

Sélection basée sur la caractérisation phénotypique et la diversité génétique des lignées parentales de maïs (*Zea mays* L.) Tolérantes au *Striga hermonthica*

Hugues Annicet N'DA*, Dofougo KONATE, Kouakou Romaric KOUAKOU
et Achi Laurent N'CHO

Centre National de Recherche Agronomique (CNRA), Direction Régionale de Korhogo, Station de Recherche de Ferkessédougou, Laboratoire du Programme Maïs Mil Sorgho, 01 BP 1740 Abidjan 01, Côte d'Ivoire

(Reçu le 02 Juin 2024 ; Accepté le 08 Juillet 2024)

* Correspondance, courriel : ndahuguesannicet@gmail.com

Résumé

L'objectif de ce travail est d'identifier les meilleures lignées parentales en vue de leur utilisation comme parents pour la production d'hybrides de maïs. Quarante-huit lignées parentales de maïs tolérantes au *Striga hermonthica* provenant de l'IITA ont été utilisées dans un dispositif en bloc complet randomisé avec trois répétitions. Les descripteurs du CIMMYT/IBPGR ont été utilisés pour cette caractérisation avec trois techniques d'analyses. Les résultats de la classification hiérarchique ascendante (CHA) nous a permis d'identifier trois 03 groupes de diversité morphologique. Le groupe 1 est composé principalement de lignées à cycle végétatif intermédiaires (FM = $60 \pm 2,28$ j ; FF = $60 \pm 2,57$ j). Le groupe 2 renferme les lignées précoces (FM = $59 \pm 1,59$ j ; FF = $59 \pm 1,57$ j). Le groupe 3 comporte les lignées tardives (FM = $61 \pm 2,65$ j ; FF = $62 \pm 3,07$ j). L'analyse discriminante a montré que 05 variables (la densité de levée des plants, la floraison mâle, la floraison femelle, la hauteur des plants, la hauteur de l'insertion des épis) contribuent le plus à discriminer les différents groupes. Cette étude a fourni des informations nécessaires et utiles à la communauté scientifique sur les lignées parentales pouvant être utilisées dans la création de variétés hybrides.

Mots-clés : *Zea mays*, lignées parentales, sélection, caractérisation phénotypique, diversité génétique.

Abstract

Selection based on phenotypic characterization and genetic diversity of *Striga hermonthica*-Tolerant parental lines of corn (*Zea mays* L.)

This work aimed at identifying the best parental lines for use as parents in the production of corn hybrids. Forty-eight *Striga hermonthica*-tolerant corn parental lines from IITA were used in a randomized complete block design with three replications. CIMMYT/IBPGR descriptors were used for characterization with three analysis techniques. The results of the ascending hierarchical classification (AHC) allowed us to identify three 03 groups of morphological diversity. Group 1 consisted mainly of lines with intermediate vegetative cycles (MF = 60 ± 2.28 d; FF = 60 ± 2.57 d). Group 2 consisted of early lines (MF = 59 ± 1.59 d; FF = 59 ± 1.57 d). Group 3 consisted of late lines (MF = 61 ± 2.65 d; FF = 62 ± 3.07 d). Discriminant analysis showed that 05 variables (plant emergence density, male flowering, female flowering, plant

height, ear insertion height) contributed the most to discriminate the different groups. This study has provided necessary and useful information to the scientific community about parental lines that can be used in the creation of hybrid varieties.

Keywords : *Zea mays*, parental lines, selection, phenotypic characterization, genetic diversity.

1. Introduction

Le maïs (*Zea mays* L.) est une céréale cultivée dans toutes les régions agricoles du monde. En Côte d'Ivoire, la céréaliculture est dominée par le riz, le maïs, le mil et le sorgho [21]. Avec une production nationale de plus de 1 140 000 tonnes en 2021 [12], le maïs constitue la deuxième céréale du pays derrière le riz. Il constitue la matière première la plus importante dans la fabrication des aliments du bétail avec le développement de l'élevage (volaille et porc notamment). Il sert de matière première dans certaines industries (brasserie, savonnerie et huilerie) [6]. Autrefois perçu comme un simple produit de subsistance, le maïs est désormais au cœur d'une spéculation agricole croissante en Côte d'Ivoire, avec des enjeux économiques de plus en plus significatifs [5]. Cependant, sa production est confrontée à plusieurs contraintes dont le *Striga hermonthica*. L'infestation sévère de ces cultures peut entraîner une perte de production allant de 50 à 100 % [11 ; 34 ; 31]. La perte financière provoquée par le *Striga hermonthica* est estimée à sept milliards de dollars américains annuellement et l'infestation affecte la vie de plus de 100 millions de personnes en Afrique [1]. Cette situation entraîne l'abandon de la culture de maïs dans certaines localités [31]. Les variétés de maïs cultivées actuellement dans les savanes sont de moins en moins productives à cause de leur sensibilité au *striga hermonthica*. Il est donc urgent de trouver des solutions qui soient à la portée des agriculteurs de la Côte d'Ivoire et en particulier ceux de la zone Nord. Plusieurs méthodes de lutte contre le *striga* ont été suggérées. Parmi les différentes options, la lutte génétique demeure la plus adaptée. Elle est à la fois accessible et pratique pour les agriculteurs africains.

L'emploi de variétés résistantes ou tolérantes au *striga* (X) permet d'optimiser les rendements. Lors de la première conférence mondiale sur la recherche agricole pour le développement, qui s'est tenue en 2010 à Montpellier en France, la génétique a été reconnue comme la méthode la plus efficace pour accroître les rendements, grâce à l'élaboration de nouvelles variétés améliorées par hybridation. La sélection parentale est une première étape importante dans tout programme d'hybridation. La capacité d'évaluer avec précision les différences génétiques entre les parents et, par la suite, de prédire les performances de la descendance améliorerait l'efficacité des programmes d'hybridation [8]. Ainsi, le phénotypage et la détermination de la variabilité génétique entre les matériels sont essentiels pour la sélection des génotypes parentaux. Ils permettent de réaliser des croisements adéquats entre les génotypes présentant des caractéristiques agronomiques appropriées et une variabilité génétique élevée. Ce qui accélère le processus d'amélioration et réduit les coûts [3 ; 25]. Les données morphologiques jouent un rôle important dans la gestion des ressources génétiques conservées dans des banques de gènes *ex situ* [14]. Pour étudier les relations entre les cultivars, de nombreux outils, y compris divers types de marqueurs moléculaires, sont désormais disponibles ; cependant, dans la description et la classification du matériel génétique, la caractérisation morphologique est la première étape [29]. La caractérisation de la variabilité morphologique est essentielle pour repérer les accessions possédant des traits recherchés, tels que la précocité, la résistance aux maladies ou l'amélioration des caractéristiques de l'épi. De plus, cette caractérisation et le regroupement du germoplasme permettent aux sélectionneurs d'éviter les doublons dans les populations d'échantillonnage. La variation de l'intervalle entre l'anthesis et l'épiaison (IFM) permet d'identifier des lignées parentales appropriées pour le développement et la production de maïs hybride. Les lignées parentales ayant une

hauteur de plante et une hauteur d'épi similaires peuvent être utilisées pour le développement de variétés synthétiques. L'analyse des classifications est fréquemment utilisée pour regrouper les accessions de maïs (*Zea mays* L.) et peut être utilisée par les sélectionneurs et les généticiens pour identifier des sous-ensembles d'accessions qui ont une utilité potentielle pour des objectifs spécifiques de sélection ou de génétique [26]. L'objectif de l'utilisation d'une technique de classification dans les essais de sélection végétale est de regrouper les variétés ou lignées en plusieurs groupes homogènes de manière à ce que les variétés d'un même groupe aient un profil de réponse similaire sur l'ensemble des sites. L'analyse multivariées [35] basée sur l'analyse en composantes principales (ACP) est principalement utilisée pour évaluer l'ampleur de la diversité génétique parmi le germoplasme [15]. L'analyse en composantes principales divise la variance totale en différents facteurs. La classification des génotypes en fonction de leurs caractéristiques agronomiques, à l'aide de techniques multivariées, pourrait permettre de réduire le temps et les coûts liés à l'amélioration des cultures [15]. Ainsi, cette étude vise à regrouper 48 lignées parentales provenant de l'IITA en groupes hétérotiques en se basant sur la distance phénotypique, et à identifier les lignées parentales potentielles pour des programmes d'hybridation. L'objectif de cette recherche est de caractériser ces lignées parentales afin de révéler les groupes hétérotiques et d'identifier celles qui pourraient être utilisées dans des programmes de sélection.

2. Matériel et méthode

2-1. Zone d'étude

L'essai a été conduit à la station de recherche du Centre National de Recherche Agronomique (CNRA) de Ferkessédougou. Le département de Ferkessédougou est situé au nord de la Côte d'Ivoire dans la zone soudanienne, entre les longitudes 10°30' et 8°35' Ouest et les latitudes 5°55' et 3°30' Nord (**Figure 1**). Cette localité est caractérisée par une faible pluviométrie variant de 800 à 1000 mm/an. La température moyenne annuelle est de 30 °C [17]. La végétation est principalement composée de savanes arborées et herbeuses, ainsi que de forêts claires. Les sols, dérivés de granite ou de gneiss, sont généralement peu profonds. Dans les bas-fonds, ils présentent des caractéristiques hydromorphes, tandis que les terrasses alluviales du fleuve Bandama sont constituées de sols sableux. Toutefois, les sols ferrallitiques prédominent, avec une couche arable peu profonde, souvent limitée par des cuirasses situées entre 40 et 60 cm de profondeur.

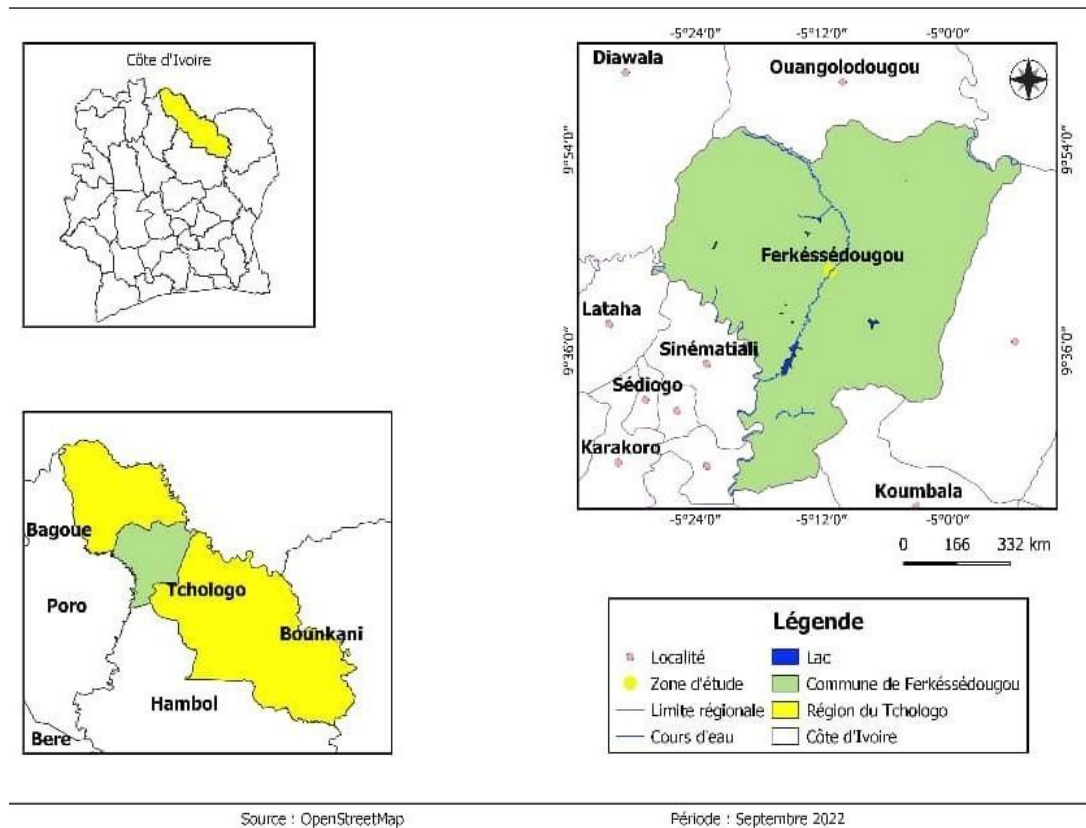


Figure 1 : Localisation de la zone d'étude (OpenStreetMap, 2022)

2-2. Matériel végétal

L'étude a examiné 48 lignées parentales de maïs, tolérantes au *Striga hermonthica*, provenant de l'IITA (*Tableau 1*).

Tableau 1 : Liste des différentes lignées parentales utilisées

LIGNEES DE MAÏS	ZONE DE PROVENANCE
9540	IITA
TZISTR 1132	IITA
TZISTR 1137	IITA
TZISTR 1160	IITA
TZISTR 1262	IITA
TZISTR 1304	IITA
TZISTR 1310	IITA
TZISTR 1312	IITA
TZISTR 1313	IITA
TZISTR 1324	IITA
TZISTR 1329	IITA
TZISTR 1332	IITA
TZISTR 2036	IITA
TZISTR 2038	IITA
TZISTR 2042	IITA
TZISTR 2045	IITA
TZISTR 2047	IITA
TZISTR 2049	IITA
TZISTR 2055	IITA

TZISTR 2056	IITA
TZISTR 2057	IITA
TZISTR 2059	IITA
TZISTR 2002	IITA
5057	IITA
Check	IITA
TZMI 102	IITA
TZMI 1151	IITA
TZMI 1152	IITA
TZMI 1183	IITA
TZMI 1263	IITA
TZMI 1273	IITA
TZMI 1278	IITA
TZMI 1298	IITA
TZMI 1307	IITA
TZMI 1346	IITA
TZMI 1368	IITA
TZMI 2031-2	IITA
TZMI 2033	IITA
TZMI 2035-1	IITA
TZMI 2035-2	IITA
TZMI 2037	IITA
TZMI 20672	IITA
TZMI 21011	IITA
TZMI 2102	IITA
TZMI 2103	IITA
TZMI 2104	IITA
TZMI 407	IITA
TZMI 407-Short	IITA

2-3. Dispositif expérimental

Les essais se sont déroulés du 21 juillet au 29 novembre 2023 sur des parcelles artificiellement infestées de *Striga hermonthica*. Le dispositif expérimental utilisé était un bloc complètement randomisé avec trois répétitions. Le semis a été effectué avec un espacement de 80 cm x 50 cm, en plaçant deux (2) grains par poquet, sur des parcelles expérimentales de 0,8 m de largeur et 5 m de longueur. Les parcelles ont été maintenues propres par sarclage manuel avant l'émergence du *Striga*. Après l'émergence de *Striga*, la propreté a été assurée par désherbage, consistant à arracher les adventices autres que le *Striga*.

2-4. Collecte des données

Pour la caractérisation phénotypique des 48 lignées de maïs, 16 descripteurs agro-morphologiques ont été retenus (**Tableau 2**). Les caractères ont été choisis selon le manuel de descripteurs de maïs, publiés en 1991 par l'Institut international des ressources phytogénétiques (IPGRI) et de travaux publiés par d'autres auteurs (Mijangos—Cortes *et al.*, 2007 ; Ortiz *et al.*, 2008). Les mesures et/ou observations ont concerné dix (10) plantes sélectionnées de façon aléatoire sur chaque parcelle élémentaire et dans chaque bloc. Elles ont porté sur la densité de levée (DL), la floraison mâle (FM) et la floraison femelle (FF) à 50 %, intervalle entre la floraison mâle et femelle (IFM), la hauteur moyenne des plants (HMP), la hauteur moyenne d'insertion de l'épi (HMIE), la prolificité (PRO), le nombre total de feuille (NTF), le nombre de feuille au-dessus de l'épi (FSE), la maturité (MAT), le nombre d'épi récolté (NER), la longueur des épis (LE), le diamètre des épis (DE), le rendement grain (RDT), le nombre de plant de striga germé à 8 Semaines (NbSt8) et le nombre de plant de striga à 10 semaines (NbSt10).

Tableau 2 : Description des paramètres agro-morphologiques étudiés

Caractères	Abréviations	Descriptions	Unités
Caractères quantitatifs			
Densité de levée	DL	Comptage du nombre de plants ayant normalement germé 10 jours après semis	-
Floraison mâle à 50 %	FM	Temps mis depuis la date de semis jusqu'à la date où la moitié des plantes de la parcelle utile émettent du pollen.	Jour
Floraison femelle à 50 %	FF	Le temps mis depuis la date de semis jusqu'à la date où la moitié des plantes de la parcelle utile émettent des soies.	Jour
Intervalle entre la floraison mâle et femelle	ASI	La différence de jours entre les floraisons mâle et femelle à 50 %	-
Hauteur moyenne des plants	HMP	Mesure en centimètre de la hauteur des plants, du sol jusqu'à la base de la panicule. Les mesures étant faites sur 10 plantes de la parcelle utile.	Cm
Hauteur moyenne d'insertion des épis	HMIE	La mesure en centimètre de la hauteur d'insertion de l'épi depuis la base de la plante jusqu'au nœud d'insertion de l'épi.	Cm
Prolificité	PRO	Le comptage du nombre d'épis fécondé sur 10 plants de la parcelle utiles	-
Nombre total de feuille	NTF	Comptage des feuilles des plantes choisie en tenant compte des feuilles situées à la base (souvent tombées).	-
Nombre de feuille au-dessus de l'épi	FSE	Le comptage du nombre de feuilles au-dessus de l'épi chez les plantes de la parcelle utile.	-
Maturité	MAT	La durée en nombre de jours écoulée entre le semis et le jour où toutes les spathes des épis sont sèches	-
Rendement grain	RG	L'estimation en t/ha-1 de la quantité de maïs-grains produites par parcelle.	t/ha-1
Nombre d'épi récolté	NER	Comptage du nombre d'épis mature récolté sur 10 plants de la parcelle utile	-
Longueur des épis	LE	Mesure de la longueur des épis récoltés sur les plantes de la parcelle utile	Cm
Diamètre des épis	DE	Mesure de la partie médiane de l'épi le plus haut récolté sur les plantes de la parcelle utile.	mm
Poids des épis à la récolte	PER	Mesure en Kg du poids d'épis des 10 plants de la parcelle utile	Kg
Nombre de plants de Striga germé à 8 semaines après semis	NbSt8	Comptage du nombre de plants de <i>striga</i> ayant germé 8 semaines après semis	-
Nombre de plants de Striga germé à 10 semaines après semis	NbSt10	Comptage du nombre de plants de <i>striga</i> ayant germé 10 semaines après semis	-

2-5. Analyses statistiques

L'analyse statistique des données quantitatives a été réalisée en vue d'évaluer les performances agronomiques, la structuration agro-morphologique des lignées et de déterminer les caractères quantitatifs les plus discriminants. L'analyse descriptive des données quantitatives a consisté à évaluer les moyennes arithmétiques, l'écart-type de la moyenne et le coefficient de variation. Les données ont été considérées homogènes, lorsque le coefficient de variation est inférieur à 15 %, et inversement, lorsque le coefficient de variation est supérieur à 15 %, les données sont dites hétérogènes. Afin de vérifier le degré d'adéquation entre les caractères quantitatifs, les tests de sphéricité de Bartlett et de *Kaiser Meyer-Olkin* ont été effectués. Par la suite, une Analyse en Composantes Principales (ACP) a été réalisée à partir de la matrice de corrélation des variables originelles standardisées. L'option « rotation varimax » a été choisie pour faciliter l'interprétation des composantes en réduisant le nombre de variables ayant des contributions élevées à chaque composante. Afin de limiter le nombre de composantes à analyser, seules les composantes principales avec une valeur propre supérieure à 1 ont été retenues, conformément à la règle de Kaiser. Après l'analyse en composantes principales (ACP), une Classification Ascendante Hiérarchique (CHA) a été réalisée pour regrouper les accessions en fonction de leurs similarités morphologiques. La distance euclidienne a été employée pour mesurer la dissimilarité entre les accessions, et la méthode de Ward a été utilisée pour l'agrégation, car elle minimise les variances intragroupes tout en maximisant les variances intergroupes. La méthode basée sur la MANOVA (Mohammadi & Prasanna, 2003) a été privilégiée pour définir le nombre de groupes. Enfin, pour définir les caractères qui ont permis de discriminer les groupes obtenus par la CHA d'une part et valider la classification en affectant les accessions aux groupes définis par les modalités de la variable à expliquer, d'autre part, une Analyse Factorielle Discriminante (AFD) a été effectuée. Toutes les analyses ont été réalisées avec les logiciels XLSTAT 2019 et SPSS version 26.

3. Résultats

3-1. Analyse descriptive des caractères quantitatifs

L'analyse descriptive des caractères quantitatifs a révélé l'existence d'une variabilité entre les lignées considérable (**Tableau 3**). Les valeurs du coefficient de variation indiquent une forte variation entre les lignées pour sept (7) paramètres évalués ($CV > 15\%$). Il s'agit de la densité de levée, l'intervalle entre la floraison mâle et femelle, la hauteur moyenne d'insertion de l'épi, la prolificité, le nombre d'épi récolté, le rendement grain et le nombre de plant de *striga* germé à 8 et 10 semaines après semis. À l'inverse, des coefficients de variation faibles ont été observés pour les autres caractères ($CV < 15\%$). La floraison mâle à 50 % a varié de 54 j à 72 j pour les lignées les plus tardives. La hauteur de la plante est passée de 93,50 m pour les lignées les plus courtes à 184,33 m pour les grandes lignées. Le nombre d'épi récolté a été compris entre 2,5 et 40. Le nombre de plant de *striga* germé a oscillé entre 4 et 30 pour huit semaines après semis. À dix semaines après semis, ce nombre a été de 85 (**Tableau 3**).

Tableau 3 : Valeur minimale, maximale, moyenne et coefficient de variation des 16 traits quantitatifs étudiés

Variables	Minimum	Maximum	Moyenne	Ecart-type	Coefficient de variation (%)
DL	2,00	37,66	27,74	8,26	29,80
FM	54,00	72,67	60,94	3,17	5,20
FF	54,00	69,33	61,71	3,21	5,20
ASI	0,00	4,50	1,53	1,01	66,24
HMP	93,50	184,33	143,82	19,29	13,41
HMIE	38,00	101,67	65,68	12,18	18,55
NTF	9,50	15,50	13,20	1,02	7,70
FSE	4,00	7,50	5,83	0,77	13,27
Pro	1,66	3,33	2,20	0,46	20,88
MAT	68,67	101,67	94,31	9,23	9,78
NER	2,50	40,00	20,19	8,52	42,21
LE	7,10	14,84	11,39	1,41	12,37
DE	1,55	3,83	3,23	0,35	10,70
RG	0,03	0,49	0,27	0,11	39,90
NbSt 8	4,00	30,00	6,61	5,00	75,66
NbSt 10	10,00	85,67	24,23	20,42	84,26

3-2. Analyses en composantes principales

Avant de procéder à l'analyse en composantes principales (ACP), la mesure d'adéquation de l'échantillonnage de Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) a été calculée pour chaque variable. L'analyse du tableau IV révèle un indice KMO faible pour le nombre de feuilles au-dessus de l'épi, la prolificité, ainsi que la longueur et le diamètre des épis. Par conséquent, ces variables ont été exclues des analyses suivantes.

Tableau 4 : Mesure de précision de l'échantillonnage de Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) des 16 variables quantitatives

Variables	Indice KMO
DL	0,677
FM	0,597
FF	0,576
ASI	0,622
HMP	0,575
HMIE	0,513
NTF	0,645
FSE	0,462
Pro	0,376
MAT	0,523
NER	0,619
LE	0,474
DE	0,389
RG	0,717
NbSt 8	0,569
NbSt 10	0,553

3-3. Analyse de la matrice des corrélations et test de sphéricité de Bartlett

La matrice de corrélation de Pearson montre des corrélations significatives entre plusieurs couples de variables (**Tableau 5**). De plus, bien que le déterminant soit supérieur à zéro, il est très faible (déterminant = 0,004). Ce qui indique que les données sont susceptibles d'être factorisées.

Tableau 5 : Matrice de corrélation entre les variables mesurées

	DL	FM	FF	ASI	HMP	HMIE	NTF	MAT	NER	RG	NbSt 8
FM	-0,206	1,000									
FF	-0,097	0,860	1,000								
ASI	0,116	0,277	0,466	1,000							
HMP	0,343	0,170	-0,183	0,147	1,000						
HMIE	0,191	0,339	0,246	0,290	0,813	1,000					
NTF	0,265	0,129	0,093	0,012	0,516	0,443	1,000				
MAT	0,119	-0,245	-0,183	0,098	-0,212	-0,177	-0,260	1,000			
NER	0,506	-0,121	-0,256	-0,090	0,275	0,160	0,233	0,141	1,000		
RG	0,519	0,555	0,645	-0,253	0,217	-0,003	0,140	0,053	0,610	1,000	
NbSt 8	0,147	-0,249	-0,261	-0,221	-0,224	-0,077	0,072	-0,024	0,287	0,375	1,000
NbSt 10	0,298	-0,247	-0,222	-0,201	-0,251	0,041	0,378	0,083	0,375	0,378	0,635

En outre, l'indice KMO global pour la matrice ainsi que le test de sphéricité de Bartlett, présentés dans le **Tableau 6** ci-dessous, sont significatifs (KMO = 0,610 ; test de Bartlett : Khi-deux = 192,355, p = 0,000). Ces résultats confirment que la matrice de données peut être soumise à des analyses factorielles exploratoires.

Tableau 6 : Indice de KMO pour la matrice globale et test de Bartlett

Indice de Kaiser-Meyer-Olkin pour la mesure de la qualité d'échantillonnage.		0,610
Test de sphéricité de Bartlett	Khi-carré approx.	192,355
	ddl	55
	Signification	0,000

✓ **Nombre de facteurs à retenir**

Le **Tableau 7** nous renseigne sur les valeurs propres et le pourcentage de variance de chaque axe. D'après le critère de Kaiser, tout axe dont la valeur propre est supérieure à 1 doit être retenu pour l'analyse. Ainsi, les trois premiers axes ont été sélectionnés pour décrire la variabilité totale des lignées. Ces axes expliquent à eux seuls 64,17 % de la variabilité totale. Plus précisément, le premier axe rend compte de 31,79 % de la variabilité, le deuxième axe de 20,16 %, et le troisième axe de 12,21 %.

Tableau 7 : Vecteurs propres et pourcentage de variation exprimée par les trois premiers axes de l'analyse en composantes principales

	F1	F2	F3
Valeur propre	3,498	2,218	1,343
Variabilité (%)	31,797	20,166	12,212
% cumulé	31,797	51,963	64,175

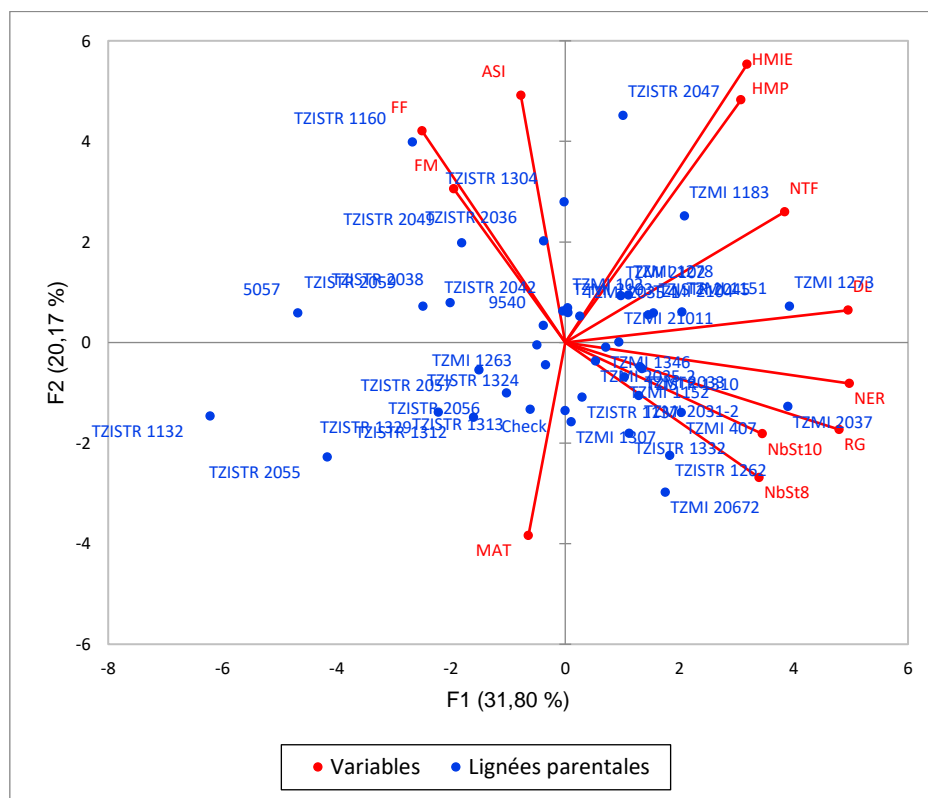
✓ **Analyse des axes**

L'examen du **Tableau 8** montre que les variables densité de levée, floraison mâle, floraison femelle, nombre d'épi récolté, rendement grain, nombre de plants de *striga* germé à 8 et à 10 semaines après semis sont fortement corrélés au premier axe. Cet axe peut donc être décrit comme l'axe de la précocité et du rendement. Tandis que les variables suivantes : Hauteur moyenne des plants, Hauteur moyenne d'insertion des épis et le nombre total de feuille sont corrélés au second axe. Cet axe peut être défini comme l'axe de croissance et développement végétatif. Deux variables contribuent à la formation du troisième axe : il s'agit de l'intervalle entre la floraison mâle et femelle et la maturité. Cet axe apporte une information complémentaire à l'axe 1.

Tableau 8 : Corrélations entre les variables et les facteurs

	F1	F2	F3
DL	0,499	0,481	0,446
FM	-0,726	0,465	-0,123
FF	-0,772	0,440	0,001
ASI	-0,422	0,352	0,551
HMP	0,576	0,648	0,191
HMIE	-0,141	0,739	0,067
NTF	0,158	0,721	-0,276
MAT	0,197	-0,271	0,650
NER	0,619	0,421	0,247
RG	0,856	0,105	0,133
NbSt 8	0,588	0,112	-0,394
NbSt 10	0,634	0,335	-0,298

La projection des individus et des variables dans le plan principal (plan 1-2), n'a pas permis de dégager une typologie des lignées compte tenu du nombre élevé de lignées analysés (**Figure 2**). Cependant, l'analyse des contributions et des cosinus carrés a indiqué les lignées qui ont le plus contribué à l'émergence des composantes. L'axe 1 a opposé les lignées précoces avec un bon rendement (TZMI 2103, TZMI 2037, 9540, TZMI 2035-1, TZISTR 2059, TZISTR 2049, TZISTR 2038, TZISTR 1332, TZISTR 1310, TZISTR 1262, TZISTR 1160, TZISTR 1137) aux tardives à rendement faible (TZMI 407, TZMI 2031-2, TZMI 1263, TZMI 102, TZISTR 2056). Par contre, l'axe 2 a permis de distinguer celles ayant une bonne croissance et une biomasse foliaire importante (TZMI 2047, TZMI 1183, TZMI 1273, TZMI 2042, TZMI 2036, TZMI 1304) et de petite taille à biomasse foliaire réduites (TZMI 2104, TZMI 1183, CHECK, TZISTR 2045, TZISTR 2036, TZISTR 2055, TZISTR 1304, TZISTR 1132, 5057).

**Figure 2 : Projection des 46 lignées parentales, sur le plan des axes 1-2 de l'analyse en composantes principales**

3-4. Classification hiérarchique

Les résultats de la classification hiérarchique (CHA) basée sur l'algorithme de Ward a produit un dendrogramme (*Figure 3*). L'observation de cette figure a permis de visualiser trois groupes hétérotiques de lignées. L'effectif total des lignées est 19, 7 et 15 pour les groupes 1, 2 et 3 respectivement.

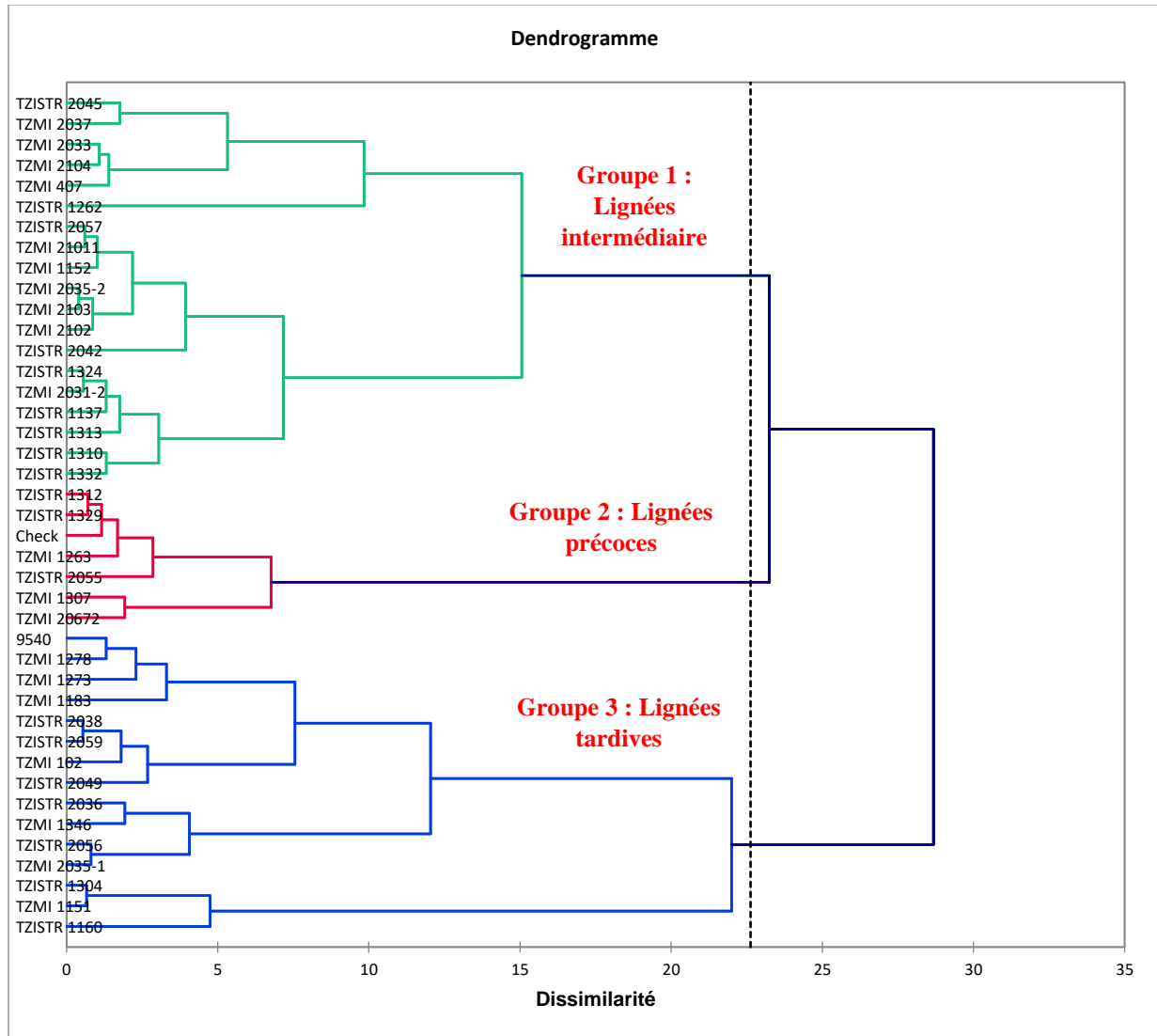


Figure 3 : Groupes hétérotiques identifiés à l'aide de la Classification Ascendante Hiérarchique (CAH)

3-5. Caractéristique des groupes de lignées

Le *Tableau 9* présente les distances au sens de Mahalanobis entre les groupes identifiés. Les groupes 1 et 2 ont été les plus proches et 2 et 3 les plus éloignées. Les résultats ont également montré une différence significative entre ceux-ci.

Tableau 9 : Distance de Mahalanobis entre les groupes de lignées

	Groupe 1	Groupe 2
Groupe 2	10,871	
Groupe 3	21,160	42,391

Le groupe 1 est caractérisé par une très bonne densité de levée ($DL = 30,91 \pm 4,0$). Cependant les lignées qui composent ce groupe ont un cycle végétatif intermédiaires ($FM = 60 \pm 2,28$ j ; $FF = 60 \pm 2,57$ j) avec une taille moyenne ($HMP = 144,24 \pm 1,30$ cm), une hauteur moyenne d'insertion des épis ($HMIE = 66 \pm 5,32$ cm) et une forte biomasse de *striga hermonthica* au niveau des plants ($NbSt10 = 28,89 \pm 24,02$). Le groupe 2 se distingue par une densité de levée moyenne ($DL = 22,88 \pm 8,06$) composé de lignées précoces ($FM = 59 \pm 1,59$ j), ($FF = 59 \pm 1,57$ j) et de petite taille ($HMP = 129 \pm 13,59$ cm). Elles présentent également une faible hauteur d'insertion des épis ($HMIE = 53 \pm 8,58$). Le groupe 3 se caractérise par une bonne densité de levée ($DL = 29,29 \pm 7,28$), avec des lignées tardives ($FM = 61 \pm 2,65$ jours ; $FF = 62 \pm 3,07$ jours), de grande taille ($HMP = 153 \pm 19,03$ cm) et une hauteur d'insertion des épis élevée ($HMIE = 73,70 \pm 12,10$), (**Tableau 10**).

Tableau 10 : Caractéristique des groupes issus de la CAH

Variables	Groupe 1	Groupe 2	Groupe 3	F	P
DL	30,91 ± 4,07 ^a	22,88 ± 8,06 ^b	29,29 ± 7,28 ^a	14,42	0,001
FM	60,01 ± 2,28 ^{ab}	59,67 ± 1,96 ^b	61,28 ± 2,65 ^a	15,48	0,001
FF	60,58 ± 2,57 ^{ab}	59,98 ± 1,57 ^b	62,29 ± 3,07 ^a	12,52	0,001
ASI	0,96 ± 0,62 ^a	0,79 ± 0,34 ^a	1,12 ± 0,66 ^a	3,39	0,324
HMP	144,24 ± 10,38 ^{ab}	129,45 ± 13,59 ^b	153,17 ± 19,03 ^a	18,25	0,001
HMIE	66,44 ± 5,32 ^{ab}	53,05 ± 8,58 ^b	73,70 ± 12,10 ^a	12,92	0,001
NTF	13,60 ± 0,80 ^a	12,60 ± 0,68 ^b	13,30 ± 0,68 ^a	4,70	0,001
MAT	97,39 ± 2,05 ^a	97,10 ± 3,05 ^a	93,71 ± 10,80 ^a	1,33	0,277
NER	23,07 ± 4,93 ^a	17,93 ± 7,81 ^a	18,67 ± 8,71 ^a	2,26	0,118
RG	0,32 ± 0,09 ^a	0,26 ± 0,10 ^a	0,26 ± 0,13 ^a	1,59	0,217
NbSt 8	5,67 ± 2,05 ^a	5,38 ± 1,01 ^a	5,38 ± 1,23 ^a	0,16	0,856
NbSt 10	28,89 ± 24,02 ^a	20,48 ± 13,29 ^b	14,78 ± 7,98 ^c	2,62	0,001

3-6. Analyse discriminante

Les résultats du test d'égalité des moyennes de groupe sont synthétisés dans le **Tableau 11**. L'examen des valeurs F de Fischer a montré que les variables tels la densité de levée, la floraison mâle et femelle, la hauteur moyenne des plants et d'insertion de l'épi sont les plus discriminants. Elles ont des valeurs de F relativement élevées comparativement aux autres.

Tableau 11 : Analyses de variance comparant les groupes de lignées pour chacune des variables

Variable	Lambda	F	p-value
DL	0,446	16,551	< 0,001
FM	0,503	12,881	< 0,001
FF	0,406	19,495	< 0,001
ASI	0,485	0,853	0,473
HMP	0,703	10,627	< 0,001
HMIE	0,550	15,557	< 0,001
NTF	0,771	5,659	0,027
MAT	0,935	1,317	0,280
NER	0,818	4,222	0,022
RG	0,848	3,415	0,043
NbSt 8	0,939	1,233	0,303
NbSt 10	0,774	5,561	0,018

La représentation graphique des trois groupes dans le plan principal défini par les axes factoriels est présentée sur la **Figure 4**. La première fonction discriminante a permis de bien discriminer les groupes 2 et 3.

Il n'y a pas eu de chevauchement entre eux. La deuxième fonction a permis de discriminer le groupe 1 des autres. Le **Tableau 13** présente l'effectif de chaque groupe issu de l'AFD.

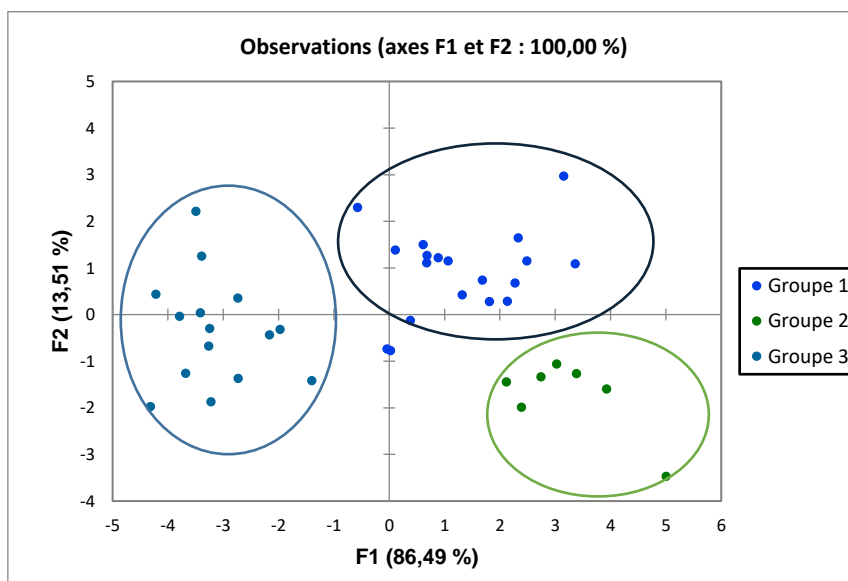


Figure 4 : Mise en évidence des groupes de lignées identifiés

Pour évaluer la qualité de la classification, une matrice de confusion a été réalisée (**Tableaux 12 et 13**). Cette matrice résume le classement des lignées dans les trois groupes définis. Le pourcentage des lignées correctement classées a été de 100 %. Ce pourcentage a été de 19, 7 et 15 % pour les groupes 1, 2 et 3 respectivement. La validation croisée par élimination a montré que le pourcentage des lignées correctement classées a été de 84,21 % (16 lignées), 85,71 % (6 lignées) et 100 % (15 lignées) respectivement pour les groupes 1, 2 et 3. Au total 37 lignées ont été correctement classées, soit un taux moyen de 90, 24 %.

Tableau 12 : Regroupement des lignées suite à l'analyse discriminante

Groupe	1	2	3
N	19	7	15
Somme des poids	19	7	15
Variance intra-classe	3,256	2,517	4,695
Distance minimale au barycentre	0,931	0,723	1,205
	TZMI 407	TZMI 20672	TZMI 2035-1
	TZMI 2104	TZMI 1307	TZMI 1346
	TZMI 2103	TZMI 1263	TZMI 1278
	TZMI 2102	Check	TZMI 1273
	TZMI 21011	TZISTR 2055	TZMI 1183
	TZMI 2037	TZISTR 1329	TZMI 1151
	TZMI 2035-2	TZISTR 1312	TZMI 102
	TZMI 2033		TZISTR 2059
	TZMI 2031-2		TZISTR 2056
	TZMI 1152		TZISTR 2049
	TZISTR 1324		TZISTR 2038
	TZISTR 2057		TZISTR 2036
	TZISTR 2045		TZISTR 1304
	TZISTR 2042		TZISTR 1160
	TZISTR 1332		9540
	TZISTR 1313		
	TZISTR 1310		
	TZISTR 1262		
	TZISTR 1137		

Tableau 13 : Matrice de confusion des groupes basée sur les caractères agro-morphologiques chez les lignées

		Groupe	Classe (s) d'affectation prévue (s)			Total
			1	2	3	
Original	Effectif	1	19	0	0	19
		2	0	7	0	7
		3	0	0	15	15
	%	1	100	0	0	100
		2	0	100	0	100
		3	0	0	100	100
Validé-croisé	Effectif	1	16	1	2	19
		2	1	6	0	7
		3	0	0	15	15
	%	1	84,21	0	0	84,21
		2	0	85,71	0	85,71
		3	0	0	1	100

4. Discussion

4-1. Analyse descriptive et en composante principale des caractères étudiés

L'évaluation et la sélection de lignées parentale pour l'hybridation est une étape primordiale des programmes de sélection. Cette sélection est une première étape importante dans tout programme d'hybridation. En effet, pour sélectionner une lignée parentale de maïs, il est essentiel de prendre en compte divers caractères et facteurs qui contribuent à la productivité de celle-ci. Dans la pratique, les sélectionneurs prennent plusieurs décisions pour que leur sélection ressemble à un idéotype. Malgré les avancées significatives en biotechnologie et en outils bioinformatiques, il est encore courant que les sélectionneurs choisissent les parents en se basant sur leurs caractéristiques morphologiques. Dans cette étude, 16 caractères agromorphologiques ont été utilisés. Toutefois, parmi les 48 lignées initialement semées, seules 46 ont été incluses dans l'étude, les deux autres (TZISTR 2002 et TZMI 407-Short) n'ayant pas germé en raison de la mauvaise qualité des graines. Les analyses descriptives révèlent une forte variation pour les caractères suivants : densité de levée, intervalle floraison mâle-femelle (IFM), hauteur moyenne d'insertion des épis, nombre d'épis récoltés, rendement en grains, ainsi que le nombre de plants de *Striga* à 8 et 10 semaines (CV > 15 %). Cette forte variation observée pourrait être due d'une part au mauvais état de germination de certaines lignées et à leur floraison asynchrone. Ce qui a un effet sur le nombre d'épi récolté donc sur le rendement. En effet, le maïs (*Zea mays* L.) est une espèce monoïque et croisée. La pollinisation croisée est assurée par la position séparée des fleurs mâles et femelles, bien qu'elles soient toutes deux sur la même plante, et par le fait que les fleurs mâles mûrissent avant les fleurs femelles (protandrie). La période entre la maturité des fleurs mâles et celle des fleurs femelles (intervalle anthèse - soie) peut être longue, de sorte que les pollens sont déjà éliminés avant que les soies femelles n'émergent. Ceci est en accord avec les observations faites par [36]. Selon [10], le retard de l'épiaison par rapport à l'émission du pollen, mesuré comme l'intervalle anthèse-épiaison (IFM), est un bon indicateur de la réponse aux stress abiotiques chez le maïs. Afin d'estimer les distances génétiques entre lignées des analyses multivariées ont été utilisées. Les mesures de distance génétique basées sur les caractères phénotypiques constituent l'une des principales méthodes multivariées pour déterminer les critères de sélection des parents. L'utilisation des caractères phénotypiques dans les études de distance génétique est couramment employée par les sélectionneurs. Des exemples d'utilisation efficace des techniques multivariées peuvent être trouvés pour le coton [19], l'avoine [33], les haricots communs [18], le maïs [7] et le blé [2, 4, 20]. L'analyse des composantes principales a montré que les trois premiers axes décrivent 64,17 % de la variance totale. Ce qui n'est pas négligeable.

4-2. Matrice de corrélation, Nombre de facteur à retenir et analyse des axes

Les caractères agro - morphologiques fortement corrélés aux axes des composantes principales 1 ; 2 et 3 (F1, F2 et F3) sont dominés par les descripteurs phénologiques. Ce sont (la floraison mâle, la floraison femelle, intervalle entre la floraison mâle et femelle, nombre de jour de maturité), végétatifs (hauteur moyenne des plants, hauteur moyenne d'insertion de l'épi, nombre total de feuille), de rendement (nombre d'épi récolté, rendement grain) et du *striga* (nombre de plants de striga germé 8 et 10 semaines après semis). Cela suggérerait que ces descripteurs seraient les plus pertinents pour l'explication de la variabilité entre les lignées parentales tolérantes au *striga hermonthica*. L'analyse des coordonnées des variables révèle que la densité de levée, la floraison mâle, la floraison femelle, le nombre d'épis récoltés, le rendement en grains, ainsi que le nombre de plants de Striga germés à 8 et 10 semaines après semis, contribuent principalement à la construction du premier axe. Cet axe peut ainsi être caractérisé comme l'axe de la précocité et du rendement. Ces résultats soulignent l'importance des descripteurs phénologiques et de rendement dans la sélection de lignées tolérantes au Striga. La hauteur moyenne d'insertion des épis et le nombre total de feuille concourent le plus à la formation du second axe. Cet axe peut être défini comme l'axe du développement végétatif. Ce résultat soulignerait l'importance des caractères morphologiques dans le choix des lignées.

4-3. Classification hiérarchique, Caractéristique des groupes de lignées et analyse discriminante

Sur la base des composantes principales de l'ACP, une classification des lignées a été effectuée. Dans une étude réalisée sur le blé, [16] ont indiqué que la classification basée sur les composantes de l'analyse en composantes principales permet de mieux regrouper les génotypes comparés à une classification basée sur les variables originales. Les mesures de distance génétique basées sur les caractères phénotypiques sont l'une des principales techniques multivariées utilisées pour fournir des critères de choix des parents. La distance globale de Mahalanobis (D2) et la distance euclidienne sont les procédures statistiques les plus utilisées pour estimer les distances génétiques [9]. La distance de Mahalanobis présente certains avantages par rapport à la distance euclidienne. Elle prend en compte les effets environnementaux et permet d'obtenir des corrélations entre les caractères. La classification ascendante hiérarchique a montré la présence de trois groupes hétérotiques de lignée. L'analyse de la distance de Mahalanobis a montré que les groupes 1 et 2 sont plus proches et 2 et 3 plus éloignées. L'utilisation de la distance de Mahalanobis entre les groupes hétérotiques formés par la classification ascendante hiérarchique (CAH) permet d'identifier les groupes génétiques les plus éloignés, facilitant ainsi la sélection des groupes les mieux adaptés pour un croisement diallèle. L'implication de ces groupes dans les diallèles permet de bénéficier d'un bon effet hétérosis. Par ailleurs dans une étude sur la sélection de lignées endogames pour déterminer les parents hybrides [32] ont révélé que lorsque les lignées sont génétiquement éloignées, l'effet hétérosis est plus important. L'analyse factorielle discriminante a confirmé les observations faites à partir de l'ACP et de la CAH. Elle a montré que la densité de levée des plants, la précocité, la hauteur des plants et la hauteur de l'insertion des épis sont les paramètres les plus discriminants pour la structuration de la diversité phénotypique des lignées. La représentation graphique des trois groupes dans le plan principal, défini par les axes factoriels, a révélé une nette séparation des barycentres des groupes, indiquant ainsi une importante hétérogénéité entre eux. Ces caractéristiques devraient donc être particulièrement prises en compte lors du processus de sélection des lignées.

5. Conclusion

La création de variétés hybrides de maïs implique la sélection de lignées parentales présentant des caractères spécifiques pour assurer un bon potentiel de rendement. Dans cette étude, L'analyse en composante principale (ACP) a permis d'évaluer la ressemblance entre les différentes lignées et de comprendre les relations existantes entre elles. La classification ascendante hiérarchique (CAH) a été nécessaire pour identifier trois groupes hétérotiques de lignées. Le lien entre ces groupes a été révélé par l'analyse de la distance de Mahalanobis. Ce qui facilite ainsi le choix des lignées dans les groupes génétiquement éloignés pour bénéficier de l'effet hétérosis. Les caractères les plus pertinents (la densité de levée des plants, la précocité, la hauteur des plants et la hauteur de l'insertion des épis) ont été révélés par l'analyse discriminante. Ceux-ci devraient être considérés dans le choix des parents potentiels pour l'hybridation. La sélection des lignées parentales sur la base des seuls caractères cibles est souvent insuffisante pour garantir la présence de génotypes supérieurs dans la descendance. La variabilité observée entre ces lignées constitue un argument de choix pour des études poussées afin de faciliter la sélection des parents dans l'orientation des programmes ultérieurs de sélection.

- **Implication à la création variétale**

L'IFM est un caractère facile à mesurer ; il présente une héritabilité plus élevée dans des conditions de stress que dans des conditions non limitées. Il s'agit d'un bon indicateur raison pour laquelle notre sélection de lignée parentales s'est basée sur ce paramètre, même si le rendement en grains est le plus souvent le paramètre cible des programmes de sélection du maïs. Sur la base de notre étude les lignées parentales exprimant un IFM $<$ ou $=$ 1 ont été sélectionnés. Les lignées du groupe 2 (TZMI 20672, TZMI 1307, TZMI 1263, Check, TZISTR 2055, TZISTR 1329, TZISTR 1312) sont plus précoces présentent, de longs épis placés bas, un rendement élevé et un écart plus court entre intervalle anthèse et émission des soies (IFM) plus court sont les plus prometteuses en tant que parents femelles, tandis que les groupes 1 (TZMI 407, TZMI 2104, TZMI 2103, TZMI 2102, TZMI 21011, TZMI 2037, TZMI 2035-2, TZMI 2033, TZMI 2031-2, TZMI 1152, TZISTR 1324, TZISTR 2057, TZISTR 2045, TZISTR 2042, TZISTR 1332, TZISTR 1313, TZISTR 1310, TZISTR 1262, TZISTR 1137) et groupe 3 (TZMI 2035-1, TZMI 1346, TZMI, 1278TZMI 1273, TZMI 1183, TZMI 1151, TZMI 102, TZISTR 2059, TZISTR 2056, TZISTR 2049, TZISTR 2038, TZISTR 2036, TZISTR 1304, TZISTR 1160, 9540) avec des lignées de plus grandes tailles avec panicules présentant de nombreuses branches remplies de pollen et une durée d'émission de pollen plus longue peuvent être sélectionnées comme parents mâles.

Références

- [1] - B. BADU-APRAKU et R. O. AKINWALE, Cultivar evaluation and trait analysis of tropical early maturing maize under Striga-infested and Striga-free environments. *Field Crop Res.*, 121 (2011) 186 - 194
- [2] - N. F. F. BARBOSA, M. F. SORRELLS and G. CISAR, Prediction of heterosis in wheat cultivars (in portuguese, English summary). *Pesqui. Agropec. Bras.*, 36 (1996) 131 - 135
- [3] - F. BERED et al., Genetic variability in common wheat germplasm based on coefficients of parentage. *Genetics and Molecular Biology*, 25 (2002) 211 - 215
- [4] - I. BERTAN, Genetic distance as criterion for the choice of parents in wheat breeding programs (in Portuguese; English summary). M.Sc. diss. Universidade Federal de Pelotas, (2005)
- [5] - R. BLASSONNY, Ivoire grain, <http://www.ivoireregion.net/index.php/la-nouvelle/726-germination-le-mais-veut-damer-le-pion-au-coton>, (2013)
- [6] - BOONE, PETER, STATHACOS, J. D. CHARLES, WANZIE, L. ROSE, Évaluation sous régionale de la chaîne de valeurs du maïs, rapport technique ATP n°1. Bethesda, MD : projet ATP, *Abt Associates Inc.*, (2008)

- [7] - J. BOPPENMAIER, A. E. MELCHINGER, G. SEILTZ, H. H. GEIGER, R. G. HERRMANN, Genetic diversity for RFLPs in European maize inbreds. III. Performance of crosses within versus between heterotic groups for grain traits. *Plant Breeding*, 111 (3) (1992) 217 - 226
- [8] - R. L. BURKHAMER, S. P. LANNING, R. J. MARTENS, J. M. MARTIN and L. E. TALBERT, Predicting progeny variance from parental divergence in hard red spring wheat. *Crop Sci*, 38 (1998) 243 - 248
- [9] - CD. CRUZ, et AJ. REGAZZI, Modèles biométriques appliqués à l'amélioration génétique. 2e édition, UFV, Viçosa, (2001)
- [10] - DAYANE CRISTINA LIMA I NATALIA DE LEON I SHAWN M. KAEPLER, Utility of anthesis—silking interval information to predict grain yield under water and nitrogen limited conditions : *Crop Science* ; 63 (2023) 151 - 163
- [11] - H. DOGGETT, Sorghum. Tropical Agriculture Séries, 2nd éd., Longman Scientific and Technical-IDRC, New York., (1988) 373 p.
- [12] - G. C. ENTRINGER, J. C. F. VETTORAZZI, J. A. CREVELARI, N. N. L. DURÃES, R. SANTA-CATARINA & M. G. PEREIRA, Super sweet corn breeding by backcross : a new choice for the brazilian market. BRAZILIAN JOURNAL OF AGRICULTURE - *Revista de Agricultura*, 92 (1) (2017) 12. <https://doi.org/10.37856/bja.v92i1.3269>
- [13] - FAOSTAT, Classement des états d'Afrique par production de maïs consulté le 14 Août 2023 (<http://www.fao.org> 2022), (2021)
- [14] - International Board for Plant Genetic Resources, (1991). Descripteurs pour le maïs
- [15] - JIBAN SHRESTHA, Surya Kant Ghimire Krishna Hari Dhakal, Mahendra Prasad Tripathi. Variability among maize (*Zea mays* L.) inbred lines for agro- morphological traits. *Research Square*, (2023) 1 - 32
- [16] - M. KHODADADI, MH. FOTOKIAN & M. MIRANSARI, Genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes based on cluster and principal component analyses for breeding strategies. *Australian Journal of Crop Science*, 5 (1) (2011) 17 - 24
- [17] - T. LASM, R. M. N. FOSSOU, O. Z. ONETIE, D. BAKA, M. Y. TA, M. S. OGA and N. SORO, Contribution hydrogéologique à la connaissance des aquifères discontinus du département de ferké (nord de la côte d'ivoire) pour une meilleure alimentation en eau potable. *Rev. Ivoir. Sci. Technol*, 19 (2012) 114 - 135
- [18] - C. F. MACHADO, G. H. S. NUNES, D. F. FERREIRA and J. B. SANTOS, Genetic divergence among genotypes of common bean through of multivariate techniques (in Portuguese; English summary). *Ciencia Rural*, 32 (2002) 251 - 258
- [19] - A. MARANI and E. AVIELI, Heterosis during the early phase of growth in intraspecific and interspecific crosses of cotton. *Crop Sci*, 13 (1973) 15 - 18
- [20] - S. MÁRIC, S. BOLARIC, C. I. C. MARTIN, I. PEJI and V. KOZUMPLIK, Genetic diversity of hexaploid wheat cultivars estimated by RAPD markers, morphological traits and coefficients of parentage, *Plant Breeding*, 123 (2004) 366 - 369
- [21] - SA. MOHAMMADI & BM. PRASANNA, Analysis of genetic diversity in crop plants salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43 (2003) 1235 - 1248
- [22] - H. A. N'DA, L. AKANVOU, R. AKANVOU and A. I. ZORO BI, Evaluation de la diversité agro-morphologique des accessions de maïs (*Zea mays* L.) collectées en Côte d'Ivoire. *J. Anim. Plant Sci*, 20 (3) (2014) 3144 - 3158
- [23] - C. NELIMOR, B. BADU-APRAKU, P. SIMON, A. NGUETTA, TY. ANTONIA et L. GARCIA-OLIVEIRA ANA, Phenotypic characterization of maize landraces from Sahel and Coastal West Africa reveals marked diversity and potential for genetic improvement. *Journal of Crop Improvement*; DOI: 10.1080/15427528.2019.1674760, (2019)
- [24] - S. A. OLAKOJO and G. OLAOYE, Effects of *Striga lutea* (Lour) infestation on tolerant maize hybrids (*Zea mays* L), in southern Guinea savanna, *Ghana Jnl agric. Sci*, 36, 23-29, Acra : National Science & Technology Press

- [25] - Y. QI-LUN, F. PING, K. KE-CHENG and P. GUANG-TANG, Genetic diversity based on SSR markers in maize (*Zea mays* L.) landraces from Wu ling mountain region in China. *J. Genet.*, 87 (3) (2008) 287 - 291
- [26] - F. RINCON, B. JOHNSON, J. CROSSA et S. TABA, Cluster analysis, and approach to sampling variability in maize accessions. *Maydica*, 41 (1996) 307 - 316
- [27] - SAIFUL HIKAM et PAUL B. TIMOTIWU, Sélection de l'intervalle entre l'anthèse et l'épiaison sur les populations consanguines de maïs pour maintenir leur existence. *Posider*, (2010)
- [28] - H. A. SALAMI, H. SINA, N. Z. WALLIS, W. PADONOU, C. YALLOU, K. CHABI-SIKA, P. A. NOUMAVO, D. ALY, A. ADJANOHOON and L. BABA-MOUSSA, Agro-morphological variability of *Zea mays* (L.) accessions collected in Southern Benin. *Journal of Plant Breeding and Crop, Sci.*, 9 (2017) 1 - 9. DOI : 10.5897/JPBCS2016.0619
- [29] - J. S. C. SMITH and O. S. SMITH, The description and assessment of distances between inbred lines of maize: II. The utility of morphological, biochemical, and genetic descriptors and a scheme for testing of distinctiveness between inbred lines. *Maydica*, Vol. 34, N° 2 (1989) 151 - 161 ref. 27
- [30] - F. J. SOLORIO-SÁNCHEZ, I. ARMENDARIZ-YAÑEZ, J. KU-VERA, Chemical composition and in vitro dry matter digestibility of some fodder trees from South-east México. *Livest. Res. Rural Dev.*, 12 (4) (2000) 1 - 5
- [31] - W. SUNDA, J. OCHUODHO, L. NGOBE, OKALEBO, J. R. OTHIENO, C. O. NEKESA, A. O. et A. K. KIPKOECH, Development of integrated Striga management package to improve maize production in Western Kenya. Third Ruforum Biennial Meeting 24 - 28 September 2012, Entebbe, Uganda, (2012) 375 - 381
- [32] - SUYADI, G. A. AZERI, K. ANDI, Selection of Sweet Corn Inbred Lines by Agronomic Performance to Determining Hybrid Parents. *Plantropica: Journal of Agricultural Science*, 9 (1) (2024) 12 - 24
- [33] - E. A. VIEIRA, F. I. F. CALHO, A. OLIVEIRA, G. BENIN, P. D. ZIMMZE, J. A. G. SILVA, A. F. MARTINS, I. BERTAN, G. O. SILVA and D. A. M. SCHMIDT, Comparison among pedigree, morphological and molecular distance measures in oats (*Avena sativa*) in experiments with and without fungicide (in portuguese; English summary). *Bragantia*, 64 (2005) 51 - 60
- [34] - A. WATSON, J. GRESSE, D. SANDS, S. HALLETT, M. VURRO and F. BEED, Novel biotechnologies for biocontrol agent enhancement and management, Springer, Université McGill, Québec (Canada), (2007) 12 p.
- [35] - ÖZ. AHMET, Use of discriminant analysis for selection of hybrid maize parent lines. Department of Biology, Faculty of Science, Çankırı Karatekin University, Çankırı — TURKEY, (2012)
- [36] - H. SAIFUL and B. T. PAUL, Sélection de l'intervalle entre l'anthèse et L'épiaison sur les populations consanguines de maïs pour maintenir leur existence, *Prosider SN SMAP*, (2010)