

OFFICE DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE ET TECHNIQUE OUTRE-MER

CENTRE D'ADICPOLOUME

Laboratoire de Génétique

LES POPULATIONS NATURELLES IVOIRIENNES DE L'ESPECE
PANICUM MAXIMUM ET LES TYPES ANALOGUES INTRODUITS

Par

J. PERNES & D. COMBES

Juillet 1968

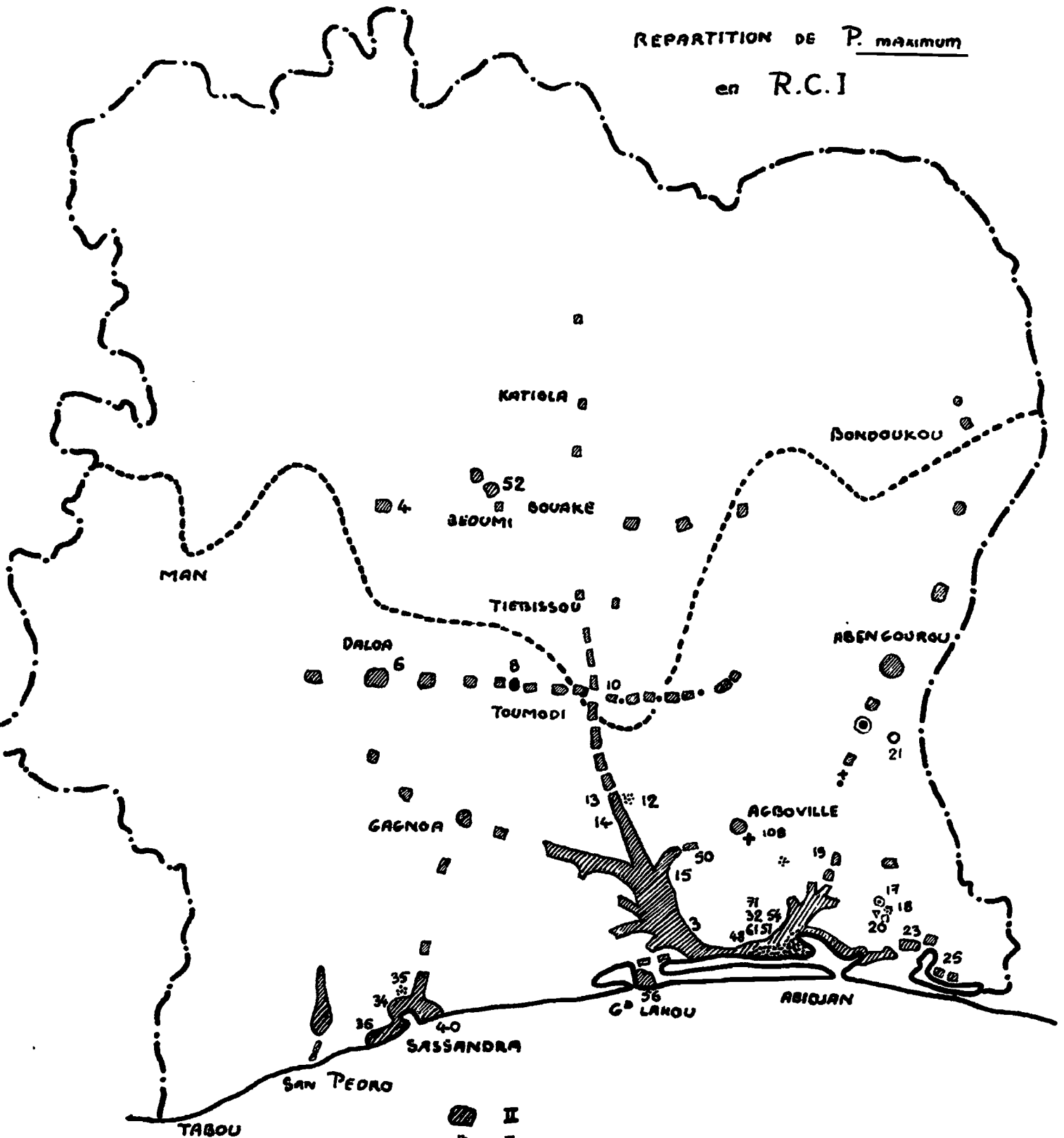
Introduction

Cette étude est destinée à donner un tableau descriptif complet des diverses populations naturelles de l'espèce Panicum maximum en Côte d'Ivoire. Un travail précédent, J. Pernès et D. Combes (1968), a décrit le mode de reproduction habituel de l'espèce dans ce milieu et indiqué comment les structures de différenciation biométrique des populations appartenant à un même phénotype qualitatif en pouvaient résulter. Les populations de ce phénotype (appelé type II) constituent la quasitotalité des populations naturelles de R.C.I. La carte ci-contre indique cependant l'existence de populations n'appartenant pas à ce type et nous chercherons ici une description d'ensemble de ces populations qui permette d'obtenir quelques indications sur leur parenté possible.

Enfin, certains phénotypes observés en Côte d'Ivoire sont très semblables à ceux de certains clônes qui ont été introduits dans la collection mondiale réunie à Adiopodoumé. Nous essaierons de situer les types ivoiriens parmi leurs analogues étrangers.

Les analyses statistiques ont été effectuées sur des clones récoltés et multipliés végétativement par éclats. Les différences observées sont donc attribuables soit à des sélections clonales de fonctionnements particuliers des génotypes soit à des modifications des génotypes eux-mêmes. Certaines analyses commencées à partir des graines (en particulier pour les populations de type II) permettent d'affirmer que le génotype est sûrement modifié, sans que nous puissions conclure encore si toute la différenciation observable est due uniquement aux modifications du génotype lui-même ou si elle est partiellement attribuable à une sélection différentielle de particularités de son fonctionnement, sélection ayant lieu au cours des multiplications végétatives. Une réponse à cette dernière question sera obtenue à la suite d'une expérimentation particulière en cours de réalisation.

REPARTITION DE P. maximum
en R.C.I



- II
- ⊛ I
- 2n = 40 II
- + 2n = 40
- 2n = 48
- ⊙ ⊙ □ introductions
- limite zone de forêt

Nous nous limiterons donc ici à des conclusions portant sur les phénotypes des populations, phénotypes observés dans les mêmes conditions de milieu (Adiopodoumé) pour toutes les populations étudiées.

Populations étudiées

La carte ci-jointe repère par un numéro les populations qui sont représentées dans les différents essais étudiés. Les populations 14, 18, 19, 20, 4, 6, 10, 13, 15, 52, 56 appartiennent phénotypiquement au type II (déjà décrit dans Pernès et Combes 1968) ; 174 est très proche du type II à quelques caractéristiques de pilosité près ; 21 est phénotypiquement de type II mais son nombre chromosomique est $2n = 40$ au lieu de 32 ; 108 est qualitativement peu distinct du type II et est à $2n = 40$. 51 appartient au type I ; 54, 71, 32, 61 sont des éléments de phénotype qualitatif particulier représentés par des pieds isolés trouvés à l'intérieur de la population étendue du type I située entre Adiopodoumé et Abidjan, à laquelle 51 appartient. Ces 4 clones sont hexaploïdes ($2n = 48$). Est hexaploïde également le n°8 trouvé dans une région où n'existaient que des types II.

La population 17 a un phénotype particulier, dit "Sotuba" parce qu'identique au clone introduit en Côte d'Ivoire à partir d'un clone de la station de "Sotuba" au Mali dont il n'est vraisemblablement pas originaire. La population 17 s'est installée près d'Ono probablement à partir du clone "Sotuba" en collection à Adiopodoumé, dont des échantillons ont du être donnés aux exploitations de la SALCI d'Ono. Cette population ne présente en soi guère plus d'intérêt que d'être une population d'installation récente introduite assez artificiellement et non encore intégrée dans l'ensemble des populations de l'espèce en R.C.I.

Dans des grandes cultures du clone "Sotuba" à Adiopodoumé comme à Bouaké il a été observé deux clones de phénotype très particulier et très caractéristique, les clones 55 (Bouaké) et 110 (Adiopodoumé). Ces deux clones très semblables ont certains caractères assez proche du clone Sotuba, d'autres assez proches du type I. Dans les deux lieux de récolte, les clones "Sotuba" et "type I" existaient conjointement. On peut se demander si ces deux clones ne seraient pas des hybrides naturels de "Sotuba" et type I. Assez curieusement plusieurs clones introduits à partir de pays différents sont qualitativement le même phénotype. Il s'agit de G21 (introduit à Adiopodoumé le 12.5.65), G30 (introduit le 26.5.65), 74 (introduit le 31.8.65), 90 et 94 (introduits le 14.9.65), tous introduits après qu'ait été observé le clone 55 (observé le 17.2.65). Un essai comparatif a donc été réalisé pour situer les clones 55 et 110 par rapport à leurs parents présumés et par rapport à leurs homologues étrangers dont un seul G21 a une origine bien déterminée (Mac Kinnon Road, Kenya).

Les clones 12, 35, 48, 50 appartiennent à des populations de type I, 12, 35 et 50 sont distinctes de la grande population d'entre Abidjan et Adiopodoumé. 12 observée près de l'aéroport de Sassandra semblait artificiellement entretenue sinon introduite. 50 représente une toute petite population très isolée. L'analyse biométrique de ces 5 populations permettra d'évaluer la différenciation quantitative des types I comme il en est fait des types II.

Le type I est très bien représenté parmi les clones introduits de différents pays. Ceci est probablement dû à ses bonnes fourragères. Il est généralement accompagné de l'expression "variété guinée" ou "common guinea". Nous avons essayé de situer les populations de Côte d'Ivoire par rapport aux types I d'autres origines (ou sous-origines puisqu'il s'agit parfois eux-mêmes introducteurs).

La population 18, clone probablement introduit à Adiopodoumé puis installé à partir de la SALCI, comme 17, est semblable à deux clones togolais (353 et 354) présents en collection.

Les analyses décrites ci-dessous se classent ainsi :

- 1° a. différenciation des types II de R.C.I.
b. situation des types II de RCI par rapport aux types II d'autres origines.
- 2° a. différenciation des types I de R.C.I.
b. situation des types I ivoiriens par rapport aux types I d'autres origines.
- 3° description globale et inter relation des différents phénotypes ivoiriens y compris les clones 55 et 110 trouvés en culture.
- 4° situation du phénotype 11C par rapport à ses analogues étrangers et ses parents présumés.

METHODES UTILISEES - MESURES.

Chaque clône est multiplié par éclats; chaque essai est un dispositif en blocs complets randomisés où chaque parcelle élémentaire est constituée par une ligne de 7 à 11 plantes du même clone dont les deux extrêmes sont éliminées de l'analyse. Le nombre de plants (le même pour un essai donné) par parcelle élémentaire est déterminé par la taille moyenne des touffes de l'ensemble des clones considérés. Les mesures sont effectuées sur chaque plante individuellement sauf pour le caractère poids frais qui est mesuré pour l'ensemble de la ligne (non compris les deux touffes de bordure). Les plantes sont, suivant les essais, espacées de 1 m à 1,5 m.

Les caractéristiques des plans d'expérience sont résumées dans le tableau I. Plusieurs séries de mesures ont été effectuées sur chaque essai, de façon à utiliser comme caractéristiques différentielles les comportements des clones aux diverses saisons.

Les essais sont essentiellement distincts les uns des autres et traités séparément. Seuls les essais XIII A et XIII B sont menés ensemble et traités conjointement selon la méthode de Pimentel-Gomès et Guimaraes (1958).

Tableau I

But de l'essai	n°	clones dans l'essai et n°s des clones	Nombre de blocs	Nombre de plantes observées par parcelle	Dates des observations
Types II de RCI	II	3,4,6,10,13,14,15,21,23,25,34,36,40,52,56	3	7	29.12.65 25. 5.66
Types II étrangers	XIV	4,36,G1 (Gabon),G56 (Tanzanie) G39 (Ceylan),G35 (Gabon) 85 (Cameroun)	5	5	3. 1.67 15.11.67
Types I de RCI	V	12,35,48,50,51	10	7	4. 5.66 27. 7.66
Types I étrangers	XII	50,51, G33 (Angola, Cela), G77 (Australie common guinea) G96 (Vénézuéla, var. guinea), 89 (Brésil, capim Priviligia), 91 (Brésil, Capim Coloniao da ceara)	5	7	7.11.66 23.12.66 11.10.67 8. 1.68
Les différents phénotypes ivoiriens	XIII A*	14,17,18,51,8,32,54,61,71,108	6	7	31. 8.67 4.12.67
	XIII B*	19,20,21,55,110,174	6	7	30. 8.67 4.12.67
110 ses homologues étrangers, ses parents présumptifs	XI	267 (type I), 268 (Sotuba), 110, 90 (Brésil, sempre verde), 74 (Angola), 94 (Brésil, capim guinea) G30 (Angola) G21 (Kenya)	5	8	21. 2.66 26. 9.67 22.12.67
Comparaison 17 et Sotuba	IV	17, 268 (Sotuba)	10	7	4. 3.66 22. 4.66 20. 7.66
18 et togolais	III	18, 353 (Togo), 354 (Togo)	9	9	9. 3.66 28. 4.66 10. 8.66

* Deux essais couplés analysés conjointement selon la méthode proposée par Pimentel-Gomès (1958), les clones communs aux deux essais sont soulignés.

Mesures effectuées

Les mesures suivantes ont été réalisées :

- P - poids frais par ligne à la fin de la floraison pour l'ensemble de l'essai. Les fauches ont lieu à la même date pour toutes les parcelles de l'essai. On ne cherche pas une caractéristique de valeur fourragère mais une mesure effectuée dans les mêmes conditions pour tous les clones afin de permettre des comparaisons correctes.
Unité : kg
- H - hauteur de chaque touffe à une date donnée, la même pour tous les clones de l'essai. Cette mesure est la distance verticale entre le sol et le point le plus élevé de la touffe, les extrémités des feuilles étant redressées plusieurs mesures de hauteur sont réalisées dans chaque série. Unité : m
- I - nombre d'inflorescences dégagées de la dernière gaine par touffe, à diverses dates ; tous les clones étant observés à chaque date.
- d - date d'apparition de la première inflorescence de chaque touffe hors de sa gaine. Sur la première talle ayant dégagé son inflorescence, pour chaque touffe on mesure :
- L_1 - longueur de la première inflorescence dégagée de chaque touffe ; cette longueur est mesurée du verticille de base jusqu'à l'extrémité de l'inflorescence. Unité : cm
- l - largeur de l'inflorescence, terme qui désigne la longueur de la plus grande ramification du verticille de base.
Unité : cm
- L - longueur du dernier entre-noeud, évaluée du dernier noeud jusqu'à l'extrémité de l'inflorescence. Unité : cm
- n - nombre de ramifications du verticille de base.
- longueur du limbe de la dernière feuille (ou drapeau).
Unité : cm
- l_1 - la plus grande largeur du limbe du drapeau. Unité : mm
- G - longueur de la gaine du drapeau. Unité : cm.

Les caractéristiques des distributions de ces mesures ont été précédemment analysées (J. Pernès 1965, J. Pernès 1966, 1967). Les distributions ne sont généralement pas ajustables à des distributions normales ; elles sont souvent du type B ou Γ et assez bien approchées par des distributions log. normales. Les perturbations dues à la non transformation de ces variables sont négligeables sauf lorsqu'on effectue une analyse multivariante pour laquelle les conditions de normalité sont assez strictes (du fait en particulier de la signification des coefficients de corrélation). Les transformations correctes ($\log. (x_i + x_0)$ où x_i est la valeur directe de la variable mesurée et x_0 un changement d'origine, assez peu sensible, voisin de la moyenne \bar{x} de la variable x_i) n'ont été réalisées que pour l'essai II destiné à des analyses multivariantes complémentaires (composantes principales, distances de Mahalanobis comme il a été indiqué dans J. Pernès (1965).

Les variables I sont distribuées selon des lois binomiales négatives "déplacées" (l'origine n'est pas 0 mais une valeur k déterminée par l'analyse de la distribution, cf. J. Pernès (1966, 1967). Une transformation acceptable est $\log (x_i + k)$ où k est

$$\text{donné par } k = \frac{\bar{x}^2}{s^2 + \bar{x}}$$

Les variables n sont correctement transformées par $\sqrt{n + \frac{1}{2}}$

Pour les mêmes raisons que précédemment les transformations n'ont été faites que pour les données de l'essai II.

Qualité des diverses mesures effectuées

L'appréciation de la qualité des diverses variables utilisées peut se faire selon différents points de vue. La stabilité de la mesure d'une répétition à l'autre, et d'une touffe à l'autre pour un même clone est assez bien décrite par le coefficient de variation ; cependant cette indication ne dit rien sur le pouvoir séparateur entre clones, c'est à dire leur valeur comme critère variétal ou comme indice de différenciation des

phénotypes. Enfin la répétabilité pour des saisons différentes est une caractéristique qui n'est pas intéressante lorsqu'on cherche un nombre important de critères de séparation. En effet des caractères ayant des expressions différentielles entre clones d'un milieu à l'autre apportent davantage de renseignements qu'une mesure stable sur toutes les saisons. Une indication sur la richesse de telles mesures sera l'existence d'interactions significatives clones*saison.

a. les coefficients de variation

Lorsqu'on travaille en variables transformées le coefficient de variation doit être manipulé avec quelque précaution. Si $s^2(f(x))$ est la variance erreur de la variable transformée $f(x) = y$, et $E(f(x)) = \bar{y}$ la moyenne de y , le coefficient de variation de y est :

$$C.V. = \frac{s(f(x))}{\bar{y}}$$

Ceci perturbe tout à fait la signification biologique qui peut être donnée au coefficient de variation car si 0 est une origine algébrique pour y elle n'en est nullement une origine biologique. Si $x_0 = k$ est la véritable origine biologique de x , l'origine qui a un sens pour étudier le coefficient de variation de y est $y_0 = f(k)$. Aussi prendrons nous pour coefficient de variation des variables transformées :

$$C.V. = \frac{s(f(x))}{\bar{y} - f(k)}$$

Ce faisant nous obtiendrons des valeurs interprétables et comparables à celles des données non transformées. Ainsi pour les variables binomiales négatives "déplacées" le coefficient de variation sera :

$$cv = \frac{s[\log(x_i+k)]}{\log(x_i+k) - \log k} \quad \text{où} \quad k = \frac{\bar{x}^2}{x^2 + \bar{x}}$$

Les valeurs des coefficients de variation observés pour les diverses variables pour différents essais sont donnés dans les tableaux II (variables transformées) et III (coefficient de variation médian pour les différents essais pour chaque caractère).

On voit ainsi que G est la meilleure variable, la moins sensible aux variations au cours de la multiplication végétative par éclats/d^{et}une répétition à l'autre. L₁ et l sont également précises. Les caractéristiques du drapeau (longueur et largeur du limbe) sont par contre moins bonnes. n est assez moyenne.

La variable poids est moins précise que les mesures individuelles sur la dernière inflorescence.

Pour la touffe les hauteurs sont des mesures assez stables ; par contre le nombre d'inflorescences dégagées présente des valeurs élevées du coefficient de variation en absence de transformation (le coefficient de variation décroît avec la moyenne) lorsque celle-ci est indispensable, c'est à dire pour les faibles valeurs de la variable.

Le coefficient de variation de la variable date d'apparition des inflorescences est toujours très élevé. Le caractère ainsi mesuré est très sensible à la variabilité des éclats utilisés pour la multiplication clonale et aux imprécisions lors de la fauche (inégalités de la remontaison). On n'a pris en considération que la précocité (apparition des inflorescences à partir de l'installation par éclats) et non la remontaison (apparition des inflorescences après une fauche).

Une mesure indirecte de la précocité est en général beaucoup plus utile (en ce qui concerne la séparation des clones et non la signification agronomique) ; celle-ci résulte de l'analyse conjointe des deux variables nombre de talles de la touffe et nombre d'inflorescences dégagées sur la touffe a une date donnée.

TABLEAU II

Caractères	Transformation	séries	m. réelle	moyenne	moyenne - $\log(i + \infty)$	s_e^2	s_e	cv en %	sig.
poids frais	$\log(p+1,0)$	1	2,5kg	0,540	0,540	0,0155	0,124	23,0	***
p kg	$\log(p+1,0)$	2	4,4kg	0,735	0,735	0,0117	0,108	14,7	***
hauteur	$\log(H+200)$	1	1,37m	2,527	0,226	0,000360	0,01897	8,39	***
H en cm	$\log(H+200)$	2	2,18m	2,621	0,320	0,001200	0,03464	10,83	***
Long.d'inflo- rescence en cm	$\log(Li + 80)$	1	58	2,140	0,237	0,000352	0,018762	7,92	***
Li en cm	$\log(Li + 80)$	2	61	2,147	0,244	0,000759	0,027550	11,29	***
Larg.de l'in- florescence	$\log(l + 40)$	1	44	1,922	0,320	0,001167	0,034161	10,68	***
l en cm	$\log(l + 40)$	2	43	1,917	0,315	0,001500	0,038730	12,30	***
longueur du limbe en cm	$\log(\lambda + 30)$	1	33	1,799	0,322	0,002854	0,053423	16,59	***
	$\log(\lambda + 30)$	2	36	1,820	0,343	0,002400	0,048990	14,28	***
largeur du limbe en mm	$\log(l_1 + 30)$	1	25	1,741	0,264	0,000978	0,031273	11,84	***
	$\log(l_1 + 30)$	2	21	1,710	0,233	0,001570	0,062322	20,75	***
longueur de gaine en cm	$\log(G + 30)$	1	34,0	1,806	0,329	0,000450	0,021213	6,45	***
	$\log(G + 30)$	2	35,9	1,819	0,342	0,001080	0,032863	9,60	***
nb de ramifi- cations du verticille	$\sqrt{n + \frac{1}{2}}$	1	4,9	2,323	1,616	0,0489	0,221113	13,68	***
	$\sqrt{n + \frac{1}{2}}$	2	4,7	2,290	1,583	0,0375	0,193649	12,23	***

* i est l'origine biologique de la variable directe, et égale à k lorsqu'il s'agit d'une variable binomiale négative "déplacée".

TABLEAU III

Caractère	P	H	I	d	L	Li	l	G	λ	l_1	n
c.v. médian en %	15,6	4,8	22,7	18,7	4,6	5,6	6,0	4,8	13,2	12,0	7,8

b. critères variétaux

Au niveau de la différenciation à l'intérieur d'un type les variables L et n n'apportent qu'assez rarement de différences notables, les caractéristiques Li et l , λ et l_1 ne donnent pas toujours une séparation importante. Les hauteurs et les poids frais ne conduisent pas à des séparations très fines. Par contre G et les nombres de talles et d'inflorescences graduent très précisément les variations.

En tant que critères de séparation de phénotypes qualitatifs Li et l apportent une séparation aussi nette que des critères qualitatifs, particulièrement par leur combinaison $2 l_1 - 3l$ dont le signe est une description commode de la forme de l'inflorescence. Les types sont très bien séparés pour ce caractère. Dans une moindre mesure, mais assez nettement encore le signe de $0,7 \lambda - 10 l_1$ décrit commodément les formes des limbes et sépare bien les types. Cette dernière combinaison apporte des renseignements utiles sur la différenciation à l'intérieur d'un type très répandu (cas du type II).

La valeur de G n'est pas aussi irremplaçable dans les séparations de types éloignés. P, H, d et I se révèlent très efficaces à ce niveau et permettent de définir des classes de taille, des classes de précocité et de vigueur.

n est assez souvent un renseignement complémentaire utile.

c. interaction phénotype - saison, sensibilité aux variations de milieu.

1° G est la variable manifestant le plus souvent un effet significatif d'interaction clone x saison. Il peut ainsi exprimer plus complètement les différences interclonales.

Li , l et λ sont également assez sensibles à cet effet. Par contre n et l_1 conduisent à des classements des clones stables et répétables d'une saison à l'autre.

2° En ce qui concerne la sensibilité aux hétérogénéités de terrain, celles qui sont essentiellement contrôlées par les effets blocs, l , l_1 et G sont les variables les plus stables pour lesquelles les différences entre blocs sont le plus rarement significatives. l_1 (largeur du limbe) est la variable la plus sensible aux hétérogénéités de terrain.

3° Pour les effets saisonniers, c'est encore l_1 la variable la plus sensible. L (longueur du dernier entre-noeud) marque également souvent les effets saisons.

Nous résumons ces remarques dans le tableau IV afin d'obtenir une appréciation globale de l'intérêt des diverses variables étudiées.

Analyse statistique classique

Les analyses de variance habituelles ont été réalisées pour chaque caractère par chaque date d'observation de chaque essai. Les effets date d'observation ("saisons"), interaction variété saison ont été appréciés pour chaque essai. Les comparaisons deux à deux des moyennes des clones pour chaque caractère ont été faites à l'aide du test de Tukey (test des étendues réduites "studentisées").

Les essais couplés XIII A et XIII B ont été analysés séparément comme tous les autres essais. L'analyse conjointe décrite par Pimentel-Gomès (1958) a été pratiquée ensuite et la comparaison d'ensemble deux à deux des 16 clones appartenant aux deux essais a été réalisée en utilisant le test de la plus petite différence significative (p.p.d.s.), les variances erreur pour les comparaisons des clones réguliers et communs étant celles données par Pimentel-Gomès (1958). Les variances erreurs des deux essais ont toujours été assez compatibles pour permettre l'analyse conjointe ; une seule fois, pour le caractère P, l'interaction expérience x clones communs, nettement significative, a interdit l'analyse conjointe.

TABLEAU IV

Caractère	précision (mesurée par c.v.)	Séparation des clones globale dans un type		Sensibilité aux hétéro- génités de terrain	Sensibilité aux "saisons"
P	0	+	+	+	+
L	+	+	+	+	++
L _i	++	++	+	0	0
l	++	++	+	0	0
λ	+	+	+	+	+
l ₁	+	+	+	++	++
G	++	++	++	0	+
n	++	++	0	+	0
H	++	+	+	////////////////	////////////////
I	0	+	++	////////////////	////////////////
d	0	+	+	////////////////	////////////////

++ variable conduisant à une bonne séparation des facteurs considérés.

+ variable moyenne

0 variable ayant une moins bonne fréquence de séparation des facteurs considérés.

CLASSIFICATION DES CLONES D'UN MEME ESSAI A L'AIDE DE TOUS
LES CARACTERES ETUDIES.

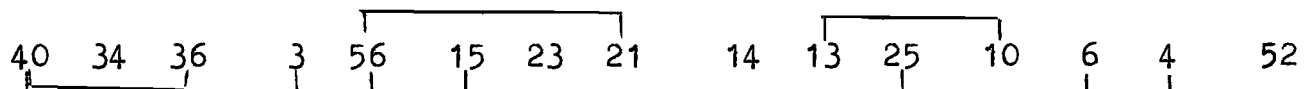
Nous n'avons pas utilisé l'analyse des constellations proposée par RAO (1957), à l'aide des distances généralisées de Mahalanobis, bien que les données récoltées la rendent possible. Nous avons cherché une méthode plus rapide et moins dispendieuse, en acceptant bien entendu une rigueur et une précision moindres.

1° Calcul d'une "distance" et d'un indice de "proximité" entre deux clones d'un même essai.

Pour chaque caractère, à chaque date d'observation, la mise en évidence d'une différence significative entre les clones par le test F permet de classer les moyennes et de les séparer deux à deux à l'aide du test de Tukey.

La distance entre deux clones, pour le caractère étudié, sera 0 s'il n'y a pas de différence significative entre les deux clones, 1 si les deux clones sont différents l'un de l'autre, et qu'il n'existe entre eux aucun clone qui soit à la fois différent de l'un et de l'autre. 2 si les clones sont séparés par un clone différent de l'un et de l'autre, 3. si les deux clones A et B par exemple sont séparés par deux clones C et D tels que C est significativement différent de A et D (et donc de B) et D est significativement différent de C (et donc de A) et de B, et ainsi de suite, la distance est n s'il existe n-1 clone tous différents deux à deux les uns des autres et distincts de A et B.

Par exemple, le schéma ci-dessous résulte de la séparation par le test de Tukey des clones de l'essai II pour le caractère L_1 . Deux clones reliés par un trait continu ont des moyennes non significativement différentes au seuil 0,05.



On obtient les distances suivantes :

	40	34	36	3	56	15	23	21	14	13	25	10	6	4
34	0													
36	0	0												
3	1	1	1											
56	1	1	1	0										
15	2	2	2	1	0									
23	2	2	2	1	0	0								
21	2	2	2	1	0	0	0							
14	3	3	3	2	1	0	0	0						
13	3	3	3	2	1	0	0	0	0					
25	3	3	3	2	1	0	0	0	0	0				
10	3	3	3	2	1	1	1	1	1	0	0			
6	4	4	4	3	2	2	2	2	2	1	1	1		
4	4	4	4	3	2	2	2	2	2	1	1	1	0	
52	5	5	5	4	3	3	3	3	3	2	2	2	1	1

Chaque case du tableau donne la distance entre le clone indiqué en tête de colonne et le clone indiqué en tête de ligne. Le tableau est évidemment symétrique.

Pour chaque caractère étudié il existe une distance maximale, variable pour chaque caractère et chaque date d'observation.

Pour l'ensemble des caractères étudiés et des dates d'observation on calcule pour chaque couple i, j de clones la somme des distances précédentes appelée distance globale d_{ij} des deux clones considérés dans l'essai étudié. On construit ainsi une matrice des distances globales, symétrique somme de toutes les matrices individuelles analogues au tableau précédent.

La distance globale maximale possible M entre deux clones est la somme des distances maximales pour chaque caractère et date d'observation. M ne correspond donc pas à un couple donné de clones, c'est une indication relative à tout l'essai.

L'indice de proximité des deux clones i, j est :

$$P_{ij} = M - d_{ij}$$

L'ensemble des indices de proximité pour tout couple i, j constitue la matrice de proximité de l'essai considéré.

2° critiques de l'indice de proximité

a. Cet indice nécessite d'abord un calcul de distances ; on aurait pu choisir un autre indice de ressemblance de deux clones en dénombrant les caractères et dates d'observations pour lesquels les deux clones ne sont pas significativement séparés. Cet indice serait plus proche des indices de similarité habituellement retenus pour des variables qualitatives (cf. SOKAL et SNEATH 1960). L'indice de proximité a l'avantage de permettre de différencier le couple 3 et 15 du couple 3 et 6 qui dans l'exemple précédent auraient simplement été noté 0 dans le cas de l'indice de similarité. L'indice de proximité est donc plus riche d'information.

b. la méthode ne permet pas d'apprécier la redondance dont l'origine est la corrélation entre deux caractères, ou entre le même caractère pris à deux dates d'observation. Une partie de cette redondance est éliminée en ne tenant compte des données de différentes dates d'un même caractère que s'il y a en effet interaction clone x date significatif.

La description finale de la proximité faite par $\frac{P_{ij}}{M}$ en pour cent évite de compter deux fois des caractères conduisant à des groupements identiques.

Bien entendu il reste une redondance partielle inexprimable due aux caractères qui donnent de groupements plus ou moins analogues. C'est le prix de cette méthode rapide par rapport à l'analyse multivariable classique, lorsqu'elle est possible.

6. Dès que $\frac{P_{ij}}{M} \neq 1$, on peut assurer que les deux clones i et j sont significativement distincts pour au moins un caractère.

3° Construction d'un "dendrogramme" propre à chaque essai

La matrice de proximité peut être utilisée pour construire un dendrogramme par les méthodes décrites dans SOKAL et SNEATH (1960). Plus précisément la seule méthode appliquée ici est celle indiquée dans D. GILLON et J. PERNES (1968). Elle permet le regroupement progressif de tous les clones en commençant par les plus voisins. Pour un niveau donné de $\frac{P_{ij}}{M}$ on peut obtenir une classification des clones en plusieurs constellations. Plus le niveau d'intégration de deux clones dans la même constellation est bas, plus les phénotypes de ces deux clones sont éloignés, plus ils sont différenciés.

Nous donnerons en annexe les différentes matrices de proximité relatives à chaque essai, réservant pour le corps du texte les seuls dendrogrammes.

LES CLONES DE TYPE II

1° Les populations de Côte d'Ivoire (figure 1 et carte)

Deux groupes très homogènes se constituent rapidement : le groupe des populations du centre (populations 13,14,15) et le groupe de Sassandra (34,36,40). Dans ce dernier, les deux populations géographiquement les plus proches (34 et 36 sont situées toutes deux à l'Ouest du Sassandra) se réunissent les premières.

Le groupe du centre constitue un ensemble auquel s'adjoignent successivement les populations du sud, 25, puis 23 et 56, puis une population plus nordique (10). A ce grand groupe central, dont les populations ne sont géographiquement pas très isolées les unes des autres, s'adjoint ensuite la population 21, qualitativement de type II mais pentaploïde ($2n = 40$ au lieu de $2n = 32$ pour tous les autres clones).

Ainsi sa structure pentaploïde l'isole nettement des autres populations centrales, mais pas au point de l'exclure de l'ensemble du type II. L'éloignement géographique ou d'environnement (Sassandra, Savane) conduit à des séparations beaucoup plus importantes que cette modification pourtant non négligeable du nombre chromosomique.

Les trois populations 4,52,6 récoltées en zone de savane constituent une constellation assez peu homogène mais cependant bien différenciée du groupe central. Ces 3 populations sont d'ailleurs très isolées les unes des autres, et petites. On conçoit aisément qu'à l'intérieur de leur caractère mordique et savanicole elle se soient différenciées de façon autonome.

Ces populations se raccordent d'abord au groupe central, les populations de Sassandra étant en définitive les plus distinctes des autres. Ceci n'est pas en désaccord avec l'interprétation donnée dans J. PERNES et D. COMBES (1968) selon laquelle l'espèce Panicum maximum serait introduite en Côte d'Ivoire en deux points distincts Abidjan et Sassandra, chaque groupe s'y étant d'abord différencié localement. Les populations de savane sont plus vraisemblablement dérivées du groupe Abidjanais si l'on en juge d'après les ramifications le long des axes routiers, décrites par la carte.

Notons enfin qu'il aurait été peut être plus satisfaisant dans le cadre de cette interprétation que la population 3 se raccorde plutôt à 56 et 23 qu'au groupe Sassandra. L'étude de la matrice des proximités (en annexe) montre que cela aurait eu lieu si 56 ne s'étant pas d'abord rapproché de 23, la caractéristique voisinage d'un cordon lagunaire commune à ces deux populations a peut être dominé le simple voisinage géographique. L'éloignement de la population 3 de la côte explique peut être une adaptation à une humidité et une pluviométrie moindre, plus semblable à celle connue dans la région de Sassandra. Une autre hypothèse possible est encore que 3 dérive effectivement des populations de Sassandra, les échanges étant certainement possibles le long des pistes qui mènent de Sassandra à Abidjan (bien qu'il n'y ait

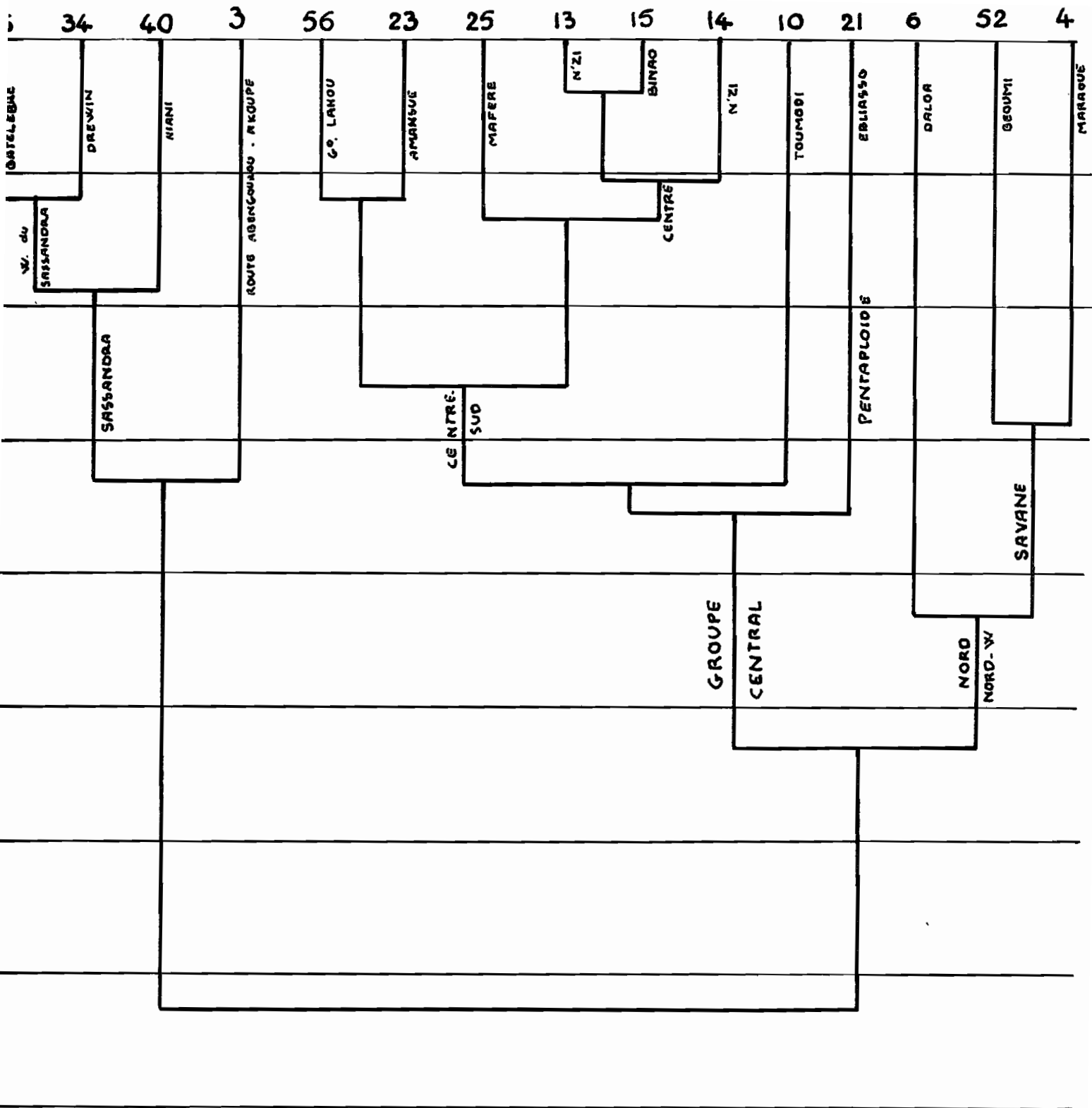


Fig. 1 Essai II

guère de populations relais connues entre la zone Sassandra et l'ensemble des populations du Centre Sud).

Enfin, dernière hypothèse explicative de cette anomalie : il s'agit là d'une perturbation aléatoire due aux diverses incertitudes liées aux mesures et à la méthode.

La fidélité du dendrogramme à la disposition géographique des populations n'en n'est pas moins étonnante et confirme plus finement les conclusions du paragraphe 4 de PERNES et COMBES 1968: la différenciation quantitative des populations de type II de Côte d'Ivoire est à la fois assez peu sensible (différenciation à l'intérieur d'un seul type qualitatif) et très précise. La sélection naturelle agirait donc soit par modification, au cours de multiplications végétatives, du fonctionnement du génotype soit par petites mutations quantitatives sélectionnées progressivement dans le cadre du mode reproductif apomictique de l'espèce en Côte d'Ivoire.

Un essai préliminaire à l'étude détaillée de l'importance relative de ces deux processus de la sélection naturelle est en cours d'interprétation ; il permet cependant de conclure dès maintenant qu'il existe au moins une part des modifications qui atteint le génotype lui même et pas seulement son expression.

2° Les clones de type II non originaires de R.C.I. (figure 2)

Plusieurs clones introduits à Adiopodoumé ont un phénotype qualitativement indistinguable ou proche du type II. Il est intéressant de situer dans leur diversité les différences observées entre les populations les plus extrêmes (4 et 36) de l'échantillonnage de Côte d'Ivoire décrit précédemment.

Le dendrogramme révèle immédiatement un clone très différent des autres, G35. Le clone est originaire du Gabon, de la même région que G₁, il présente toutes les caractéristiques qualitatives de G₁. G35 est hexaploïde ($2n = 48$ au lieu de $2n = 32$), c'est le seul hexaploïde de cet essai et ce caractère se traduit de façon très marquée sur les caractères quantitatifs mesurés.

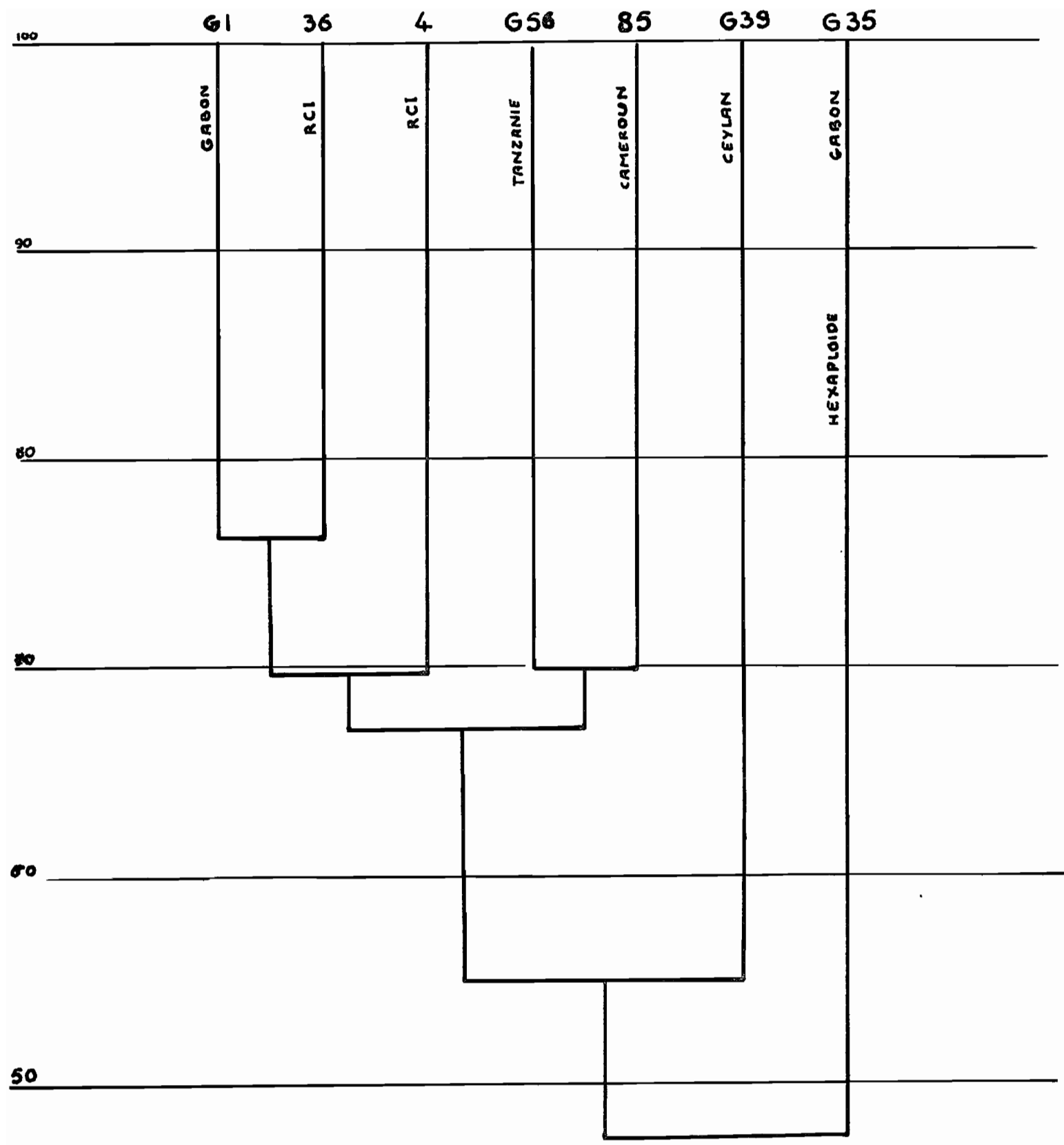


Fig. 2 Essai XIV

C'est une constatation très générale, que nous retrouvons dans toute cette étude, que les hexaploïdes sont quantitativement très distincts des tétraploïdes (même s'ils ne le sont pas très nettement qualitativement) alors que les pentaploïdes restent très proches des tétraploïdes dont ils dérivent.

G₁ a été introduit en Côte d'Ivoire à partir de graines ; il est originaire des régions forestières proches de l'océan comme le clone 36 (population ivoirienne de Sassandra). La différenciation observée entre 4 et 36, tous deux ivoiriens, est plus importante qu'entre G₁ et 36 beaucoup plus éloignés géographiquement mais dont les environnements sont plus semblables.

G56 et 85 sont géographiquement très distincts et qualitativement déjà séparables du type II. G39 introduit de Ceylan est vraisemblablement originaire d'Afrique et assez récemment introduit dans ce pays. Il est qualitativement très semblable au type II et beaucoup plus proche de lui que G56. Il se sépare cependant très nettement pour les caractères mesurés dans cet essai des 5 clones africains qui n'ont pas subi de différenciation secondaire hors d'Afrique. G39 introduit à Ceylan dans des buts d'exploitation fourragère y a vraisemblablement subi une sélection clonale très forte qui, sans modifier son type qualitatif, l'a différencié de façon très orientée sur des caractères quantitatifs. Tous les autres clones de cet essai sont issus plus directement de leur population originelle et ont été vraisemblablement très peu modifiés "humainement" avant leur introduction en Côte d'Ivoire où ils ont été simplement maintenus en collection sans sélection "a priori".

G39 ayant été introduit en Côte d'Ivoire à partir de graines, on voit que la différenciation quantitative s'est maintenue, non au cours d'une multiplication végétative, mais à travers la production de graine, le géotype lui même doit donc être intéressé.

Le raisonnement que nous faisons (nous serons réduits à des hypothèses de cette sorte tant que la sexualité ne sera pas rendue à l'espèce) suppose l'acceptation des deux hypothèses suivantes :

a. deux phénotypes qualitativement différents diffèrent génotypiquement davantage que deux phénotypes appartenant au même type qualitatif. C'est en quelque sorte un corollaire du mode de reproduction apomictique dominant : l'apparition de nombreux caractères qualitatifs distincts suppose un remaniement important du génome lié aux recombinaisons qui se produisent lors d'une exceptionnelle reproduction sexuée ; la variation quantitative dans un même type suppose le maintien du régime apomictique (pas de recombinaison) et est donc liée à l'acquisition progressive de mutations polygéniques* soit à des modifications du fonctionnement du génome au cours du développement.

b. le passage par la graine (même apomictique) correspond à une dédifférenciation complète du génotype, une orientation particulière du fonctionnement du génotype ne se transmettant qu'au cours de multiplications végétatives par marcottes ou boutures.

Nous explicitons ces hypothèses (qui ne sont pas encore vérifiées) parce que nous aurons à plusieurs reprises la possibilité de conduire le même raisonnement et que les conclusions n'ont ainsi qu'une valeur d'interprétation possible et constituent seulement des éléments de discussion des diverses hypothèses de travail pour des protocoles d'expérimentations futurs.

* Cela ne signifie bien entendu pas que les mutations de caractères qualitatifs (gènes majeurs) ne puissent avoir lieu au régime apomictique mais qu'une différenciation sur de nombreux gènes majeurs est vraisemblablement due à des recombinaisons et disjonction plus qu'à une variation en régime asexué (cf. discussion sur les vitesses d'évolution en régime sexué et asexué dans : "étude de mécanisme d'évolution possible de l'espèce Panicum maximum" J. PERNES (1968).

LES CLONES DE TYPE I

1° Les populations de Côte d'Ivoire (voir carte)

Il n'est pas utile de construire le dendrogramme pour les clones 12, 35, 48, 50, 51. La population 50 présente seule des différences avec les 4 autres. Ceci a lieu pour les caractères :

- I à une date d'observation (le 15/4/66) donnée 50 a en moyenne 21 inflorescences dégagées alors que les 4 autres clones en ont en moyenne 10
- P à la récolte, le poids frais moyen de 7 pieds du clone 50 est 3,6 kg au lieu de 9,5 kg pour les autres

L₁ et G sont plus petits chez 50 que chez les autres, respectivement 32,5 cm contre 36,1 et 32,6 cm contre 34,9. Ces différences assez faibles se sont maintenues pour les deux dates d'observation.

La population 50 est isolée et de très petite taille. 12 et 35 peuvent s'être établies récemment à partir de la population principale d'Adiopodoumé - Abidjan représentée dans cet essai par les clones 48 et 51.

Le type I dont la dispersion est très faible comparative-ment à celle réalisée par le type II n'a pas manifesté une différenciation phénotypique notable. La population 12 récoltée à Sassandra (dont l'implantation semblait récente et artificielle) n'est en aucun cas comparable au groupe Sassandra du type II qui, lui représentait un pôle de différenciation original.

2° Les clones de type I introduits (figure III)

Le dendrogramme montre qu'entre les deux clones extrêmes de Côte d'Ivoire (50 et 51) il existe une différence plus grande qu'entre 50 et le clone G33 originaire d'Angola (CELA). Les 4 clones introduits d'Amérique du Sud et d'Australie sont vraisem-

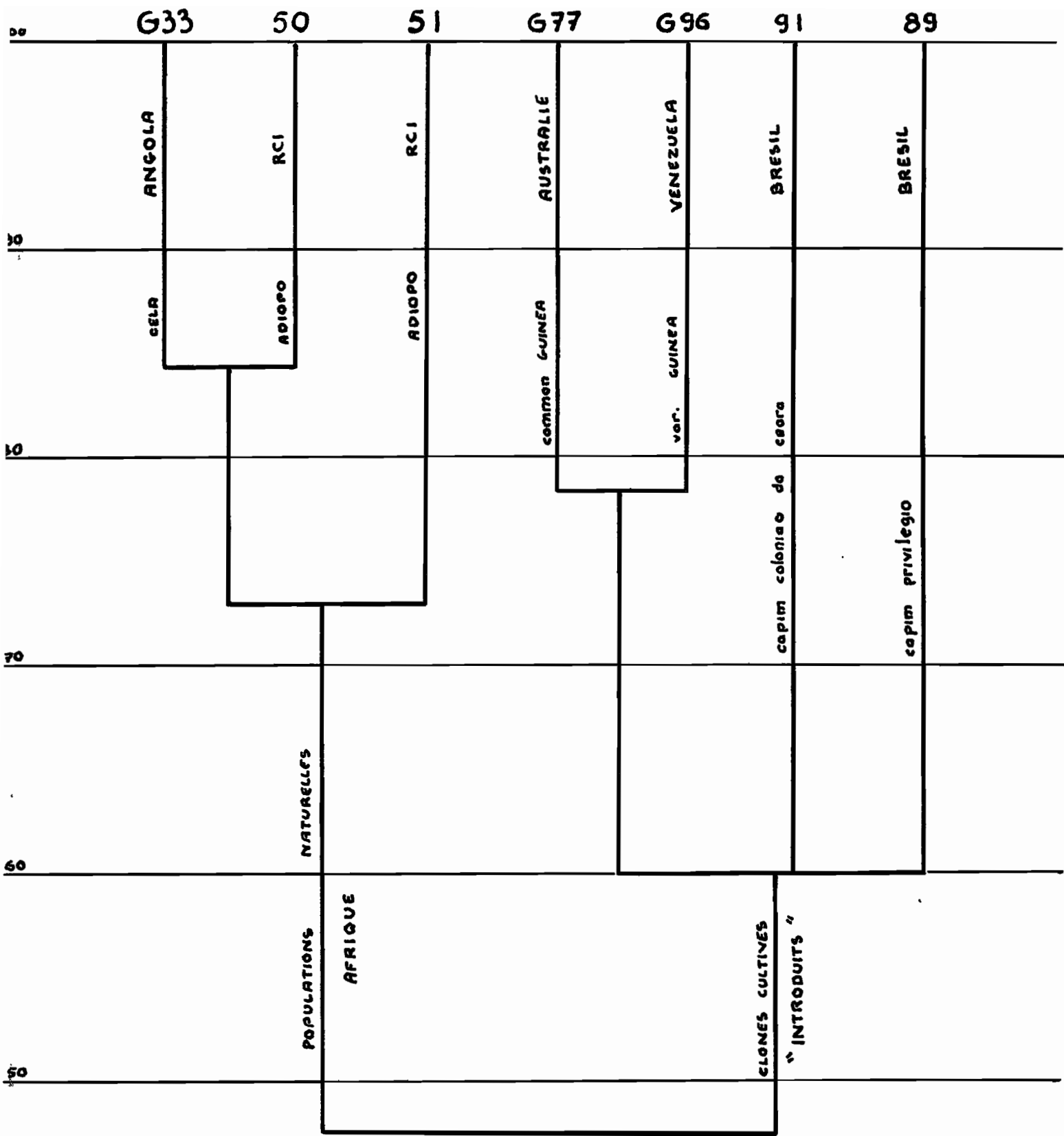


Fig. 3 Essai XII

blement originaire du pays du Golfe de Guinée comme les 3 représentants des populations naturelles africaines (G33, 50 et 51). Ils ont subi cependant une sélection clonale orientée vers la production fourragère qui les conduit à constituer un groupe "clones cultivés" qui les distingue du groupe "populations naturelles". Il est bien évident que la sélection peut avoir eu lieu soit au cours de culture et d'exploitation dans les pays où ils ont été introduits, soit naturellement dans leur pays d'origine, les introducteurs n'ayant fait que retenir les clones les plus intéressants.

Tous les clones de cet essai sont qualitativement très fidèles au type I et indistinguables. Là encore on voit qu'une différenciation quantitative a eu lieu sans remaniements qualitatifs et qu'elle s'est conservée dans la multiplication par graines puisque G77 et G96 ont été introduits sous cette forme. 91 et 89 introduits par éclats ont pu cumuler une différenciation d'ordre génique avec une différenciation végétative.

DESCRIPTION DE L'ENSEMBLE DES PHENOTYPES IVOIRIENS

Les dendrogrammes ont été construits séparément pour chacun des essais XIII A et XIII B (figures 4 et 5), puis l'analyse faite à partir des comparaisons de moyenne suivant la méthode de Pimentel-Gomès a permis la description globale (figure 6).

1° L'essai XIII A met en évidence un groupement rigoureux des populations hexaploïdes. Toutes ces populations hexaploïdes se raccordent ensemble à la population 51 de type I. Des 5 hexaploïdes (32,61,54,71,8) seul 8 pourrait ne pas provenir d'un type I ; ce pourrait être un hexaploïde de type II. Ce qui a déterminé son regroupement c'est son caractère hexaploïde et non son origine type I plutôt que type II. Une fois le regroupement des hexaploïdes réalisé, la majorité d'entre eux étant issue du type I, le regroupement se fait naturellement avec 51 (type I).

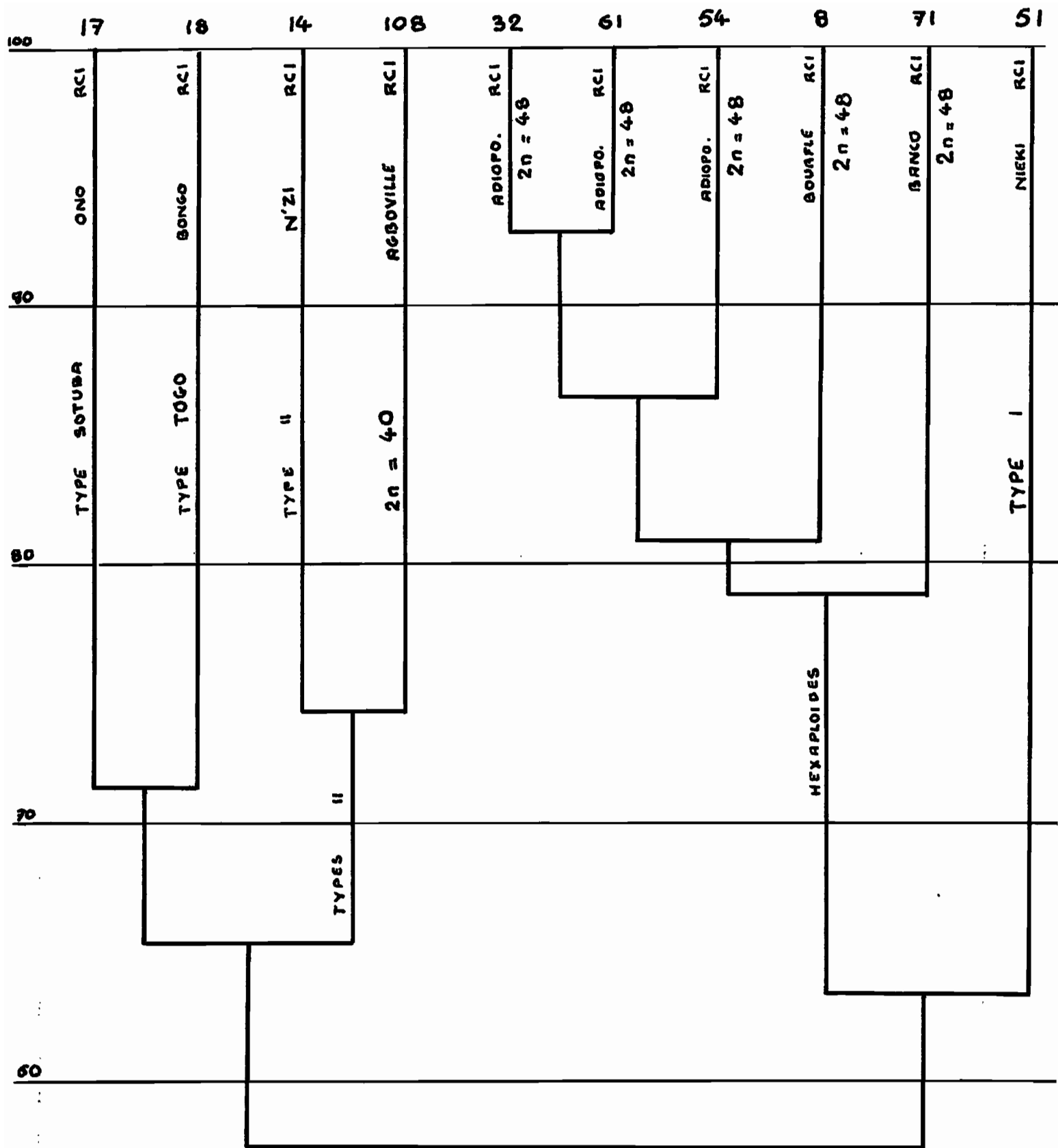


Fig. 4 Essai XIII A

La population pentaploïde 108, vraisemblablement issue d'une population du type II ne s'isole pas très longtemps dans le dendrogramme et se raccorde d'abord avec 14, population centrale bien représentative du type II.

Les deux populations d'introduction récente ne se regroupent que tardivement et se rapprochent finalement du groupe type II. Cette constellation est très hétérogène et ne présente pas l'unité de la constellation hexaploïde.

2° l'essai XIIIIB regroupe l'ensemble des types II autour des populations 14 et 174. Le dernier clone à se raccorder est 21 qui est pentaploïde mais de phénotype qualitatif II. L'introduction de 21 ne diminue pas notablement l'homogénéité de la constellation de type II. Notons que tous les types II représentés dans cet essai appartiennent au groupe central déjà décrit figure 1.

Les clones 55 et 110 ne correspondent pas à des populations naturelles, ils ont été découverts dans des pâtures constituées essentiellement par le clone Sotuba (17) dans une zone où la variété Adiopodoumé (51) était partout présente. Il serait possible que les éléments tels que 55 et 110 dérivent de 17 ou de 51. Le dendrogramme montre ici que quantitativement, sur les caractères étudiés la filiation avec Adiopodoumé (51) est la plus évidente.

Les populations d'introduction récente 17 et 18 ne se regroupent que très tardivement et plus tard encore avec les types II.

3° analyse globale

Les traits essentiels des dendrogrammes fig. 4 et fig. 5 sont conservés. Deux constellations importantes sont bien constituées :

- 1° les groupes dérivés du type I
- 2° les types II.

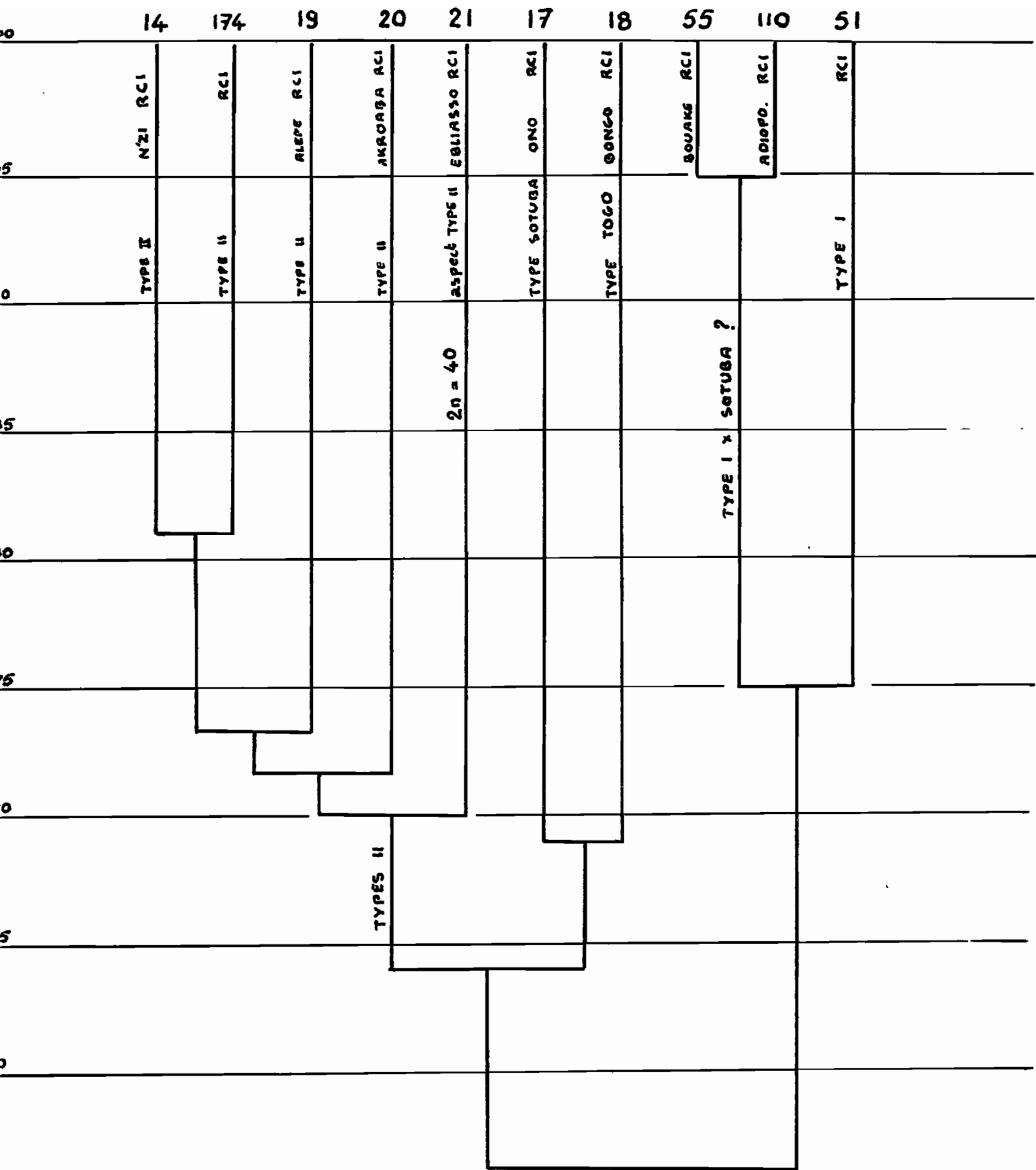


Fig. 5 Essai XIII B

Les introductions récentes 17 et 18/s^{ne} s'intègrent réellement pas à ces deux constellations fondamentales, cependant ils sont plus proches de l'ensemble des types II que ne l'est l'ensemble dérivé du type I.

Cela signifie que les types I et II sont très éloignés l'un de l'autre et qu'aucune parenté évidente ne les rapproche puisqu'ils diffèrent l'un de l'autre davantage que des types étrangers à la Côte d'Ivoire.

Il est possible que l'espèce Panicum maximum de Côte d'Ivoire soit fondamentalement constituée à partir du type II qui s'y est bien installé et différencié et que la population de type I, très étroitement localisée constitue une introduction plus récente.

Enfin, à l'intérieur de la constellation des types II, les pentaploïdes ne constituent pas une sous-constellation autonome mais au contraire se raccordent aux populations de type II dont les milieux sont les plus comparables (21 et 174 sont dans les zones forestières les plus septentrionales, 108 et 19 sont géographiquement voisins). La pentaploïdie n'introduit pas une nouveauté importante par rapport aux tétraploïdes dont ils dérivent alors que les hexaploïdes constituent une famille beaucoup plus caractéristique à l'intérieur de laquelle les différences d'origine (type II ou type I) s'estompent.

4° L'essai XI (figure 7) est destiné à comparer 11C (apparu spontanément en culture à Adiopodoumé) aux clones introduits de même type qualitatif et aux parents supposés type I et Sotuba. Seul G21 est issu d'une population naturelle bien déterminée ; G3C et 74 sont vraisemblablement des introductions récentes de ce clone en Angola où il n'a pu encore se différencier pour un seul caractère. 90 et 94, très proches de G21, G3C, 74, 110, sont quelque peu différents. Ils proviennent du Brésil où ils ont pu apparaître à partir du type I qui y a été également introduit.

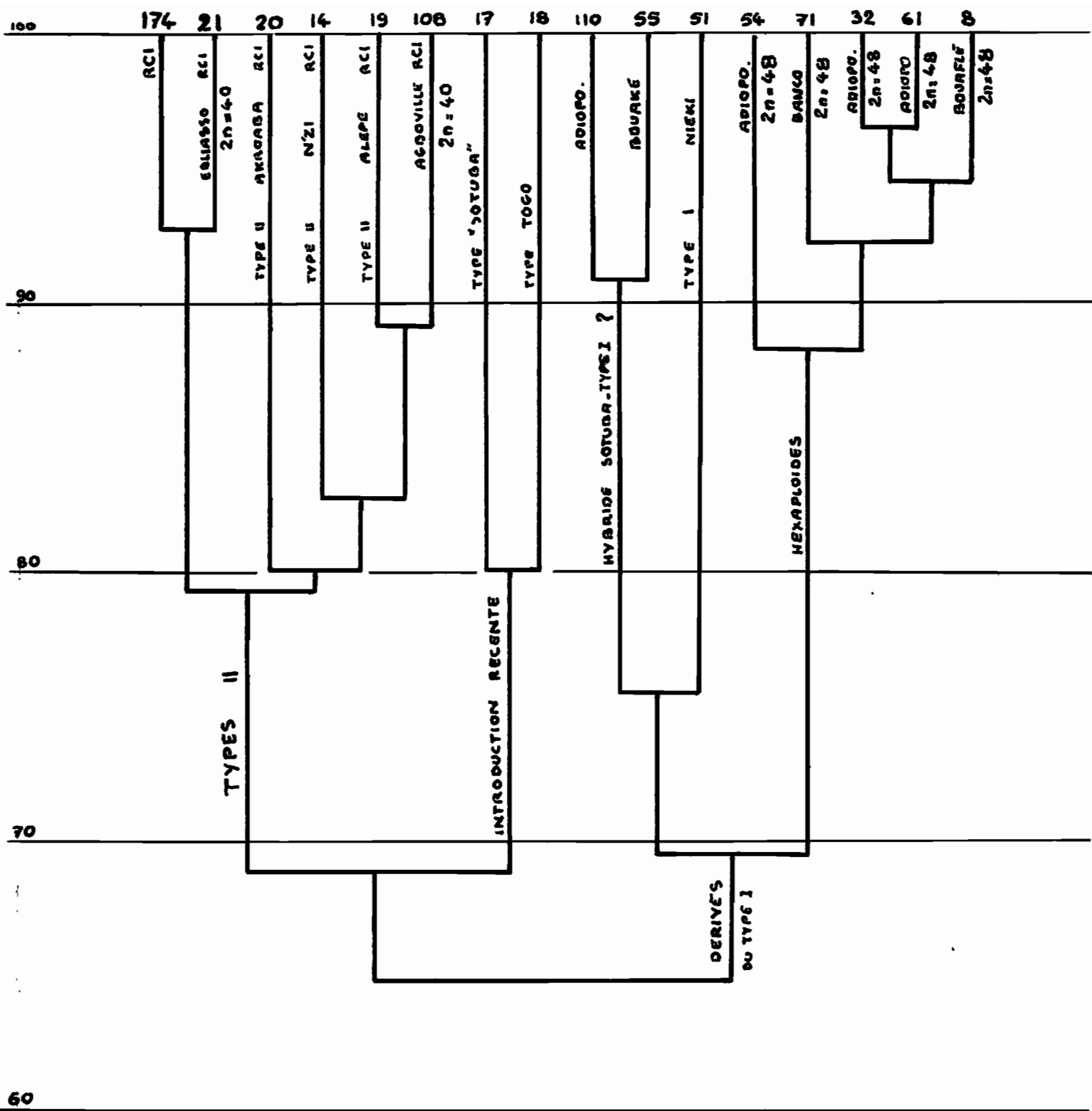


Fig. 6 Essais XIII

Ce pourrait être le cas de Capim Guinée (94) qui a pu remplacer la véritable variété "guinea" qu'est partout ailleurs le type I.

Enfin toutes les caractéristiques quantitatives situent parfaitement cet ensemble entre les parents présumés type I et Sotuba. Ceci n'est nullement une preuve de la validité de cette hypothèse. C'est un fait curieux, s'il s'agit effectivement de dérivés du type I, qu'ils soient aussi homogènes car même s'ils sont des hybrides des mêmes parents, ceux-ci étant dans l'ensemble très hétérozygotes comme le montre la variabilité des disjonctions déjà analysées (Pernès et Combes (1968)) ils devraient être assez hétérogènes. Enfin le type I n'a pas été récolté dans la région de Mac Kinnon Road (Kenya).

Si 110 dérive effectivement du type I, (en tout cas il est apparu spontanément en R.C.I.) il faut admettre que G21 est une installation récente d'un clone analogue introduit au Kenya, puisque son parent type I n'y est pas.

Ce phénotype qualitatif très précis reste encore très énigmatique et nous ne pouvons en définir correctement l'aire d'origine ou sa nature, puisque l'homogénéité tant qualitative que quantitative de ces divers clones s'ils sont issus des parents supposés conduirait à admettre la grande homozygotie de ces parents, ce qui est faux.

Il reste finalement une dernière hypothèse selon laquelle tous ces clones dériveraient d'un seul clone initial par petites modifications quantitatives et qu'il se soit introduit comme un mélange dans le clone "Sotuba" dont on ne sait rien, en si faible proportion qu'il n'a pu être qu'exceptionnellement observé. Sa ressemblance relative avec le type I serait assez fortuite; ce même clone aurait été directement introduit au Brésil et en Angola.

267

90

G21

G30

74

110

94

268

TYPE I RCI

copim sempre verde
BRASIL

Moz Kinner Road
KENYA

ANGOLA

ANGOLA

SOTUBA * TYPE I ?
RCI

copim guine
BRASIL

TYPE SOTUBA

100

90

80

70

60

50

40

Fig. 7 Essai XI

CONCLUSIONS

1. Cet ensemble d'analyses nous a en définitive permis de caractériser convenablement les différents phénotypes des populations de Côte d'Ivoire et de préciser le peuplement fondamental qui constitue l'espèce en Côte d'Ivoire.

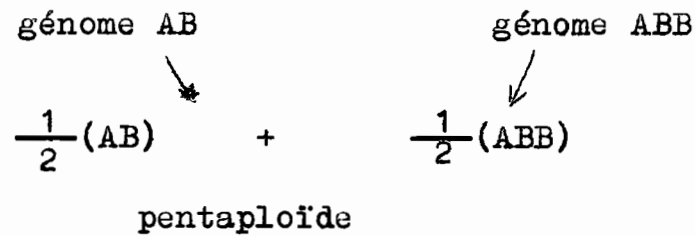
L'homogénéité apparente des populations naturelles due à la dominance écrasante du type II est encore renforcée par le fait que les autres phénotypes observés ne sont vraisemblablement que des acquisitions récentes par :

- 1° introductions récentes : 17, (Sotuba?), 18 (Togo)
- 2° introduction un peu plus ancienne mais peu étendue (type I)
- 3° dérivation du type I par hexaploïdie.

Une fois éliminées ces populations récentes, la diversité des phénotypes en Côte d'Ivoire est très exceptionnelle et est constituée par : 2 populations hexaploïdes dérivées du type II (l'une à Bouaflé, l'autre à Agboville), 2 populations pentaploïdes dont l'une (Agboville) résulte vraisemblablement de la pollinisation d'une oosphère réduite de l'hexaploïde cité plus haut par un tétraploïde normal. Le pentaploïde 21 a probablement une origine analogue bien qu'une population hexaploïde proche n'ait pas été repérée. Enfin une population au nombre chromosomique 38 a été découverte à Adzopé et décrit vraisemblablement d'un pentaploïde, la perte de 2 chromosomes pouvant être aisément perpétuable grâce à l'apomixie.

2. Les hexaploïdes diffèrent beaucoup plus de leur parent que les pentaploïdes et ont un faciès tant qualitatif que quantitatif bien précis. La plus grande ressemblance des pentaploïdes avec leur parent résulte du fait qu'ils sont issus d'un croisement en retour avec le tétraploïde initial puisque le schéma de leur formation est :

parent tétraploïde \longrightarrow hexaploïde



De plus la sélection naturelle tend probablement à éliminer les pentaploïdes les plus différents du type II qui constitue les populations bien adaptées aux conditions locales du milieu.

3. Les différenciations représentatives des types II, très finement structurées par les conditions de milieu, permettent de considérer qu'elles sont le fruit de modifications sans recombinaison soit du génome lui-même soit de ses expressions au cours du développement végétatif.

4. La constance des types qualitatifs de diverses origines et leurs modifications quantitatives du même ordre que celles observées sur les populations de type II suggèrent que les mêmes facteurs de différenciation sont en cause dans les autres milieu où l'espèce a été introduite.

5. Ces différences quantitatives se manifestant à l'intérieur d'un type, que l'introduction ait lieu par graines ou par éclats, suggèrent que au moins une partie des modifications ait atteint le génotype et pas seulement ses expressions au cours du développement.

En conclusion il semble assez probable que la dispersion de l'espèce se soit produite à partir de centres géographiques où existait un mode de reproduction permettant la création de types très variés. Hors de ces centres le comportement de l'espèce en régime apomictique permet la conservation des types

originaux qui ne sont que finement restructurés sous les nouvelles conditions de sélection.

Les centres géographiques où les recombinaisons primitives qui ont créé les types, partout ailleurs véhiculés, peuvent ou non avoir conservé la possibilité de création de nouveaux types recombinaisonnés. Ils doivent se manifester par une très grande variabilité phénotypique naturelle sur une aire géographique restreinte.

Certaines zones d'Afrique de l'Est (Kenya et Tanzanie) présentent les caractères phénotypiques de ^{tels} centres ; la sexualité peut ou non y être conservée, à un taux plus ou moins élevé. C'est ce que nous diront les études en cours sur les nombreuses populations échantillonnées dans cette région et introduites à Adiopodoumé.

BIBLIOGRAPHIE

- D. PIMENTEL-GOMES et R.F. GUIMARAES (1958). Joint analysis of experiments in complete randomised blocks with some common treatments. *Biometrics* 14, 521-526.
- SOKAL et SNEATH (1960). Introduction to numerical taxonomy "Freeman (N.Y.)".

RAPPORTS ORSTOM NON PUBLIES

- D. GILLON et J. PERNES (1968). Etude de l'effet du feu de brousses sur certains groupes d'Arthropodes dans une savane guinéenne.
- J. PERNES (1965). Indications sur les méthodes et les hypothèses de travail pour l'étude de la structure et de la différenciation de l'espèce Panicum maximum.
- J. PERNES (1966,1967). Etude du tallage et de la floraison des clones de Panicum maximum du point de vue de l'analyse des distributions. Parties I, II et III.
- J. PERNES et D. COMBES (1968). Essai d'interprétation de la répartition et de la variabilité phénotypique de l'espèce Panicum maximum en Côte d'Ivoire.
-

ANNEXE (Matrices de proximité)

TYPES II ivoiriens

Clones!	36	34	40	56	6	52	4	13	15	14	23	25	21	10	3
36	49	46	45	38	23	20	18	29	31	29	32	28	32	30	40
34		49	44	40	26	20	18	30	32	33	35	30	33	35	43
40			49	40	26	19	18	30	32	32	34	28	35	30	40
56				49	31	29	30	41	44	43	46	40	39	38	44
6					49	38	39	38	36	36	36	37	32	35	31
52						49	42	39	37	38	34	40	31	39	29
4							49	43	40	37	34	42	31	38	29
13								49	48	46	42	45	40	42	39
15									49	47	43	46	40	40	41
14										49	45	46	43	41	43
23											49	43	41	43	40
25												49	39	42	38
21													49	41	40
10														49	39
3															49

TYPES II introduits

Clones!	G1	G35	G39	G56	4	36	85
G1	43	22	25	32	30	33	29
G35		43	12	19	25	21	24
G39			43	20	20	26	27
G56				43	27	27	30
4					43	29	28
36						43	28
85							43

TYPES I introduits

Clones!	50	51	G33	G77	G96	91	89
50	33	26	28	20	13	11	8
51		33	23	24	18	12	13
G33			33	25	18	16	11
G77				33	26	21	17
G96					33	19	22
91						33	18
89							33

