ces trois contraintes limitent donc le nombre d'individus pouvant être mis à l'essai.

V. Matériels et méthodes

Afin de mesurer les angles entre les racines séminales ainsi que la croissance racinaire, une variante de la méthode des rhizoslides sera utilisée comme méthode de phénotypage. Les données récoltées pour l'angle et la croissance racinaire seront intégrées dans des modèles statistiques afin de mesurer l'héritabilité au sens large de ces caractères quantitatifs. De cette façon on pourra estimer la part due à la variation génétique dans la variation totale pour notre population aux conditions de nos expériences.

Le protocole utilisé aura la particularité d'une part de permettre un phénotypage haut débit en milieu non-homogène. De cette façon l'influence génétique ainsi que l'influence de la hauteur de la colonne d'eau sur l'angle racinaire pourront être estimés.

D'autre part ce protocole permet aussi l'analyse de la variabilité génétique de la croissance racinaire. L'éventuelle corrélation entre l'angle et la croissance racinaire pourra être établie.

La première partie de ce chapitre présentera le panel de diversité et le matériel génétique utilisé pour l'expérience. Ensuite le protocole expérimental ainsi que le design de la manipulation seront expliqués. La suite exposera les logiciels et outils statistiques utilisés pour analyser les images, traiter les données et estimer la variabilité génétique.

1. Matériel génétique

Dans le cadre de ce mémoire, 495 génotypes ont été analysés. En réalité, nous pouvons les diviser en 10 groupes différentes (Tableau 2).

Tableau 4 Panels de SolACE utilisés pour l'expérience

Panel	Espèce	Nombre	Catégorie
BreedWheat	Blé tendre	200	1
CHECK	Blé tendre	5	1
Local	Blé tendre	3	3
Parents	Blé tendre	13	3
Hybrids	Blé tendre	10	3
GPDUR	Blé dur	48	2
CREA	Blé dur	69	2
UNIBO	Blé dur	76	2
EPO	Blé dur	58	3
T2.1	Blé dur	13	2
	TOTAL	495	

Pour nos expériences, nous avons dispatché ces panels en trois catégories : blé tendre, blé dur, EPO/hybrides. Toutes nos analyses, résultats et discussion seront réalisés pour chacune des catégories.

i. Blé tendre

- **BreedWheat** : Pour composer ce panel, des chercheurs de l'INRA ont construit un échantillon de 4600 variétés originaires de France pour 15%, 36% d'Europe, 12% d'Amérique du Nord, 22% d'Asie et 15% du reste du monde, soit l'Afrique, l'Amérique du Sud et l'Océanie. 17% de ces blés sont des blés anciens de « pays » adaptés à leur environnement et qui n'ont pas subi de sélection spécifique. 73% sont des blés résultant d'une sélection moderne tandis que 10% sont d'origines indéterminées. Dans ce large échantillon, 450 variétés de blé d'hiver ont été sélectionnées avec pour objectif de représenter la diversité mondiale tout en étant adaptées aux conditions de

cultures européennes. Parmi elles, 200 génotypes ont été retenus pour le projet SolACE (Le Gouis, communication personnelle).

- **CHECK** : Ce sont 5 variétés de blé tendre utilisées dans les essais au champ de SolACE.

ii. Blé dur

- **GPDUR** : Les variétés de blé dur présentes dans le panel SolACE sont des cultivars anciens et modernes, pour la majorité inscrits et donc cultivés à un moment donné, sélectionnés parmi des panels de diverses origines (Amérique Sud et Nord, Europe de l'Ouest et Est, Afrique, Australie). Ce choix, basé sur des analyses agronomiques et génotypiques, a été fait pour maximiser la diversité génétique, minimiser la structure de population, et maintenir la pertinence dans les programmes de sélection (Hourcade, communication personnelle).
- **UNIBO** : Pour construire ce panel, des blés durs prometteurs de pays méditerranéens ont été regroupés avec des variétés plus modernes ayant suivi une sélection entre 1973 et 2000. Ces cultivars forment le panel DURUM I. A partir des DURUM I on sélectionne les meilleures variétés auxquelles on ajoute d'autres blés durs italiens et français adaptés aux conditions méditerranéennes développés par CREA-Universita di Foggia et des sociétés privées pour former le panel DURUM II. C'est à partir de DURUM II que 76 cultivars ont été choisis pour SolACE (Maccaferri, communication personnelle).
- **CREA** : Lignées de blé dur développées par le Center Research for Agricultural and Economics et l'Universita di Foggia.

iii. Blé dur EPO et Blé tendre hybride

- **EPO** : Pour ce mémoire, 71 génotypes de la population EPO ont été utilisés. La population EPO (Evolutionary Pre-breeding pOpulation) a été créée en 1997. C'est une population à base génétique large obtenue à partir de nombreux croisements entre des variétés modernes de blé dur, des formes plus ancestrales telles que l'amidonniér sauvage (*Triticum dicoccoides*) ou l'amidonniér domestique (*Triticum dicoccum*) et

d'autres sous espèces à grains nus (*Triticum turgidum*, *Triticum polonicum*, *Triticum carthlicum*). Depuis sa création (1997), la population EPO a été maintenue avec un taux de croisement de l'ordre de 15% grâce à la présence d'un gène récessif mâle de stérilité et à une gestion différentielle des semences produites par des plantes mâle stériles ou hermaphrodites. Chaque génération est composée de 70% de grains de plantes hermaphrodites sélectionnées pour leurs performances agronomiques, 20% de la récolte des mâles stériles et 10% des lignées F5-F6 ayant le même fond génétique mais issues de croisement manuels. En 2009, à la 13^{ème} génération de la population, environ 500 épis ont été récoltés dans la populations afin d'obtenir des lignées fixées par autofécondation. L'analyse génétique de ces lignées a montré que leur diversité était bien supérieure à celle du blé dur cultivé et qu'elle était assez proche de celle représentée par les accessions dicoccum et dicoccoides testées (David et al. 2014). Elles représentent donc un panel intéressant pour les analyses génétiques quantitatives. Parmi ces 500 lignées, 186 génotypes sans structure et possédant une variabilité importante pour de nombreux caractères agronomiques ont été sélectionnées pour cette étude (Roumet, communication personnelle).

- **T2.1** : 13 variétés de blé dur ne faisait pas partie officiellement du projet SolACE.
- **HYBRIDS, LOCAL PARENTS** : Lignées hybrides développées par la société Syngenta et leurs parents.

La liste détaillée des génotypes SolACE utilisés pour ce mémoire se trouve en annexe (Annexe 1.1).

2. Protocole expérimental

i. Préparation des plaques de germinations

L'objectif de la manipulation est d'analyser la variabilité génétique de l'angle racinaire avec des conditions hydriques différentes. Pour ce faire, un rhizoslide à une couche a été confectionné. Les graines ont été disposées sur un papier filtre lui-même adhérent à une plaque de PVC (Figure 15).

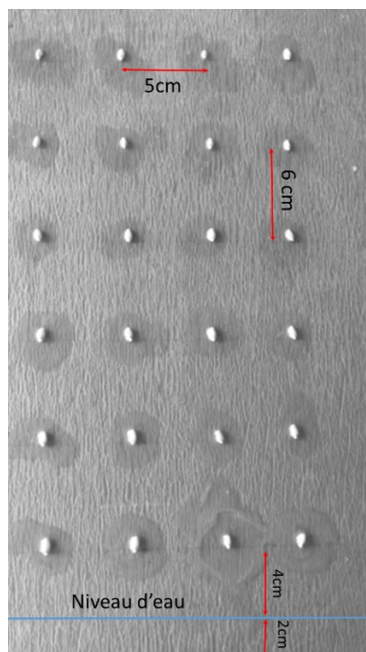


Figure 15 Dispositions des graines sur le rhizoslide

En effet une fois les graines fixées grâce une solution d'agar 2%, la plaque de PVC est plongée dans un bac contenant 5l d'eau déminéralisée de sorte à ce que le niveau de l'eau se situe à 4cm de la base de la graine. Par capillarité l'eau parcourra le papier filtre de bas en haut. De cette façon, une graine à la base de la plaque devrait avoir accès à eau plus facilement disponible. Sur une même ligne se trouvent 5 graines de variétés différentes séparées de 5 cm. Au sein d'une même colonne, les plantules sont du même génotype mais seront exposés à des niveaux d'humidité différents.

Afin d'éviter les contaminations, les graines ont toutes subies un bain d'eau de javel 5% pendant 30 min suivi de deux rinçages successifs dans deux solutions d'eau déminéralisées durant 15 min. Un environnement stérile étant essentiel à la bonne conduite de l'expérience, toutes ces opérations se font sous une hotte à flux laminaire.

Une fois les 30 graines fixées sur la plaque, celle-ci est déposée avec une légère inclinaison dans le bac contenant l'eau. Lorsque toutes les plaques sont plongées dans le bac, celui-ci est stocké dans une pièce du laboratoire maintenue à température constante (20°) et sous obscurité.

ii. Design

Chaque génotype a été testé deux fois et pour la plupart à deux moments différents. Leurs positions sur les plaques ont été attribuées de façon aléatoire via une manipulation Excel. Le design randomisé a été conçu de sorte qu'une variété ne se retrouve au maximum qu'une seule fois sur les colonnes des extrémités d'une plaque sur les deux répétitions (ainsi la variété ne subit qu'une seule fois un éventuel effet de bords).

Pour éviter les erreurs de positionnement des graines sur les plaques PVC, elles ont d'abord été placées dans des microplaques (48 compartiments, 1 compartiment pour 6 graines d'une même variété) suivant le design (Figure 16). De cette façon, il suffisait, de plonger les boîtes dans de petits bacs contenant la solution d'eau de javel et l'eau déminéralisée pour la désinfection des graines en batch. Une fois désinfectées, les graines sont collées sur le papier filtre humide et stérile sous hotte à flux laminaire. La plaque est alors plongée dans le bac et la germination peut commencer.



Figure 16 Photo d'une boîte microplaques utilisée pour le design. Chaque colonne (numéro) correspond à un rhizoslides. Dans chaque compartiment sont stockés 6 graines d'un même génotype. La dernière colonne a été laissée vide pour le besoin du design.

Une fois la germination des graines lancée, un jour est nécessaire afin de pouvoir observer les premières racines de manière significative. Une fois ce laps de temps écoulé, une photo de chaque rhizoslides est prise chaque jour pendant trois jours pour suivre le développement des racines. Au-delà de cette période, les racines deviennent trop longues et les racines des plantes voisines se recouvrent. De plus, les graines ont tendances à se décoller de la plaque (Figure 19).

Ce protocole a été quelque peu modifié pour les panels EPO et hybrides. Pour ceux-ci, au lieu de suivre le développement racinaire avec une photo/jour pendant trois jours, la fréquence photographique était de deux photos/jour pendant deux jours (une photo le matin et une photo en soirée). Comme ceci, on compense partiellement les pertes liées à la chute des graines. Il a été décidé de raccourcir la durée de l'expérience mais de réaliser plus de photos pour la troisième expérience. En annexe se trouve le tableau correspondant aux designs randomisés des expériences ainsi qu'à la position de chaque génotype sur chaque plaque (Annexe 1.2). Dans la liste fournie par SolACE, les génotypes étaient nommés selon deux paramètres : un scode et un nom. Pour faciliter le design et l'analyse des données, ce sont les SCODE qui ont été utilisés. Un schéma du design expérimental est en figure 17. La correspondance entre le nom des génotypes et le scode se trouve en annexe (Annexe 1.1).

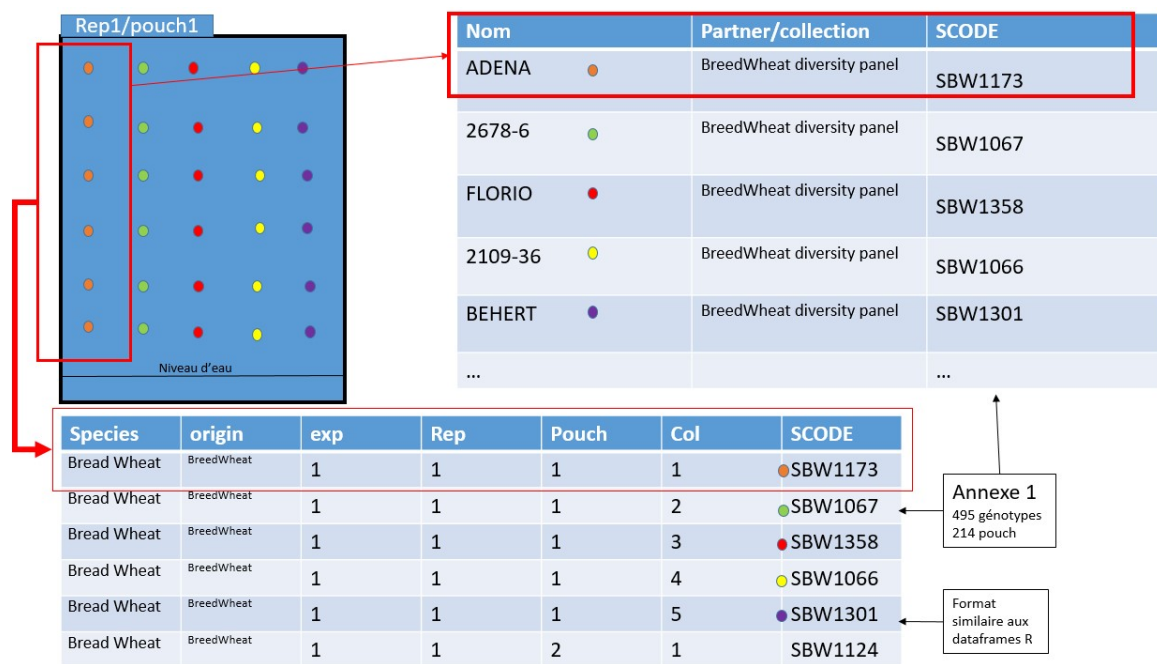


Figure 17 Résumé du design expérimental complet

Le phénotypage des cultivars s'est divisé en trois expériences :

1. Lors de la première manipulation, les 205 premiers génotypes de blé dur et les 200 premiers génotypes de blé tendre ont été mis en germination.
2. La même expérience a été répétée avec les mêmes génotypes mais avec une distribution différente de leurs positions.
3. La dernière expérience a été exclusivement focalisée sur les génotypes EPO, T2.1 et hybrides. Étant moins nombreux, les deux répétitions se sont déroulées en même temps.

La ligne du temps ci-dessous expose la temporalité des 3 expériences (Figure 18). :

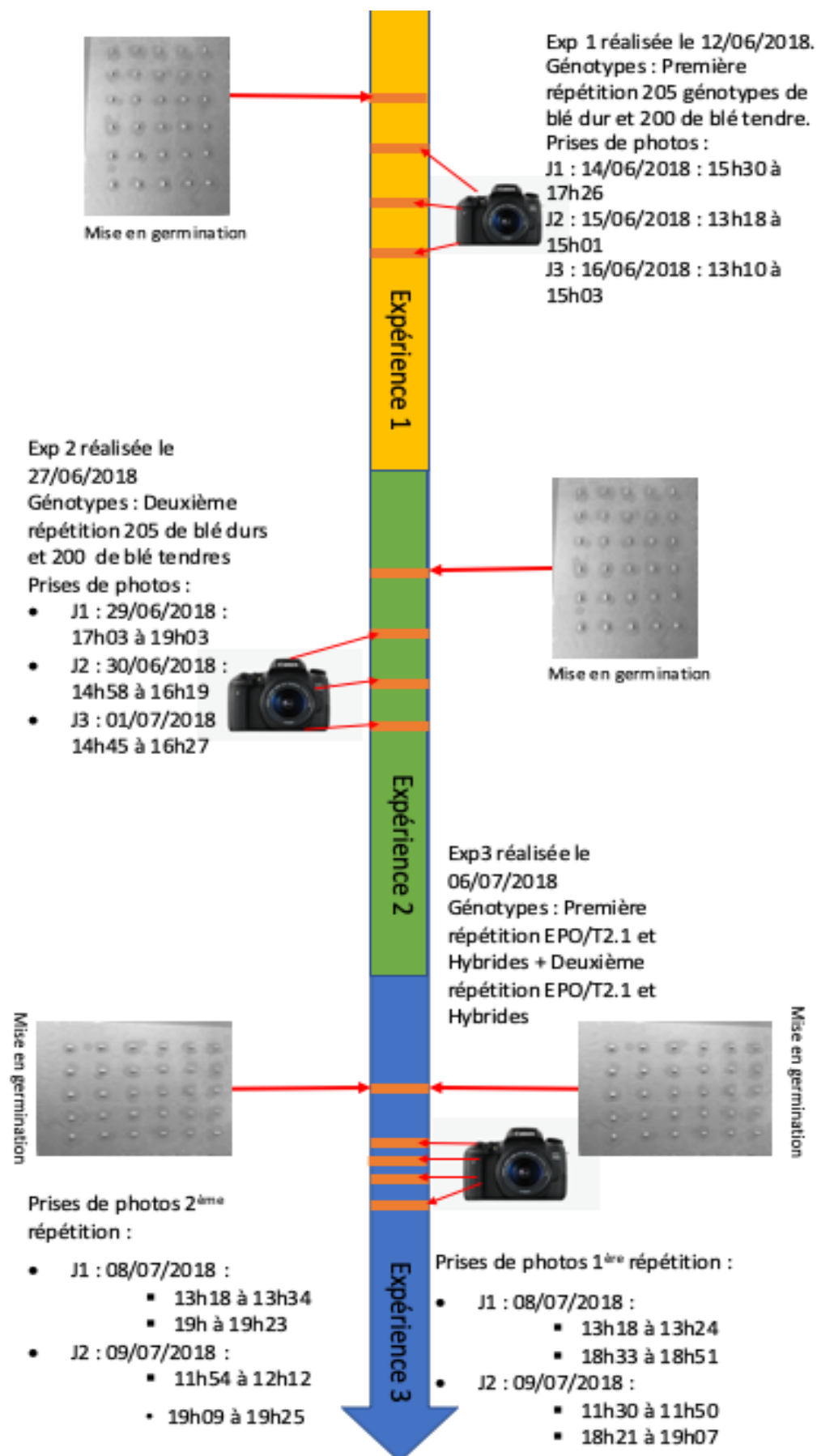


Figure 18 Ligne du temps et métadonnées des expériences et capture des images

3. Traitement des images

i. Tracé sur Smartroot

Tout au long des trois expériences, 682 photos en noir et blanc ont été prises. Comme notre photo est une projection en 2D, nous considérons que les racines poussent dans un plan. En réalité elles poussent légèrement en trois dimensions. Mais nous pouvons raisonnablement estimer que les erreurs liées à la projection 2D sont faibles (Figure 19).



Figure 19 Photo prise de profil d'un rhizoslide. Nous pouvons observer que les racines ne poussent pas tout à fait dans le plan de la plaque

Pour traiter les images, le logiciel ImageJ a été utilisé (Schneider et al, 2012). Il permet toutes sortes de transformations et de mesures via l'ajout de plugins et de macros. En l'occurrence, c'est le plugin SmartRoot qui a été employé (Lobet et al, 2015). Logiciel conçu par l'Université catholique de Louvain), SmartRoot a pour but la caractérisation d'architectures racinaires complexes. Il nous permet de superposer de façon semi-automatique un tracé sur tous types de racines et de photos. Le tracé est constitué d'une succession de nœuds reliés entre eux par des segments de droite. Un ensemble de nœuds peut ainsi former une racine à qui SmartRoot associera un identifiant unique. A chaque nœud correspondra une coordonnée cartésienne. L'ensemble de ces coordonnées ainsi qu'une série de métrique pourront alors être exportées en fichiers csv (fichier texte) et traitées via plusieurs logiciels d'analyse.

SmartRoot fourni des valeurs plusieurs traits racinaires comme :

- Longueur des racines
- Diamètres racinaires
- Direction de croissance racinaire
- Angle d'insertion des racines latérales
- Densité des racines latérales
- Croissance racinaire
- Topologie

Pour chaque plaque nous disposons de trois (pour la première et la deuxième expérience) ou de quatre (pour la troisième expérience) clichés pris à des moments différents. Pour que SmartRoot puisse facilement reconnaître les racines, il a fallu inverser la balance des blancs de nos photos et convertir le format JPEG des clichés au format TIFF. Une macro ImageJ a automatisé cette transformation pour toutes les images de l'expérience. Ensuite pour tracer les racines de façon semi-automatique, nous sommes partis du dernier cliché (dans le temps) de chaque plaque et avons procédé comme suit :

1. Prenons l'exemple d'une plaque de PVC d'une des deux premières expériences. On ouvre la photo du troisième jour d'une plaque. On commence par tracer la racine primaire de la première graine première colonne. Il est important de souligner que SmartRoot numérote automatiquement les racines dans l'ordre du traçage. Ainsi la toute la première racine sera nommée root_0, la suivante root_1, etc.
2. On trace des racines séminales situées à gauche de la racine primaire en partant de la racine primaire.
3. On trace les racines séminales situées à droite de la racine primaire en partant de la racine primaire.
4. Une fois la première graine terminée, on passe à la seconde graine de la colonne en appliquant le même ordre de traçage puis à la troisième et ainsi de suite jusqu'à finir la colonne.
5. On réplique cette méthode pour les colonnes qui suivent, toujours en appliquant le même ordre. Il faut savoir qu'à l'extrémité de chaque racine SmartRoot place une marque dont on peut retrouver les coordonnées.

6. Une fois toutes les racines tracées on sauvegarde le fichier. Un fichier RSML (Root System Markup Language) sera alors créé et associé à l'image correspondante.
7. On ouvre ensuite la photo du deuxième jour de la même plaque. Ensuite on importe le fichier RSML du troisième jour. De cette façon le tracé du J3 se superpose à la photo du jour J2. Il nous suffit alors de placer des marques grâce à l'outil « MARK » aux extrémités de chaque racines (celle-ci étant plus courtes que le tracé du J3). De cette façon les noms et identité de chaque racine sont conservés d'un jour à l'autre. On sauvegarde le fichier RSML.
8. On ouvre enfin le fichier du J1 et on importe le RSML du J3. Comme pour l'étape précédente, on applique des marques via l'outil « MARK » aux extrémités de chaque racine. On sauvegarde le fichier RSML.

Après ces 8 étapes nous disposons de 3 fichiers RSML. Dans le cas de la troisième expérience pour les variétés EPO et hybrides nous aurons 4 fichiers RSML pour une même plaque. Pour les trois expériences, les RSML ont été stockés dans trois « batch » distincts. Et c'est à partir de ceux-ci que l'on peut extraire des fichiers csv, de fichiers textes reprenant toutes informations ainsi que les coordonnées des racines, nœuds et marques.

Pour illustrer le propos, les trois photos de la 27^{ème} plaque de blé tendre de l'expérience du 27/06 sont reprises sur la figure 20. La figure 20.A correspond au jour 1 (29/06), la figure 20.B au jour 2 (30/06) et la figure 20.C au jour3 (01/07).

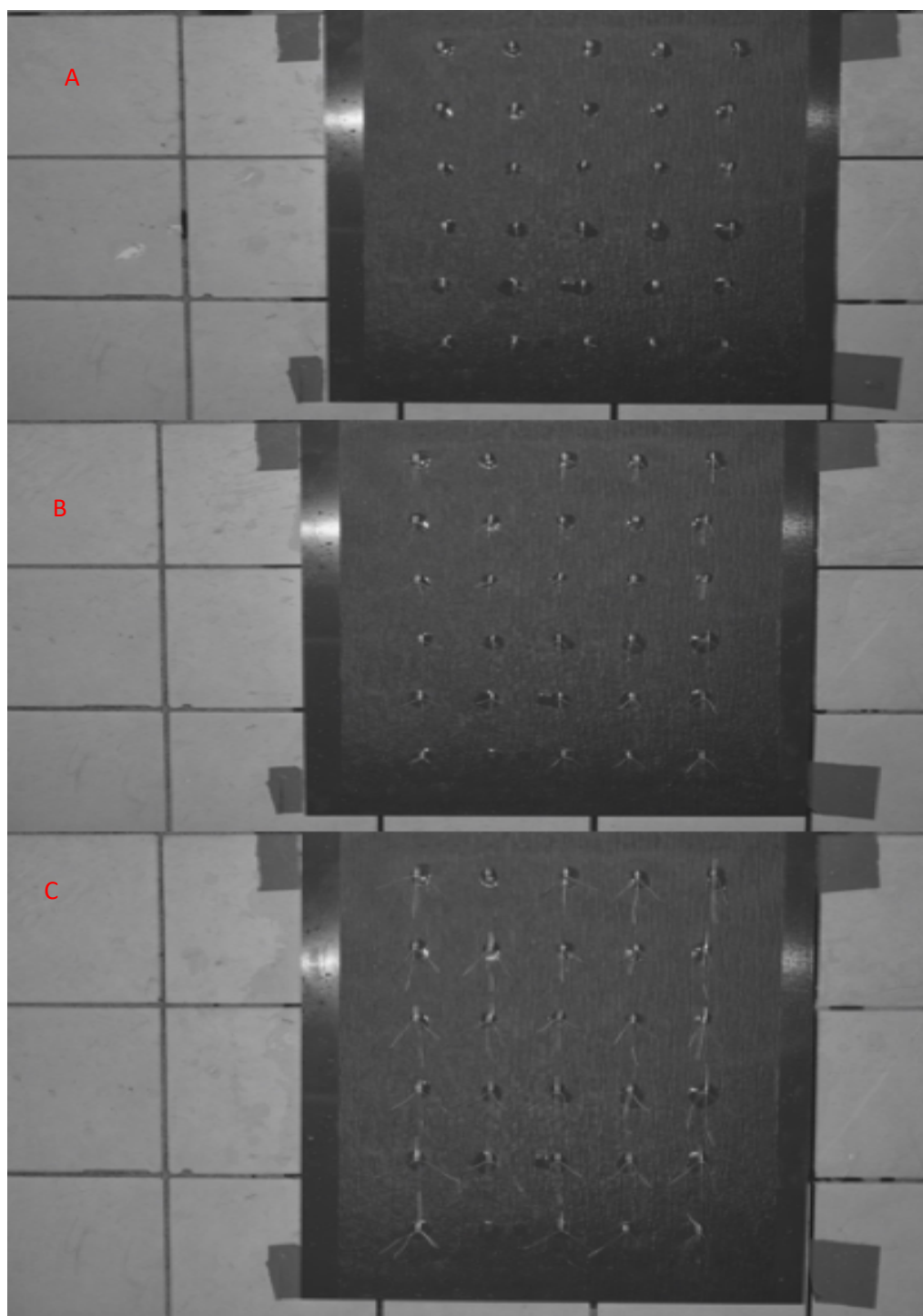


Figure 20 Time serie d'un rhizoslide du premier jour au troisième jour après germination

Les mêmes photos après superposition des fichiers RSML via SmartRoot sont reprises sur la figure 21. La figure 21.A correspond au jour 1, la figure 21.B au jour 2 et la figure 21.C au jour3.

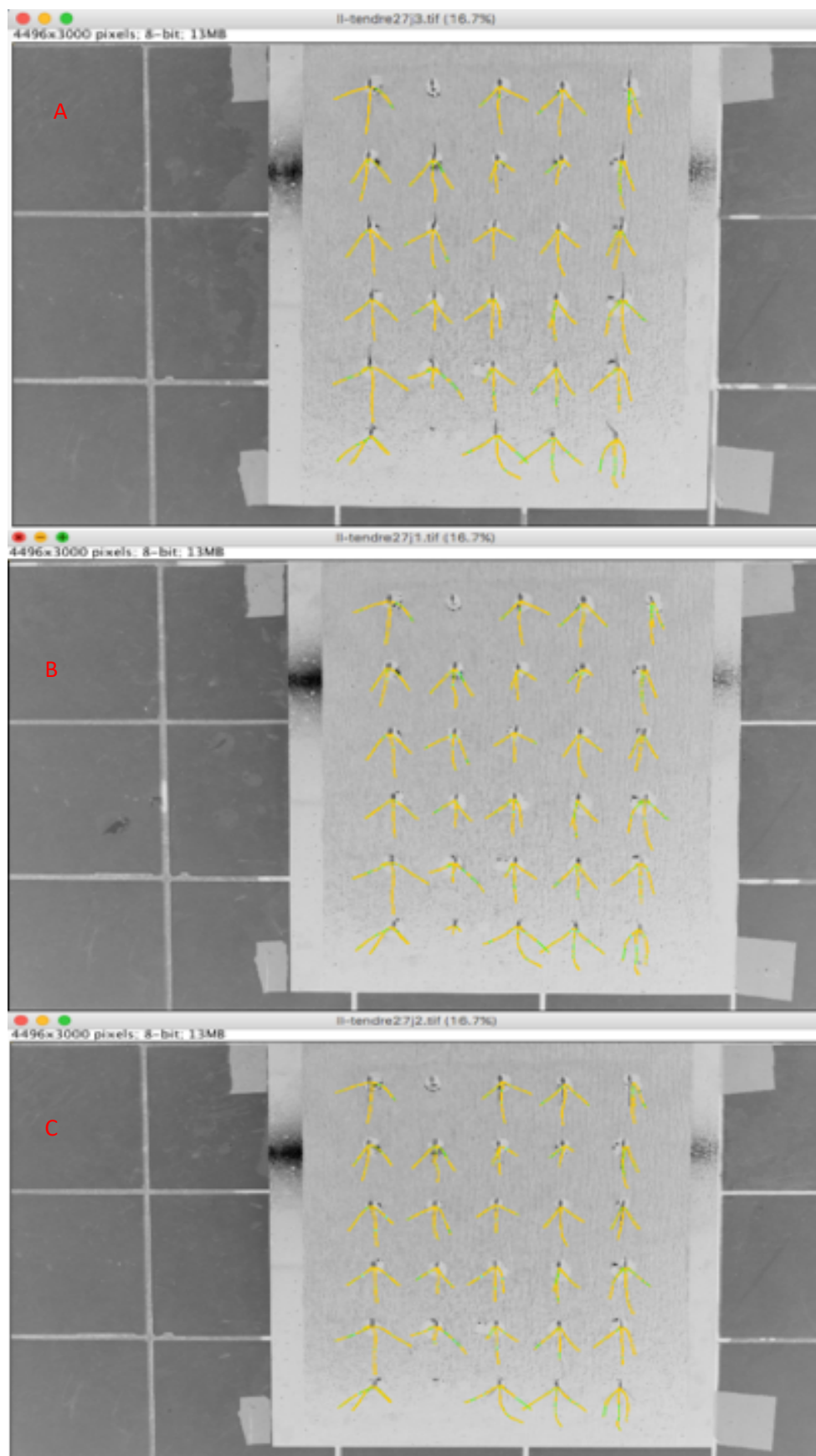


Figure 21 Exemple de superposition d'un tracé Smartroot

Sur les photos de la figure 22, on peut apercevoir les marques (en bleu) correspondant aux extrémités de la racine pour la même graine au J2 et au J1. Le tracé jaune est celui du J3. Sur la deuxième photo seul la marque de la racine primaire est visible étant donné qu'au jour 1, les deux autres racines séminales n'avaient pas encore émergé.



Figure 22 Zoom sur les " marques " utilisées pour l'analyse backward

ii. Format RSML

Comme mentionné précédemment, les informations résultant de l'image processing sont stockées dans des fichiers RSML. Ce format est une variante du standard XML et permet le stockage et l'échange de données liées à l'architecture racinaire (Lobet et al, 2015).

Le format RSML est constitué de deux composantes : les métadonnées (résolution de l'image, séquences temporelles, informations générales de l'image) et la « scène » qui comprend différentes fonctions relatives à la topologie et à la géométrie racinaire (Figure23).

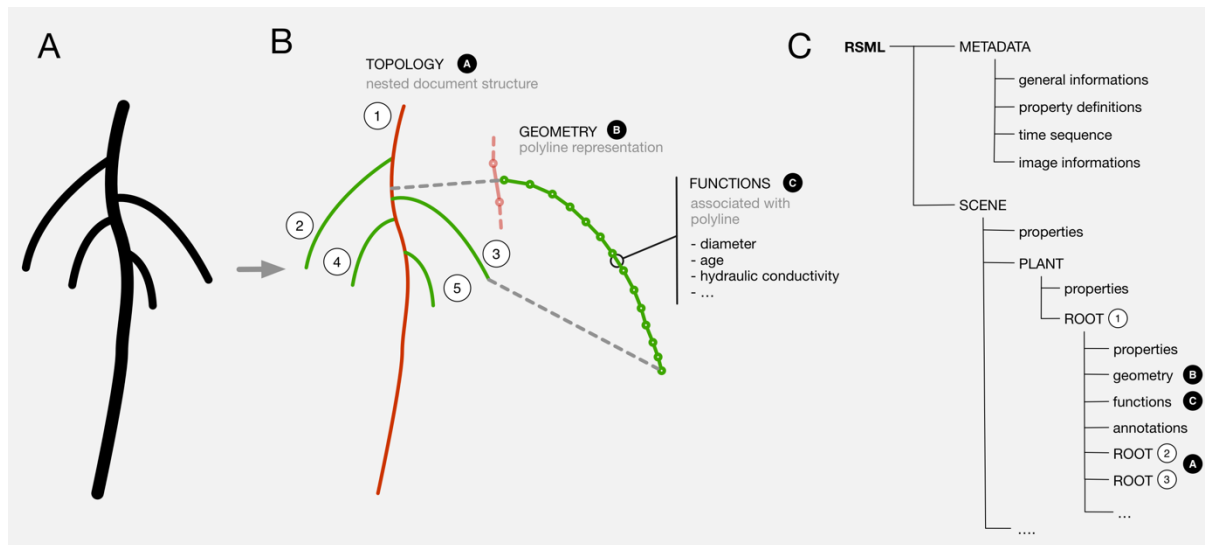


Figure 23 Structure du format RSML (rootsystemml.github)

SmartRoot permet d'exporter les variables élaborées au format CSV grâce à cinq fonctions différentes nous fournissant diverses informations : *Global data*, *Root Nods*, *All marks*, *Root growth & Root density*. Pour extraire les données de SmartRoot nous avons utilisés les trois premières fonctions précitées. *Global data* et *Root Nods* fournissent informations concernant les racines individuelles ainsi que les nœuds. Les fichiers extraits contiendront donc des données telles que la position cartésienne de chaque nœud. *All Marks* nous permet de récupérer les informations liées aux « marques ». A partir de la position de ces marques, on peut connaître la longueur de chaque racine aux différents jours. D'autres paramètres comme le diamètre racinaire et l'angle racinaire peuvent être calculer grâce à All Marks.

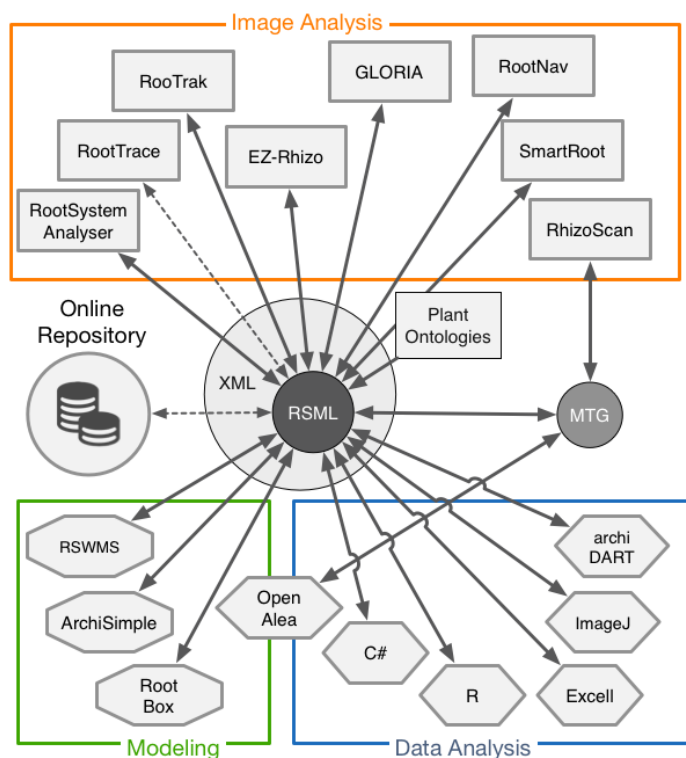


Figure 24 Utilisations du format RSML (from smartroot.github)

Une fois que les trois batchs de données RSML sont à disposition, ceux-ci peuvent être importés et traités par plusieurs logiciels de traitement de données tels que R, SAS, EXCELL, etc... (Figure 24).

4. Analyse statistique des données

i. Traitement des données par R

La suite de l'analyse a été réalisée via le logiciel R. R est langage informatique open source pour le traitement statistique et la création de graphiques (R Core team, 2013).

En utilisant les positions cartésiennes et les séries temporelles de nos images, la position et « l'âge » des graines ainsi que la longueur des racines ont pu être déterminées. On obtient alors une première table reprenant pour chaque racine des trois expériences, leurs métadonnées (numéro de la plaque, jour de l'expérience, nom de l'image), leur identifiant unique noté « root_id », leur longueur et leur orientation en radian.

Une régression linéaire sur les positions (x,y) des nœuds qui constituent le premier cm de chaque racine de chaque graine a été réalisée. A partir des pentes obtenues qui correspondent à la direction de la racine, l'écart maximal entre les angles des deux racines les plus éloignées a été calculé pour déterminer un angle maximum en degré (Tableau 3).

En parallèle, en exportant et traitant les données RSML, un jeu de données contenant les métadonnées individuelles de chaque racine a pu être construit.

Le point commun entre ce jeu de données et le tableau 3 étant le root_id des racines, en fusionnant les tables on peut obtenir une table contenant les informations angulaires et de croissance pour chaque racine. Cette croissance s'exprime en cm/jour et a été calculée en additionnant toutes les longueurs des racines d'une graine et en divisant cette longueur totale par la durée de la manipulations (3 jours ou 2 jours). Dans le tableau ci-dessous sont détaillées les différentes variables qui composent cette table (Tableau 4). C'est à partir des jeux de données des tableaux 3 et 4 que l'analyse statistique a été réalisée.

Il faut souligner que concernant le tableau 4, celui résulte d'une fusion de deux jeux données différentes. Or ces deux jeux de données ne possédaient pas une même logique d'encodage pour les variétés de blés durs, certains pouch² ne correspondaient pas entre les deux. Lors de la fusion, les génotypes présents sur ces pouch ont donc été perdus. C'est pourquoi, le tableau 4 et les analyses qui en découleront ne comprendront que les génotypes de blés tendres.

² Le pouch = le numéro du rhizoslides sur lequel sont disposées les graines. Le tableau 8 résulte de la fusion entre une table contenant les coordonnées de chaque graine et une table contenant les caractéristiques de chaque racine.

Tableau 3 Variables de la table qui contient les métadonnées et la variable angle

Variables de la table	Explication des variables
species	Indique l'espèce de blé de la graine (Bread wheat ou Durum wheat).
origin	Panel auquel appartient la variété (BreedWheat, CREA, GPDUR, EPO, HYBRIDS, UNIBO, LOCAL, T2.1, PARENTS).
exp	Numéro de l'expérience (trois expériences ont été réalisées, exp1, exp2 et exp3)
rep	Numéro de la répétition.
section	La section indique si la graine appartient à une espèce de blé dur (1), dur (2) ou hybride (3).
pouch	Numéro de la plaque où sont disposées les graines (voir design expérimental en annexe).
row	Position, rangée de la graine sur la plaque dans le sens de la longueur (ligne). Il existe six row différentes allant de 1 à 6 en partant. Plus la graine est proche de 1, plus elle est proche de l'eau.
col	Position de la graine dans le sens de la largeur (colonne). Sur une plaque il existe 5 colonnes différentes. Chaque colonne correspondant à un génotype différent.
group	Coordonnées de la graine combinant les informations (row, col). Le groupe 1 étant celui avec les coordonnées (1,1). Le groupe 2 étant ((2,1), ... Avec un maximum de 30 graines/plaque.
angle	Angle racinaire maximal affiché par la graine à laquelle appartient la racine. S'exprime en degré°.

Tableau 4 Variables de la table qui contient les métadonnées, la variable angle, total_length et total_growth

Variables de la table	Explication des variables
species	Indique l'espèce de blé de la graine (Bread wheat ou Durum wheat).
origin	Panel auquel appartient la variété (BreedWheat, EPO, HYBRIDS, LOCAL, T2.1, PARENTS).
exp	Numéro de l'expérience, en tout trois expériences ont été réalisées (exp1, exp2 et exp3).
rep	Numéro de la répétition
section	La section indique si la graine appartient à une espèce de blé dur (1), dur (2) ou hybride (3).
pouch	Numéro de la plaque où sont disposées les graines (voir design expérimental en annexe).
row	Position, rangée de la graine sur la plaque dans le sens de la longueur (ligne) Il existe six row différentes allant de 1 à 6 en partant du bas. Plus la graine est proche de 1, plus elle est proche de l'eau.
col	Position de la graine dans le sens de la largeur (colonne). Sur une plaque il existe 5 colonnes différentes. Chaque colonne correspondant à un génotype différent.
group	Coordonnées de la graine combinant les informations (row, col). Le groupe 1 étant celui avec les coordonnées (1,1). Le groupe 2 étant (2,1), ... Avec un maximum de 30 graines/plaque.
angle	Angle racinaire maximal affiché par la graine à laquelle appartient la racine. S'exprime en degré°.
duration	Nombre de jours d'expériences (2 ou 3 jours).
total_length	Somme des longueurs de toutes les racines de la graine [cm].
total_growth	Somme des longueurs de toutes les racines de la graine divisée par le nombre de jours d'expérience. S'exprime en cm/jour.

ii. Construction du modèle mixte

Pour analyser la variabilité génétique du RGA en condition de stress hydrique, un modèle linéaire mixte a été construit. La variable estimée est appelée « angle » (angle racinaire) et les variables explicatives étant « row » (= niveau d'eau) et « exp » (=n° de l'expérience qui comprend l'information rep) et scode (génotype).

Les effets du niveau d'eau et de l'expérience sont considérés comme des facteurs fixes alors que l'effet du génotype est lui considéré comme un facteur aléatoire. En effet, les génotypes

utilisés ne sont en quelque sorte qu'un tirage parmi bien plus de génotypes qui forcément ne peuvent être tous soumis à l'expérience. En termes de sélection variétale, lorsque l'on veut étudier les effets génotypiques pour un caractère donné, on considère souvent les effets variétaux comme des effets aléatoires (Piepho & al, 2008).

Pour ce modèle, il faut souligner que la variabilité due aux génotypes dépend aussi du panel d'origine des différentes variétés. C'est pourquoi l'effet aléatoire « génotype » a été imbriqué dans « origine ».

On peut formaliser le modèle de cette façon :

$$\text{Angle}_{ijk} = \boxed{\text{niveau d'eau} * \text{expérience}_i} + \boxed{(\text{origine}_j / \text{génotype}_k) + e_{ijk}}$$



Facteurs fixes



Facteurs aléatoires, génotype est hiérarchisé dans origine

$e \sim N(0, \sigma^2)$

La fonction *lmer* (package lmerTest, package lme4) a été utilisée pour appliquer le modèle sur R. Cette fonction réalise des test-T par la méthode de Satterthwaite.

Les résultats de ce modèle seront utilisés pour construire une régression linéaire sur le niveau d'eau. Ce dernier fera varier la pente des droites de régression tandis que le facteur expérience fera varier l'intercept. Un exemple de régression se trouve en figure 25.

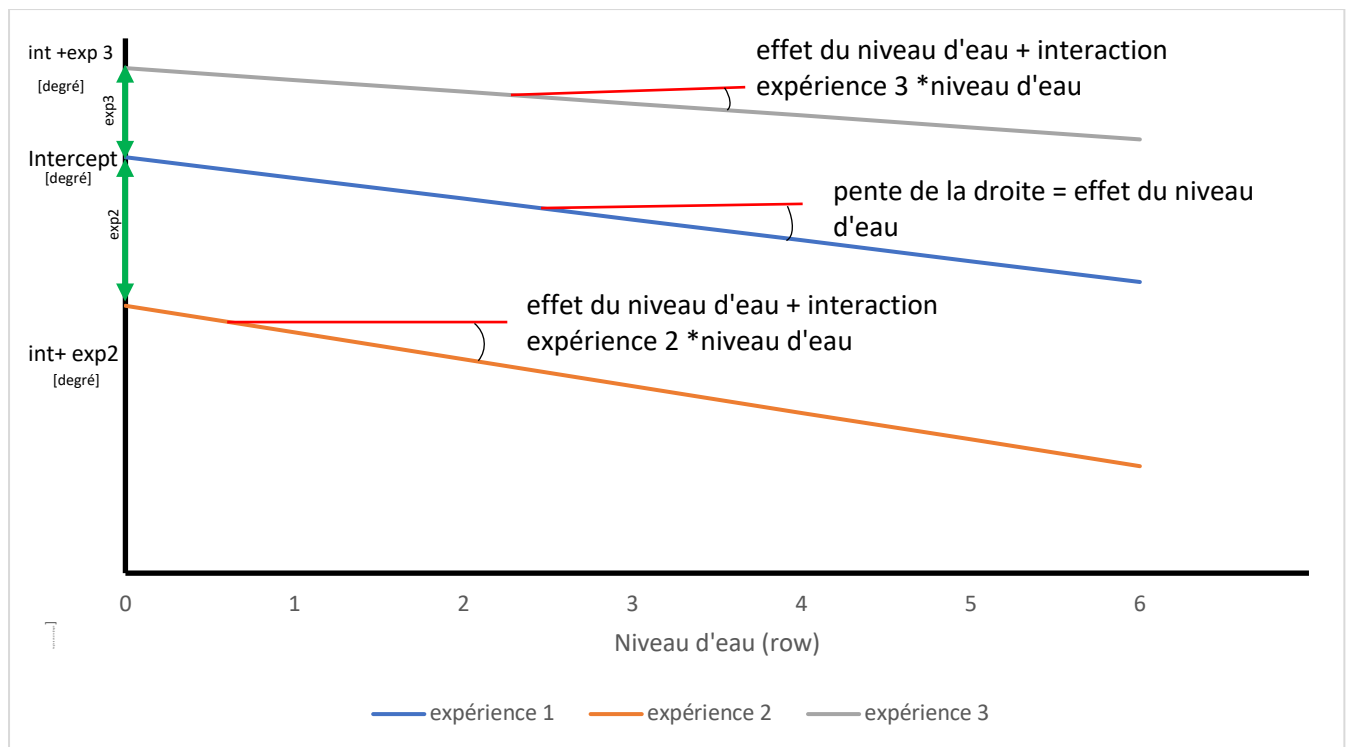


Figure 25 Exemple de droites de régression du modèle linéaire mixte pour l'angle racinaire. En abscisses, se trouve le niveau d'eau et l'axe des ordonnées correspond à l'angle racinaire en degré

Dans un second temps, le même modèle a été appliqué avec la croissance racinaire totale (qui est la somme des longueurs de toutes les racines de la graine divisée par le nombre de jours d'expérience, exprimée en cm/jour) comme variable explicative. De cette façon, nous pouvons étudier l'influence de la variété et du stress hydrique sur la croissance racinaire.

Enfin nous tenterons de construire un nouveau modèle afin de savoir si la croissance racinaire peut être expliquée par l'angle racinaire de manière significative.

Le script du modèle statistique se trouve en annexe (Annexe 2).

VI. Résultats

Cette section sera divisée en trois parties. La première partie sera consacrée à l'étude de l'angle racinaire et exposera les résultats du modèle expliquant l'angle racinaire ainsi que les résultats du calcul d'héritabilité et d'hétérosis. La seconde partie se concentrera sur le modèle expliquant la croissance racinaire et enfin dans la troisième partie, nous tâcherons d'établir la relation éventuelle entre la croissance et l'angle racinaire.

1. Résultats du modèle mixte pour l'angle racinaire

i. Résultats du modèle mixte pour les deux espèces confondues

Au vu de la figure 26 on peut supposer qu'il existe une certaine tendance à la baisse de l'angle racinaire quand les graines s'éloignent de la source d'eau. Ceci justifie pourquoi le niveau d'eau sera considéré comme facteur fixe du modèle. Les résultats du modèle nous confirmeront la significativité de cette tendance (Figure 26).

Les valeurs d'angle racinaire varient de 179,52° (max) à 2,19°(min). Les variétés de blé dur semblent avoir des valeurs moyennes d'angles racinaires plus élevées (Figure 27).

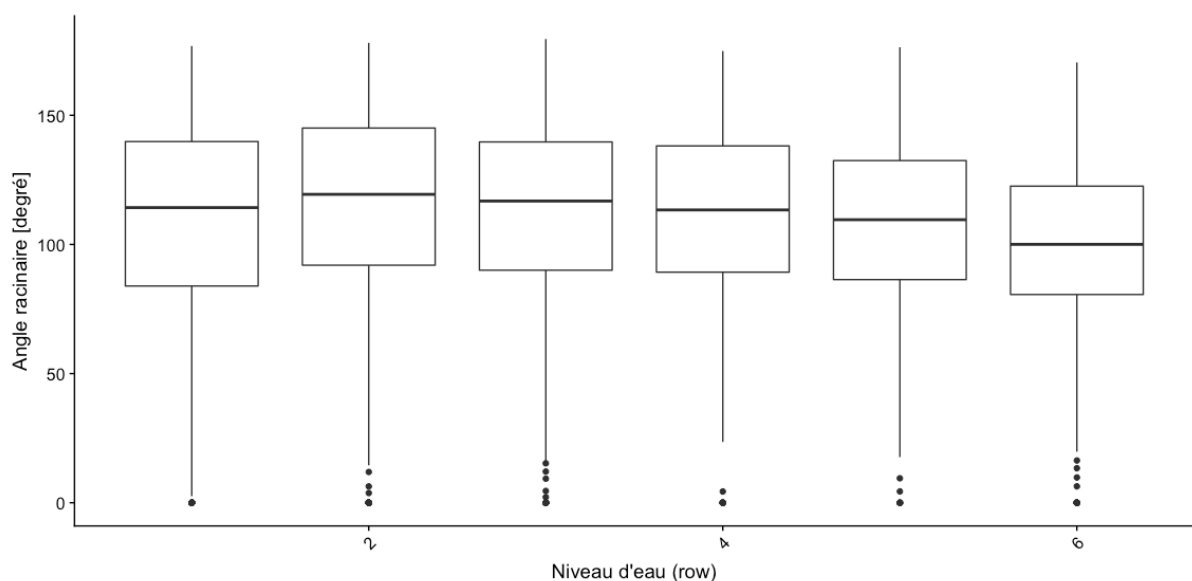


Figure 26 Distribution de l'angle racinaire en fonction du niveau d'eau pour tous les génotypes testés

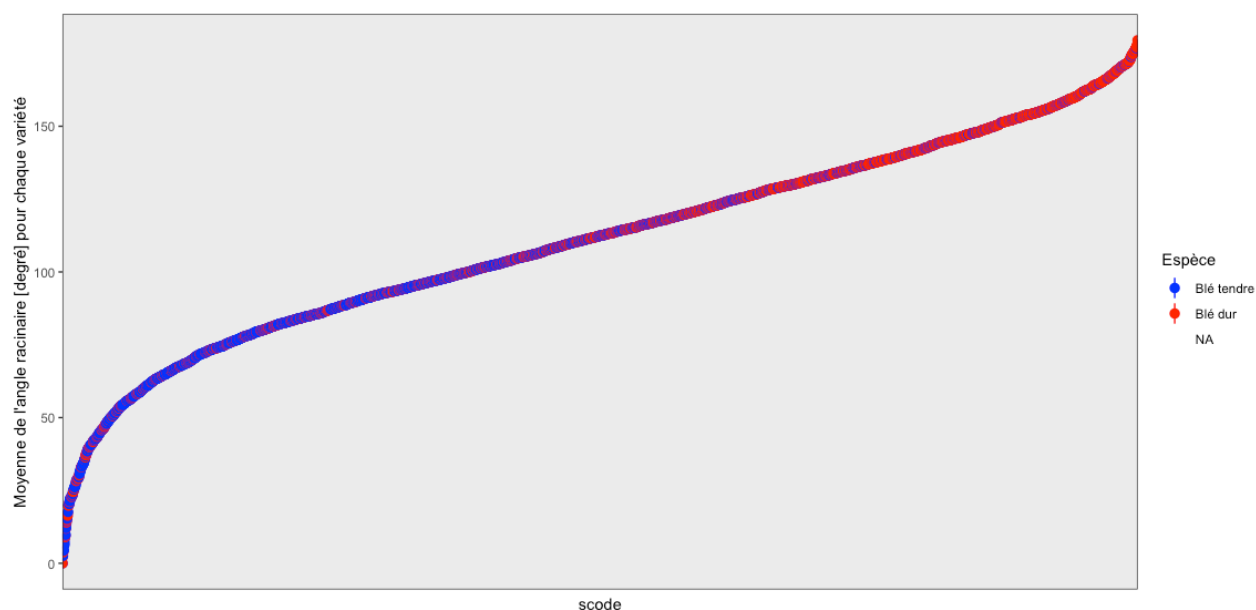


Figure 27 Évolution de la moyenne de l'angle racinaire pour les génotypes utilisés. Les génotypes sont triés par ordre croissant d'angle moyen

La sortie R de la fonction lmer est divisée en deux parties (Tableau 5). Premièrement l'estimation des effets aléatoires ainsi que leur variance (surlignées en vert). Ensuite un second tableau où sont recensées les estimations des effets fixes. Les effets significatifs sont surlignés en rouge.

Tableau 5 Résultats de la régression linéaire expliquant la variation de l'angle racinaire tous génotypes confondus

Linear mixed model fit by REML. T-tests use Satterthwaite's method [lmerModLmerTest]					
Formula : angle ~ row * exp + (1 origin/scode)					
Data : data					
REML criterion at convergence : 187872.4					
Scaled residuals :					
Min	1Q	Median	Max	3Q	
- 4.4006	-0.5691	0.0686	0.6634	2.7830	
Random effects					
Groups	Name	Variance	Std Dev		
scode :origin	(Intercept)	120.2	10.96		
origin	(Intercept)	210.8	14.52		

Residual		800.2	28.29		
Number of obs: 5230, groups: scode:origin, 492; origin, 10					
Fixed effects					
	Estimate	Std Dev	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	117.2925	5.1449	11.5896	22.798	5.47e-11 ***
row	-2.3161	0.3619	4770.4603	-6.400	1.71e-10 ***
exp2	7.2823	2.0122	4797.7576	3.619	0.000299 ***
exp3	-0.9275	3.7944	2147.3304	-0.244	0.806915
row:exp2	-0.8313	0.5126	4778.8747	-1.622	0.104956
row:exp3	0.8563	0.6468	4771.5344	1.324	0.185570

Avant d'interpréter ce modèle, il est essentiel de vérifier les conditions de validité de celui-ci. Les graphes ci-dessous nous permettent de le vérifier. Bien qu'il ne soit pas parfait, le graphique des résidus du modèle nous indique que la moyenne de ceux-ci peut être centrée autour de 0 (Figure 28).

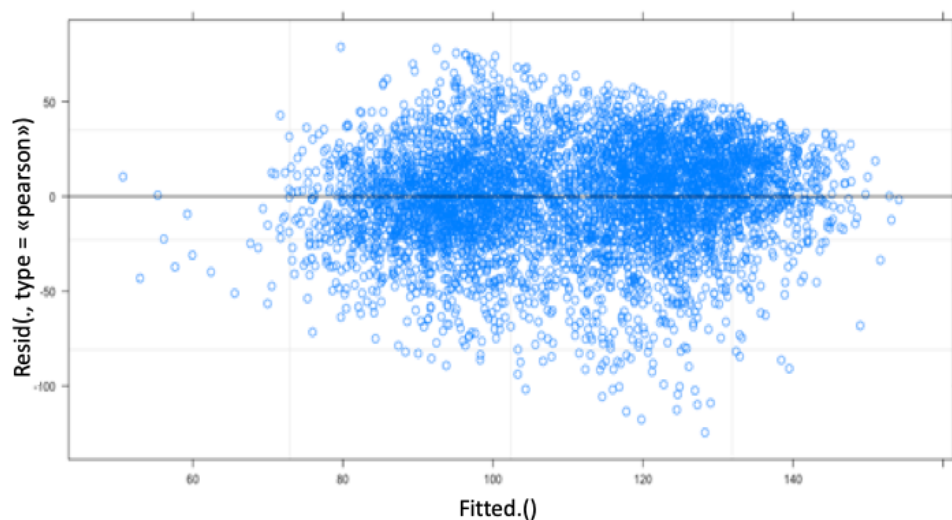


Figure 28 Graphique des résidus du modèle mixte expliquant l'angle racinaire en fonction de la moyenne

Ceci est d'autant plus vrai lorsque l'on analyse les distributions des résidus pour chaque facteurs du modèle. Elles sont toutes centrées sur zéro (Figure 29 à 31).

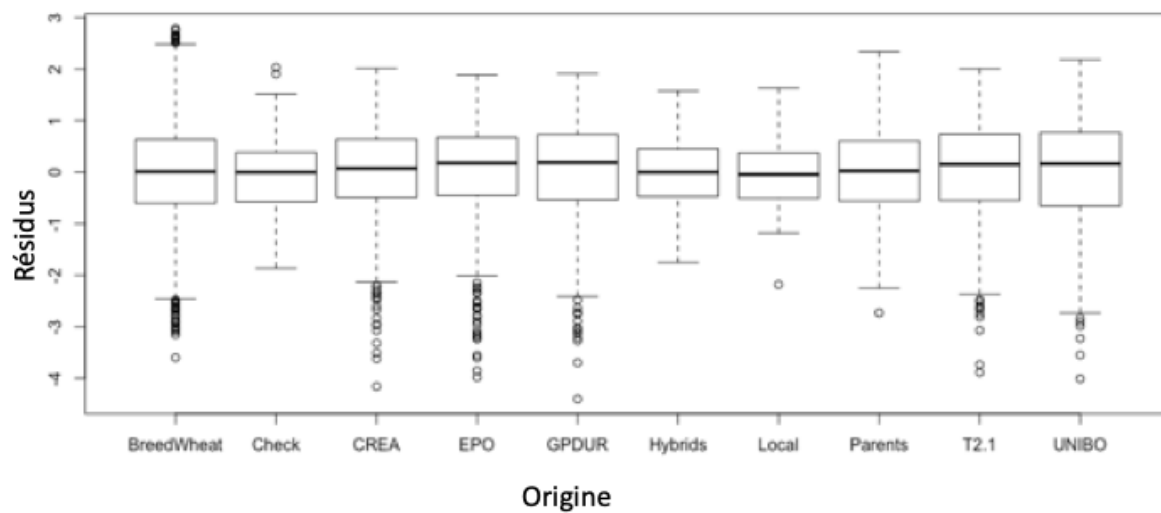


Figure 29 Boxplots des résidus du modèle mixte de l'angle racinaire pour l'origine du panel

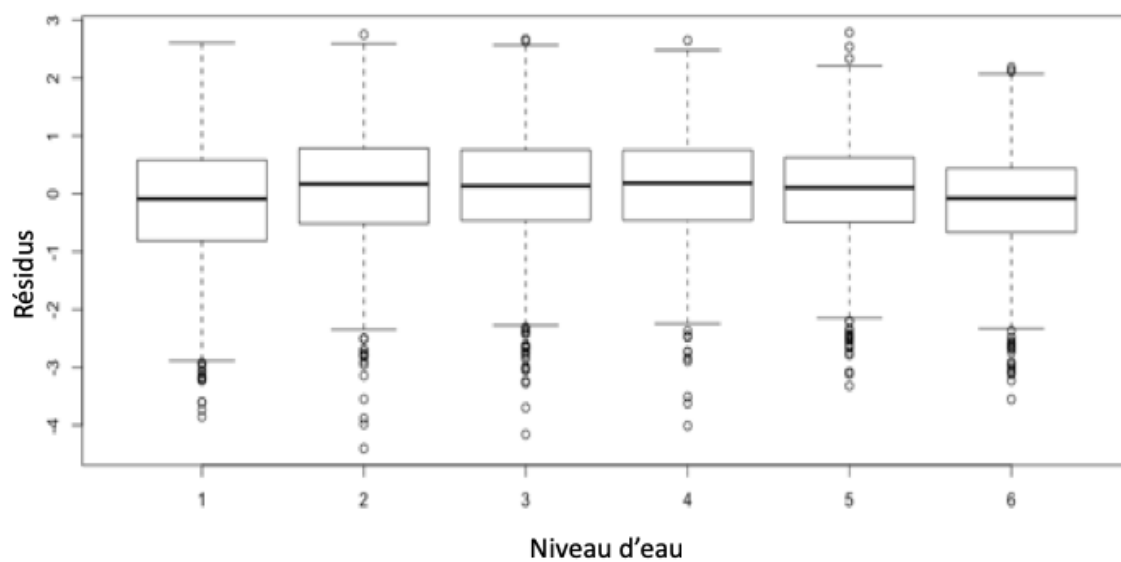


Figure 30 Boxplots des résidus du modèle mixte de l'angle racinaire pour le facteur niveau d'eau

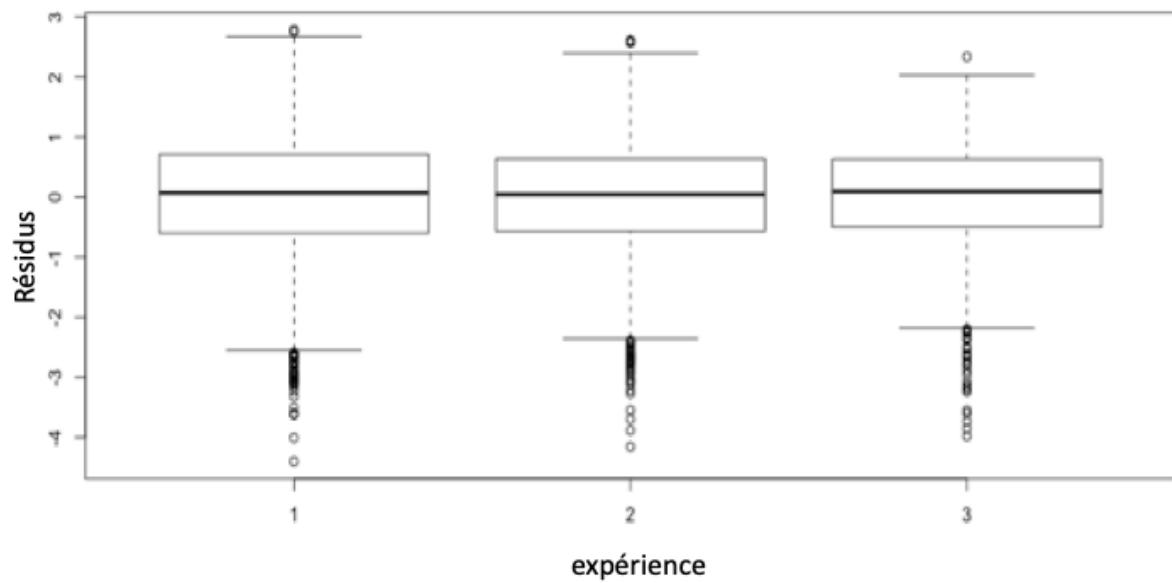


Figure 31 Boxplots des résidus du modèle mixte de l'angle racinaire pour le facteur expérience

La validité du modèle dépend aussi de la normalité des résidus. Cette normalité est visible sur ce QQ plot qui a une distribution linéaire (Figure 32). Les conditions de validité du modèle sont donc respectées

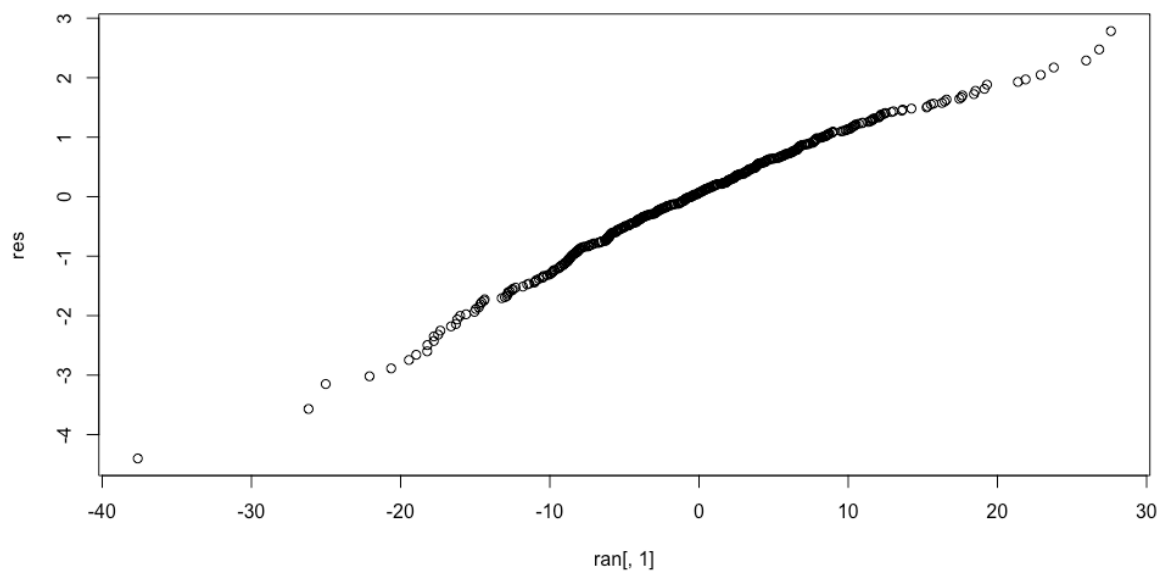


Figure 32 QQ plot et distribution normale des résidus du modèle mixte de l'angle racinaire

En retournant dans le tableau 5 on distingue deux parties. Le tableau des effets fixes nous renseigne sur l'intercept et les pentes de la droite de la régression linéaire (Tableau 5). A partir de ces résultats, deux droites de régression ont pu être construites de la même manière que l'exemple de la figure 25 (Figure 33). Le modèle se base d'abord sur la première expérience. Il est schématisé par une première droite de régression dont l'intercept vaut 117.295° . Sa pente équivaut à l'effet « row » qui a une valeur négative de -2.361 . Ce qui signifie qu'à chaque fois que row augmentera de 1, l'angle diminuera de $2,361^\circ$. La p-valeur qui renseigne sur la probabilité que cette pente soit égale à 0 étant très faible, supporte le constat que la row et donc la hauteur de la colonne d'eau impacte significativement l'angle racinaire.

Toujours dans les effets fixes, le facteur exp2 est estimé à 7.2823° . Celui-ci étant catégoriel, il représente l'effet de la deuxième expérience sur l'intercept. Sa p-valeur confirme que exp2 est significatif. On obtient une seconde droite de régression qui a pour intercept une valeur de $117.295 + 7.2823 = 124.5773^\circ$. La pente de cette droite correspond à l'effet d'interaction entre row et exp2 (row : exp2). Cet effet n'étant pas significatif, la pente de la seconde droite sera toujours égale à -2.361 . Les résultats du tableau 5 ne nous permettent pas de confirmer que la troisième expérience (exp3 et row : exp3) influence le modèle. La régression linéaire est composée de deux droites parallèles.

La tendance, à la diminution de l'angle racinaire en fonction de la hauteur de colonne d'eau, observée en figure 25 est donc confirmée en figure 33. Lorsque que l'on s'intéresse aux effets aléatoires du tableau 5, ceux-ci estiment en fait la variabilité due à « origin » et à « scode ». Graphiquement, chaque génotype aura un effet sur l'intercept de la droite. Celui-ci variera en fonction des différentes variétés.

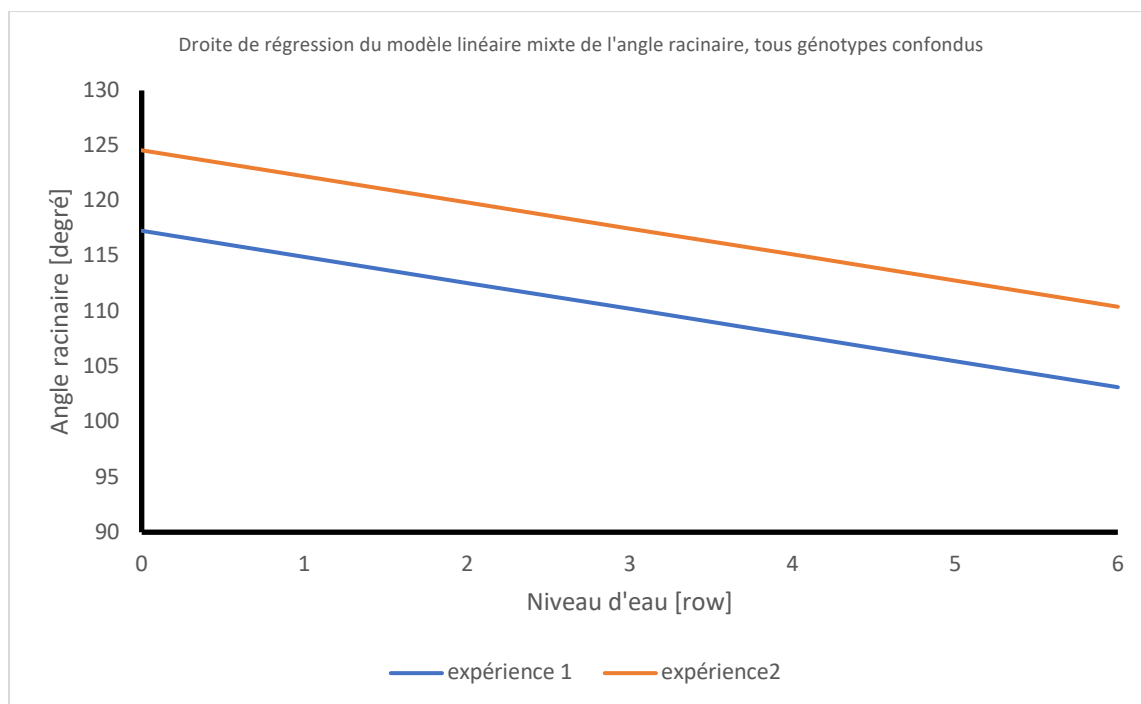


Figure 33 Droites de régression linéaire du modèle mixte expliquant l'angle racinaire pour tous nos génotypes.

Sur le boxplot qui suit on peut distinguer les panels possédant le plus de variabilité quant à leur angle racinaire à savoir BreedWheat, CREA, UNIBO, EPO et GPDUR (Figure 34).

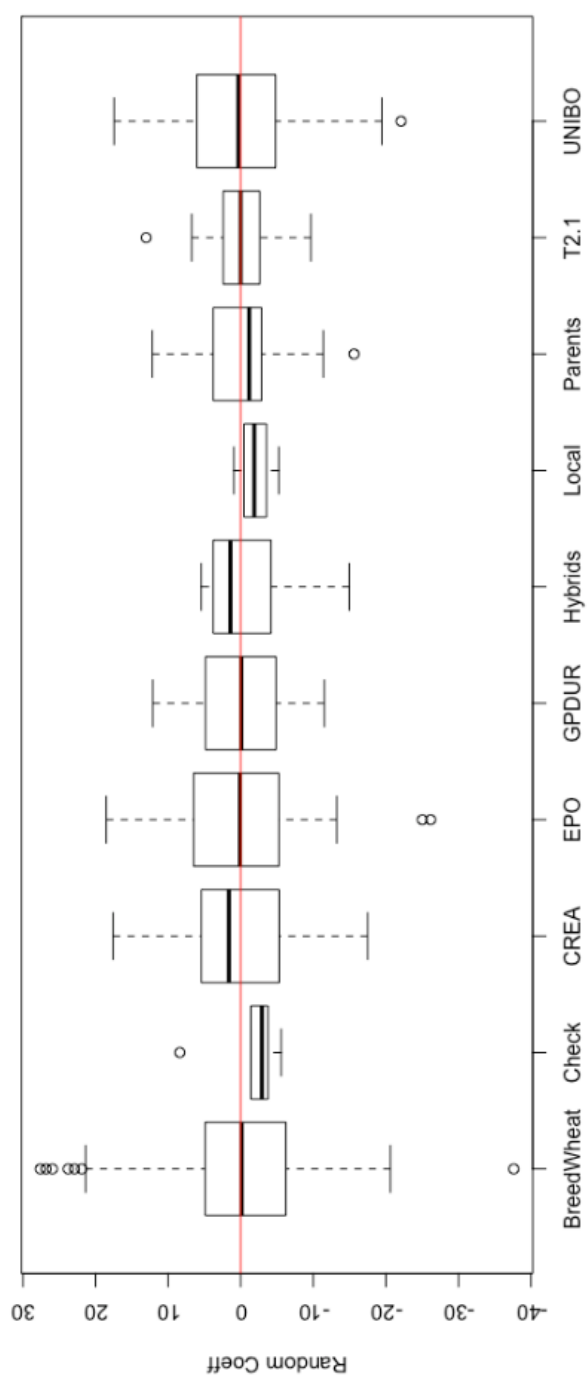


Figure 34 Boxplots des effets aléatoires en fonction du panel d'origine

Les variances des effets aléatoires seront utilisées pour faire le calcul de l'héritabilité. Néanmoins, les génotypes utilisés pour l'expérience 3 étant des variétés hybrides et des variétés EPO, elles risquent de fausser le calcul de l'héritabilité c'est pourquoi il a fallu filtrer le jeu de données pour ne conserver que les données de l'exp1 et l'exp2 et ensuite refaire tourner le modèle

Lorsque que l'on compare les effets aléatoires du modèle global et ceux du modèle limité aux deux premières expériences, on remarque une différence pour la variance des effets aléatoires mais celle-ci reste assez minime et les effets aléatoires restent similaires (dans un même ordre de grandeur). Grâce aux variances génotypiques (124.3) et résiduelle (812.4), l'héritabilité au sens large de l'angle racinaire pour les génotypes des deux premières expériences pourra être calculée (Tableau 6).

Tableau 6 Résultats de la régression linéaire expliquant la variation de l'angle racinaire pour le blé tendre et le blé dur (EPO et hybrides exclus)

Linear mixed model fit by REML. T-tests use Satterthwaite’s method [lmerModLmerTest]					
Formula : angle ~ row * exp + (1 origin/scode)					
Data : newdata					
REML criterion at convergence: 41163.5					
Scaled residuals :					
Min	1Q	Median	Max	3Q	
-4.3684	-0.5889	0.0573	0.6712	2.7642	
Random effects					
Groups	Name	Variance	Std Dev		
scode :origin	(Interecpet)	124.3	11.15		
origin	(Intercept)	182.8	13.52		
Residual		812.4	28.50		
Number of obs: 4274, groups: scode:origin, 409; origin, 6					
Fixed effects					
	Estimate	Std Dev	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	122.4833	5.8471	5.6140	20.948	1.52e-06 ***
row	-2.3188	0.3647	3896.7983	--6.358	2.27e-10 ***
exp2	7.2668	2.0277	3919.3485	-3.584	0.000343 ***
row:exp2	-0.8272	0.5166	3903.7191	-1.601	0.109405

Pour les effets fixes, il manque logiquement les effets liés à l'expérience 3 (exp3) vu que les blés tendres et durs n'ont pas été soumis à cette expérience. Pour le reste, mis à part une légère variation de l'intercept, les effets fixes sont pratiquement conservés, la droite de

régression qui en résultera ne différera de la précédente que par leurs intercepts (Figure 36). Cette droite confirme la tendance observée dans le boxplot de la distribution des angles racinaire en fonction du niveau d'eau (Figure 35). L'hypothèse de normalité des résidus et donc la validité du modèle est respectée. Les autres graphiques des résidus du modèle se trouvent en annexe (Annexe 3.1).

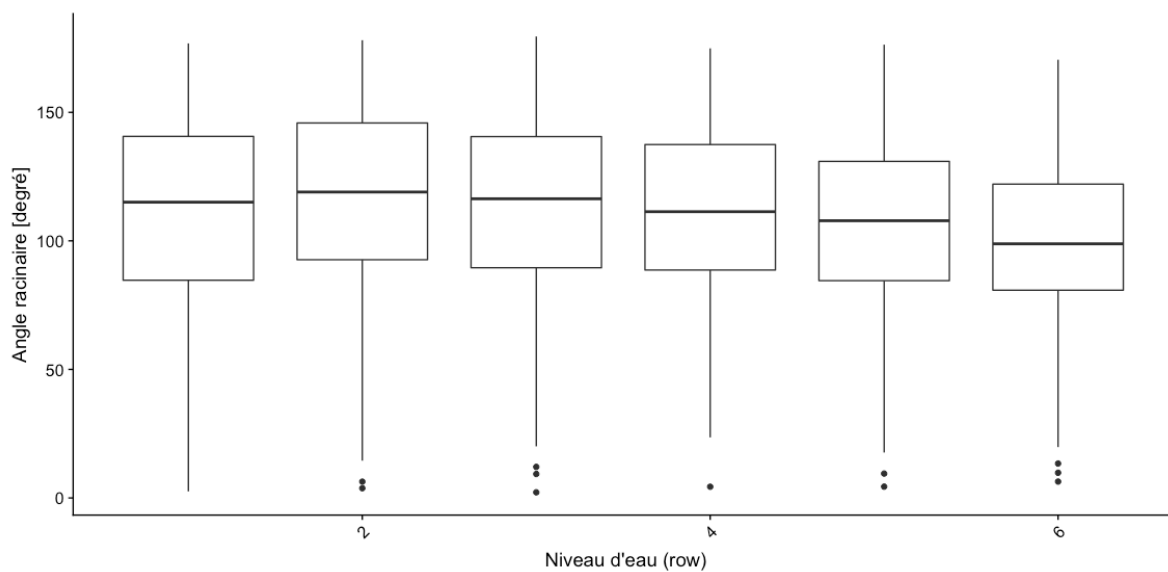


Figure 35 Distribution de l'angle racinaire en fonction du niveau d'eau pour le blé tendre et le blé dur (EPO et hybrides exclus)

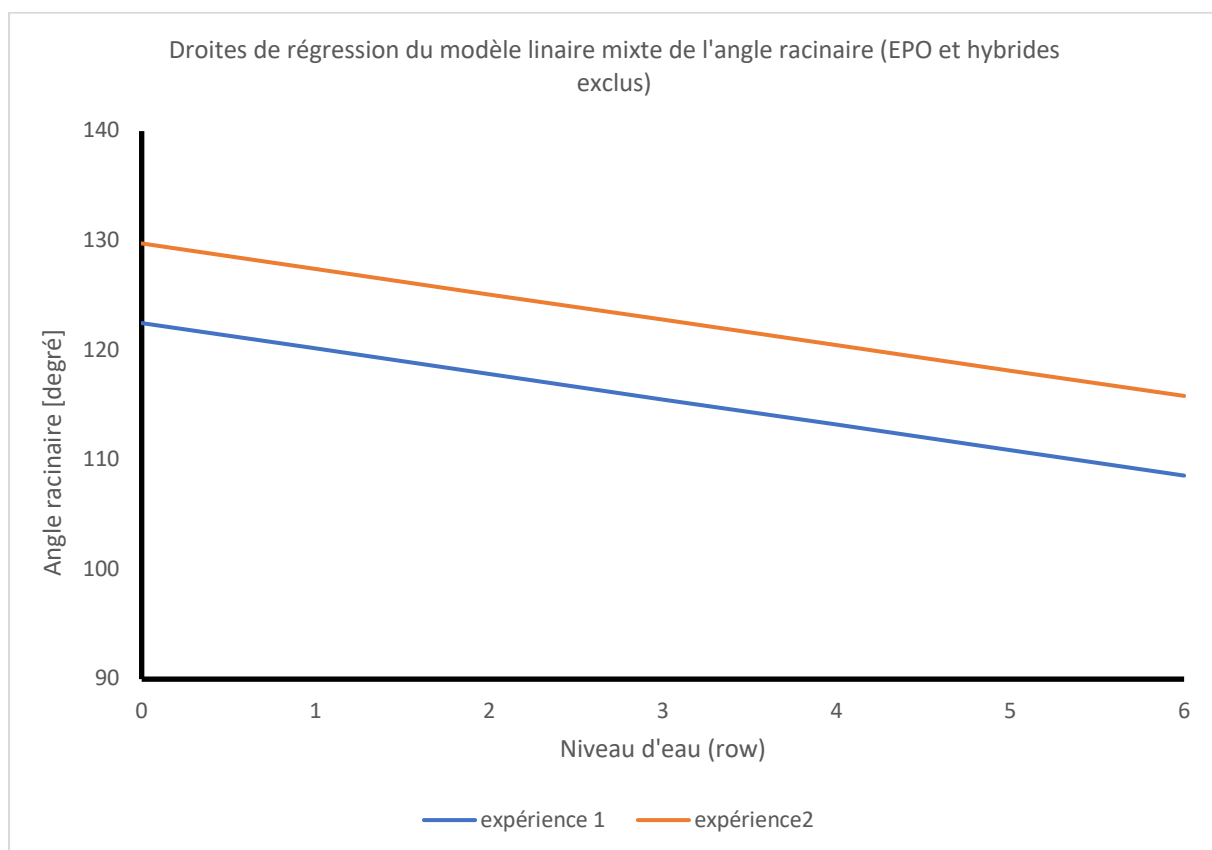


Figure 36 Droites de régression linéaire du modèle mixte expliquant l'angle racinaire pour le blé dur et le blé tendre (EPO et hybrides exclus)

ii. Résultats du modèle mixte pour l'angle racinaire du blé tendre

Tableau 7 Résultats de la régression linéaire expliquant la variation de l'angle racinaire pour le blé tendre uniquement

Linear mixed model fit by REML. T-tests use Satterthwaite's method [lmerModLmerTest]					
Formula : angle ~ row * exp + (1 origin/scode)					
Data : databred					
REML criterion at convergence: 22169					
Scaled residuals :					
Min	1Q	Median	Max	3Q	
-3.4734	-0.6087	0.0056	0.6170	2.9100	
Random effects					
Groups	Name	Variance	Std Dev		
scode:origin	(Intercept)	1.625e+02	12.746709		
origin	(Intercept)	7.391e-05	0.008597		
Residual		7.843e+02	28.006118		
Number of obs: 2308, groups: scode:origin, 204; origin, 2					
Fixed effects					
	Estimate	Std Dev	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	95.6726	2.1081	1092.2507	45.382	< 2e-16
row	-0.6399	0.4903	2109.3144	-1.305	0.192
exp2	15.8998	2.6837	2111.4219	5.925	3.65e-09
row:exp2	-2.9178	0.6882	2109.1258	-4.240	2.34e-05

Lorsque que nous comparons les effets aléatoires du modèle global et ceux du modèle restreint au blé tendre (Tableau 7), la première chose qui saute aux yeux est la variance due au facteur origine. En effet, pour le blé tendre, il n'y a que deux origines différentes cela explique pourquoi sa variance est très faible dans ce cas (7.391e-05). Les variances génotypiques (1.625e+02) et résiduelles (7.843e+02) seront utilisées pour calculer l'héritabilité de l'angle racinaire pour le blé tendre.

Comme pour le modèle précédent, ce modèle ci ne contient pas les effets liés à la troisième expérience. On observe aussi que la p-valeur liée à l'effet row est élevée (0.192). On ne peut donc pas affirmer que l'effet row est significatif. Or, cet effet est censé représenter la pente de la droite de notre régression linéaire. Malgré que sur la figure 37 on puisse observer une légère tendance à une diminution de l'angle racinaire quand row augmente, les résultats du tableau 11, ne nous autorisent pas à approuver la significativité de cette tendance. On ne pourra pas construire de droite à partir des estimations de ce modèle. Néanmoins, les

conditions de validité du modèle sont respectées. Les graphes des résidus se trouvent en annexe (Annexe 3.2).

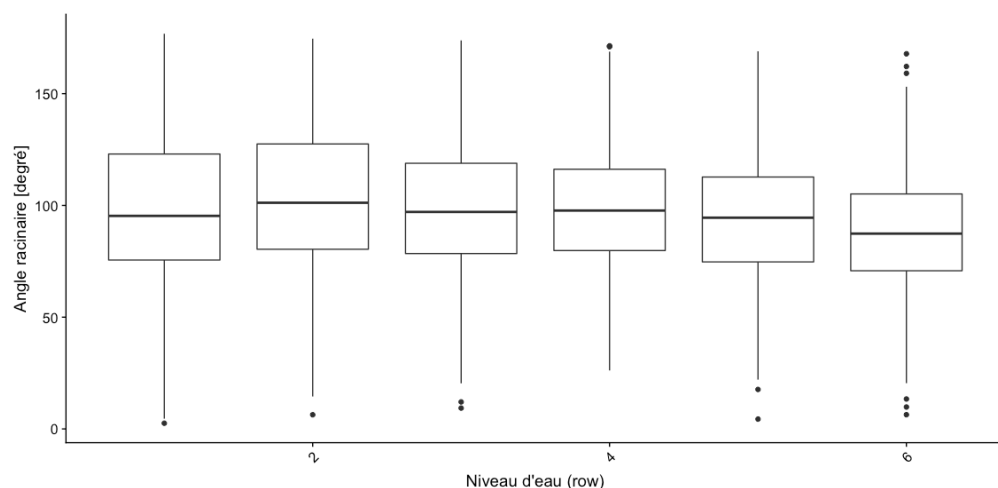


Figure 37 Distribution de l'angle racinaire en fonction du niveau d'eau pour les variétés de blé tendre

iii. Résultats du modèle mixte pour l'angle racinaire du blé dur

Tableau 8 Résultats de la régression linéaire expliquant la variation de l'angle racinaire pour le blé dur uniquement

Linear mixed model fit by REML. T-tests use Satterthwaite’s method [lmerModLmerTest]					
Formula : angle ~ row * exp + (1 origin/scode)					
Data : datadurum					
REML criterion at convergence: 18929.5					
Scaled residuals :					
Min	1Q	Median	Max	3Q	
-4.4173	-0.5639	0.1319	0.7069	2.1151	
Random effects					
Groups	Name	Variance	Std Dev		
scode :origin	(Interecpet)	7.931e+01	8.906e+00		
origin	(Intercept)	5.004e-07	7.074e-04		
Residual		8.358e+02	2.891e+01		
Number of obs: 1966, groups: scode:origin, 205; origin, 4					
Fixed effects					
	Estimate	Std Dev	df	t value	Pr(> t)

(Intercept)	139.4935	2.22279	1839.4075	62.758	< 2e-16 ***
row	-4.2312	0.5416	1783.0962	-7.813	9.45e-15 ***
exp2	-2.9771	3.0664	1810.2186	-0.971	0.332
row:exp2	1.6024	0.7755	1793.8570	2.066	0.039 *

Le tableau 8 reprend les estimations des paramètres du modèle restreint au blé dur. Les conditions de validité de ce modèle sont respectées, les graphes des résidus se trouvent en annexe (Annexe 3.3). Comme pour le blé tendre, la variance du facteur origine est très faible ($5.004e-07$) étant donné que pour le blé dur il n'y a que quatre origines différentes.

Le blé dur n'ayant pas été soumis à une troisième expérience, les effets de exp3 ne sont pas repris dans le modèle. Mais contrairement au modèle tendre, pour le blé dur, l'effet row et donc la pente de la droite de régression sont significatifs (p-valeur = $9.45e-15$). L'effet exp2 sur l'intercept ne sera pas significatif (p-valeur = 0.332) tandis que l'interaction entre row et exp2 (row : exp2 = 1.6024, p-valeur = 0,039) sera significative. C'est pourquoi le modèle est schématisé par deux droites de régressions avec une pente qui diffère de 1.6024° (Figure 39).

Lorsque l'on observe la distribution des angles racinaires en fonction de la row (Figure 38) pour le blé dur on constate une légère tendance à la baisse quand row augmente. Cette tendance est confirmée par les droites de régression (Figure 39).

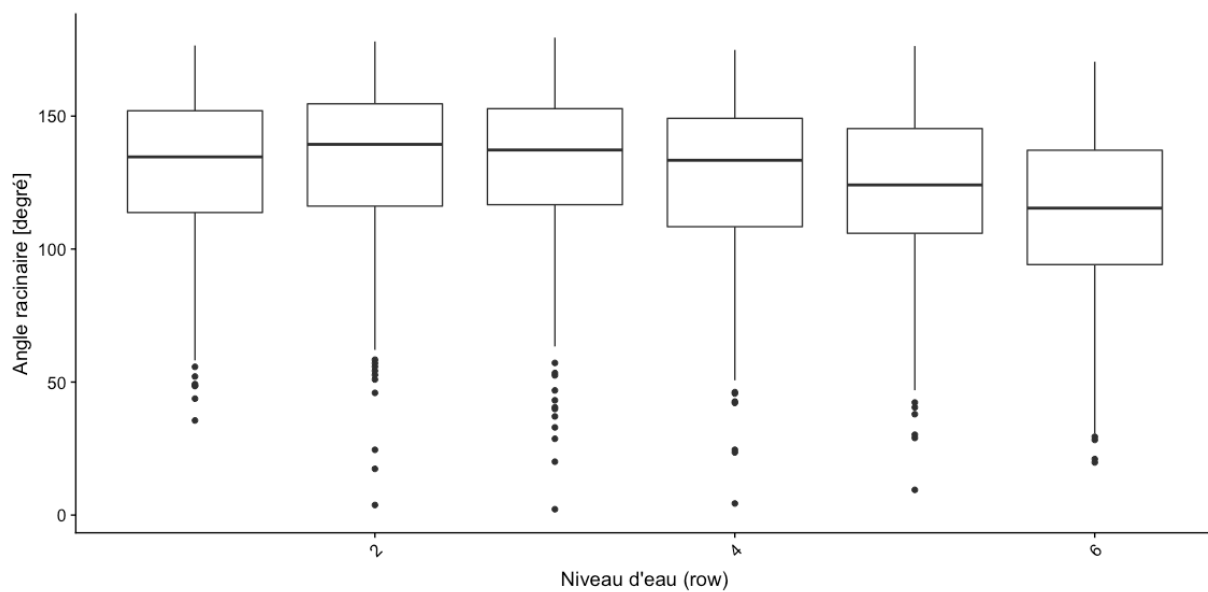


Figure 38 Distribution de l'angle racinaire en fonction du niveau d'eau pour le blé dur

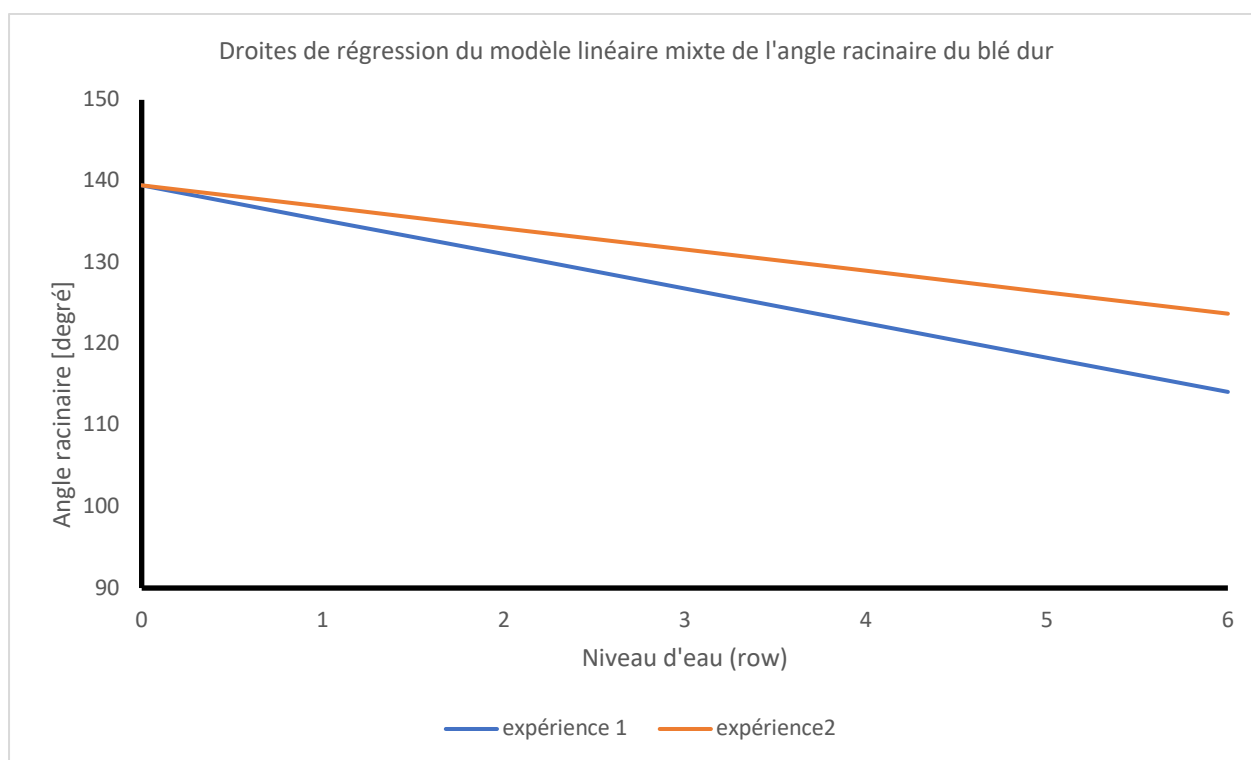


Figure 39 Droites de régression du modèle linéaire mixte expliquant l'angle racinaire du blé dur.

iv. Héritabilité et hétérosis pour l'angle racinaire

En se référant aux effets aléatoires des précédents tableaux, toutes les valeurs de variance sont donc à notre disposition pour calculer l'héritabilité. Pour rappel, H^2 correspond à la part de la variation génétique sur la variation totale d'un caractère donné.

Ci-dessous sont indiquées les valeurs de VG, VR et d'héritabilité pour les trois modèles précédents (Tableau 9).

Tableau 9 Variance des effets aléatoires et héritabilité des différentes espèces

	Modèle blé tendre et blé dur (newdata)	Modèle blé tendre (databreed)	Modèle blé dur (durum wheat)
VG	124,30	162,50	79,31
VR	812,40	784,30	835,80
H²	0,64	0,71	0,53

L'héritabilité pour les panels des lignées EPO et hybrides n'a pas été mesurée car ce sont des panels à la structure de population très particulière (*cfr Matériel et méthode, Matériel génétique*). Pour les hybrides nous avons l'hétérosis pour observer une éventuelle amélioration du caractère angle racinaire dû à l'hybridation.

On constate que la moyenne de l'angle racinaire des hybrides est toujours inférieure à celle des parents sauf pour la variété SBW5007 (Tableau 10).

Le bar chart nous montre que la moyenne des moyennes des valeurs parentales est supérieure à la moyenne des valeurs de la descendance (Figure 40).

Tableau 10 Valeurs moyennes d'angle racinaire pour les lignées hybrides et parentales

Nom de la variété hybride F1	SCODE	Moyenne angle	Nom parent 1	SCODE parent 1	Moyenne angle parent 1	Nom parent 2	SCODE parent 2	Moyenne angle parent 2	Moyenne parentale	Différence entre F1 et parents
H15FR11757/SY MATTIS	SBW5003	93.82	H15FR11757	SBW4007	90.39	SYMATTIS	SBW4014	100.49	95.44	-1.62
H15FR13047/OREGRAIN	SBW5004	103.26	H15FR13047	SBW4008	112.84	OREGRAIN	SBW4009	90.91	101.88	-1.38
SUBLIM/ATHLON	SBW5005	101.54	SUBLIM	SBW4010	122.27	ATHLON	SBW4003	95.29	108.78	-7.24
SUBLIM/Giambologna	SBW5006	86.5	SUBLIM	SBW4010	122.27	Giambologna	SBW4006	90.08	106.75	-20.25
SUBLIM/OREGRAIN	SBW5007	110.43	SUBLIM	SBW4010	122.27	OREGRAIN	SBW4009	90.91	106.69	+3.74
SY 116464/ATHLON	SBW5008	64.01	SY116464	SBW4011	92.53	ATHLON	SBW4004	68.01	80.27	-16.26

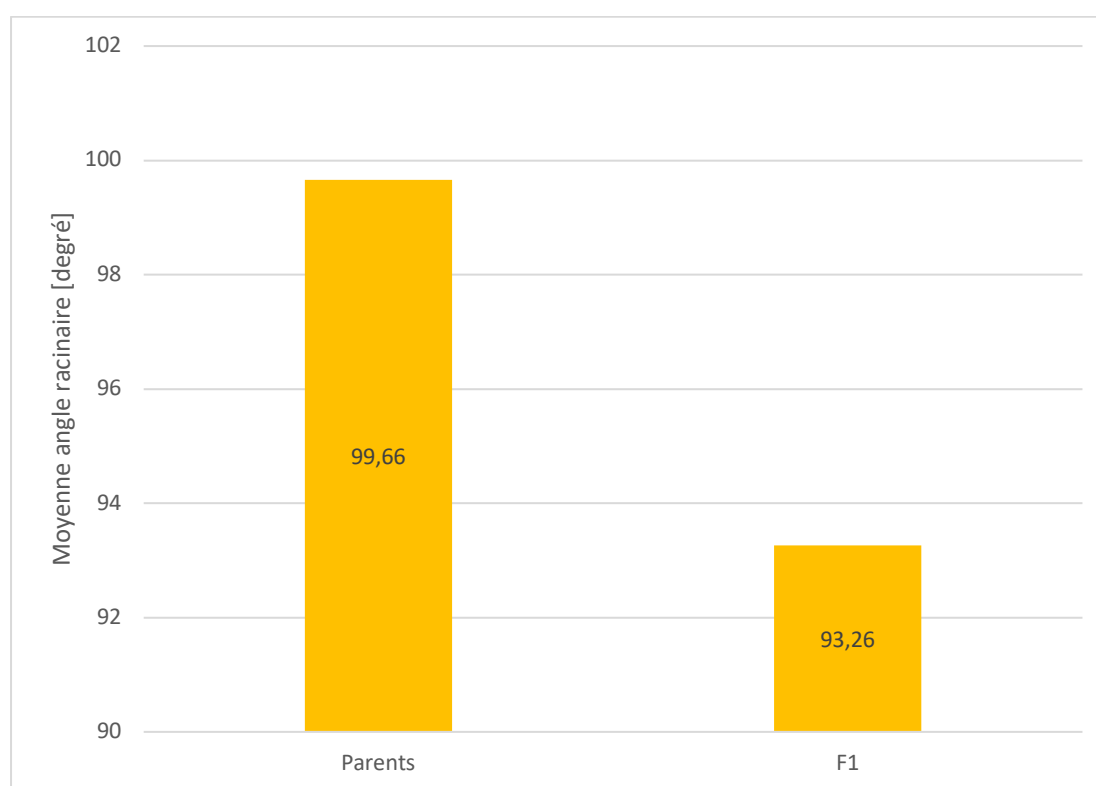


Figure 40 Barchart représentant les moyennes des angles racinaires pour les génotypes parentaux et hybrides

2. Résultats du modèle mixte pour la croissance racinaire

i. Résultats du modèle mixte pour le blé tendre

Les analyses qui suivront hormis l'effet d'hétérosis ne concerneront que le blé tendre et le panel BreedWheat étant donné que le dataframe utilisé ne contient que les valeurs de croissance racinaire pour le panel BreedWheat. Pour rappel, la croissance racinaire a été calculée en sommant la longueur des racines pour chaque graine et en divisant cette longueur en total par le nombre de jours de manipulations. Elle varie de 7,29 cm/jour (maximum) à 0,022 cm/jour. La figure 41 représente l'évolution de la moyenne de la croissance racinaire totale (Figure 41).

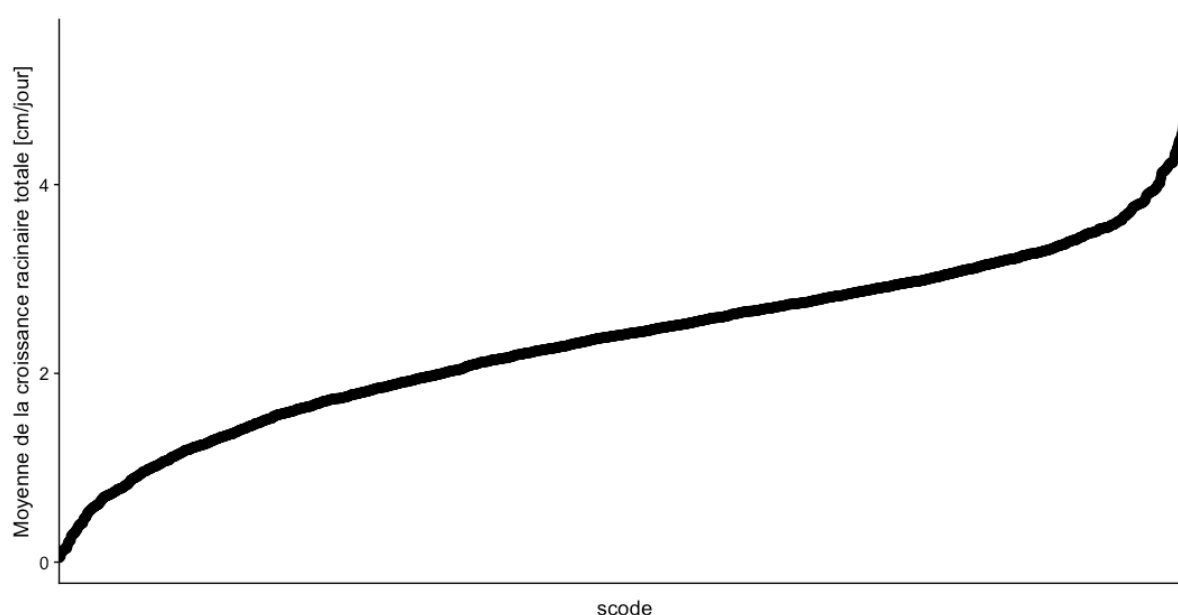


Figure 31 Évolution de la moyenne de la croissance racinaire pour les variétés de blé tendre

Sur la figure 42 qui représente la distribution de la croissance racinaire en fonction du niveau d'eau, on peut observer une très légère tendance à la hausse quand on se rapproche de la sixième rangée. Pour confirmer la significativité de cette tendance, un modèle linéaire mixte est employé.

Étant donné que dans ce cas-ci nous n'avons qu'un seul panel, pour les facteurs aléatoires du modèle, le génotype (scode) ne sera plus imbriqué dans l'origine. La variable expliquée sera la croissance racinaire (total_growth) et les variables explicatives seront le niveau d'eau (row) et l'expérience (exp) comme facteurs fixes.

$$\text{Croissance totale}_{ij} = \text{niveau d'eau} * \text{expérience}_i + \text{génotype}_j + e_{ij}$$

Les résultats de ce modèle sont visibles dans le tableau 11. Grâce à l'estimation des facteurs aléatoires, on peut utiliser la variance due à scode (0,2172) et la variance résiduelle (0,5676) pour calculer l'héritabilité au sens large selon la même formule utilisée précédemment (cfr *Notion d'héritabilité*). On obtient alors une $H^2 = 0,82$.

Tableau 11 Résultats et estimations des paramètres du modèle linéaire mixte expliquant la croissance racinaire pour le blé tendre

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method [lmerModLmerTest]					
Formula: total_growth ~ row * exp + (1 scode)					
Data: alldatatendre					
REML criterion at convergence: 5192.4					
Scaled residuals :					
Min	1Q	Median	3Q	Max	
-3.2260	-0.6204	0.0555	0.6698	3.2627	
Random effects					
Groups	Name	Variance	Std Dev		
scode	(Intercept)	0.2172	0.4660		
Residual		0.5676	0.7534		
Number of obs: 2135, groups: scode, 200					
Fixed effects					
	Estimate	Std Dev	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	2.61965	0.06319	1230.58767	41.454	< 2e-16 ***
row	-0.05144	0.01386	1932.68093	-3.710	0.000213 ***
exp2	-0.79735	0.07538	1938.66171	-10.577	< 2e-16 ***
row:exp2	0.16827	0.01938	1932.89884	8.682	< 2e-16 ***

Pour les effets fixes, toutes les p-valeurs liées à leurs estimations sont assez petites que pour considérer ces effets comme étant fortement significatifs. On remarque cependant que l'ordre de grandeur des facteurs « expériences » est 10 fois plus élevé que l'effet « row ». La figure 43 illustrant les droites de régression du modèle, montre la différence entre les pentes leur deux droites. On constate que la pente de la droite exp1 (effet row = -0,05144 cm/jour) est assez faible alors que la pente de la droite exp2 dépend surtout de l'effet row:exp2. Enfin, ces droites ne nous permettent pas de confirmer la légère tendance observée sur le boxplot de la figure 42.

La normalité des résidus est cependant respectée (Annexe 3.4).

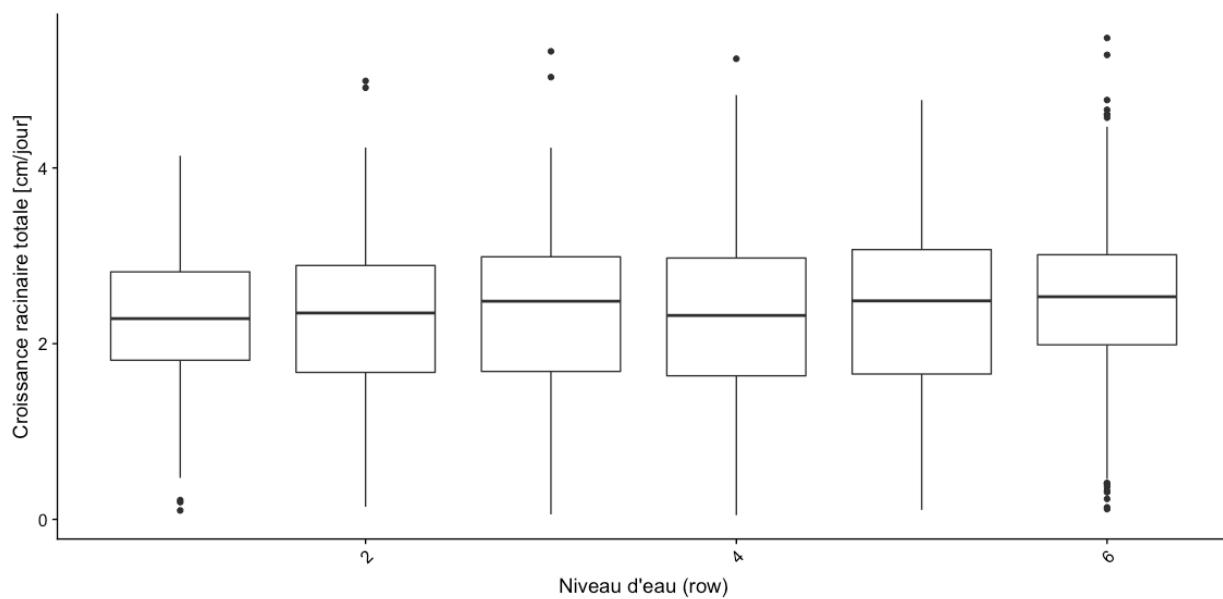


Figure 42 Distribution de la croissance racinaire en fonction du niveau d'eau pour le blé tendre

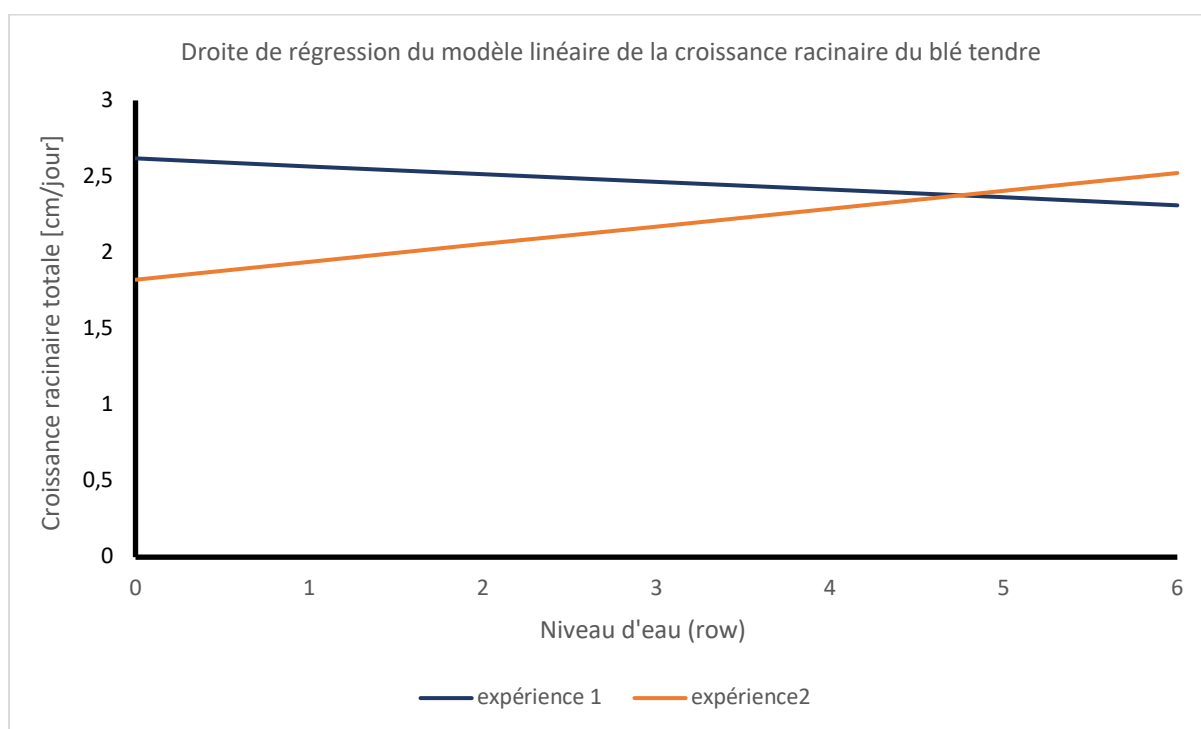


Figure 43 Droites de régression du modèle linéaire mixte expliquant la croissance racinaire du blé tendre

ii. Hétérosis pour la croissance racinaire

Nous disposons de variétés hybrides et la croissance racinaire totale est un caractère quantitatif. Pour estimer l'hétérosis, le tableau 12 résume les valeurs moyennes de la croissance racinaire pour les lignées hybrides et parentales. Bien que trois génotypes hybrides sur six disposent d'une moyenne de croissance plus faible que leurs parents, le bar chart de la figure 44 nous montre que globalement la descendance possède une moyenne de croissance plus élevée que les lignées parentales.

Tableau 12 Valeurs moyennes de la croissance racinaire pour les lignées hybrides et parentales

Nom de la variété hybride F1	SCODE	Moyenne angle	Nom parent 1	SCODE parent 1	Moyenne angle parent 1	Nom parent 2	SCODE parent 2	Moyenne angle parent 2	Moyenne parentale	Différence entre F1 et parents
H15FR11757/SY MATTIS	SBW5003	1.750184	H15FR11757	SBW4007	2.502611	SYMATTIS	SBW4014	2.541546	2.522078	-0.79
H15FR13047/OREGRAIN	SBW5004	2.583688	H15FR13047	SBW4008	2.638417	OREGRAIN	SBW4009	1.713364	2.17589	0.407798
SUBLIM/ATHLON	SBW5005	2.189002	SUBLIM	SBW4010	0.7979155	ATHLON	SBW4003	2.29546	1.546688	-0.106458
SUBLIM/Giambologna	SBW5006	2.332715	SUBLIM	SBW4010	0.7979155	Giambologna	SBW4006	2.182848	1.490382	0.149867
SUBLIM/OREGRAIN	SBW5007	0.9060565	SUBLIM	SBW4010	0.7979155	OREGRAIN	SBW4009	1.713364	1.25564	-0.8073075
SY 116464/ATHLON	SBW5008	3.636773	SY116464	SBW4011	2.038192	ATHLON	SBW4004	2.625712	2.331952	1.011061

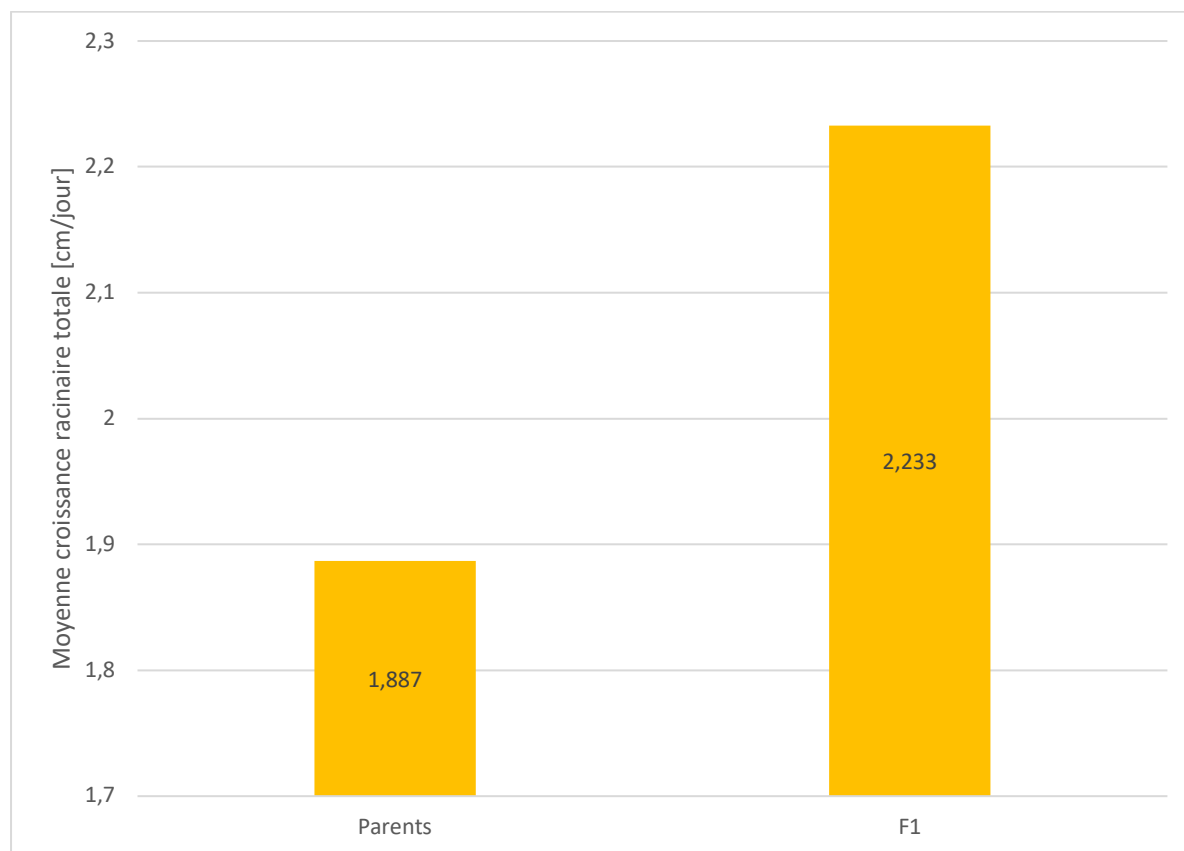


Figure 44 Barchart représentant les moyennes de la croissance racinaire pour les génotypes parentaux et hybrides

3. Calcul des coefficients de variation de l'angle racinaire et de la croissance racinaire totale du blé tendre

Les modèles utilisés nous ont fourni des valeurs de variance génotypique pour l'angle et la croissance racinaire totale du blé tendre. Déterminer, lequel de ces caractères possède le VG le plus important nous permet d'identifier qui de la croissance ou de l'angle racinaire affichera un polymorphisme plus important. Pour ce faire, il faut calculer le coefficient de variation qui est un paramètre sans unité. En effet l'angle [degré] et la croissance [cm/jour] n'ayant pas les mêmes dimensions, il n'y a pas de sens à comparer leur variance directement.

Le coefficient de variation se calcule selon cette formule :

$$CV = \frac{\sqrt{V_x}}{\bar{X}}$$

Où V_x = la variance du caractère et $\bar{X}$ = la moyenne de ce caractère.

Le tableau 13 reprend la racine carrée des variances génotypiques, les moyennes et les CV de l'angle et de la croissance racinaire du blé tendre. Les valeurs de $\sqrt{V_x}$ proviennent des tableaux 7 et 11. Alors que les valeurs de $\bar{X}$ ont été calculées à partir de notre jeu de données.

Tableau 13 Coefficients de variation de l'angle et de la croissance racinaire du blé tendre

	$\sqrt{V_x}$	$\bar{X}$	CV
Angle racinaire	12,75	96,74	0,13
Croissance racinaire totale	0,47	2,35	0,2

Le coefficient de variation de la croissance racinaire totale est plus élevé que celui de l'angle racinaire. C'est-à-dire que VG de la croissance racinaire est plus importante que VG de l'angle racinaire.

4. Relation entre la croissance racinaire totale et l'angle racinaire

i. Relation croissance-angle racinaire pour le blé tendre

Afin d'établir une relation entre la croissance racinaire totale et l'angle racinaire, un dernier modèle mixte a été construit où la variable expliquée correspond à la croissance racinaire et les variables explicatives sont l'angle racinaire, le niveau d'eau et l'expérience en tant que facteurs fixes et le génotype imbriqué dans l'origine en tant que facteur aléatoire. Pour ce modèle seuls les génotypes de blé tendres des panels BreedWheat, Check Parents, Local et Hybrids ont été considérés.

$$\text{Croissance totale}_{ijk} = \text{angle} * \text{niveau d'eau} * \text{expérience}_i + (\text{origine}_j / \text{génotype}_k) + e_{ijk}$$

La normalité des résidus valide la qualité du modèle (Annexe 3.5). Afin d'observer une éventuelle relation, nous devons nous concentrer sur les estimations des facteurs fixes du tableau 14. La p-valeur élevée de l'effet angle ne nous permet pas d'affirmer que cet effet est significatif pour l'explication de la croissance racinaire. Cette constatation confirme le nuage de points de la figure où l'on peut voir qu'il n'y a pas de tendance à une variation de la croissance racinaire en fonction de l'angle (Figure 45).

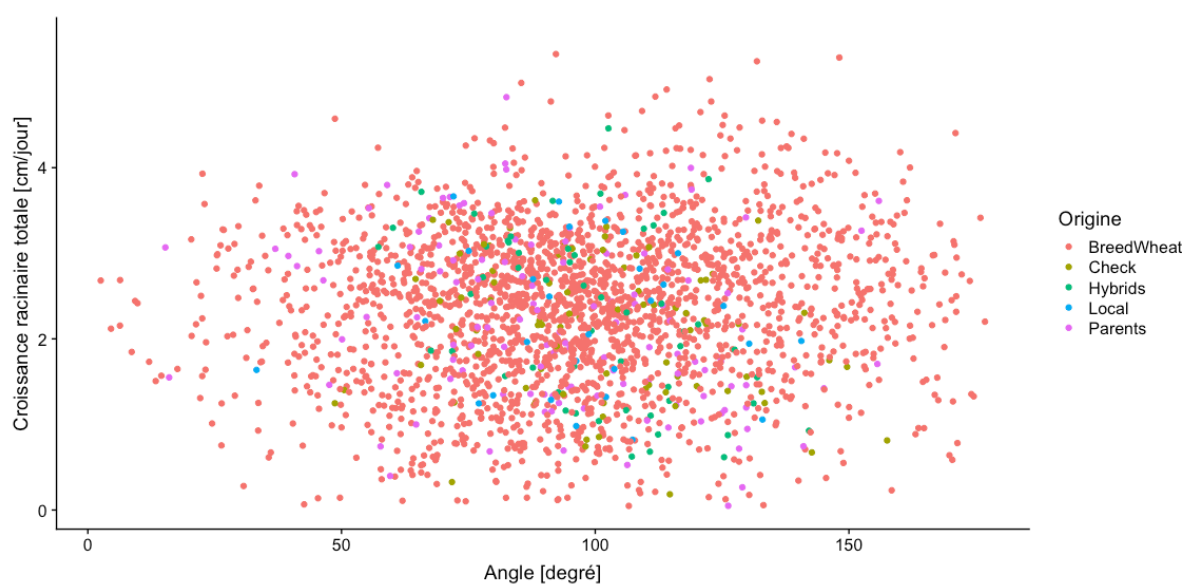


Figure 45 Nuage de points de la croissance racinaire totale en fonction de l'angle racinaire pour le blé tendre

Tableau 14 Résultats et estimations des paramètres du modèle linéaire mixte expliquant la croissance racinaire par l'angle, la row et exp pour le blé tendre

Linear mixed model fit by REML. t-tests use Satterthwaite's method ['lmerModLmerTest']					
Formula: total_growth ~ angle * row * exp + (1 origin/scode)					
Data: alldata					
REML criterion at convergence: 5906.1					
Scaled residuals :					
Min	1Q	Median	Max	3Q	
-3.2419	-0.5998	0.0514	0.6761	3.0989	
Random effects					
Groups	Name	Variance	Std Dev		
scode:origin	(Intercept)	1.912e-01	0.437231		
origin	(Intercept)	4.824e-06	0.002196		
Residual		5.663e-01	0.752524		
Number of obs: 2410, groups: scode:origin, 229; origin, 5					
Fixed effects					
	Estimate	Std Dev	df	t value	Pr(> t)
(Intercept)	2.813e+00	1.658e-01	1.821e+03	16.967	< 2e-16***
angle	-1.998e-3	1.692e-03	2.266e+03	-1.181	0.23774
row	-6.741e-2	4.301e-02	2.241e+03	-1.567	0.11717
exp2	-1.519e+0	2.473e-01	2.255e+03	-6.143	9.53e-10**
exp3	-3.987e-2	4.752e-01	2.354e+03	-0.084	0.93314
angle:row	1.659e-04	4.576e-04	2.248e+03	0.362	0.71704
angle:exp2	6.770e-03	2.404e-03	2.260e+03	2.816	0.00491**
angle:exp3	-8.433e-3	4.751e-03	2.290e+03	-1.775	0.07606
row:exp2	2.000e-01	6.426e-02	2.227e+03	3.112	0.00188**
row:exp3	2.041e-01	1.262e-01	2.246e+03	1.618	0.10578
angle:row:exp2	-1.796e-4	6.504e-04	2.234e+03	-0.276	0.78251
angle:row:exp3	-3.389e-4	1.309e-03	2.246e+03	-0.259	0.79568

VII. Discussion

1. Variabilité due à l'environnement : impact de la hauteur de la colonne d'eau

i. Impact sur l'angle et la croissance racinaire du blé tendre

Les résultats du modèle pour le blé tendre ne nous autorisent pas à confirmer que la hauteur de la colonne d'eau sur le papier filtre ait une influence sur la variation d'angle racinaire.

C'est également le cas pour la croissance racinaire totale des génotypes de blé tendre. Nos résultats ne nous permettent pas d'établir une relation entre la croissance racinaire et la hauteur de colonne d'eau. Malgré le fait que l'effet « row » soit significatif dans le modèle, celui-ci est très faible et l'effet « exp » qui correspond à la répétition avait beaucoup plus d'impact. Pour le panel BreedWheat, le principal effet environnemental de nos expériences qu'est la hauteur de colonne d'eau n'aurait donc que peu d'influence sur les caractères quantitatifs étudiés.

ii. Impact sur l'angle racinaire du blé dur

Pour le modèle restreint au blé dur, on peut observer une tendance à une diminution significative de l'angle racinaire lorsque l'on s'éloigne du niveau d'eau. C'est-à-dire que moins il y a d'eau plus la racine va avoir tendance à réduire son écartement racinaire. Inversement, les graines plus proches du niveau d'eau donnent des angles plus larges.

Or, il a été démontré que les génotypes présentant un angle étroit s'enracinent plus facilement et sont mieux adaptés aux conditions de stress hydrique (Oyanagi, 1994). Au vu des résultats des expériences de ce mémoire, on peut supposer qu'il existe une série de processus qui permettent à la plante de détecter la quantité disponible dans son environnement et d'ajuster son RGA en conséquence.

La sensibilité accrue du blé dur à la disponibilité en eau est illustrée par la variation de son angle racinaire. Cela peut s'expliquer par le fait que les panels utilisés pour ce mémoire sont

constitués de cultivars français et italiens adaptés à des conditions de cultures méditerranéennes et donc plus restrictives en eau. Alors que les panels de blés tendres ont été sélectionnés pour représenter une diversité génétique mondiale.

Ne disposant pas du jeu de données adéquat, la croissance racinaire n'a pas pu être analysée pour le blé dur.

2. Variabilité génétique et héritabilité

Au-delà de l'effet du potentiel hydrique et de la hauteur de la colonne d'eau, la variabilité de l'angle racinaire peut aussi être expliquée par la variabilité génétique.

Lorsque l'on compare nos résultats d'héritabilité au sens large avec ceux que l'on peut retrouver dans la littérature on peut souligner deux choses. Premièrement, tout comme la plupart des valeurs d' H^2 pour l'angle racinaire des graminées et notamment pour le blé, l'héritabilité dans nos conditions expérimentales est supérieure à 50%. Cela veut donc dire que l'essentiel de la variabilité phénotypique peut être expliquée par la variabilité génétique et donc que l'angle racinaire est un caractère intéressant pour la sélection variétale et la conception d'un idéotype.

Deuxièmement, on constate que malgré un protocole et des conditions expérimentales identiques, l'héritabilité de l'angle racinaire n'est pas un paramètre qui se conserve entre les deux espèces de blé. Ceci est également remarquable dans la littérature. Ainsi, aussi bien au sein du genre *triticum* que pour la famille des *poaceae* ou les autres plantes cultivées, l'héritabilité pour l'angle racinaire n'a pas de valeurs fixes.

Nous pouvons nous questionner sur les raisons qui expliquent le polymorphisme de l'angle racinaire. Pour rappel, le lien entre profondeur racinaire et angle étroit entre les racines séminales a été établi. Maintenant, prenons l'exemple d'une plante se développant en condition de stress hydrique suite à un épisode de sécheresse, elle sera mieux adaptée à son environnement avec un enracinement profond et un RGA étroit. Mais il se peut que la descendance de cette plante ne soit plus soumise à ce même déficit hydrique et que dans ce cas-là, la quantité d'azote et de phosphore devienne l'élément limitant. Il est alors primordial

que la plante puisse s'adapter, par exemple en structurant son système racinaire avec un angle plus large. Ce dernier est en effet synonyme d'un enracinement moins profond et d'une meilleure capture des nutriments. Il se pourrait qu'au cours de l'évolution, la sélection naturelle ait privilégié les individus présentant une certaine plasticité de l'angle racinaire. Cette plasticité phénotypique confère une flexibilité aux individus et leur permet de mieux s'adapter aux conditions environnementales. Ceci peut aussi expliquer pourquoi, dans le cadre des expériences réalisées pour ce mémoire, un même génotype possède des angles racinaires différents en fonction de sa position sur la plaque et de la hauteur de la colonne d'eau associée.

Cependant, en comparant les coefficients de variation de l'angle et de la croissance racinaire, nous pouvons remarquer que le CV de l'angle racinaire est plus faible que celui de la croissance racinaire. La variance génotypique de l'angle est donc plus faible. Dans nos conditions expérimentales, l'angle pourrait donc être un caractère moins polymorphe que la croissance racinaire et se conserverait mieux entre les variétés.

Lorsque que l'on se penche sur la variabilité de la croissance racinaire on observe que l'eau n'a que peu d'influence sur ce caractère pour nos manipulations. Néanmoins, l'héritabilité au sens large plutôt élevée sous-entend que ce caractère se transmet bien de génération en génération.

3. Hétérosis pour les variétés hybrides

i. Hétérosis pour l'angle racinaire

Des calculs d'hétérosis sur le maïs ont démontré que sous des conditions déficitaires en azote, la vigueur hybride s'exprimait par un angle racinaire plus large pour les descendants hybrides que pour les lignées parentales. La descendance peut ainsi mieux capter l'azote et présenter de meilleurs rendements. Tandis qu'un angle étroit est souvent lié à un enracinement profond. Dans nos conditions expérimentales, la hauteur d'eau est le principal facteur extérieur pouvant influencer le RSA. Vu que la disponibilité en eau est plus importante au bas

de la plaque, une meilleure vigueur hybride pourrait s'exprimer par un angle qui permet un enracinement plus profond.

Or, nous pouvons constater que pour les variétés hybrides testées durant ce mémoire, elles ont en moyenne un angle racinaire plus étroit que celui de leurs « parents ».

ii. Hétérosis pour la croissance racinaire

A l'instar de l'angle racinaire, la hauteur de la colonne d'eau pourrait également influencer les racines. La quantité d'eau étant plus importante au bas de la plaque, la vigueur hybride devrait s'exprimer par une croissance plus rapide. Et effectivement, en moyenne, les génotypes hybrides possèdent une croissance racinaire plus élevée que leurs parents sous nos conditions. Ainsi en déficit hydrique, les hybrides développeraient plus rapidement leurs racines afin de capter de l'eau en suffisance le plus rapidement possible.

Il faut néanmoins relativiser nos constatations seules des soustractions entre les moyennes de la descendance et les moyennes des parents ont été réalisées. Pour réellement affirmer que ces hybrides possèdent un effet d'hétérosis bénéfique, des tests statistiques plus poussés devraient être réalisés pour confirmer que les moyennes de F1 et les moyennes parentales soient significativement différentes.

De plus, la faible taille de panel hybride ne nous permet pas d'intégrer ces données phénotypiques dans un modèle restreint aux seules variétés hybrides. Dès lors, nous ne pouvons pas confirmer l'hypothèse qu'un angle étroit et une croissance rapide correspondent à une meilleure vigueur puisque l'impact significatif (ou pas) de la hauteur de la colonne d'eau sur ces caractères précités n'a pas été établi.

4. Limitations des expériences

Il faut bien sûr remettre les résultats et la discussion des expériences de ce mémoire en perspectives des limitations expérimentales. Il faut tout d'abord rappeler que toutes les analyses partent du principe que les racines évoluaient dans un système en 2D ce qui est une

simplification idéalisée. Bien que le protocole permettait un phénotypage à haut débit, après deux ou trois jours d'expériences, il n'était pas rare que des racines de plantes adjacentes se croisent entre elles. En fonction de l'espace dont les racines disposent, leur comportement de croissance peut éventuellement changer. Par exemple, il a été observé que les plus longues racines primaires avaient tendance à éviter la tige de la graine située en dessous. On peut donc supposer qu'il existe une signalétique entre les plantes qui leur permet de repérer un obstacle et de le contourner. Ces interactions éventuelles n'ont pas été prises en compte dans le traitement de données. Pour y remédier il aurait été intéressant de réaliser les mêmes expériences avec moins de graines par plaque et de comparer les résultats avec ceux obtenus précédemment.

En outre, la capture des photos est une autre source d'erreurs. En effet celles-ci ont été prises « à la main ». Malgré le fait que l'appareil photo était fixé sur un pied et que des marques délimitaient la position des pouch sur le sol, le cadrage de plusieurs photos différait de quelques mm. Quelques erreurs de zoom ont aussi été constatées. L'utilisation d'un cadre solide fixé au sol améliorerait la rigueur photographique.

Enfin, concernant la germination, certains individus n'ont pas germé du tout tandis que certains n'ont pas toujours développé les deux racines séminales nécessaires pour calculer les angles racinaires. Il se peut également que, pendant la préparation de l'expérience, un nombre très limité de graines se retrouve dans des mauvais compartiment de la microplaque vu la taille du design expérimental (deux répétitions de 495 x 6 génotypes disposés de façon aléatoires).

VIII. Conclusion et perspectives

Au terme de ce mémoire, il convient de faire le point sur les objectifs fixés et les résultats obtenus.

Premièrement malgré les limitations exposées à la section précédente, le protocole utilisé permet un phénotypage efficace des racines d'un grand nombre d'individus à un stade précoce de la plante, le tout en milieu hétérogène.

Deuxièmement, à partir des données récoltées, on peut conclure que nos variétés de blé dur sont plus sensibles à la disponibilité en eau pour leur variation d'angle racinaire. Ce qui n'est pas le cas pour le RGA de nos variétés de blé tendre.

En outre, il semble que la hauteur de colonne d'eau ait un impact très limité sur la variation de la croissance racinaire du blé tendre.

Ensuite, ce mémoire permet de constater que les héritabilités au sens large de l'angle racinaire et de la croissance racinaire totale sont élevées pour les génotypes de SolACE. La majeure partie de la variabilité phénotypique de ces deux caractères peut être expliquée par la variabilité génétique. Nous pourrions poursuivre cette analyse en estimant l'héritabilité au sens étroit pour l'angle et la croissance racinaire. Ce paramètre nous permettra de prédire la réponse à la sélection sur base de ces caractères en vue de concevoir un idéotype variétal adapté aux conditions souhaitées.

Bien que, pour l'hétérosis, il convient de relativiser les résultats, les variétés hybrides semblent présenter une meilleure « vigueur hybride » que les lignées parentales pour les deux caractères qui nous intéressent.

Enfin, les résultats de ces expériences ne nous permettent pas d'établir de corrélation entre la croissance et l'angle racinaire pour le blé tendre à ce stade de développement précoce.

Pour aller plus loin, il serait intéressant de choisir, au sein de notre panel, les variétés qui maximisent ou minimisent l'angle racinaire en fonction de l'idéotype souhaité et de les tester sous différentes conditions. Par exemple, on pourrait réaliser les mêmes expériences en induisant dans la mesure du possible un tropisme à l'azote et phosphore afin de voir l'influence que pourrait avoir ces nutriments sur la flexion racinaire.

Tester ces mêmes génotypes en champ pourrait nous donner des informations sur le comportement effectif de la RSA en condition de culture. Enfin l'utilisation d'autres plateformes de phénotypage comme la plateforme aéroponique ou les rhizotrons/rhizotubes permettrait une analyse polycaractères haut-débit de la RSA. Les données récoltées pourraient alors être utilisées pour une étude d'association afin de détecter les QTL qui contrôlent la RSA dans le but d'appliquer une sélection assistée par marqueurs.

L'amélioration végétale basée sur l'architecture racinaire n'en est encore qu'à ses débuts, or une bonne compréhension des processus génétiques qui influencent le comportement des racines sera primordiale pour relever les défis de l'agriculture de demain.

IX. Bibliographie

- Akel et al. 2018. Hybrid durum wheat: heterosis of grain yield and quality traits and genetic architecture of anther extrusion.
- Ao et al. 2010. Genetic variability for root morph-architecture traits and root growth dynamics as related to phosphorus efficiency in soybean
- Baciaflor EB, Fasano JL, Gilroy S. 1998. Mapping the functional roles of cap cells in the response of *Arabidopsis* primary roots to gravity
- Bengough AG. 2004. Gel observation chamber for rapid screening of root traits in cereal seedlings. *Plant Soil*
- Buckler Es, Thornsberry JM. 2002. Plant Molecular diversity and applications to genomics.
- BurrIDGE et al. 2016. Legume shovelomics: High—Throughput phenotyping of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and cowpea (*Vigna unguiculata* subsp, *unguiculata*) root architecture in the field
- Cané et al. 2014. Association mapping for root architectural traits in durum wheat seedlings as related to agronomic performance
- Christopher et al 2012. QTL for root angle and number in a population developed from bread wheats (*Triticum aestivum*) with contrasting adaptation to water-limited environments
- de Dorlodot S., Forster B., Pagés L., Price A., Tuberosa R. and Draye X. (2007) Root system architecture: opportunities and constraints for genetic improvement of crops.
- De Vienne Dominique. 2017. Génétique des populations. Une notion fondamentale en génétique quantitative : L'HERITABILITE
- Debaeke P, Durel CE, Jeuffroy MH. 2014. Conception d'idéotypes variétaux en réponse aux nouveaux contextes agricoles et environnementaux
- Draye X, Baret P. 2013. BIRAL2101-Génétique quantitative et des populations : Analyse des QTL
- Draye et al. 2017. High throughput root phenotyping in aeroponics : one step from seed to root growth parameters
- Ersoz, E.S., J. Yu, and E.S. Buckler, IV. 2009. Applications of linkage disequilibrium and association mapping in maize. p. 173–195. In A. L. Kriz and B. A. Larkins (ed.) *Molecular genetic approaches to maize improvement*. Springer-Verlag, New York, NY.
- Flint-Garcia SA, Thornsberry JM, Buckler ES. 2003. Structure of linkage disequilibrium in plants. *Annual review of plant biology*, 54(1), 357-374.
- Gavira et Bruny .2012 Evolution du marché mondial du blé au cours des cinquantes dernières années.
- GIEC, IPCC. 2018. Global warming of 1,5°C, summary for policymakers.
- Hamada H et al, 2012. Novel QTLs for growth angle of seminal roots in wheat.
- Hauck et al. 2015. Characterization of mature maize (*Zea mays* L.) root system architecture and complexity in a diverse set of Ex-PVP inbreds and hybrids
- Höcker et al. 2006. Manifestation of heterosis during early maize (*Zea mays* L.) root development

- Hurd EA (1974) Phenotype and drought tolerance in wheat. *Agricultural Meteorology* 14
- Institut für Bio- und Geowissenschaften Pflanzenwissenschaften (IBG-2), 2013 Einzelpflanzenphänotypisierung im Hochdurchsatz. https://www.fz-juelich.de/ibg/ibg-2/DE/Projekte/_eu/PhenoCrops/AP_Einzel/einzel_node.html.
- Jia et al. 2010. Genetic Dissection of Root System Architectural Traits in Spring Barley
- Joshi. 2001. Heterosis for Yield and Yield Components in Rice
- Kazan. 2013. Auxin and the integration of environmental signals into plant root development
- Kushawa U et al. 2017. Association Mapping , Principles and Techniques
- Le Crenn. 2017 Phénotyper le développement racinaire grâce aux rhizotrons
- Le Gouis et al. 2018. Projet BreedWheat
- Le Marié C et al. 2014. Rhizoslides: paper-based growth system for non-destructive, high throughput phenotyping of root development by means of image analysis
- Lesne R, 2015. Phénotypage haut-débit de l'architecture du système racinaire du maïs (*Zea mays* L.) et étude d'association sur le génome entier (GWAS)
- Lobet G & al. 2015. Root System Markup Language: Toward a Unified Root Architecture Description Language
- Loue. 1982 physiology of wheat and barley, potassium fertilization in France.
- Lynch JP. 2011. Root phenes for enhanced soil exploration and phosphorus acquisition: tools for future crops
- Lynch JP, 2013. Steep, cheap and deep: an ideotype to optimize water and N acquisition by maize root systems
- Maccaferri et al, 2016. Prioritizing quantitative trait loci for root system architecture in tetraploid wheat.
- Mace et al. 2012. QTL for nodal root angle in sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) co-locate with QTL for traits associated with drought adaptation
- Manschadi AA, Hammer GL, Christopher JT, deVoil P (2008) Genotypic variation in seedling root architectural traits and implications for drought adaptation in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Soil* 303:115–129.
- Manschadi et al. 2004. Genotypic variation in seedling root architectural traits and implications for drought adaptation in wheat (*Triticum aestivum* L.)
- Manske GGB, Vlek PLG (2002) Root architecture — wheat as a model plant. In 'Plant roots: the hidden half'. (Eds Y Waisel, A Eshel, U Kafafi) pp. 249–259.
- Mk technology group. 2018. Automated system line for rhizotron screening
- Morita et al. 2004. Gravity sensing and signaling. *Current Opinion*.
- Nakamoto T, Oyanagi A (1994) The direction of growth of seminal roots of *Triticum aestivum* L. and experimental modification thereof. *Annals of Botany* 73
- O'Brien L (1979) Genetic variability of root growth in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Australian Journal of Agricultural Research* 30,
- ODA Group. 2018. <https://www.terre-net.fr/marche-agricole/actualite-marche-agricole/article/lourd-deficit-de-la-production-mondiale-2018-1395-139946.html>
- Oyanagi A (1994) Gravitropic response growth angle and vertical distribution of roots of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Soil* 165:323–326
- Prat et al. 2006. Analyse du génome et gestion des ressources génétiques forestières.

- Piepho Hans-Peter & al. 2008. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing.
- Pritchard, J.K. and N.A. Rosenberg 1999. Use of unlinked genetic markers to detect population stratification in association studies. *Am J Hum Genet* 65:220-28.
- R Core team.2013. R: A language and environment for statistical computing
- Rafalski, J. A. (2010). Association genetics in crop improvement. *Current opinion in plant biology*, 13(2), 174-180.
- Ramalingam et al.2017.Association between root growth angle and root length density of a near-isogenic line of IR64 rice with *DEEPER ROOTING 1* under different levels of soil compaction
- Rich S, Watt M. 2013 Soil conditions and cereal root system architecture: review and considerations for linking Darwin and Weaver. *Journal of Experimental Botany*, Volume 64, Issue 5, 1 March 2013, Pages 1193–1208
- Richard & al.2015. High-throughput phenotyping of seminal root traits in wheat
- Richards RA, Passioura JB (1989) A breeding program to reduce the diameter of the major xylem vessel in the seminal roots of wheat and its effect on grain yield in rain-fed environments. *Australian Journal of Agricultural Research* 40,
- Robinson et al.2016. Genomic Regions Influencing Seminal Root Traits in Barley
- RSML.github <http://rootsystemml.github.io/>
- Sanguineti et al.2007. Genetic dissection of seminal root architecture in elite durum wheat germplasm.
- Sartoni et al. 2015. A new compartmentalized rhizotron system for root phenotyping.
- Schneider, C. A.; Rasband, W. S. & Eliceiri, K. W. 2012. "NIH Image to ImageJ: 25 years of image analysis", *Nature methods* 9(7): 671-675
- Siddique KHM, Belford RK, Tennant D (1990) Root : shoot ratios of old and modern, tall and semi-dwarf wheats in a mediterranean environment. *Plant and Soil* 121
- Singh Vijaya et al. 2012. Genetic control of nodal root angle in sorghum and its implications on water extraction
- SmartRoot.github. <https://smartroot.github.io/>
- Soltner. D., 1990- les grandes productions végétales : céréales, plantes sarclées, prairie. Coll. Sciences et techniques agricoles. 17ème Ed.464p.
- Stapeley et al. 2017. Recombination : The good, the bad and the variable.
- Takahashi et al. 2016. Hydrotropism in abscisic acid, wavy and gravitropic mutant of *Arabidopsis Thaliana*
- The role of the distal elongation zone in the response of maize roots to auxin and gravity
- Tuberosa, R., Sanguineti, M. C., Landi, P., Giuliani, M. M., Salvi, S., & Conti, S. (2002b). Identification of QTLs for root characteristics in maize grown in hydroponics and analysis of their overlap with QTLs for grain yield in the field at two water regimes. *Plant molecular biology*, 48(5-6), 697-712.
- Xiaojiao Hu, Hongwu Wang, Kun Li, Yujin Wu, Zhifang Liu & Changling Huang. 2017. Genome-wide proteomic profiling reveals the role of dominance protein expression in heterosis in immature maize ears
- Yu, J., & Buckler, E. S. (2006). Genetic association mapping and genome organization of maize. *Current Opinion in Biotechnology*, 17(2), 155-160.

- Zhu, C. et al. 2008. Status and prospects of association mapping in plants. *Plant Gen.* 1, 5–20.

X. Annexes

Liste des annexes :

Annexe 1 – Matériel génétique et design

1. Liste des génotypes utilisés pour SolACE
 1. Liste des génotypes de blé tendre et hybrides
 2. Liste des génotypes de blé dur
2. Design et scode
 1. Design blé tendre
 2. Design blé dur
 3. Design EPO et hybrides

Annexe 2 – Script R

Annexe 3 – Graphiques des résidus et QQ plots des différents modèles

1. Graphiques des résidus modèle expliquant l'angle racinaire le blé tendre & blé dur (EPO et hybrides exclus)
2. Graphiques des résidus du modèle expliquant l'angle racinaire pour le blé tendre
3. Graphiques des résidus modèle expliquant l'angle racinaire pour le blé dur
4. Graphiques des résidus du modèle expliquant la croissance racinaire du blé tendre
5. Graphique des résidus modèle expliquant la croissance racinaire par l'angle, le niveau d'eau et l'expérience

Annexe 1- Matériel génétique et design

1. Liste des génotypes utilisés pour SolAce

1.1. Génotypes Blé tendre et hybrides

SCODE	Name	Partner/collection
SBW1001	BENNI	BreedWheat Diversity Panel
SBW1002	BONNY	BreedWheat Diversity Panel
SBW1007	JACOMETTI 49	BreedWheat Diversity Panel
SBW1008	KLEIN 32	BreedWheat Diversity Panel
SBW1010	MCNAIR 1587	BreedWheat Diversity Panel
SBW1011	MONON	BreedWheat Diversity Panel
SBW1012	MV03-86	BreedWheat Diversity Panel
SBW1014	OBRII	BreedWheat Diversity Panel
SBW1016	ROMA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1019	ZG7865/83	BreedWheat Diversity Panel
SBW1021	BOURGOGNE	BreedWheat Diversity Panel
SBW1023	TALDOR	BreedWheat Diversity Panel
SBW1024	MIRONOVSKAIA 31	BreedWheat Diversity Panel
SBW1026	FRUNZENSKAIA 60	BreedWheat Diversity Panel
SBW1027	GONCHA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1028	308.02.2/WEAVER//F362K2.121	BreedWheat Diversity Panel
SBW1029	DEMAR-4	BreedWheat Diversity Panel
SBW1030	ZG3073/84	BreedWheat Diversity Panel
SBW1031	OWL/Col No.3625//SOISSONS	BreedWheat Diversity Panel
SBW1034	BOLAL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1038	HATVANI 40/25	BreedWheat Diversity Panel
SBW1039	KARCAGI 149	BreedWheat Diversity Panel
SBW1040	MCNAIR 701	BreedWheat Diversity Panel
SBW1041	MONTJOIE	BreedWheat Diversity Panel
SBW1045	SCOUT66	BreedWheat Diversity Panel
SBW1047	TAM108	BreedWheat Diversity Panel
SBW1048	TRAYANA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1049	LORETO	BreedWheat Diversity Panel
SBW1051	MACNAIR1813	BreedWheat Diversity Panel
SBW1055	ZITNICA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1056	BERMET	BreedWheat Diversity Panel
SBW1058	SWM89Y074H	BreedWheat Diversity Panel

SBW1060	AKULA/BONITO//F10S-3	BreedWheat Diversity Panel
SBW1061	BONITO//KAREE/TUGELA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1062	KL.ESTRELLA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1064	MUSTANG	BreedWheat Diversity Panel
SBW1066	2109-36	BreedWheat Diversity Panel
SBW1067	2678-6	BreedWheat Diversity Panel
SBW1068	2838-39	BreedWheat Diversity Panel
SBW1069	ALBIDUM	BreedWheat Diversity Panel
SBW1070	ARPAHALOM-16	BreedWheat Diversity Panel
SBW1071	AUTONOMIA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1072	BUCKSKIN	BreedWheat Diversity Panel
SBW1073	CARSON	BreedWheat Diversity Panel
SBW1080	STACY	BreedWheat Diversity Panel
SBW1081	WHEELER	BreedWheat Diversity Panel
SBW1082	ZGIPK.4387	BreedWheat Diversity Panel
SBW1083	VIENOY	BreedWheat Diversity Panel
SBW1085	GEREK79	BreedWheat Diversity Panel
SBW1091	TAMEX	BreedWheat Diversity Panel
SBW1094	COUGAR	BreedWheat Diversity Panel
SBW1096	SKOPJANKA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1101	CAPET	BreedWheat Diversity Panel
SBW1102	COLORBEN-4	BreedWheat Diversity Panel
SBW1105	DACIA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1108	FOISON	BreedWheat Diversity Panel
SBW1110	GK-KALAKA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1111	HOKUEI	BreedWheat Diversity Panel
SBW1112	MUTSUBENKEY	BreedWheat Diversity Panel
SBW1114	NECTAR	BreedWheat Diversity Panel
SBW1115	NS RANA 1	BreedWheat Diversity Panel
SBW1119	ROSE	BreedWheat Diversity Panel
SBW1120	RUBIS	BreedWheat Diversity Panel
SBW1121	SADOVOSUPER	BreedWheat Diversity Panel
SBW1124	TECUMSEH	BreedWheat Diversity Panel
SBW1126	SALMONE	BreedWheat Diversity Panel
SBW1127	KOTARE	BreedWheat Diversity Panel
SBW1129	MADRIGAL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1135	TILEK	BreedWheat Diversity Panel
SBW1137	MCGUIRE	BreedWheat Diversity Panel
SBW1144	TCI960735	BreedWheat Diversity Panel

SBW1146	AGROUNIA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1147	BRACO	BreedWheat Diversity Panel
SBW1148	CEREALOR	BreedWheat Diversity Panel
SBW1149	CHAMBORD	BreedWheat Diversity Panel
SBW1150	DECLIC	BreedWheat Diversity Panel
SBW1151	HOROSHIRI KOMUGI	BreedWheat Diversity Panel
SBW1154	SOLARIS	BreedWheat Diversity Panel
SBW1158	MIRONOVSKAIA 30	BreedWheat Diversity Panel
SBW1163	MV309-99	BreedWheat Diversity Panel
SBW1165	GR915	BreedWheat Diversity Panel
SBW1169	ES14/SITTA//AGRI/NAC	BreedWheat Diversity Panel
SBW1170	BILINMIYEN96.40	BreedWheat Diversity Panel
SBW1171	TCI962395	BreedWheat Diversity Panel
SBW1172	QUENOA INIA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1173	ADENA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1178	ALBATROS	BreedWheat Diversity Panel
SBW1179	LUNA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1181	LUTESCENS CH65/85	BreedWheat Diversity Panel
SBW1186	REDLAND	BreedWheat Diversity Panel
SBW1188	SALUDA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1194	BRANKA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1196	NOBLET	BreedWheat Diversity Panel
SBW1199	WWL860104	BreedWheat Diversity Panel
SBW1201	BRUTA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1204	CIT89073	BreedWheat Diversity Panel
SBW1206	GK ZUGOLY	BreedWheat Diversity Panel
SBW1207	ODESKA 161	BreedWheat Diversity Panel
SBW1211	MV314-99	BreedWheat Diversity Panel
SBW1213	P29	BreedWheat Diversity Panel
SBW1216	PROWERS 99	BreedWheat Diversity Panel
SBW1217	TAISETSU KOMUGI	BreedWheat Diversity Panel
SBW1218	MAGISTRAL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1219	GARAGUM	BreedWheat Diversity Panel
SBW1220	PAT	BreedWheat Diversity Panel
SBW1221	CRVENA ZVESDA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1224	HOSAR	BreedWheat Diversity Panel
SBW1225	SUSQUEHANNA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1228	DI7003-1-12	BreedWheat Diversity Panel
SBW1231	LUTESCENS EG16/82	BreedWheat Diversity Panel

SBW1234	MV23-77	BreedWheat Diversity Panel
SBW1235	NEUHOF 1	BreedWheat Diversity Panel
SBW1241	TORRIL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1245	ARTHUR	BreedWheat Diversity Panel
SBW1249	MV-MAGVAS	BreedWheat Diversity Panel
SBW1250	ALKA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1255	MIRLEBEN	BreedWheat Diversity Panel
SBW1258	RAMPART	BreedWheat Diversity Panel
SBW1266	ECRIN	BreedWheat Diversity Panel
SBW1268	HERKULES	BreedWheat Diversity Panel
SBW1276	LANGUEDOC	BreedWheat Diversity Panel
SBW1279	MV33-86	BreedWheat Diversity Panel
SBW1280	PROBSTDORFER MARTIN	BreedWheat Diversity Panel
SBW1282	TIMMO	BreedWheat Diversity Panel
SBW1283	UTE	BreedWheat Diversity Panel
SBW1284	SIROKA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1287	830-22	BreedWheat Diversity Panel
SBW1288	MV30-86	BreedWheat Diversity Panel
SBW1292	PROBSTDORFER ACCORD	BreedWheat Diversity Panel
SBW1297	SANRAFAEL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1300	ORMIL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1301	BEHERT	BreedWheat Diversity Panel
SBW1302	MIRONIVSKA 68	BreedWheat Diversity Panel
SBW1304	CDC-CLAIR	BreedWheat Diversity Panel
SBW1308	MALYSA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1310	SANSA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1311	CAMINO	BreedWheat Diversity Panel
SBW1314	ALTERNA-TOURNEUR	BreedWheat Diversity Panel
SBW1315	ARGEE	BreedWheat Diversity Panel
SBW1316	CH73641	BreedWheat Diversity Panel
SBW1317	DI7202-103	BreedWheat Diversity Panel
SBW1319	DRUZHBA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1320	GERMINAL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1324	NUGAINES	BreedWheat Diversity Panel
SBW1325	OVEST	BreedWheat Diversity Panel
SBW1326	P4523-80	BreedWheat Diversity Panel
SBW1327	PAGEANT	BreedWheat Diversity Panel
SBW1328	PEGASUS	BreedWheat Diversity Panel
SBW1332	RIDA	BreedWheat Diversity Panel

SBW1334	ULM	BreedWheat Diversity Panel
SBW1338	CH73425	BreedWheat Diversity Panel
SBW1341	HOLZAPFELS FRUH WEIZEN	BreedWheat Diversity Panel
SBW1345	SIMONA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1346	SEMPER	BreedWheat Diversity Panel
SBW1348	ABEL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1353	CHARMANY	BreedWheat Diversity Panel
SBW1354	COURTAL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1355	ERSHOVSKAJA-3	BreedWheat Diversity Panel
SBW1356	FANION	BreedWheat Diversity Panel
SBW1358	FLORIO	BreedWheat Diversity Panel
SBW1359	MALACCA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1360	PRESTIGE	BreedWheat Diversity Panel
SBW1361	PRIMEPI	BreedWheat Diversity Panel
SBW1362	PROBSTDORFER GEBER	BreedWheat Diversity Panel
SBW1364	RINNER WINTERWEISEN	BreedWheat Diversity Panel
SBW1365	STADLER	BreedWheat Diversity Panel
SBW1366	STETSON	BreedWheat Diversity Panel
SBW1370	YORKSTAR	BreedWheat Diversity Panel
SBW1372	MAXIMUM CAMBIER	BreedWheat Diversity Panel
SBW1373	FERDINAND	BreedWheat Diversity Panel
SBW1374	ROD	BreedWheat Diversity Panel
SBW1377	EDWIN	BreedWheat Diversity Panel
SBW1378	BOVICTUS	BreedWheat Diversity Panel
SBW1380	DI37-12-2	BreedWheat Diversity Panel
SBW1390	FROIDURE	BreedWheat Diversity Panel
SBW1392	SIRIA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1393	REGINA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1398	IWWRN(85)198	BreedWheat Diversity Panel
SBW1403	MIRONOVSKAIA 264	BreedWheat Diversity Panel
SBW1406	RENVAL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1407	ROISEL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1408	TAMBO	BreedWheat Diversity Panel
SBW1410	VERBESSERTER ST.JOHANNER	BreedWheat Diversity Panel
SBW1411	BIZEL	BreedWheat Diversity Panel
SBW1412	CAROLUS	BreedWheat Diversity Panel
SBW1413	CH73241	BreedWheat Diversity Panel
SBW1415	DANKOWSKA IDEALNA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1417	DI7210-15-11	BreedWheat Diversity Panel

SBW1425	ZETA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1426	ALTER DE GEMBLOUX	BreedWheat Diversity Panel
SBW1427	COMPACT	BreedWheat Diversity Panel
SBW1428	FERMO	BreedWheat Diversity Panel
SBW1429	GELPA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1435	PROTEKTOR	BreedWheat Diversity Panel
SBW1436	TRUBILO	BreedWheat Diversity Panel
SBW1437	VAKKA	BreedWheat Diversity Panel
SBW1439	REICHERSBERG 42	BreedWheat Diversity Panel
SBW1441	AUBE	BreedWheat Diversity Panel
SBW1444	BONTARIS	BreedWheat Diversity Panel
SBW1446	ATUT-II	BreedWheat Diversity Panel
SBW2001	ALLEZ Y	Checks from ARVALIS
SBW2002	APACHE	Checks from ARVALIS
SBW2003	BERMUDE	Checks from ARVALIS
SBW2004	RUBISKO	Checks from ARVALIS
SBW2005	TRAPEZ	Checks from ARVALIS
SBW3002	CH NARA	Local variety from partners
SBW3003	LUDWIG	Local variety from partners
SBW3005	WIWA	Local variety from partners
SBW4002	ARLEQUIN:B-	SYNGENTA parents
SBW4003	ATHLON:B-	SYNGENTA parents
SBW4004	BOLOGNA:B-	SYNGENTA parents
SBW4005	CCB09H046:B-	SYNGENTA parents
SBW4006	GIAMBOLOGNA:B-	SYNGENTA parents
SBW4007	H15FR11757:B-	SYNGENTA parents
SBW4008	H15FR13047:B-	SYNGENTA parents
SBW4009	OREGRAIN:B-	SYNGENTA parents
SBW4010	SUBLIM:B-	SYNGENTA parents
SBW4011	SY 116464:B-	SYNGENTA parents
SBW4012	SY 117071:B-	SYNGENTA parents
SBW4013	SY 117079:B-	SYNGENTA parents
SBW4014	SY MATTIS:B-	SYNGENTA parents
SBW5001	ANNIBALE/AKAMAR	SYNGENTA hybrids
SBW5002	BOLOGNA/GIAMBOLOGNA	SYNGENTA hybrids
SBW5003	H15FR11757/SY MATTIS	SYNGENTA hybrids
SBW5004	H15FR13047/OREGRAIN	SYNGENTA hybrids
SBW5005	SUBLIM/ATHLON	SYNGENTA hybrids
SBW5006	SUBLIM/GIAMBOLOGNA	SYNGENTA hybrids

SBW5007	SUBLIM/OREGRAIN	SYNGENTA hybrids
SBW5008	SY 116464/ATHLON	SYNGENTA hybrids
SBW5009	SY 117071/ARLEQUIN	SYNGENTA hybrids
SBW5010	SY 117079/AKAMAR	SYNGENTA hybrids

1.2. Génotypes de blé dur

SCODE	Name	Partner/Collection
SDW1001	AGATHE	FSOVGPDUR
SDW1002	ALEXIS	FSOVGPDUR
SDW1003	ANVERGUR	PANEL_GPDUR
SDW1004	ARCOUR	FSOVGPDUR
SDW1005	ARGELES	FSOVGPDUR
SDW1006	ATHORIS	FSOVGPDUR
SDW1007	ATOUDUR	FSOVGPDUR
SDW1008	AVENTUR	FSOVGPDUR
SDW1009	BABYLONE	FSOVGPDUR
SDW1010	BYBLOS	FSOVGPDUR
SDW1011	CHISTERA	FSOVGPDUR
SDW1012	CLOVIS	FSOVGPDUR
SDW1013	COUSSUR	FSOVGPDUR
SDW1014	CULTUR	FSOVGPDUR
SDW1015	DAKTER	FSOVGPDUR
SDW1016	DAURUR	FSOVGPDUR
SDW1017	DURIAC	FSOVGPDUR
SDW1018	DUROBONUS	FSOVGPDUR
SDW1019	FLORIDOU	FSOVGPDUR
SDW1020	GIBUS	FSOVGPDUR
SDW1021	ISILDUR	FSOVGPDUR
SDW1022	KARUR	FSOVGPDUR
SDW1023	LAHAN	FSOVGPDUR
SDW1024	LGBORIS	FSOVGPDUR
SDW1025	LIBERDUR	FSOVGPDUR
SDW1026	LUMINUR	FSOVGPDUR
SDW1027	MEMPHIS	FSOVGPDUR
SDW1028	MIRADOUX	PANEL_GPDUR
SDW1029	MONASTIR	FSOVGPDUR
SDW1030	MONDUR	FSOVGPDUR
SDW1031	MURANO	FSOVGPDUR
SDW1032	NEMESIS	FSOVGPDUR
SDW1033	NOBILIS	PANEL_GPDUR

SDW1034	PASTADOU	FSOVGPDUR
SDW1035	PESCADOU	FSOVGPDUR
SDW1036	PHARAON	FSOVGPDUR
SDW1037	PICTUR	FSOVGPDUR
SDW1038	PLUSSUR	FSOVGPDUR
SDW1039	QUALIDOU	FSOVGPDUR
SDW1040	RELIEF	PANEL_GPDUR
SDW1041	RGTFABIONUR	FSOVGPDUR
SDW1042	RGTVOILUR	FSOVGPDUR
SDW1043	SCULPTUR	FSOVGPDUR
SDW1044	SYBANCO	FSOVGPDUR
SDW1045	SYCISCO	FSOVGPDUR
SDW1046	TABLUR	FSOVGPDUR
SDW1047	TOMCLAIR	FSOVGPDUR
SDW2001	ADONE	crea
SDW2002	AKENATON	crea
SDW2003	ALEMANNO	crea
SDW2004	AMBRAL	crea
SDW2005	ANCO_MARZIO=Yupare	crea
SDW2006	ANTALIS	crea
SDW2007	ARNACORIS	crea
SDW2008	ARTEMIDE	crea
SDW2009	AUREO	crea
SDW2010	BALIDURO	crea
SDW2011	BRONTE	crea
SDW2012	CAPPELLI	crea
SDW2013	CASANOVA	crea
SDW2014	CICLOPE	crea
SDW2015	CORE	crea
SDW2016	CUSPIDE	crea
SDW2017	DARIO	crea
SDW2018	Desert_King_(oro)	crea
SDW2019	DORATO	crea
SDW2020	DYLAN	crea
SDW2021	ERCOLE	crea
SDW2022	FABULIS	crea
SDW2023	FURIO_CAMILLO	crea
SDW2024	GENNARO	crea
SDW2025	GHIBLI	crea
SDW2026	GIUSTO	crea
SDW2027	GLOCODUR	crea
SDW2028	ISMUR	crea

SDW2029	Kanakis	crea
SDW2030	KARALIS	crea
SDW2031	KRONOS	crea
SDW2032	L22D84=PR22D84	crea
SDW2033	L2574	crea
SDW2034	MARAKAS	crea
SDW2035	MG_54	crea
SDW2036	MIDYNU	crea
SDW2037	MINOSSE	crea
SDW2038	NEGRIDURO	crea
SDW2039	OFANTO	crea
SDW2040	OVIDIO	crea
SDW2041	PAPADAKIS	crea
SDW2042	PICENO	crea
SDW2043	PR22D89	crea
SDW2044	QUADRATO	crea
SDW2045	RAMIREZ	crea
SDW2046	SACHEM	crea
SDW2047	SAN_CARLO	crea
SDW2048	SERAFO_NICK	crea
SDW2049	SIJAH_KILAKLI	crea
SDW2050	SILUR	crea
SDW2051	STRONGFIELD	crea
SDW2052	SURAKA	crea
SDW2053	SURMESUR	crea
SDW2054	SVEVO	crea
SDW2055	TIREX	crea
SDW2056	TIZIANA	crea
SDW2057	TORRESE	crea
SDW2058	VETRODUR	crea
SDW2059	ARIOSTO	crea
SDW2060	DORAL	crea
SDW2061	ASTERIX	crea
SDW2062	BALSAMO	crea
SDW2063	CAPDUR	crea
SDW2064	ELIOS	crea
SDW2065	FENICE	crea
SDW2066	MATT	crea
SDW2067	OLIVER	crea
SDW2068	Selcuklu-97	crea
SDW2069	SY_EXPERT	crea
SDW3001	JOYAU	unibo-2017

SDW3002	SARAGOLLA	unibo-2015
SDW3003	NADIF	unibo-2017
SDW3004	CICCIO	unibo-2015
SDW3005	TEXTUR	unibo-2017
SDW3006	TEODORICO	unibo-2017
SDW3007	ACADUR	unibo-2017
SDW3008	ACHILLE	unibo-2017
SDW3009	ALDEANO-DP028	unibo-2015
SDW3010	AMMAR-1-DP122	unibo-2015
SDW3011	AW12/BIT-DP060	unibo-2015
SDW3012	BOLIDO-DP034	unibo-2015
SDW3013	CASTELDOUX	unibo-2017
SDW3014	CESARE	unibo-2017
SDW3015	CYMMIT67-PLATA16-DP016	unibo-2015
SDW3016	COLOMBO	unibo-2017
SDW3017	CREDIT	unibo-2017
SDW3018	GEROMTEL-1-DP139	unibo-2015
SDW3019	GIBRALTAR	unibo-2017
SDW3020	GIDARA-2-DP141	unibo-2017
SDW3021	H.MOUL(MOR)/CHABA88-DP065	unibo-2017
SDW3022	INRAM1808=AMRIA-DP049	unibo-2015
SDW3023	JAWHAR-DP053	unibo-2015
SDW3024	JORDAN-DP150	unibo-2015
SDW3025	KIKO-NICK	unibo-2017
SDW3026	LAGONIL-2	unibo-2015
SDW3027	LLOYD	unibo-2015
SDW3028	LOUKOS-1_DP157	unibo-2015
SDW3029	MARJANA-DP054	unibo-2015
SDW3030	NEFER-DP205	unibo-2015
SDW3031	OBELIX	unibo-2017
SDW3032	OMGENIL-3_DP166	unibo-2015
SDW3033	OMRABI-5_DP071	unibo-2015
SDW3034	ORT-1_DP170	unibo-2015
SDW3035	PLINIO_DP107	unibo-2015
SDW3036	ROQUENO_DP110	unibo-2015
SDW3037	TITO_FLAVIO	unibo-2017
SDW3038	ATIL_C2000_DP252	unibo-2015
SDW3039	CHAM-1_DP136	unibo-2015
SDW3040	CRESO_DP089	unibo-2015
SDW3041	GALLARETA_DP041	unibo-2015
SDW3042	KOFA	unibo-2015
SDW3043	ARDENTE	unibo-2015

SDW3044	AZEGHAR-2_DP128	unibo-2015
SDW3045	BOLO_DP035	unibo-2015
SDW3046	CIMMYT23 BISU_1/PATKA_3_DP011	unibo-2015
SDW3047	CLAUDIO	unibo-2015
SDW3048	COLORADO_DP086	unibo-2015
SDW3049	CORTEZ_DP088	unibo-2015
SDW3050	DURCAL_DP039	unibo-2015
SDW3051	GRAZIA_DP096	unibo-2015
SDW3052	GUEROU-1_DP142	unibo-2015
SDW3053	IRIDE	unibo-2015
SDW3054	KARIM_DP064	unibo-2015
SDW3055	LEVANTE	unibo-2017
SDW3056	MERIDIANO_DP005	unibo-2015
SDW3057	MIKI-1_DP161	unibo-2015
SDW3058	MOHAWK_DP104	unibo-2015
SDW3059	SIMETO_DP248	unibo-2015
SDW3060	ZEINA-1_DP075	unibo-2015
SDW3061	ACALOU_DP190	unibo-2015
SDW3062	ARCOBALENO_DP080	unibo-2015
SDW3063	COLOSSEO_DP087	unibo-2015
SDW3064	ITALO_DP098	unibo-2015
SDW3065	KABIR-1_DP151	unibo-2015
SDW3066	MASSARA-1_DP160	unibo-2015
SDW3067	MEXICALI-75_DP103	unibo-2015
SDW3068	NEODUR	unibo-2017
SDW3069	NORMANNO	unibo-2017
SDW3070	ODISSEO	unibo-2017
SDW3071	OUASERL-1_DP172	unibo-2015
SDW3072	QUADALETE_DP176	unibo-2015
SDW3073	VALNOVA_DP114	unibo-2015
SDW3074	WB881_DP116	unibo-2015
SDW3075	AUS1_DP125	unibo-2015
SDW3076	MARZAK_DP055	unibo-2015
SDW4001	EL4X_27	EPO
SDW4002	EL4X_29	EPO
SDW4003	EL4X_31	EPO
SDW4004	EL4X_35	EPO
SDW4005	EL4X_41	EPO
SDW4006	EL4X_117	EPO
SDW4007	EL4X_118	EPO
SDW4008	EL4X_120	EPO

SDW4009	EL4X_130	EPO
SDW4010	EL4X_145	EPO
SDW4011	EL4X_146	EPO
SDW4012	EL4X_176	EPO
SDW4013	EL4X_179	EPO
SDW4014	EL4X_182	EPO
SDW4015	EL4X_188	EPO
SDW4016	EL4X_192	EPO
SDW4017	EL4X_194	EPO
SDW4018	EL4X_195	EPO
SDW4019	EL4X_198	EPO
SDW4020	EL4X_207	EPO
SDW4021	EL4X_212	EPO
SDW4022	EL4X_222	EPO
SDW4023	EL4X_227	EPO
SDW4024	EL4X_229	EPO
SDW4025	EL4X_233	EPO
SDW4026	EL4X_240	EPO
SDW4027	EL4X_241	EPO
SDW4028	EL4X_243	EPO
SDW4029	EL4X_250	EPO
SDW4030	EL4X_252	EPO
SDW4031	EL4X_262	EPO
SDW4032	EL4X_268	EPO
SDW4033	EL4X_278	EPO
SDW4034	EL4X_292	EPO
SDW4035	EL4X_305	EPO
SDW4036	EL4X_316	EPO
SDW4037	EL4X_331	EPO
SDW4038	EL4X_344	EPO
SDW4039	EL4X_350	EPO
SDW4040	EL4X_368	EPO
SDW4041	EL4X_370	EPO
SDW4042	EL4X_372	EPO
SDW4043	EL4X_373	EPO
SDW4044	EL4X_401	EPO
SDW4045	EL4X_402	EPO
SDW4046	EL4X_407	EPO
SDW4047	EL4X_412	EPO
SDW4048	EL4X_426	EPO
SDW4049	EL4X_428	EPO
SDW4050	EL4X_435	EPO

SDW4051	EL4X_460	EPO
SDW4052	EL4X_464	EPO
SDW4053	EL4X_474	EPO
SDW4054	EL4X_476	EPO
SDW4055	EL4X_483	EPO
SDW4056	EL4X_488	EPO
SDW4057	GQ4X_75	EPO
SDW4058	GQ4X_139	EPO
SDW5001	PRINCIPE	missing_info
SDW5002	TRIPUDIO	missing_info
SDW5003	VESUVIO	missing_info
SDW5004	KRF-DP154	missing_info
SDW5005	KRS/HAUCAN-DP066	missing_info
SDW5006	AGHRASS-1_DP118	missing_info
SDW5007	BLK2_DP133	missing_info
SDW5008	CIMMYT136 FOCHA 1/5 ALAS DP021	missing_info
SDW5009	MURLAGOST-1_DP163	missing_info
SDW5010	ORJAUNE_DP200	missing_info
SDW5011	OMBAR_DP069	missing_info
SDW5012	FURAT-1_DP138	missing_info
SDW5013	RADIOOSO_DP127	missing_info

2. Design et scode

2.1. Design blé tendre

species	origin	exp	rep	pouch	col	scode
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	1	1	SBW1173
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	1	2	SBW1067
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	1	3	SBW1358
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	1	4	SBW1066
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	1	5	SBW1301
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	2	1	SBW1124
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	2	2	SBW1341
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	2	3	SBW1221
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	2	4	SBW1288
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	2	5	SBW1406
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	3	1	SBW1302
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	3	2	SBW1410
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	3	3	SBW1412
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	3	4	SBW1041
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	3	5	SBW1365
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	4	1	SBW1073
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	4	2	SBW1228
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	4	3	SBW1121
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	4	4	SBW1007
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	4	5	SBW1170
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	5	1	SBW1359
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	5	2	SBW1163
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	5	3	SBW1314
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	5	4	SBW1216
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	5	5	SBW1435
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	6	1	SBW1235
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	6	2	SBW1403
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	6	3	SBW1332
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	6	4	SBW1012
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	6	5	SBW1280
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	7	1	SBW1245
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	7	2	SBW1169
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	7	3	SBW1056
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	7	4	SBW1045
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	7	5	SBW1115
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	8	1	SBW1047
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	8	2	SBW1108
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	8	3	SBW1096

Bread Wheat	BreedWheat	1	1	8	4	SBW1069
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	8	5	SBW1211
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	9	1	SBW1201
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	9	2	SBW1179
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	9	3	SBW1072
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	9	4	SBW1120
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	9	5	SBW1085
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	10	1	SBW1016
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	10	2	SBW1398
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	10	3	SBW1317
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	10	4	SBW1019
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	10	5	SBW1255
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	11	1	SBW1353
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	11	2	SBW1338
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	11	3	SBW1355
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	11	4	SBW1413
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	11	5	SBW1429
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	12	1	SBW1364
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	12	2	SBW1188
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	12	3	SBW1326
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	12	4	SBW1146
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	12	5	SBW1148
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	13	1	SBW1287
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	13	2	SBW1325
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	13	3	SBW1346
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	13	4	SBW1029
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	13	5	SBW1021
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	14	1	SBW1374
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	14	2	SBW1250
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	14	3	SBW1249
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	14	4	SBW1024
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	14	5	SBW1316
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	15	1	SBW1279
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	15	2	SBW1354
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	15	3	SBW1061
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	15	4	SBW1444
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	15	5	SBW1071
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	16	1	SBW1217
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	16	2	SBW1315
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	16	3	SBW1178
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	16	4	SBW1282
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	16	5	SBW1014

Bread Wheat	BreedWheat	1	1	17	1	SBW1171
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	17	2	SBW1308
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	17	3	SBW1377
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	17	4	SBW1268
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	18	1	SBW1058
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	18	2	SBW1110
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	18	3	SBW1417
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	18	4	SBW1027
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	18	5	SBW1320
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	19	1	SBW1370
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	19	2	SBW1225
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	19	3	SBW1300
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	19	4	SBW1126
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	19	5	SBW1082
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	20	1	SBW1218
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	20	2	SBW1283
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	20	3	SBW1010
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	20	4	SBW1070
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	20	5	SBW1150
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	21	1	SBW1407
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	21	2	SBW1154
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	21	3	SBW1094
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	21	4	SBW1427
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	21	5	SBW1023
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	22	1	SBW1231
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	22	2	SBW1372
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	22	3	SBW1081
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	22	4	SBW1060
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	22	5	SBW1392
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	23	1	SBW1428
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	23	2	SBW1135
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	23	3	SBW1039
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	23	4	SBW1334
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	23	5	SBW1366
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	24	1	SBW1051
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	24	2	SBW1324
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	24	3	SBW1105
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	24	4	SBW1062
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	24	5	SBW1378
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	25	1	SBW1224
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	25	2	SBW1083
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	25	3	SBW1158

Bread Wheat	BreedWheat	1	1	25	4	SBW1091
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	25	5	SBW1348
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	26	1	SBW1031
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	26	2	SBW1292
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	26	3	SBW1196
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	26	4	SBW1207
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	26	5	SBW1040
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	27	1	SBW1319
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	27	2	SBW1002
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	27	3	SBW1048
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	27	4	SBW1101
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	27	5	SBW1151
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	28	1	SBW1181
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	28	2	SBW1147
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	28	3	SBW1026
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	28	4	SBW1119
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	28	5	SBW1380
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	29	1	SBW1327
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	29	2	SBW1031
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	29	3	SBW1213
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	29	4	SBW1049
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	29	5	SBW1068
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	30	1	SBW1276
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	30	2	SBW1064
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	30	3	SBW1284
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	30	4	SBW1055
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	30	5	SBW1411
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	31	1	SBW1144
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	31	2	SBW1165
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	31	3	SBW1172
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	31	4	SBW1446
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	31	5	SBW1439
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	32	1	SBW1129
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	32	2	SBW1038
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	32	3	SBW1360
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	32	4	SBW1373
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	33	1	SBW1362
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	33	2	SBW1310
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	33	3	SBW1328
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	33	5	SBW1220
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	34	1	SBW1206
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	34	2	SBW1111

Bread Wheat	BreedWheat	1	1	34	3	SBW1241
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	34	4	SBW1441
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	34	5	SBW1137
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	35	1	SBW1127
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	35	2	SBW1345
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	35	3	SBW1234
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	35	4	SBW1426
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	35	5	SBW1266
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	36	1	SBW1149
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	36	2	SBW1186
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	36	3	SBW1311
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	36	4	SBW1425
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	36	5	SBW1080
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	37	1	SBW1114
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	37	2	SBW1437
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	37	3	SBW1361
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	37	4	SBW1258
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	37	5	SBW1199
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	38	1	SBW1297
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	38	2	SBW1112
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	38	3	SBW1034
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	38	4	SBW1415
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	38	5	SBW1304
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	39	1	SBW1028
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	39	2	SBW1030
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	39	3	SBW1356
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	39	4	SBW1219
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	39	5	SBW1011
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	40	1	SBW1390
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	40	2	SBW1001
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	40	4	SBW1194
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	40	5	SBW1204
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	41	1	SBW1408
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	41	5	SBW1436
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	42	1	SBW1008
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	42	4	SBW1393
Bread Wheat	BreedWheat	1	1	42	5	SBW1102
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	1	1	SBW1048
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	1	3	SBW1199
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	1	4	SBW1218
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	1	5	SBW1129
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	2	1	SBW1228

Bread Wheat	BreedWheat	2	2	2	2	SBW1047
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	2	3	SBW1297
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	2	4	SBW1151
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	2	5	SBW1163
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	3	1	SBW1325
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	3	2	SBW1282
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	3	3	SBW1148
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	3	4	SBW1266
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	3	5	SBW1031
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	4	1	SBW1030
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	4	2	SBW1378
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	4	3	SBW1217
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	4	4	SBW1288
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	4	5	SBW1444
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	5	1	SBW1172
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	5	2	SBW1319
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	5	3	SBW1359
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	5	4	SBW1372
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	5	5	SBW1398
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	6	1	SBW1345
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	6	2	SBW1171
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	6	3	SBW1426
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	6	4	SBW1415
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	6	5	SBW1441
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	7	1	SBW1029
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	7	2	SBW1417
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	7	3	SBW1014
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	7	4	SBW1292
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	7	5	SBW1377
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	8	1	SBW1219
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	8	2	SBW1301
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	8	3	SBW1429
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	8	4	SBW1127
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	8	5	SBW1250
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	9	1	SBW1317
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	9	2	SBW1224
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	9	3	SBW1045
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	9	4	SBW1341
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	9	5	SBW1194
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	10	1	SBW1308
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	10	2	SBW1360
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	10	3	SBW1073

Bread Wheat	BreedWheat	2	2	10	4	SBW1001
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	10	5	SBW1413
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	11	1	SBW1049
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	11	2	SBW1038
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	11	3	SBW1276
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	11	4	SBW1436
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	11	5	SBW1221
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	12	1	SBW1234
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	12	2	SBW1390
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	12	3	SBW1268
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	12	4	SBW1406
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	13	1	SBW1446
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	13	2	SBW1058
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	13	3	SBW1124
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	13	4	SBW1425
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	13	5	SBW1146
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	14	1	SBW1120
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	14	2	SBW1411
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	14	3	SBW1051
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	14	4	SBW1041
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	14	5	SBW1315
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	15	1	SBW1355
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	15	2	SBW1280
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	15	3	SBW1348
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	15	4	SBW1112
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	15	5	SBW1135
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	16	1	SBW1070
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	16	2	SBW1067
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	16	3	SBW1245
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	16	4	SBW1255
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	16	5	SBW1126
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	17	1	SBW1169
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	17	2	SBW1206
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	17	3	SBW1080
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	17	4	SBW1435
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	17	5	SBW1019
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	18	1	SBW1154
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	18	2	SBW1083
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	18	3	SBW1150
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	18	4	SBW1111
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	18	5	SBW1094
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	19	1	SBW1332

Bread Wheat	BreedWheat	2	2	19	2	SBW1287
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	19	3	SBW1362
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	19	4	SBW1235
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	19	5	SBW1188
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	20	1	SBW1179
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	20	2	SBW1082
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	20	3	SBW1114
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	20	4	SBW1407
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	20	5	SBW1225
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	21	1	SBW1119
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	21	2	SBW1439
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	21	3	SBW1173
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	21	4	SBW1147
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	21	5	SBW1310
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	22	1	SBW1338
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	22	2	SBW1279
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	22	3	SBW1068
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	22	4	SBW1356
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	22	5	SBW1061
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	23	1	SBW1096
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	23	2	SBW1428
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	23	3	SBW1304
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	23	4	SBW1408
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	23	5	SBW1026
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	24	1	SBW1072
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	24	2	SBW1320
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	24	3	SBW1115
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	24	4	SBW1023
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	24	5	SBW1283
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	25	1	SBW1105
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	25	2	SBW1302
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	25	3	SBW1071
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	25	4	SBW1201
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	25	5	SBW1358
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	26	1	SBW1012
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	26	2	SBW1137
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	26	3	SBW1211
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	26	4	SBW1374
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	26	5	SBW1158
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	27	1	SBW1216
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	27	2	SBW1016
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	27	3	SBW1241

Bread Wheat	BreedWheat	2	2	27	4	SBW1213
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	27	5	SBW1393
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	28	1	SBW1101
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	28	2	SBW1392
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	28	3	SBW1231
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	28	4	SBW1081
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	28	5	SBW1207
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	29	1	SBW1328
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	29	2	SBW1353
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	29	3	SBW1149
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	29	4	SBW1102
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	29	5	SBW1354
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	30	1	SBW1361
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	30	2	SBW1220
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	30	3	SBW1066
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	30	4	SBW1403
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	30	5	SBW1373
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	31	1	SBW1064
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	31	2	SBW1324
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	31	3	SBW1170
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	31	4	SBW1327
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	31	5	SBW1334
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	32	1	SBW1062
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	32	2	SBW1108
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	32	3	SBW1056
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	32	4	SBW1008
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	32	5	SBW1055
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	33	1	SBW1024
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	33	2	SBW1085
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	33	3	SBW1011
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	33	4	SBW1040
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	33	5	SBW1007
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	34	1	SBW1427
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	34	2	SBW1144
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	34	3	SBW1028
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	34	4	SBW1031
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	34	5	SBW1034
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	35	1	SBW1060
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	35	2	SBW1366
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	35	3	SBW1300
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	35	4	SBW1178
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	35	5	SBW1069

Bread Wheat	BreedWheat	2	2	36	2	SBW1370
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	36	3	SBW1364
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	36	4	SBW1258
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	36	5	SBW1314
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	37	1	SBW1002
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	37	2	SBW1121
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	37	3	SBW1186
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	37	4	SBW1196
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	37	5	SBW1249
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	38	1	SBW1165
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	38	2	SBW1316
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	38	3	SBW1365
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	38	4	SBW1204
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	38	5	SBW1311
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	39	1	SBW1027
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	39	2	SBW1437
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	39	4	SBW1110
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	39	5	SBW1346
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	40	1	SBW1010
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	40	2	SBW1380
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	40	3	SBW1181
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	40	4	SBW1021
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	40	5	SBW1326
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	41	1	SBW1091
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	41	5	SBW1412
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	42	1	SBW1039
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	42	4	SBW1410
Bread Wheat	BreedWheat	2	2	42	5	SBW1284
Bread Wheat	Check	1	1	17	5	SBW2003
Bread Wheat	Check	1	1	32	5	SBW2002
Bread Wheat	Check	1	1	33	4	SBW2004
Bread Wheat	Check	1	1	40	3	SBW2005
Bread Wheat	Check	3	1	18	1	SBW2001
Bread Wheat	Check	3	1	20	5	SBW2002
Bread Wheat	Check	3	1	21	1	SBW2004
Bread Wheat	Check	3	1	22	5	SBW2005
Bread Wheat	Check	2	2	1	2	SBW2002
Bread Wheat	Check	2	2	12	5	SBW2004
Bread Wheat	Check	2	2	36	1	SBW2005
Bread Wheat	Check	2	2	39	3	SBW2003
Bread Wheat	Check	3	2	17	3	SBW2001
Bread Wheat	Check	3	2	20	3	SBW2004

Bread Wheat	Check	3	2	20	4	SBW2005
Bread Wheat	Check	3	2	21	2	SBW2002

2.2. Design blé dur

species	origin	exp	rep	pouch	col	scode
Durum Wheat	CREA	1	1	44	4	SDW2059
Durum Wheat	CREA	1	1	45	3	SDW2064
Durum Wheat	CREA	1	1	47	4	SDW2068
Durum Wheat	CREA	1	1	48	5	SDW2024
Durum Wheat	CREA	1	1	50	2	SDW2048
Durum Wheat	CREA	1	1	51	2	SDW2047
Durum Wheat	CREA	1	1	51	5	SDW2054
Durum Wheat	CREA	1	1	52	2	SDW2040
Durum Wheat	CREA	1	1	52	3	SDW2025
Durum Wheat	CREA	1	1	54	4	SDW2034
Durum Wheat	CREA	1	1	54	5	SDW2028
Durum Wheat	CREA	1	1	56	1	SDW2050
Durum Wheat	CREA	1	1	56	2	SDW2041
Durum Wheat	CREA	1	1	56	5	SDW2016
Durum Wheat	CREA	1	1	57	1	SDW2017
Durum Wheat	CREA	1	1	57	2	SDW2013
Durum Wheat	CREA	1	1	58	1	SDW2057
Durum Wheat	CREA	1	1	58	3	SDW2026
Durum Wheat	CREA	1	1	59	2	SDW2049
Durum Wheat	CREA	1	1	59	3	SDW2018
Durum Wheat	CREA	1	1	59	5	SDW2052
Durum Wheat	CREA	1	1	61	1	SDW2004
Durum Wheat	CREA	1	1	61	5	SDW2043
Durum Wheat	CREA	1	1	62	2	SDW2009

Durum Wheat	CREA	1	1	63	1	SDW2020
Durum Wheat	CREA	1	1	63	3	SDW2030
Durum Wheat	CREA	1	1	63	4	SDW2002
Durum Wheat	CREA	1	1	64	5	SDW2066
Durum Wheat	CREA	1	1	65	3	SDW2037
Durum Wheat	CREA	1	1	65	4	SDW2012
Durum Wheat	CREA	1	1	65	5	SDW2056
Durum Wheat	CREA	1	1	66	3	SDW2065
Durum Wheat	CREA	1	1	66	4	SDW2044
Durum Wheat	CREA	1	1	67	5	SDW2027
Durum Wheat	CREA	1	1	68	2	SDW2053
Durum Wheat	CREA	1	1	68	5	SDW2062
Durum Wheat	CREA	1	1	69	1	SDW2061
Durum Wheat	CREA	1	1	69	3	SDW2022
Durum Wheat	CREA	1	1	70	1	SDW2023
Durum Wheat	CREA	1	1	70	2	SDW2010
Durum Wheat	CREA	1	1	72	3	SDW2060
Durum Wheat	CREA	1	1	72	4	SDW2005
Durum Wheat	CREA	1	1	72	5	SDW2006
Durum Wheat	CREA	1	1	73	2	SDW2042
Durum Wheat	CREA	1	1	74	1	SDW2015
Durum Wheat	CREA	1	1	74	5	SDW2038
Durum Wheat	CREA	1	1	75	1	SDW2045
Durum Wheat	CREA	1	1	75	3	SDW2051
Durum Wheat	CREA	1	1	75	4	SDW2008
Durum Wheat	CREA	1	1	76	3	SDW2032
Durum Wheat	CREA	1	1	77	2	SDW2014
Durum Wheat	CREA	1	1	77	3	SDW2069

Durum Wheat	CREA	1	1	77	5	SDW2046
Durum Wheat	CREA	1	1	78	1	SDW2067
Durum Wheat	CREA	1	1	78	2	SDW2021
Durum Wheat	CREA	1	1	78	4	SDW2011
Durum Wheat	CREA	1	1	79	1	SDW2036
Durum Wheat	CREA	1	1	79	3	SDW2001
Durum Wheat	CREA	1	1	79	5	SDW2035
Durum Wheat	CREA	1	1	80	2	SDW2003
Durum Wheat	CREA	1	1	80	3	SDW2033
Durum Wheat	CREA	1	1	80	5	SDW2007
Durum Wheat	CREA	1	1	81	2	SDW2058
Durum Wheat	CREA	1	1	81	3	SDW2031
Durum Wheat	CREA	1	1	81	5	SDW2029
Durum Wheat	CREA	1	1	82	2	SDW2063
Durum Wheat	CREA	1	1	83	1	SDW2039
Durum Wheat	CREA	2	2	43	1	SDW2040
Durum Wheat	CREA	2	2	43	2	SDW2057
Durum Wheat	CREA	2	2	43	3	SDW2013
Durum Wheat	CREA	2	2	43	4	SDW2016
Durum Wheat	CREA	2	2	45	1	SDW2031
Durum Wheat	CREA	2	2	45	4	SDW2025
Durum Wheat	CREA	2	2	46	1	SDW2048
Durum Wheat	CREA	2	2	46	2	SDW2063
Durum Wheat	CREA	2	2	46	3	SDW2054
Durum Wheat	CREA	2	2	46	5	SDW2011
Durum Wheat	CREA	2	2	47	2	SDW2023
Durum Wheat	CREA	2	2	47	3	SDW2007
Durum Wheat	CREA	2	2	47	4	SDW2059

Durum Wheat	CREA	2	2	47	5	SDW2060
Durum Wheat	CREA	2	2	48	2	SDW2051
Durum Wheat	CREA	2	2	48	4	SDW2036
Durum Wheat	CREA	2	2	49	1	SDW2042
Durum Wheat	CREA	2	2	49	2	SDW2046
Durum Wheat	CREA	2	2	49	4	SDW2061
Durum Wheat	CREA	2	2	50	1	SDW2065
Durum Wheat	CREA	2	2	51	1	SDW2001
Durum Wheat	CREA	2	2	51	2	SDW2045
Durum Wheat	CREA	2	2	51	5	SDW2032
Durum Wheat	CREA	2	2	52	1	SDW2069
Durum Wheat	CREA	2	2	52	3	SDW2015
Durum Wheat	CREA	2	2	53	2	SDW2062
Durum Wheat	CREA	2	2	54	1	SDW2012
Durum Wheat	CREA	2	2	54	4	SDW2038
Durum Wheat	CREA	2	2	55	5	SDW2034
Durum Wheat	CREA	2	2	57	1	SDW2010
Durum Wheat	CREA	2	2	57	4	SDW2043
Durum Wheat	CREA	2	2	58	1	SDW2068
Durum Wheat	CREA	2	2	58	3	SDW2055
Durum Wheat	CREA	2	2	58	5	SDW2064
Durum Wheat	CREA	2	2	59	3	SDW2029
Durum Wheat	CREA	2	2	59	4	SDW2006
Durum Wheat	CREA	2	2	61	2	SDW2021
Durum Wheat	CREA	2	2	61	3	SDW2027
Durum Wheat	CREA	2	2	61	5	SDW2008
Durum Wheat	CREA	2	2	62	1	SDW2047
Durum Wheat	CREA	2	2	62	5	SDW2044

Durum Wheat	CREA	2	2	63	1	SDW2002
Durum Wheat	CREA	2	2	63	3	SDW2028
Durum Wheat	CREA	2	2	64	1	SDW2009
Durum Wheat	CREA	2	2	64	2	SDW2035
Durum Wheat	CREA	2	2	64	3	SDW2066
Durum Wheat	CREA	2	2	64	5	SDW2004
Durum Wheat	CREA	2	2	66	1	SDW2014
Durum Wheat	CREA	2	2	67	1	SDW2041
Durum Wheat	CREA	2	2	67	4	SDW2017
Durum Wheat	CREA	2	2	67	5	SDW2019
Durum Wheat	CREA	2	2	70	3	SDW2018
Durum Wheat	CREA	2	2	70	4	SDW2050
Durum Wheat	CREA	2	2	70	5	SDW2049
Durum Wheat	CREA	2	2	72	2	SDW2033
Durum Wheat	CREA	2	2	72	4	SDW2039
Durum Wheat	CREA	2	2	73	3	SDW2020
Durum Wheat	CREA	2	2	74	4	SDW2058
Durum Wheat	CREA	2	2	75	1	SDW2037
Durum Wheat	CREA	2	2	76	5	SDW2022
Durum Wheat	CREA	2	2	77	1	SDW2026
Durum Wheat	CREA	2	2	77	3	SDW2024
Durum Wheat	CREA	2	2	78	2	SDW2056
Durum Wheat	CREA	2	2	79	1	SDW2067
Durum Wheat	CREA	2	2	80	5	SDW2005
Durum Wheat	CREA	2	2	81	1	SDW2030
Durum Wheat	CREA	2	2	81	4	SDW2003
Durum Wheat	CREA	2	2	81	5	SDW2053
Durum Wheat	GPDUR	1	1	43	4	SDW1029

Durum Wheat	GPDUR	1	1	43	5	SDW1007
Durum Wheat	GPDUR	1	1	44	1	SDW1019
Durum Wheat	GPDUR	1	1	44	2	SDW1023
Durum Wheat	GPDUR	1	1	44	5	SDW1040
Durum Wheat	GPDUR	1	1	45	4	SDW1026
Durum Wheat	GPDUR	1	1	46	2	SDW1011
Durum Wheat	GPDUR	1	1	46	3	SDW1045
Durum Wheat	GPDUR	1	1	46	5	SDW1028
Durum Wheat	GPDUR	1	1	47	1	SDW1016
Durum Wheat	GPDUR	1	1	48	3	SDW1002
Durum Wheat	GPDUR	1	1	49	1	SDW1030
Durum Wheat	GPDUR	1	1	50	3	SDW1015
Durum Wheat	GPDUR	1	1	50	4	SDW1047
Durum Wheat	GPDUR	1	1	50	5	SDW1027
Durum Wheat	GPDUR	1	1	52	5	SDW1010
Durum Wheat	GPDUR	1	1	53	2	SDW1013
Durum Wheat	GPDUR	1	1	53	5	SDW1009
Durum Wheat	GPDUR	1	1	54	1	SDW1021
Durum Wheat	GPDUR	1	1	55	3	SDW1012
Durum Wheat	GPDUR	1	1	56	4	SDW1041
Durum Wheat	GPDUR	1	1	57	3	SDW1039
Durum Wheat	GPDUR	1	1	57	5	SDW1031
Durum Wheat	GPDUR	1	1	59	4	SDW1020
Durum Wheat	GPDUR	1	1	60	2	SDW1038
Durum Wheat	GPDUR	1	1	60	4	SDW1004
Durum Wheat	GPDUR	1	1	60	5	SDW1024
Durum Wheat	GPDUR	1	1	61	3	SDW1014
Durum Wheat	GPDUR	1	1	62	4	SDW1008

Durum Wheat	GPDUR	1	1	63	2	SDW1003
Durum Wheat	GPDUR	1	1	64	2	SDW1032
Durum Wheat	GPDUR	1	1	65	1	SDW1042
Durum Wheat	GPDUR	1	1	65	2	SDW1033
Durum Wheat	GPDUR	1	1	67	2	SDW1035
Durum Wheat	GPDUR	1	1	69	2	SDW1046
Durum Wheat	GPDUR	1	1	69	4	SDW1005
Durum Wheat	GPDUR	1	1	69	5	SDW1025
Durum Wheat	GPDUR	1	1	70	3	SDW1034
Durum Wheat	GPDUR	1	1	71	2	SDW1022
Durum Wheat	GPDUR	1	1	71	4	SDW1044
Durum Wheat	GPDUR	1	1	74	4	SDW1001
Durum Wheat	GPDUR	1	1	76	2	SDW1037
Durum Wheat	GPDUR	1	1	78	3	SDW1036
Durum Wheat	GPDUR	1	1	79	4	SDW1043
Durum Wheat	GPDUR	1	1	81	4	SDW1017
Durum Wheat	GPDUR	1	1	82	1	SDW1018
Durum Wheat	GPDUR	1	1	82	4	SDW1006
Durum Wheat	GPDUR	2	2	44	1	SDW1034
Durum Wheat	GPDUR	2	2	44	4	SDW1007
Durum Wheat	GPDUR	2	2	44	5	SDW1037
Durum Wheat	GPDUR	2	2	48	1	SDW1020
Durum Wheat	GPDUR	2	2	48	5	SDW1023
Durum Wheat	GPDUR	2	2	50	2	SDW1045
Durum Wheat	GPDUR	2	2	51	4	SDW1040
Durum Wheat	GPDUR	2	2	52	4	SDW1021
Durum Wheat	GPDUR	2	2	53	1	SDW1003
Durum Wheat	GPDUR	2	2	53	3	SDW1044

Durum Wheat	GPDUR	2	2	54	2	SDW1041
Durum Wheat	GPDUR	2	2	55	2	SDW1043
Durum Wheat	GPDUR	2	2	55	3	SDW1019
Durum Wheat	GPDUR	2	2	56	5	SDW1008
Durum Wheat	GPDUR	2	2	57	2	SDW1033
Durum Wheat	GPDUR	2	2	57	5	SDW1004
Durum Wheat	GPDUR	2	2	59	1	SDW1029
Durum Wheat	GPDUR	2	2	59	5	SDW1013
Durum Wheat	GPDUR	2	2	60	3	SDW1028
Durum Wheat	GPDUR	2	2	61	4	SDW1018
Durum Wheat	GPDUR	2	2	64	4	SDW1030
Durum Wheat	GPDUR	2	2	65	3	SDW1026
Durum Wheat	GPDUR	2	2	65	4	SDW1016
Durum Wheat	GPDUR	2	2	65	5	SDW1047
Durum Wheat	GPDUR	2	2	66	3	SDW1009
Durum Wheat	GPDUR	2	2	67	2	SDW1010
Durum Wheat	GPDUR	2	2	68	1	SDW1022
Durum Wheat	GPDUR	2	2	68	4	SDW1042
Durum Wheat	GPDUR	2	2	68	5	SDW1001
Durum Wheat	GPDUR	2	2	69	3	SDW1031
Durum Wheat	GPDUR	2	2	69	5	SDW1036
Durum Wheat	GPDUR	2	2	70	2	SDW1015
Durum Wheat	GPDUR	2	2	71	4	SDW1011
Durum Wheat	GPDUR	2	2	72	3	SDW1002
Durum Wheat	GPDUR	2	2	73	1	SDW1032
Durum Wheat	GPDUR	2	2	73	2	SDW1025
Durum Wheat	GPDUR	2	2	74	3	SDW1046
Durum Wheat	GPDUR	2	2	75	2	SDW1027

Durum Wheat	GPDUR	2	2	77	5	SDW1039
Durum Wheat	GPDUR	2	2	78	1	SDW1012
Durum Wheat	GPDUR	2	2	78	5	SDW1006
Durum Wheat	GPDUR	2	2	79	3	SDW1017
Durum Wheat	GPDUR	2	2	79	5	SDW1014
Durum Wheat	GPDUR	2	2	80	2	SDW1005
Durum Wheat	GPDUR	2	2	81	3	SDW1024
Durum Wheat	GPDUR	2	2	82	1	SDW1035
Durum Wheat	GPDUR	2	2	83	5	SDW1038
Durum Wheat	T2.1	1	1	43	1	SDW5006
Durum Wheat	T2.1	1	1	45	5	SDW5013
Durum Wheat	T2.1	1	1	47	3	SDW5012
Durum Wheat	T2.1	1	1	51	1	SDW5008
Durum Wheat	T2.1	1	1	54	3	SDW5010
Durum Wheat	T2.1	1	1	56	3	SDW5004
Durum Wheat	T2.1	1	1	58	4	SDW5007
Durum Wheat	T2.1	1	1	64	4	SDW5001
Durum Wheat	T2.1	1	1	68	3	SDW5002
Durum Wheat	T2.1	1	1	71	5	SDW5003
Durum Wheat	T2.1	1	1	76	5	SDW5011
Durum Wheat	T2.1	1	1	78	5	SDW5005
Durum Wheat	T2.1	1	1	80	1	SDW5009
Durum Wheat	T2.1	3	1	1	1	SDW5008
Durum Wheat	T2.1	3	1	3	4	SDW5005
Durum Wheat	T2.1	3	1	5	3	SDW5010
Durum Wheat	T2.1	3	1	6	1	SDW5003
Durum Wheat	T2.1	3	1	6	2	SDW5001
Durum Wheat	T2.1	3	1	7	1	SDW5002

Durum Wheat	T2.1	3	1	7	3	SDW5004
Durum Wheat	T2.1	3	1	7	4	SDW5006
Durum Wheat	T2.1	3	1	7	5	SDW5011
Durum Wheat	T2.1	3	1	11	1	SDW5012
Durum Wheat	T2.1	3	1	11	3	SDW5009
Durum Wheat	T2.1	3	1	13	5	SDW5007
Durum Wheat	T2.1	3	1	14	1	SDW5013
Durum Wheat	T2.1	2	2	47	1	SDW5007
Durum Wheat	T2.1	2	2	50	3	SDW5012
Durum Wheat	T2.1	2	2	60	4	SDW5006
Durum Wheat	T2.1	2	2	66	5	SDW5010
Durum Wheat	T2.1	2	2	68	2	SDW5005
Durum Wheat	T2.1	2	2	68	3	SDW5002
Durum Wheat	T2.1	2	2	69	2	SDW5003
Durum Wheat	T2.1	2	2	73	4	SDW5009
Durum Wheat	T2.1	2	2	76	4	SDW5011
Durum Wheat	T2.1	2	2	78	4	SDW5008
Durum Wheat	T2.1	2	2	79	2	SDW5001
Durum Wheat	T2.1	2	2	80	1	SDW5004
Durum Wheat	T2.1	2	2	82	2	SDW5013
Durum Wheat	T2.1	3	2	1	4	SDW5008
Durum Wheat	T2.1	3	2	2	4	SDW5013
Durum Wheat	T2.1	3	2	2	5	SDW5009
Durum Wheat	T2.1	3	2	3	2	SDW5001
Durum Wheat	T2.1	3	2	5	1	SDW5006
Durum Wheat	T2.1	3	2	6	1	SDW5005
Durum Wheat	T2.1	3	2	7	3	SDW5011
Durum Wheat	T2.1	3	2	7	4	SDW5003

Durum Wheat	T2.1	3	2	7	5	SDW5010
Durum Wheat	T2.1	3	2	8	4	SDW5002
Durum Wheat	T2.1	3	2	11	5	SDW5004
Durum Wheat	T2.1	3	2	12	4	SDW5012
Durum Wheat	T2.1	3	2	13	3	SDW5007
Durum Wheat	UNIBO	1	1	43	2	SDW3061
Durum Wheat	UNIBO	1	1	43	3	SDW3049
Durum Wheat	UNIBO	1	1	44	3	SDW3075
Durum Wheat	UNIBO	1	1	45	1	SDW3052
Durum Wheat	UNIBO	1	1	45	2	SDW3037
Durum Wheat	UNIBO	1	1	46	1	SDW3076
Durum Wheat	UNIBO	1	1	46	4	SDW3054
Durum Wheat	UNIBO	1	1	47	2	SDW3041
Durum Wheat	UNIBO	1	1	47	5	SDW3064
Durum Wheat	UNIBO	1	1	48	1	SDW3013
Durum Wheat	UNIBO	1	1	48	2	SDW3055
Durum Wheat	UNIBO	1	1	48	4	SDW3035
Durum Wheat	UNIBO	1	1	49	2	SDW3010
Durum Wheat	UNIBO	1	1	49	3	SDW3053
Durum Wheat	UNIBO	1	1	49	4	SDW3002
Durum Wheat	UNIBO	1	1	49	5	SDW3018
Durum Wheat	UNIBO	1	1	50	1	SDW3059
Durum Wheat	UNIBO	1	1	51	3	SDW3022
Durum Wheat	UNIBO	1	1	51	4	SDW3062
Durum Wheat	UNIBO	1	1	52	1	SDW3065
Durum Wheat	UNIBO	1	1	52	4	SDW3014
Durum Wheat	UNIBO	1	1	53	1	SDW3027
Durum Wheat	UNIBO	1	1	53	3	SDW3048

Durum Wheat	UNIBO	1	1	53	4	SDW3045
Durum Wheat	UNIBO	1	1	54	2	SDW3038
Durum Wheat	UNIBO	1	1	55	1	SDW3025
Durum Wheat	UNIBO	1	1	55	2	SDW3042
Durum Wheat	UNIBO	1	1	55	4	SDW3020
Durum Wheat	UNIBO	1	1	55	5	SDW3015
Durum Wheat	UNIBO	1	1	57	4	SDW3026
Durum Wheat	UNIBO	1	1	58	2	SDW3068
Durum Wheat	UNIBO	1	1	58	5	SDW3003
Durum Wheat	UNIBO	1	1	59	1	SDW3008
Durum Wheat	UNIBO	1	1	60	1	SDW3044
Durum Wheat	UNIBO	1	1	60	3	SDW3050
Durum Wheat	UNIBO	1	1	61	2	SDW3051
Durum Wheat	UNIBO	1	1	61	4	SDW3060
Durum Wheat	UNIBO	1	1	62	1	SDW3031
Durum Wheat	UNIBO	1	1	62	3	SDW3007
Durum Wheat	UNIBO	1	1	62	5	SDW3074
Durum Wheat	UNIBO	1	1	63	5	SDW3069
Durum Wheat	UNIBO	1	1	64	1	SDW3066
Durum Wheat	UNIBO	1	1	64	3	SDW3073
Durum Wheat	UNIBO	1	1	66	1	SDW3030
Durum Wheat	UNIBO	1	1	66	2	SDW3009
Durum Wheat	UNIBO	1	1	66	5	SDW3058
Durum Wheat	UNIBO	1	1	67	1	SDW3012
Durum Wheat	UNIBO	1	1	67	3	SDW3019
Durum Wheat	UNIBO	1	1	67	4	SDW3011
Durum Wheat	UNIBO	1	1	68	1	SDW3024
Durum Wheat	UNIBO	1	1	68	4	SDW3040

Durum Wheat	UNIBO	1	1	70	4	SDW3032
Durum Wheat	UNIBO	1	1	70	5	SDW3034
Durum Wheat	UNIBO	1	1	71	1	SDW3033
Durum Wheat	UNIBO	1	1	71	3	SDW3072
Durum Wheat	UNIBO	1	1	72	1	SDW3005
Durum Wheat	UNIBO	1	1	72	2	SDW3039
Durum Wheat	UNIBO	1	1	73	1	SDW3047
Durum Wheat	UNIBO	1	1	73	3	SDW3006
Durum Wheat	UNIBO	1	1	73	4	SDW3046
Durum Wheat	UNIBO	1	1	73	5	SDW3070
Durum Wheat	UNIBO	1	1	74	2	SDW3001
Durum Wheat	UNIBO	1	1	74	3	SDW3057
Durum Wheat	UNIBO	1	1	75	2	SDW3028
Durum Wheat	UNIBO	1	1	75	5	SDW3004
Durum Wheat	UNIBO	1	1	76	1	SDW3056
Durum Wheat	UNIBO	1	1	76	4	SDW3017
Durum Wheat	UNIBO	1	1	77	1	SDW3029
Durum Wheat	UNIBO	1	1	77	4	SDW3063
Durum Wheat	UNIBO	1	1	79	2	SDW3071
Durum Wheat	UNIBO	1	1	80	4	SDW3023
Durum Wheat	UNIBO	1	1	81	1	SDW3067
Durum Wheat	UNIBO	1	1	82	3	SDW3016
Durum Wheat	UNIBO	1	1	82	5	SDW3021
Durum Wheat	UNIBO	1	1	83	5	SDW3036
Durum Wheat	UNIBO	2	2	43	5	SDW3016
Durum Wheat	UNIBO	2	2	44	2	SDW3075
Durum Wheat	UNIBO	2	2	44	3	SDW3044
Durum Wheat	UNIBO	2	2	45	2	SDW3076

Durum Wheat	UNIBO	2	2	45	3	SDW3052
Durum Wheat	UNIBO	2	2	45	5	SDW3045
Durum Wheat	UNIBO	2	2	46	4	SDW3047
Durum Wheat	UNIBO	2	2	48	3	SDW3017
Durum Wheat	UNIBO	2	2	49	3	SDW3015
Durum Wheat	UNIBO	2	2	49	5	SDW3048
Durum Wheat	UNIBO	2	2	50	4	SDW3056
Durum Wheat	UNIBO	2	2	50	5	SDW3055
Durum Wheat	UNIBO	2	2	51	3	SDW3065
Durum Wheat	UNIBO	2	2	52	2	SDW3019
Durum Wheat	UNIBO	2	2	52	5	SDW3006
Durum Wheat	UNIBO	2	2	53	4	SDW3050
Durum Wheat	UNIBO	2	2	53	5	SDW3007
Durum Wheat	UNIBO	2	2	54	3	SDW3041
Durum Wheat	UNIBO	2	2	54	5	SDW3009
Durum Wheat	UNIBO	2	2	55	1	SDW3014
Durum Wheat	UNIBO	2	2	55	4	SDW3033
Durum Wheat	UNIBO	2	2	56	1	SDW3023
Durum Wheat	UNIBO	2	2	56	2	SDW3031
Durum Wheat	UNIBO	2	2	56	3	SDW3020
Durum Wheat	UNIBO	2	2	56	4	SDW3059
Durum Wheat	UNIBO	2	2	57	3	SDW3034
Durum Wheat	UNIBO	2	2	58	2	SDW3061
Durum Wheat	UNIBO	2	2	58	4	SDW3035
Durum Wheat	UNIBO	2	2	59	2	SDW3036
Durum Wheat	UNIBO	2	2	60	1	SDW3069
Durum Wheat	UNIBO	2	2	60	2	SDW3039
Durum Wheat	UNIBO	2	2	60	5	SDW3063

Durum Wheat	UNIBO	2	2	61	1	SDW3011
Durum Wheat	UNIBO	2	2	62	2	SDW3001
Durum Wheat	UNIBO	2	2	62	3	SDW3046
Durum Wheat	UNIBO	2	2	62	4	SDW3074
Durum Wheat	UNIBO	2	2	63	2	SDW3027
Durum Wheat	UNIBO	2	2	63	4	SDW3066
Durum Wheat	UNIBO	2	2	63	5	SDW3060
Durum Wheat	UNIBO	2	2	65	1	SDW3062
Durum Wheat	UNIBO	2	2	65	2	SDW3021
Durum Wheat	UNIBO	2	2	66	2	SDW3030
Durum Wheat	UNIBO	2	2	66	4	SDW3005
Durum Wheat	UNIBO	2	2	67	3	SDW3008
Durum Wheat	UNIBO	2	2	69	1	SDW3032
Durum Wheat	UNIBO	2	2	69	4	SDW3043
Durum Wheat	UNIBO	2	2	70	1	SDW3049
Durum Wheat	UNIBO	2	2	71	1	SDW3057
Durum Wheat	UNIBO	2	2	71	2	SDW3040
Durum Wheat	UNIBO	2	2	71	3	SDW3004
Durum Wheat	UNIBO	2	2	71	5	SDW3037
Durum Wheat	UNIBO	2	2	72	1	SDW3022
Durum Wheat	UNIBO	2	2	72	5	SDW3051
Durum Wheat	UNIBO	2	2	73	5	SDW3029
Durum Wheat	UNIBO	2	2	74	1	SDW3038
Durum Wheat	UNIBO	2	2	74	2	SDW3002
Durum Wheat	UNIBO	2	2	74	5	SDW3071
Durum Wheat	UNIBO	2	2	75	3	SDW3010
Durum Wheat	UNIBO	2	2	75	4	SDW3012
Durum Wheat	UNIBO	2	2	75	5	SDW3028

Durum Wheat	UNIBO	2	2	76	1	SDW3026
Durum Wheat	UNIBO	2	2	76	2	SDW3070
Durum Wheat	UNIBO	2	2	76	3	SDW3042
Durum Wheat	UNIBO	2	2	77	2	SDW3025
Durum Wheat	UNIBO	2	2	77	4	SDW3018
Durum Wheat	UNIBO	2	2	78	3	SDW3053
Durum Wheat	UNIBO	2	2	79	4	SDW3072
Durum Wheat	UNIBO	2	2	80	3	SDW3067
Durum Wheat	UNIBO	2	2	80	4	SDW3064
Durum Wheat	UNIBO	2	2	81	2	SDW3054
Durum Wheat	UNIBO	2	2	82	3	SDW3013
Durum Wheat	UNIBO	2	2	82	4	SDW3024
Durum Wheat	UNIBO	2	2	82	5	SDW3073
Durum Wheat	UNIBO	2	2	83	1	SDW3068

2.3. Design EPO et hybrides

species	origin	exp	rep	pouch	col	scode
Durum Wheat	EPO	3	1	1	2	SDW4050
Durum Wheat	EPO	3	1	1	3	SDW4005
Durum Wheat	EPO	3	1	1	4	SDW4009
Durum Wheat	EPO	3	1	1	5	SDW4036
Durum Wheat	EPO	3	1	2	1	SDW4004
Durum Wheat	EPO	3	1	2	2	SDW4028
Durum Wheat	EPO	3	1	2	3	SDW4024
Durum Wheat	EPO	3	1	2	4	SDW4019
Durum Wheat	EPO	3	1	2	5	SDW4047
Durum Wheat	EPO	3	1	3	1	SDW4002
Durum Wheat	EPO	3	1	3	2	SDW4015

Durum Wheat	EPO	3	1	3	3	SDW4057
Durum Wheat	EPO	3	1	3	5	SDW4025
Durum Wheat	EPO	3	1	4	1	SDW4056
Durum Wheat	EPO	3	1	4	2	SDW4007
Durum Wheat	EPO	3	1	4	3	SDW4048
Durum Wheat	EPO	3	1	4	4	SDW4018
Durum Wheat	EPO	3	1	4	5	SDW4038
Durum Wheat	EPO	3	1	5	1	SDW4032
Durum Wheat	EPO	3	1	5	2	SDW4003
Durum Wheat	EPO	3	1	5	4	SDW4006
Durum Wheat	EPO	3	1	5	5	SDW4055
Durum Wheat	EPO	3	1	6	3	SDW4042
Durum Wheat	EPO	3	1	6	4	SDW4043
Durum Wheat	EPO	3	1	6	5	SDW4008
Durum Wheat	EPO	3	1	7	2	SDW4027
Durum Wheat	EPO	3	1	8	1	SDW4030
Durum Wheat	EPO	3	1	8	2	SDW4058
Durum Wheat	EPO	3	1	8	3	SDW4049
Durum Wheat	EPO	3	1	8	4	SDW4044
Durum Wheat	EPO	3	1	8	5	SDW4001
Durum Wheat	EPO	3	1	9	1	SDW4012
Durum Wheat	EPO	3	1	9	2	SDW4034
Durum Wheat	EPO	3	1	9	3	SDW4020
Durum Wheat	EPO	3	1	9	4	SDW4046
Durum Wheat	EPO	3	1	9	5	SDW4037
Durum Wheat	EPO	3	1	10	1	SDW4029
Durum Wheat	EPO	3	1	10	2	SDW4031
Durum Wheat	EPO	3	1	10	3	SDW4039

Durum Wheat	EPO	3	1	10	4	SDW4040
Durum Wheat	EPO	3	1	10	5	SDW4017
Durum Wheat	EPO	3	1	11	2	SDW4014
Durum Wheat	EPO	3	1	11	4	SDW4010
Durum Wheat	EPO	3	1	11	5	SDW4053
Durum Wheat	EPO	3	1	12	1	SDW4051
Durum Wheat	EPO	3	1	12	2	SDW4045
Durum Wheat	EPO	3	1	12	3	SDW4021
Durum Wheat	EPO	3	1	12	4	SDW4041
Durum Wheat	EPO	3	1	12	5	SDW4013
Durum Wheat	EPO	3	1	13	1	SDW4026
Durum Wheat	EPO	3	1	13	2	SDW4023
Durum Wheat	EPO	3	1	13	3	SDW4054
Durum Wheat	EPO	3	1	13	4	SDW4052
Durum Wheat	EPO	3	1	14	2	SDW4033
Durum Wheat	EPO	3	1	14	3	SDW4011
Durum Wheat	EPO	3	1	14	4	SDW4016
Durum Wheat	EPO	3	1	14	5	SDW4035
Durum Wheat	EPO	3	1	15	1	SDW4022
Durum Wheat	EPO	3	2	1	1	SDW4042
Durum Wheat	EPO	3	2	1	2	SDW4052
Durum Wheat	EPO	3	2	1	3	SDW4036
Durum Wheat	EPO	3	2	1	5	SDW4014
Durum Wheat	EPO	3	2	2	1	SDW4058
Durum Wheat	EPO	3	2	2	2	SDW4040
Durum Wheat	EPO	3	2	2	3	SDW4047
Durum Wheat	EPO	3	2	3	1	SDW4009
Durum Wheat	EPO	3	2	3	3	SDW4025

Durum Wheat	EPO	3	2	3	4	SDW4004
Durum Wheat	EPO	3	2	3	5	SDW4041
Durum Wheat	EPO	3	2	4	1	SDW4019
Durum Wheat	EPO	3	2	4	2	SDW4015
Durum Wheat	EPO	3	2	4	3	SDW4038
Durum Wheat	EPO	3	2	4	4	SDW4002
Durum Wheat	EPO	3	2	4	5	SDW4007
Durum Wheat	EPO	3	2	5	2	SDW4054
Durum Wheat	EPO	3	2	5	3	SDW4055
Durum Wheat	EPO	3	2	5	4	SDW4056
Durum Wheat	EPO	3	2	5	5	SDW4006
Durum Wheat	EPO	3	2	6	2	SDW4018
Durum Wheat	EPO	3	2	6	3	SDW4008
Durum Wheat	EPO	3	2	6	4	SDW4032
Durum Wheat	EPO	3	2	6	5	SDW4005
Durum Wheat	EPO	3	2	7	1	SDW4028
Durum Wheat	EPO	3	2	7	2	SDW4048
Durum Wheat	EPO	3	2	8	1	SDW4024
Durum Wheat	EPO	3	2	8	2	SDW4049
Durum Wheat	EPO	3	2	8	3	SDW4001
Durum Wheat	EPO	3	2	8	5	SDW4031
Durum Wheat	EPO	3	2	9	1	SDW4010
Durum Wheat	EPO	3	2	9	2	SDW4034
Durum Wheat	EPO	3	2	9	3	SDW4037
Durum Wheat	EPO	3	2	9	4	SDW4030
Durum Wheat	EPO	3	2	9	5	SDW4046
Durum Wheat	EPO	3	2	10	1	SDW4020
Durum Wheat	EPO	3	2	10	2	SDW4022

Durum Wheat	EPO	3	2	10	3	SDW4017
Durum Wheat	EPO	3	2	10	4	SDW4012
Durum Wheat	EPO	3	2	10	5	SDW4027
Durum Wheat	EPO	3	2	11	1	SDW4044
Durum Wheat	EPO	3	2	11	2	SDW4021
Durum Wheat	EPO	3	2	11	3	SDW4053
Durum Wheat	EPO	3	2	11	4	SDW4029
Durum Wheat	EPO	3	2	12	1	SDW4045
Durum Wheat	EPO	3	2	12	2	SDW4003
Durum Wheat	EPO	3	2	12	3	SDW4013
Durum Wheat	EPO	3	2	12	5	SDW4039
Durum Wheat	EPO	3	2	13	1	SDW4023
Durum Wheat	EPO	3	2	13	2	SDW4016
Durum Wheat	EPO	3	2	13	4	SDW4051
Durum Wheat	EPO	3	2	13	5	SDW4057
Durum Wheat	EPO	3	2	14	1	SDW4050
Durum Wheat	EPO	3	2	14	2	SDW4033
Durum Wheat	EPO	3	2	14	3	SDW4035
Durum Wheat	EPO	3	2	14	4	SDW4026
Durum Wheat	EPO	3	2	14	5	SDW4011
Durum Wheat	EPO	3	2	15	1	SDW4043
Durum Wheat	T2.1	1	1	43	1	SDW5006
Durum Wheat	T2.1	1	1	45	5	SDW5013
Durum Wheat	T2.1	1	1	47	3	SDW5012
Durum Wheat	T2.1	1	1	51	1	SDW5008
Durum Wheat	T2.1	1	1	54	3	SDW5010
Durum Wheat	T2.1	1	1	56	3	SDW5004
Durum Wheat	T2.1	1	1	58	4	SDW5007

Durum Wheat	T2.1	1	1	64	4	SDW5001
Durum Wheat	T2.1	1	1	68	3	SDW5002
Durum Wheat	T2.1	1	1	71	5	SDW5003
Durum Wheat	T2.1	1	1	76	5	SDW5011
Durum Wheat	T2.1	1	1	78	5	SDW5005
Durum Wheat	T2.1	1	1	80	1	SDW5009
Durum Wheat	T2.1	3	1	1	1	SDW5008
Durum Wheat	T2.1	3	1	3	4	SDW5005
Durum Wheat	T2.1	3	1	5	3	SDW5010
Durum Wheat	T2.1	3	1	6	1	SDW5003
Durum Wheat	T2.1	3	1	6	2	SDW5001
Durum Wheat	T2.1	3	1	7	1	SDW5002
Durum Wheat	T2.1	3	1	7	3	SDW5004
Durum Wheat	T2.1	3	1	7	4	SDW5006
Durum Wheat	T2.1	3	1	7	5	SDW5011
Durum Wheat	T2.1	3	1	11	1	SDW5012
Durum Wheat	T2.1	3	1	11	3	SDW5009
Durum Wheat	T2.1	3	1	13	5	SDW5007
Durum Wheat	T2.1	3	1	14	1	SDW5013
Durum Wheat	T2.1	2	2	47	1	SDW5007
Durum Wheat	T2.1	2	2	50	3	SDW5012
Durum Wheat	T2.1	2	2	60	4	SDW5006
Durum Wheat	T2.1	2	2	66	5	SDW5010
Durum Wheat	T2.1	2	2	68	2	SDW5005
Durum Wheat	T2.1	2	2	68	3	SDW5002
Durum Wheat	T2.1	2	2	69	2	SDW5003
Durum Wheat	T2.1	2	2	73	4	SDW5009
Durum Wheat	T2.1	2	2	76	4	SDW5011

Durum Wheat	T2.1	2	2	78	4	SDW5008
Durum Wheat	T2.1	2	2	79	2	SDW5001
Durum Wheat	T2.1	2	2	80	1	SDW5004
Durum Wheat	T2.1	2	2	82	2	SDW5013
Durum Wheat	T2.1	3	2	1	4	SDW5008
Durum Wheat	T2.1	3	2	2	4	SDW5013
Durum Wheat	T2.1	3	2	2	5	SDW5009
Durum Wheat	T2.1	3	2	3	2	SDW5001
Durum Wheat	T2.1	3	2	5	1	SDW5006
Durum Wheat	T2.1	3	2	6	1	SDW5005
Durum Wheat	T2.1	3	2	7	3	SDW5011
Durum Wheat	T2.1	3	2	7	4	SDW5003
Durum Wheat	T2.1	3	2	7	5	SDW5010
Durum Wheat	T2.1	3	2	8	4	SDW5002
Durum Wheat	T2.1	3	2	11	5	SDW5004
Durum Wheat	T2.1	3	2	12	4	SDW5012
Durum Wheat	T2.1	3	2	13	3	SDW5007
Bread Wheat	Hybrids	3	1	16	1	SBW5004
Bread Wheat	Hybrids	3	1	16	3	SBW5005
Bread Wheat	Hybrids	3	1	17	1	SBW5006
Bread Wheat	Hybrids	3	1	17	2	SBW5010
Bread Wheat	Hybrids	3	1	18	4	SBW5008
Bread Wheat	Hybrids	3	1	19	1	SBW5001
Bread Wheat	Hybrids	3	1	19	5	SBW5007
Bread Wheat	Hybrids	3	1	20	1	SBW5003
Bread Wheat	Hybrids	3	1	23	2	SBW5009
Bread Wheat	Hybrids	3	2	16	3	SBW5006
Bread Wheat	Hybrids	3	2	17	4	SBW5007
Bread Wheat	Hybrids	3	2	17	5	SBW5010
Bread Wheat	Hybrids	3	2	18	1	SBW5008
Bread Wheat	Hybrids	3	2	18	3	SBW5001
Bread Wheat	Hybrids	3	2	19	3	SBW5003
Bread Wheat	Hybrids	3	2	21	4	SBW5004

Bread Wheat	Hybrids	3	2	22	1	SBW5005
Bread Wheat	Hybrids	3	2	23	1	SBW5009
Bread Wheat	Local	3	1	21	2	SBW3002
Bread Wheat	Local	3	1	22	1	SBW3005
Bread Wheat	Local	3	1	22	2	SBW3003
Bread Wheat	Local	3	2	21	3	SBW3005
Bread Wheat	Local	3	2	21	5	SBW3002
Bread Wheat	Local	3	2	22	5	SBW3003
Bread Wheat	Parents	3	1	16	2	SBW4010
Bread Wheat	Parents	3	1	16	4	SBW4014
Bread Wheat	Parents	3	1	17	3	SBW4006
Bread Wheat	Parents	3	1	18	2	SBW4002
Bread Wheat	Parents	3	1	18	3	SBW4012
Bread Wheat	Parents	3	1	18	5	SBW4011
Bread Wheat	Parents	3	1	19	2	SBW4013
Bread Wheat	Parents	3	1	19	3	SBW4004
Bread Wheat	Parents	3	1	20	2	SBW4007
Bread Wheat	Parents	3	1	20	4	SBW4003
Bread Wheat	Parents	3	1	21	3	SBW4009
Bread Wheat	Parents	3	1	21	4	SBW4008
Bread Wheat	Parents	3	1	21	5	SBW4005
Bread Wheat	Parents	3	2	16	1	SBW4014
Bread Wheat	Parents	3	2	16	2	SBW4006
Bread Wheat	Parents	3	2	16	4	SBW4011
Bread Wheat	Parents	3	2	16	5	SBW4010
Bread Wheat	Parents	3	2	17	2	SBW4012
Bread Wheat	Parents	3	2	18	2	SBW4004
Bread Wheat	Parents	3	2	18	5	SBW4002
Bread Wheat	Parents	3	2	19	4	SBW4005
Bread Wheat	Parents	3	2	19	5	SBW4013
Bread Wheat	Parents	3	2	20	1	SBW4003
Bread Wheat	Parents	3	2	20	2	SBW4009
Bread Wheat	Parents	3	2	20	5	SBW4007
Bread Wheat	Parents	3	2	21	1	SBW4008

Annexe 2 – Script R

```
library(lme4)
library(lmerTest)
library('tidyverse')
library('cowplot')
library('coefplot')
#Upload data and select variable of interest
data<-read_csv("/Users/blaisemottoulle/Documents/MEMOIRE/Tables/root_angle.csv")
%>%
  select(species, origin, exp, rep, section, id, pouch, group, col, row, scode, root, angle_max)
library(plyr)
#filter data to have one seeds one angle by line

data <- ddply(data,
  .(species, origin, exp, rep, section, pouch, group, col, row, scode),
  summarise,
  angle = first(angle_max),
  root = first(root)
)

data %>%
  ggplot(mapping=aes(x=row, y=angle)) +
  geom_boxplot(mapping = aes(group = row)) +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1)) + labs (y="Angle racinaire
[degré]")+labs(x="Rangée (row)")

data<-arrange(data,angle)

p<-ggplot(data = data) +
  stat_summary(
    mapping = aes(x = scode, y = angle, color= species),
    fun.ymin = min,
    fun.ymax = max,
    fun.y = mean

  ) +labs ( x= "scode")+
  labs(y="Distribution de l'angle racinaire [degré] pour chaque variété")

p+ theme(axis.text.x=element_blank(),
  axis.ticks.x=element_blank()
)
```

```

z<-ggplot(data = data) +
  stat_summary(
    mapping = aes(x = reorder (angle,scode), y = angle,color= species),
    fun.ymin = min,
    fun.ymax = max,
    fun.y = mean

  ) + labs ( x= "scode")+
  labs(y="Moyenne de l'angle racinaire [degré] pour chaque variété")
z+ theme(axis.text.x=element_blank(),
  axis.ticks.x=element_blank()
  )

```

#Replace 0 value by NA and transform exp in qualitative variable

```

wh.NA <-which(data$angle==0)
data$angle[wh.NA]<-NA
data$exp <- factor(data$exp)

```

```

wh.na <- which(apply(data[,c ("angle", "row", "exp", "scode")],1,
  function(x) sum(is.na(x) == T)) >0)

```

```

m <- lmer( angle~ row*exp + (1 | origin/scode),
  data=data)
summary(m)

```

```

ran<- ranef(m)$scode # random coefficients

```

#Plot of residuals

```

plot(m)

```

```

res <- summary(m)$residuals

```

#Validation plots for the model

```

plot(res~factor(data$origin[-wh.na]))
plot(res~factor(data$row[-wh.na]))
plot(res~data$exp[-wh.na])
qqplot(ran[,1],res)
qplot(ran[, 1])

```

```

top5perc <- quantile(ran [,1], probs = 0.95)

```

```

bottom5perc <- quantile(ran [,1], probs= 0.05)

```

```

categ <- data.frame ( do.call(rbind,split(rownames(ran),":")),ran[,1])

```

```
colnames(categ)<- c( "scode","origin","coeff")
boxplot(categ$coeff ~ categ$origin, ylab = "Random Coeff")
abline(h= 0 , col ="red")
```

```
table(data$origin[which(categ$coeff > top5perc)])
table(data$origin[which(categ$coeff < bottom5perc)])
```

#Boxplots

```
newdata %>%
  ggplot(mapping=aes(x=row, y=angle)) +
  geom_boxplot(mapping = aes(group = row)) +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1))+ labs (y="Angle racinaire
[degré]")+labs(x="Rangée (row)")
```

```
databreed %>%
  ggplot(mapping=aes(x=row, y=angle)) +
  geom_boxplot(mapping = aes(group = row)) +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1))+ labs (y="Angle racinaire
[degré]")+labs(x="Rangée (row)")
```

```
datadurum %>%
  ggplot(mapping=aes(x=row, y=angle)) +
  geom_boxplot(mapping = aes(group = row)) +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1))+ labs (y="Angle racinaire
[degré]")+labs(x="Rangée (row)")
```

#Model for durum and breedwheat

```
newdata2<-data%>%
  filter(section==1 | section==3)
#Replace 0 value by NA and transform exp in qualitative variable
wh.NA <-which(newdata2$angle==0)
newdata2$angle[wh.NA]<-NA
newdata2$exp <- factor(newdata2$exp)
```

```
wh.na <- which(apply(newdata2[,c ("angle", "row", "exp", "scode")],1,
  function(x) sum(is.na(x) == T)) >0)
```

```
m <- lmer( angle~ row*exp + (1|origin/scode),
  data=newdata2)
summary(m)
plot(m)
```

#Validation newdata

```
res <- summary(m)$residuals
plot(res~factor(newdata2$origin[-wh.na]))
plot(res~factor(newdata2$row[-wh.na]))
plot(res~newdata2$exp[-wh.na])
qqplot(ran[,1],res)
qplot(ran[, 1])
```

#Model for breedwheat

```
databreed<-data%>%
  filter(section==1)
```

#Replace 0 value by NA and transform exp in qualitative variable

```
wh.NA <-which(databreed$angle==0)
databreed$angle[wh.NA]<-NA
databreed$exp <- factor(databreed$exp)
```

```
wh.na <- which(apply(databreed[,c ("angle", "row", "exp", "scode")],1,
  function(x) sum(is.na(x) == T)) >0)
```

```
m <- lmer( angle~ row*exp + (1 | origin/scode),
  data=databreed)
```

```
summary(m)
```

#Validation breed wheat

```
res <- summary(m)$residuals
plot(res~factor(databreed$origin[-wh.na]))
plot(res~factor(databreed$row[-wh.na]))
plot(res~databreed$exp[-wh.na])
qqplot(ran[,1],res)
qplot(ran[, 1])
```

#Model durum wheat

#Replace 0 value by NA and transform exp in qualitative variable

```
wh.NA <-which(datadurum$angle==0)
datadurum$angle[wh.NA]<-NA
datadurum$exp <- factor(datadurum$exp)
```

```
wh.na <- which(apply(datadurum[,c ("angle", "row", "exp", "scode")],1,
  function(x) sum(is.na(x) == T)) >0)
```

```
m <- lmer( angle~ row*exp + (1 | origin/scode),
  data=datadurum)
```

```
summary(m)
```

```
#Validation durum wheat
```

```
res <- summary(m)$residuals  
plot(res~factor(datadurum$origin[-wh.na]))  
plot(res~factor(datadurum$row[-wh.na]))  
plot(res~datadurum$exp[-wh.na])  
qqplot(ran[,1],res)  
qplot(ran[, 1])
```

```
# filtre données des hybrides
```

```
hyb<-data%>%  
  filter (origin=="Hybrids" | origin=="Parents")
```

```
#After find mean for hetrosis
```

```
a<-hyb%>%  
  filter(scode=='SBW4008')  
mean(a$angle,na.rm=TRUE)  
a<-hyb%>%  
  filter(scode=='SBW4009')  
mean(a$angle,na.rm=TRUE) # Again for all scodes hybrids and parents
```

```
# import data for growth
```

```
alldata<-  
read_csv("/Users/blaisemottoulle/Documents/MEMOIRE/Tables/angle_et_growth.csv")
```

```
#alldata juste pour blé tendre
```

```
alldata<-alldata%>%  
  filter(species.x=='Bread Wheat')
```

```
#Modèle total_growth en fonction row
```

```
#1box plot
```

```
#2model
```

```
#résidus
```

```
#only breedwheat
```

```
alldata<-  
read_csv("/Users/blaisemottoulle/Documents/MEMOIRE/Tables/angle_et_growth.csv")  
%>%  
alldatatendre<-alldata%>%  
  filter(origin=='BreedWheat')
```

```
ggplot(data =alldatatendre,mapping=aes(x=row, y=total_growth)) +
geom_boxplot(mapping = aes(group = row)) +
theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1))+ labs(x = "Rangée (row)")+
labs(y="Croissance racinaire totale [cm/jour]")
```

```
p<- ggplot(data = alldatatendre) +
  stat_summary(
    mapping = aes(x =scode, y = total_growth),
    fun.ymin = min,
    fun.ymax = max,
    fun.y = mean

  ) + labs( y = " Distribution de la croissance racinaire totale [cm/jour] pour chaque
variété")+ labs( x = "scode")
```

```
p+theme(axis.text.x=element_blank(),
  axis.ticks.x=element_blank(),
  axis.title.y = element_text (size= 10)
)
```

```
p<- ggplot(data = alldatatendre) +
  stat_summary(
    mapping = aes(x =reorder (total_growth,scode), y = total_growth),
    fun.ymin = min,
    fun.ymax = max,
    fun.y = mean

  ) + labs(x="scode")+ labs(y= "Moyenne de la croissance racinaire totale [cm/jour]")
```

```
p+ theme(axis.text.x=element_blank(),
  axis.ticks.x=element_blank()
)
```

```
wh.NA <-which(alldatatendre$angle==0)
alldatatendre$angle[wh.NA]<-NA
alldatatendre$exp <- factor(alldatatendre$exp)
```

```
wh.na <- which(apply(alldatatendre[,c ("angle", "row", "exp", "scode")],1,
  function(x) sum(is.na(x) == T)) >0)
```



```
m <- lmer( total_growth ~ row*exp + (1|scode),  
          data=alldatatendre)  
summary(m)
```

```
plot(m)  
plot(res~factor(alldatatendre$row))  
plot(res~alldatatendre$exp)  
qqplot(ran[,1],res)  
qplot(ran[, 1])
```

angle vs growth

```
alldata %>%  
  ggplot(aes(angle, total_growth, color=origin)) +  
  geom_point()  
theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1))
```

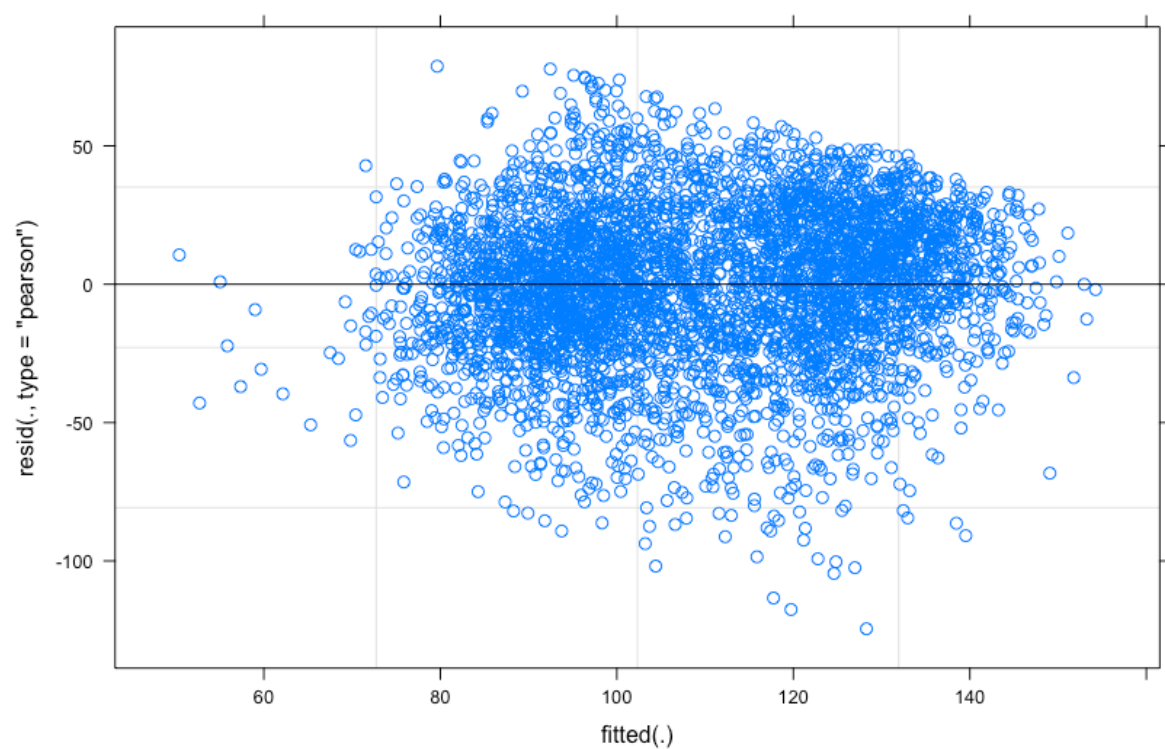
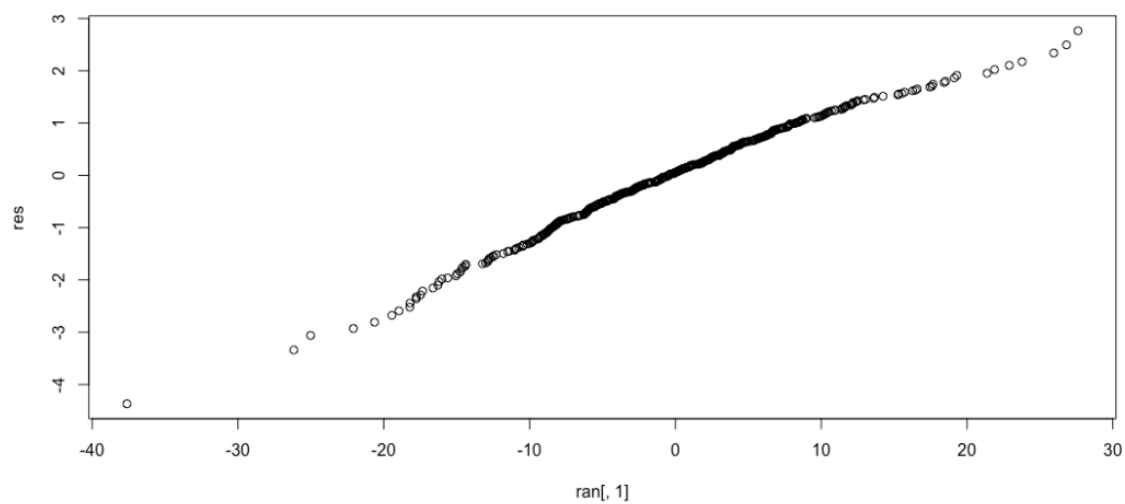
```
m <- lmer( total_growth ~ angle*row*exp + (1|origin/scode),  
          data=alldata)  
summary(m)
```

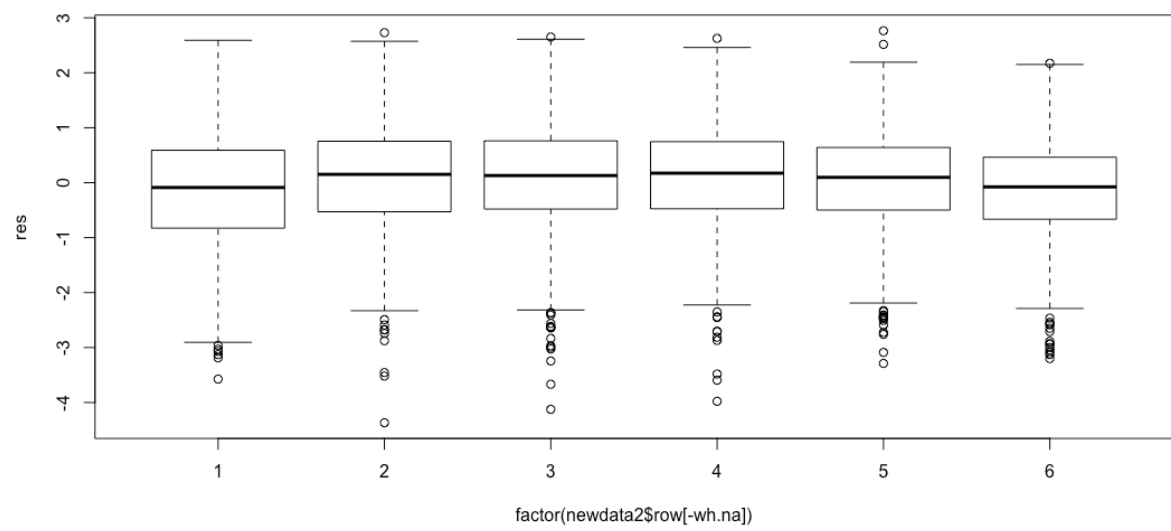
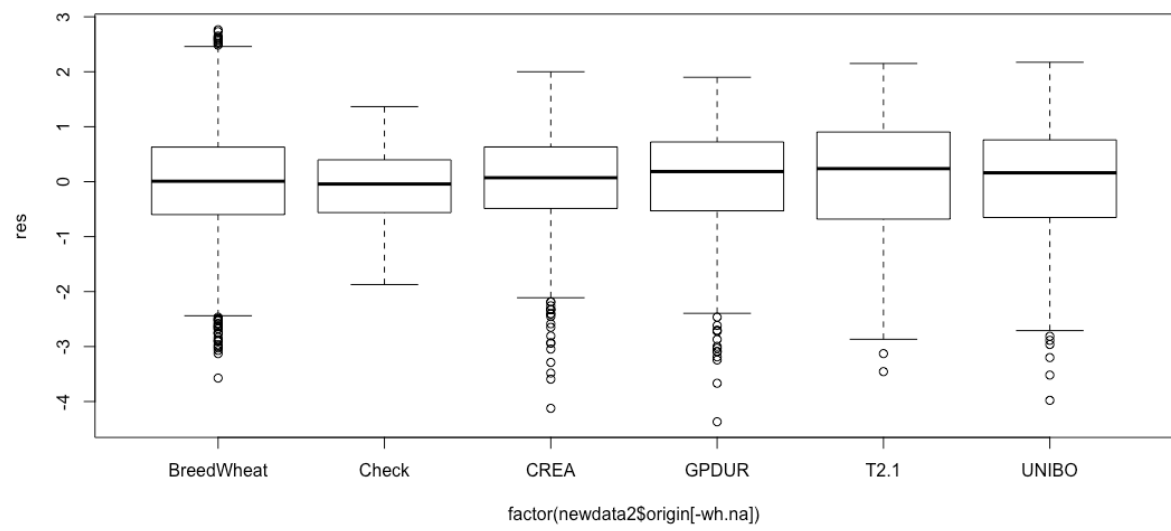
```
m <- lmer( total_growth ~ angle*exp + (1|origin/scode),  
          data=alldata)  
summary(m)
```

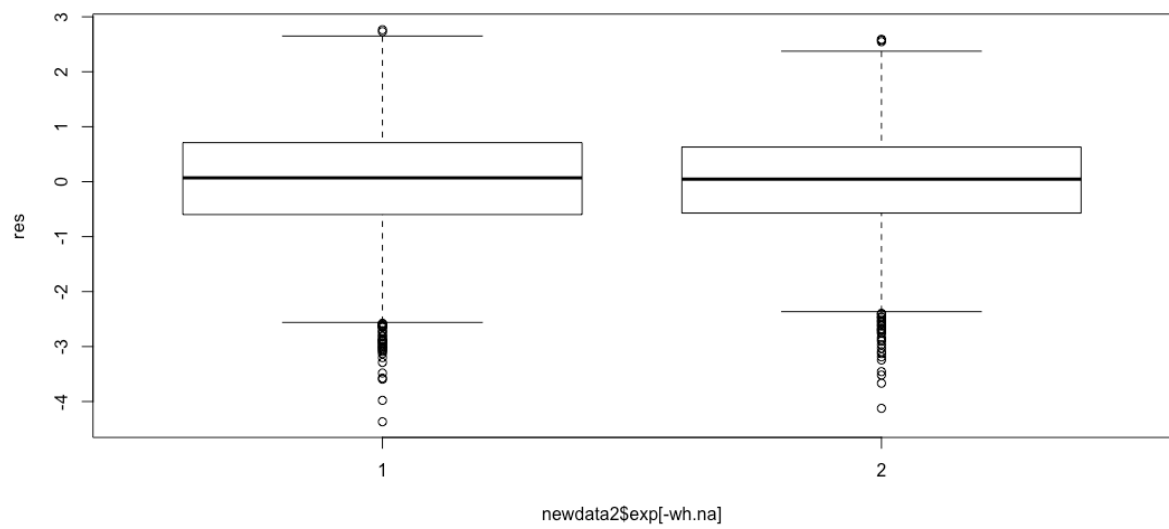
```
plot(m)  
qqplot(ran[,1],res)  
qplot(ran[, 1])
```

Annexe 3 – Graphiques des résidus des différents modèles

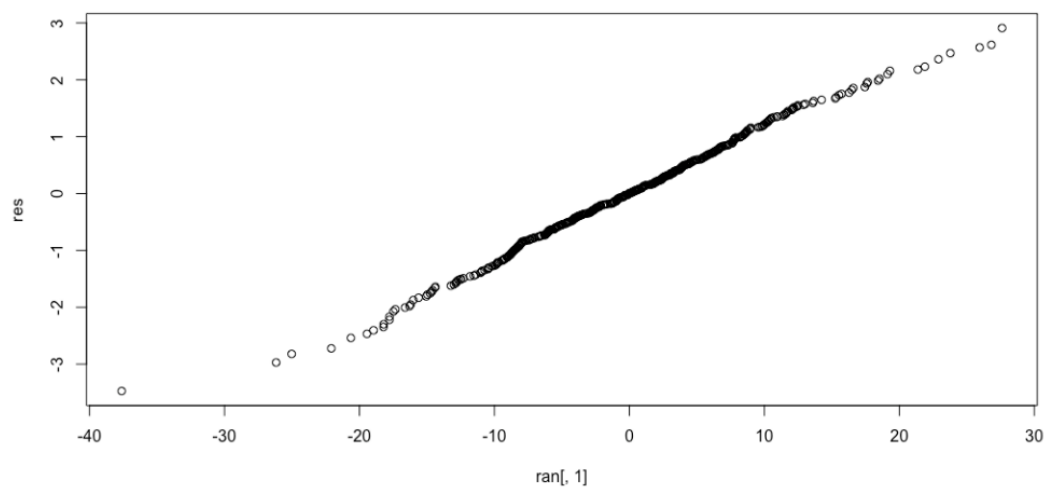
3.1. Graphiques des résidus modèle expliquant l'angle racinaire pour le blé tendre & blé dur (EPO et hybrides exclus)

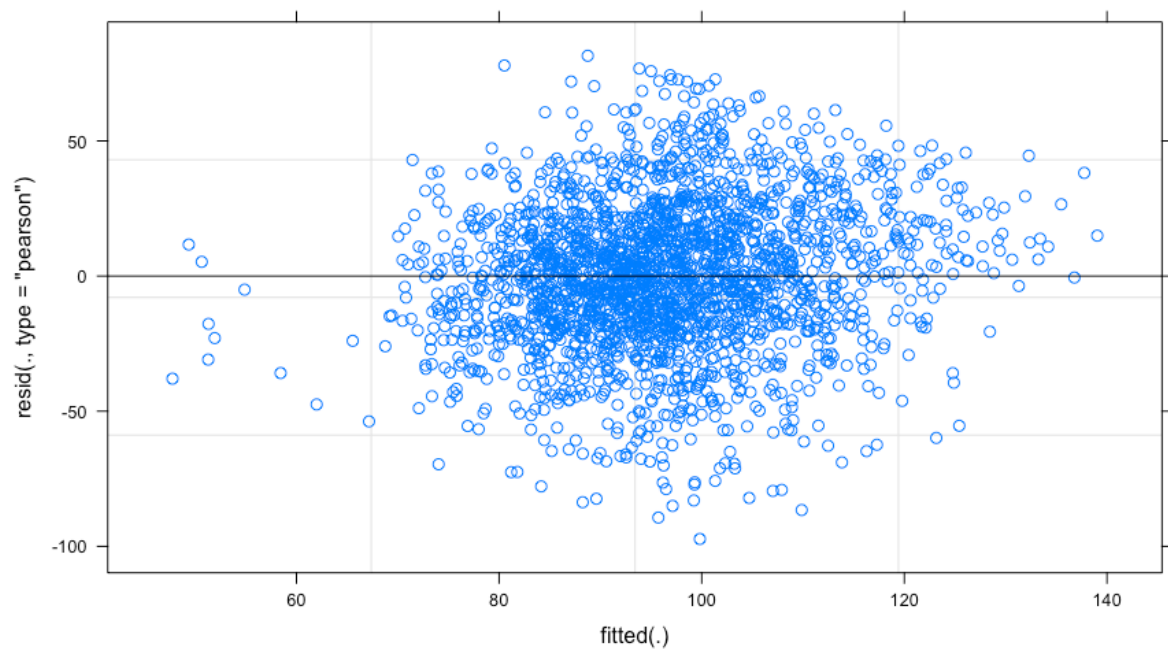


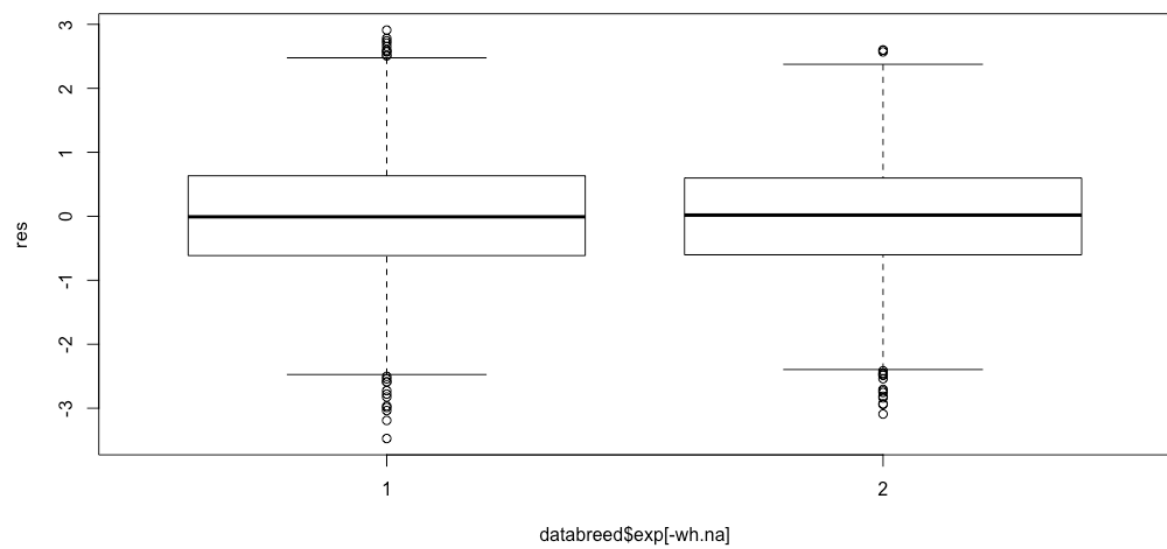
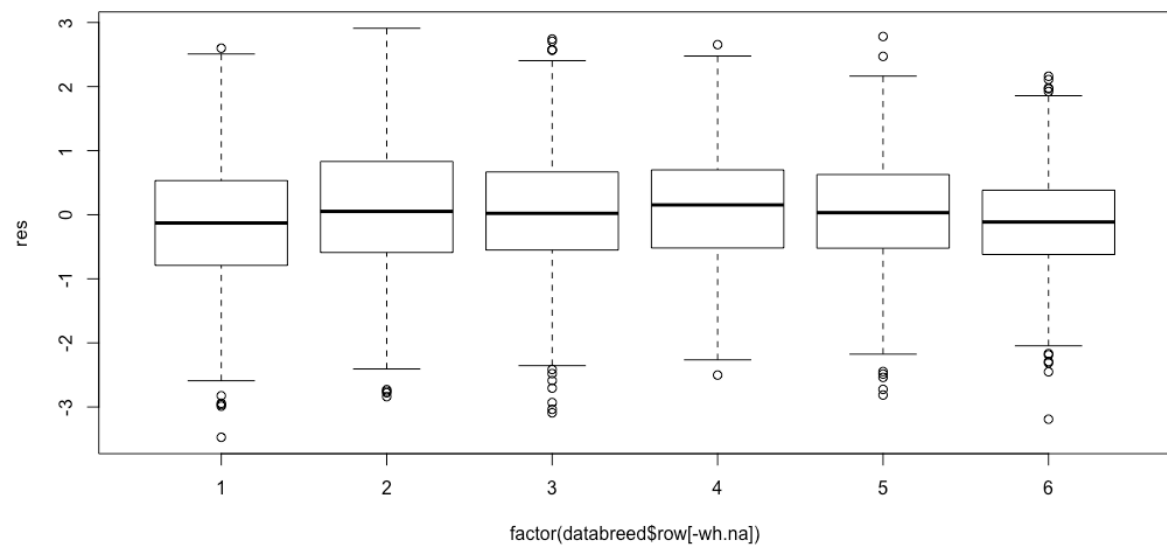




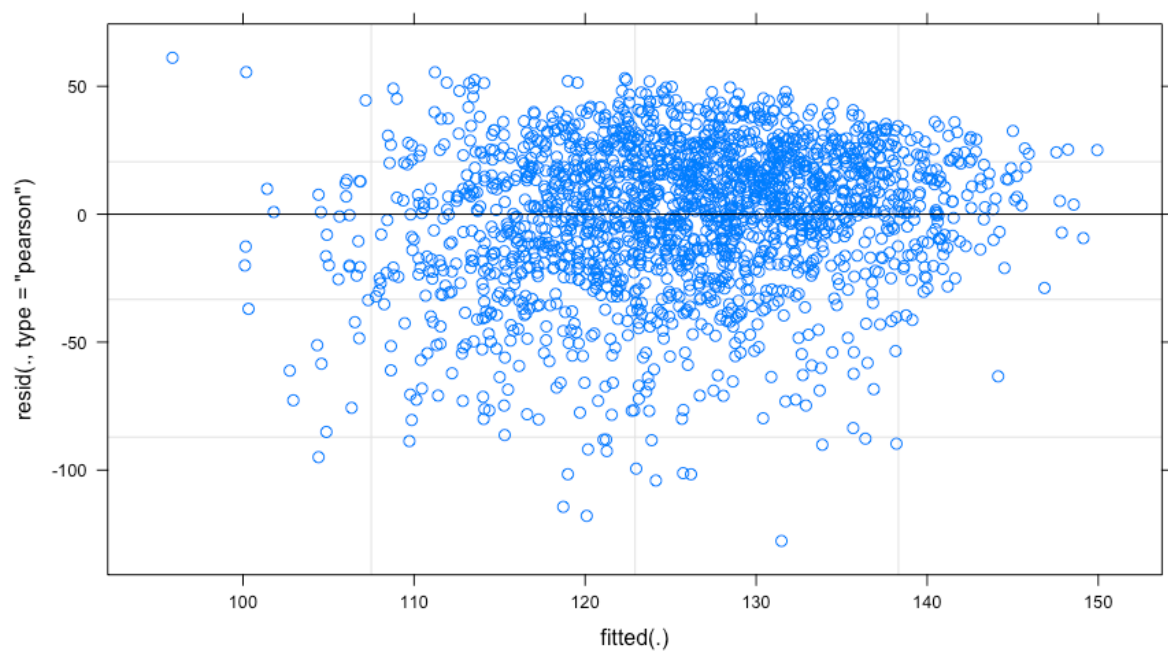
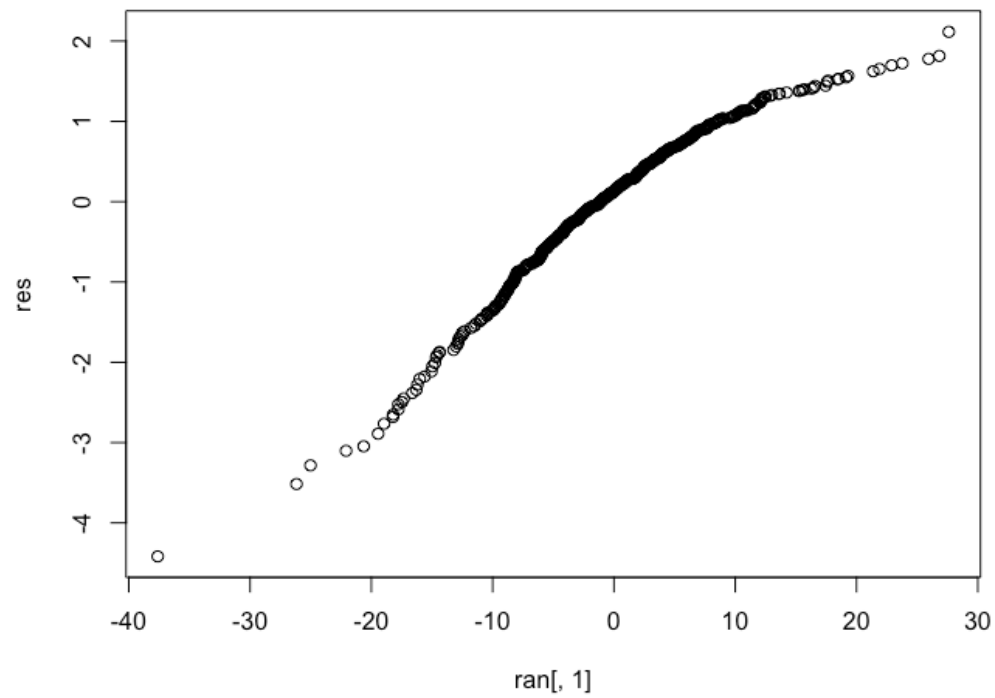
3.2. Graphiques des résidus du modèle expliquant l'angle racinaire pour le blé tendre

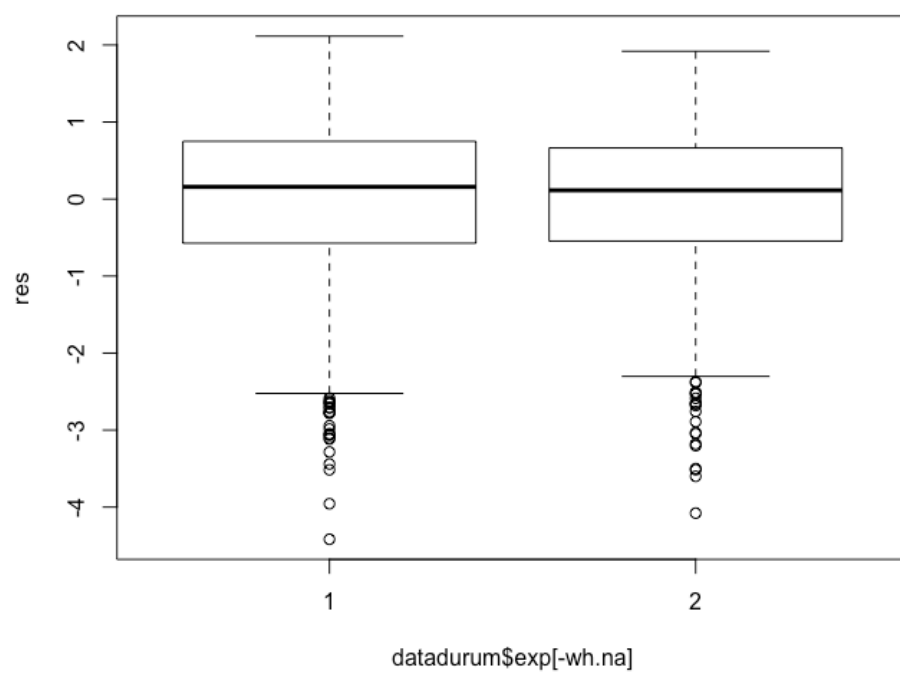
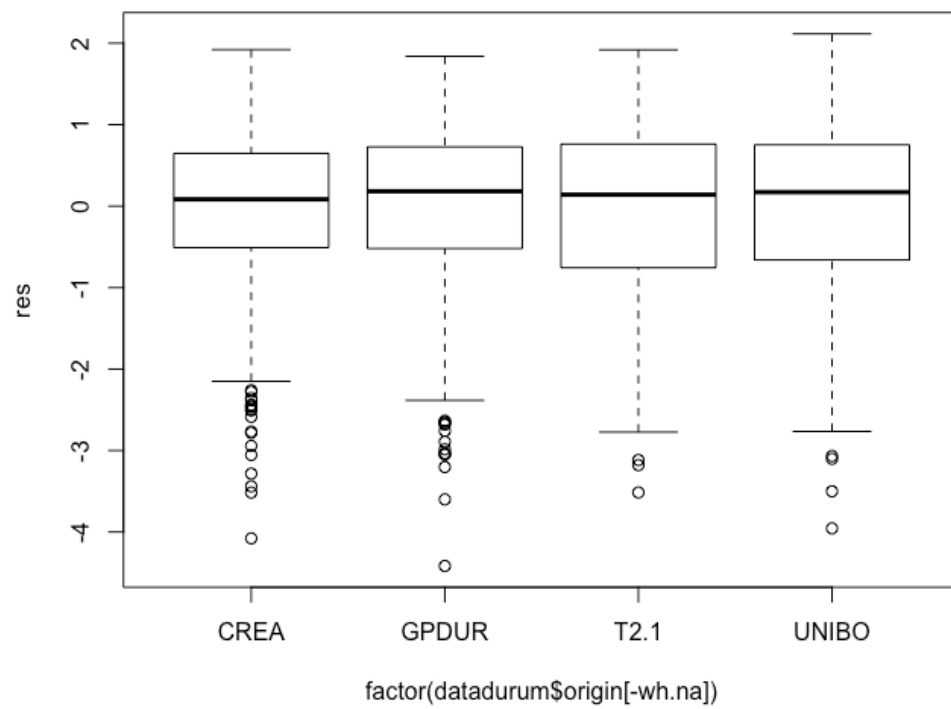


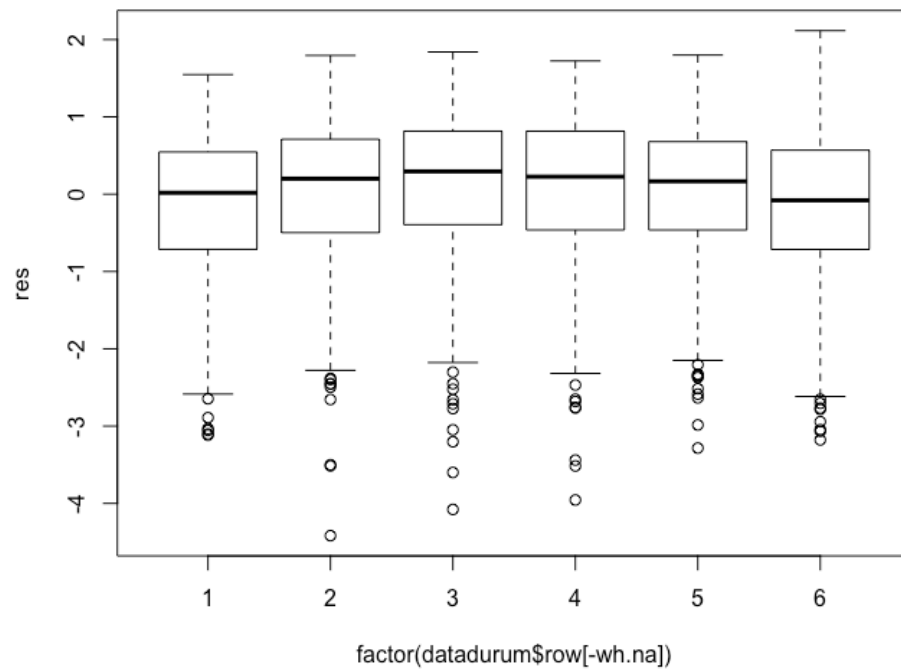




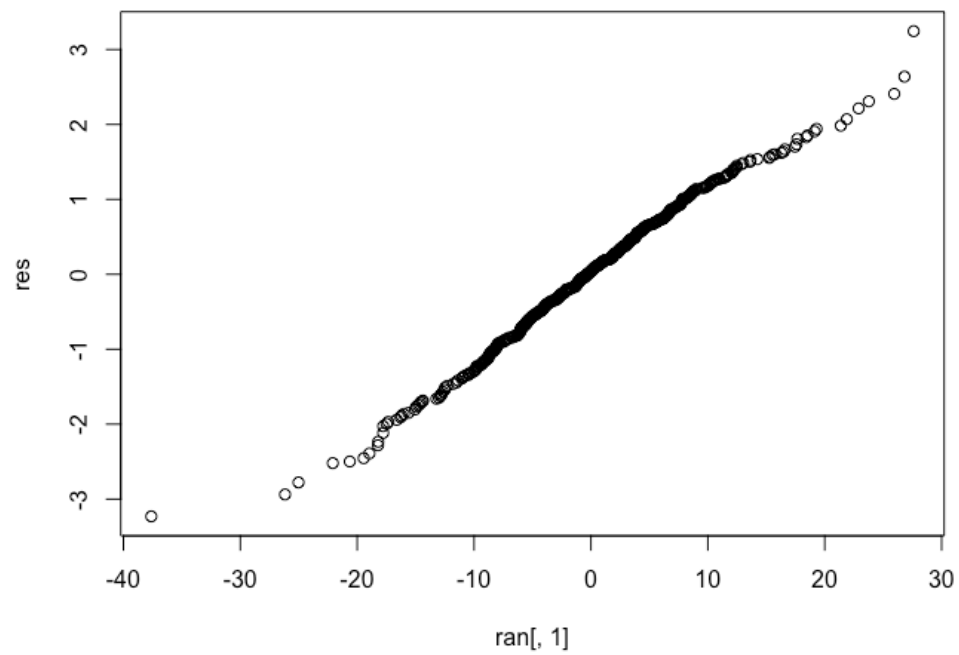
3.3. Graphiques des résidus modèle expliquant l'angle racinaire pour le blé dur

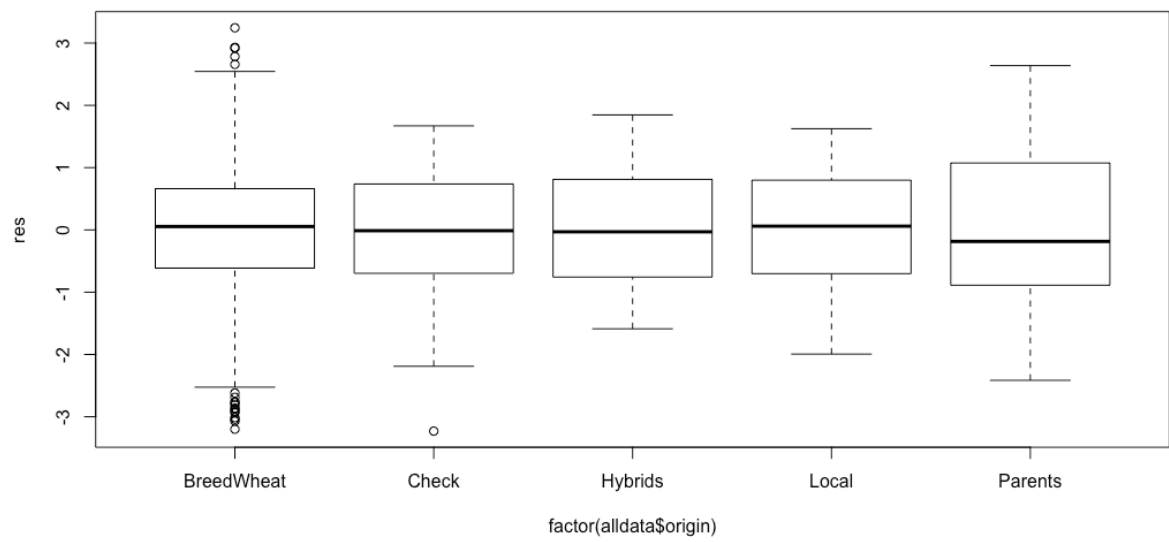
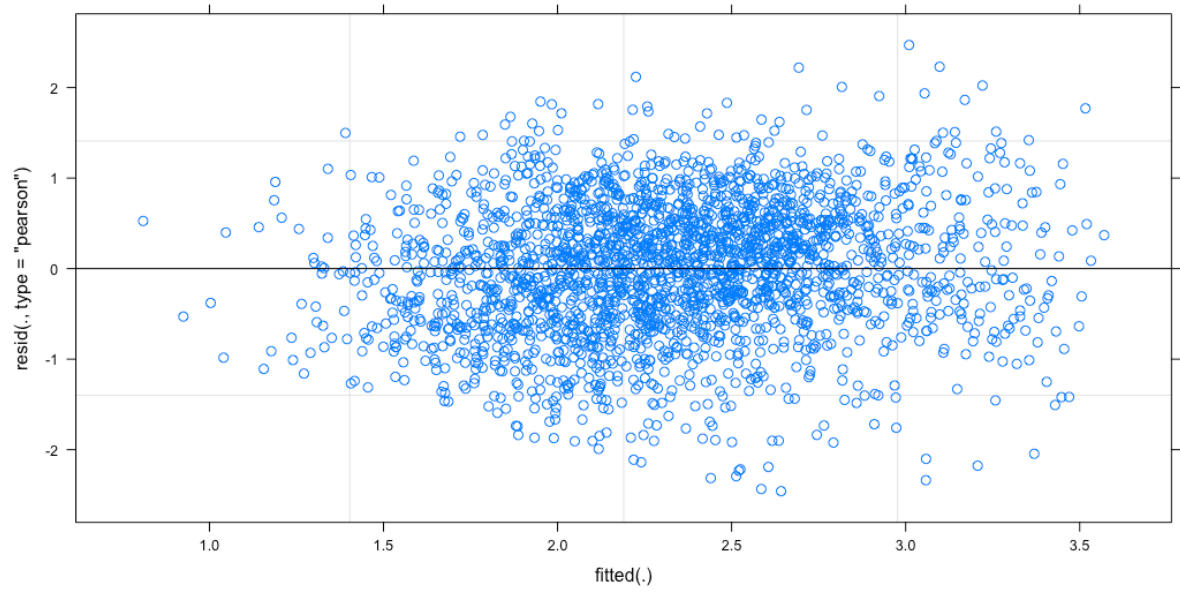


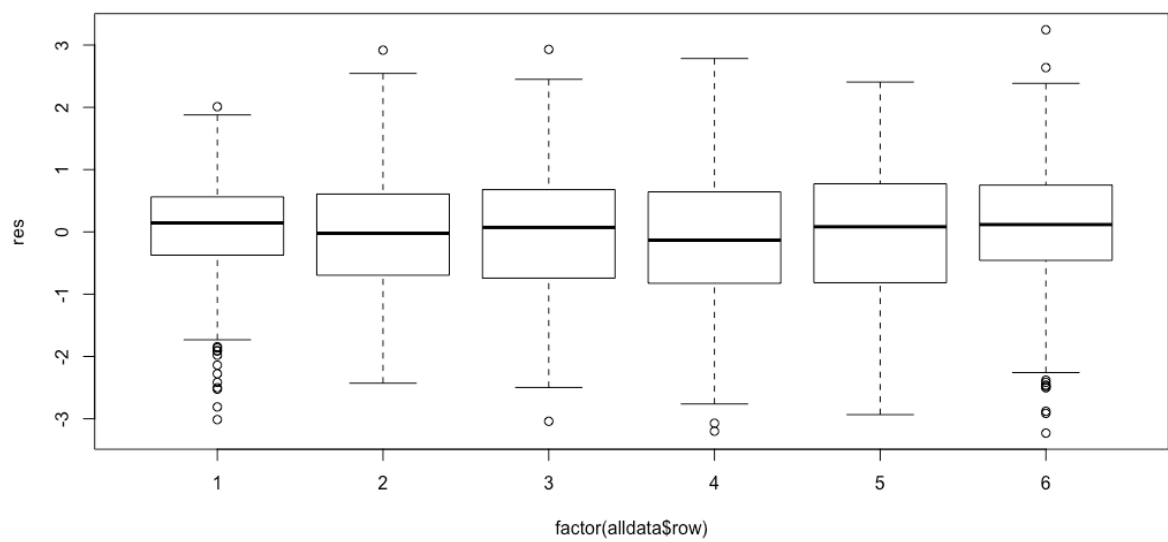
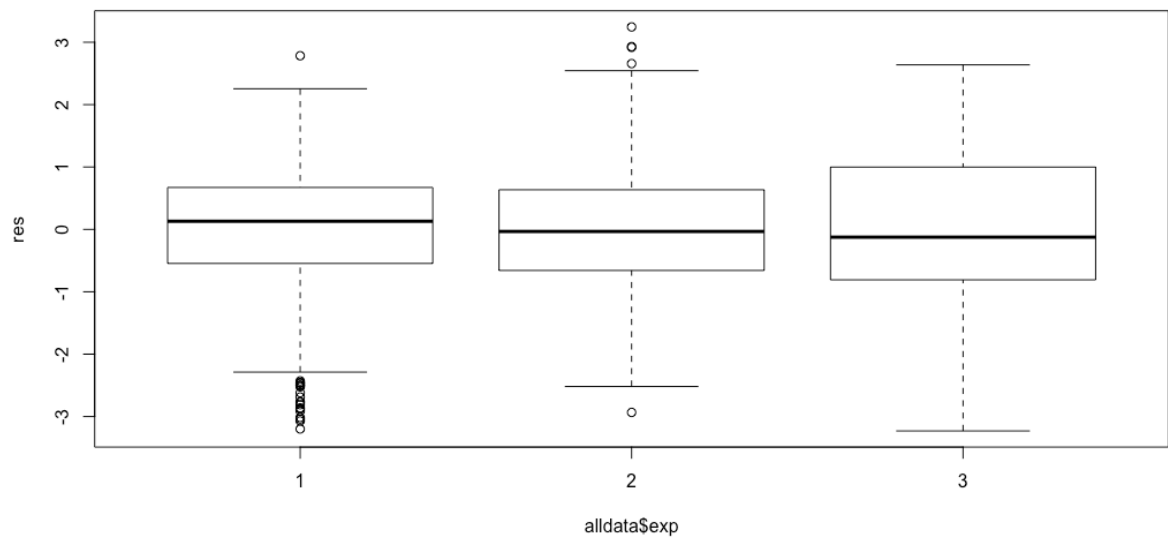




3.4 Graphiques des résidus modèle expliquant la croissance racinaire du blé tendre







3.5 Graphique des résidus modèle expliquant la croissance racinaire par l'angle , le niveau d'eau et l'expérience

