

Etude de la variabilité génétique chez le pois (*Pisum sativum* L.)

F. MANI *, C. HANNACHI

Institut Supérieur Agronomique Chott Mariem. Laboratoire des Sciences Horticoles et de culture in vitro, Chott Mariem, Sousse, 4042, Tunisie

* Corresponding author: ferdaousmani78@yahoo.fr

Abstract - The principal objective of this work is to explore intraspecific variability for yield and other parameters, and to determine some criteria to make selection species easy in early stage in programs of genetic improvement of yield of peas. To determine these concepts, many morphological parameters, composed of yield and its components, phenological parameters, characteristics of leaf, parameters of growth, were studied on 12 lines of pea in two different environments: under greenhouse and in field. The results showed an important genetic variability between the genotypes for: Number of pods per plant, the phenological parameters, and the length of plant, the number of branches, the yield and its components and for the characteristics of leaf. The results of correlations and principal components analyses showed that the parameters: Number of grains by plant, height, biomass, length and surface of tendrils, date of levee and date of flowering, may be determinant criteria in an improving yield.

Keywords: Yield / phenological parameters / correlations / statistical analysis / Pea.

Résumé - L'objectif principal de ce travail est d'explorer la variabilité intraspécifique et de déterminer les critères de sélection à utiliser dans les programmes d'amélioration génétique du rendement de pois. Pour déterminer ces critères, plusieurs paramètres morphologiques, des paramètres phénologiques, des paramètres de croissance, ont été étudiés sur douze variétés de pois dans deux environnements différents: sous serre et en plein champ. Les résultats ont montré une grande variabilité génétique entre les génotypes pour: le nombre de gousses par plante, les paramètres phénologiques, la longueur de la plante, le nombre de branches, le rendement et ses composantes ainsi que pour les caractéristiques de la feuille. Les résultats d'analyse de corrélations et composantes principales ont montré que les paramètres: Nombre de grains par plante, la hauteur, la biomasse, la longueur et la surface de vrilles, la date de levée et la date de la floraison, peuvent être déterminants dans les critères de sélection des hauts rendements.

Mots Clés: Rendement / paramètres phénologiques / corrélations / analyses statistiques / pois.

1. Introduction

Le pois protéagineux (*Pisum sativum* L.) est une importante source de protéines et de vitamines. Malgré ces importances, les productions et les superficies consacrées pour cette culture sont faibles en Tunisie et loin de pouvoir satisfaire les besoins du consommateur, ceci peut être dû à: une distribution irrégulière des pluies, une utilisation de variétés étrangères non adaptées aux conditions climatiques et édaphiques, des limitations des superficies des pois en secs. En effet, la culture des pois subit une forte concurrence, une augmentation des coûts de production, un manque des programmes d'amélioration. Pour satisfaire les besoins du consommateur et rendre la culture du pois plus rentable, il est nécessaire d'augmenter sa production et ce par la création de nouveaux génotypes hautement productifs et mieux adaptés aux conditions culturelles précédentes. L'expérimentation est le moyen le plus utilisé actuellement en sélection pour évaluer les génotypes d'intérêt [(Lecomte, 2005). Le programme de sélection du pois est absent en Tunisie. Le critère de sélection des nouvelles variétés de pois le plus important est le rendement. D'autres paramètres sont également évalués, telle la précocité de la floraison, la hauteur à la récolte, la résistance à



l'anthracnose, la verse et la teneur en protéines des grains (Munier-Jolain, 2004). La variabilité du rendement est probablement aujourd'hui l'un des critères majeurs utilisés par les agriculteurs pour renoncer à la culture du pois. C'est donc un facteur important sur lequel peut s'appuyer l'agriculteur pour déterminer le risque qu'il aura à introduire ces nouveaux types de variétés dans son assolement et donc qui peut conditionner la réussite de leur adoption. Il nous est donc apparu indispensable de caractériser l'intérêt de nouvelles constructions génétiques par rapport à leurs effets sur la variabilité du rendement, sur les composantes du rendement et sur plusieurs autres paramètres agronomiques. Dans ce contexte, cette étude a été réalisée dans le but d'exploiter la variabilité génétique de douze variétés de petit pois, afin de déterminer des critères de sélection pour le rendement.

2. Matériel et méthodes

2.1. Matériel utilisé

Le Matériel végétal utilisé dans cette étude est composé de douze génotypes de petit pois d'origines diverses (Tableau 1).

Génotypes	Noms	Origines
1	Asgrow	Etat Unis
2	Jumbo	Allemagne
3	Lincoln	France
4	Merveille de Kelvedon	Pays Bas
5	Purser	Pays Bas
6	Rajai Torpe	Inconnue
7	Rondo	France
8	Snajor Kosep Korai	Inconnue
9	Wando	Grande Bretagne
10	Variété locale	Inconnue
11	Major Kosep Korai	Inconnue
12	Surgevil	France

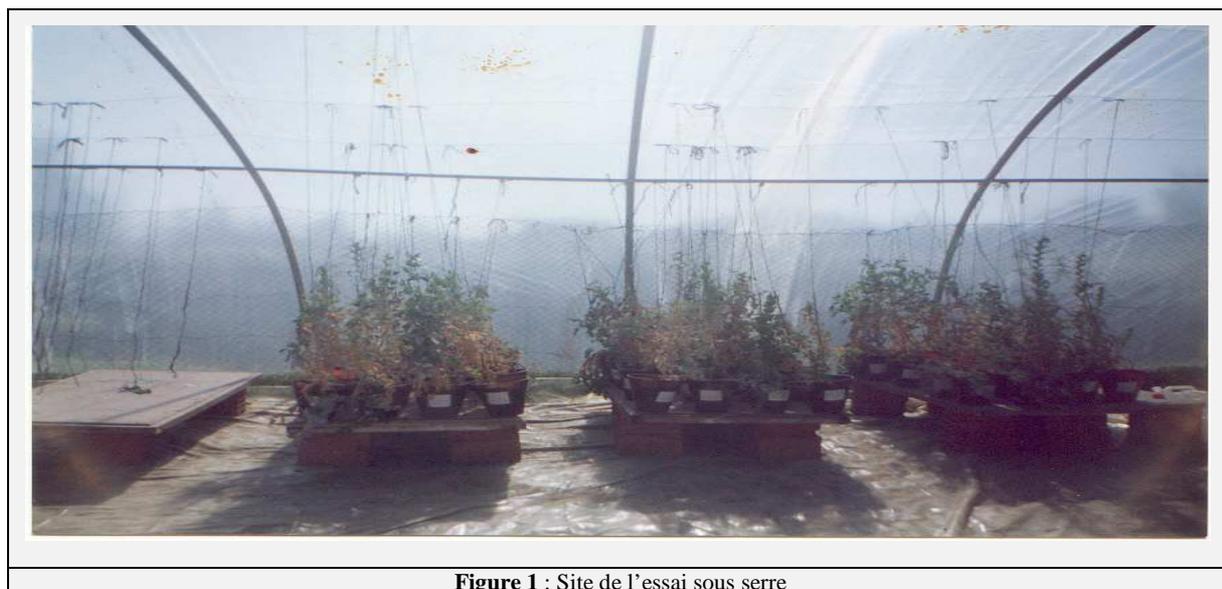
2.2. Protocole expérimental

Deux essais ont été menés à l'Institut Supérieur Agronomique de Chott Mariem (ISA), Sousse.

2.2.1. Essai sous serre

L'essai a été réalisé sous abri-serre. Les douze génotypes ont été répartis dans des pots en plastique de 24 cm de diamètre. Chaque pot est rempli d'un mélange de tourbe stérile (2/3) et de perlite (1/3). L'essai est réalisé selon un dispositif en bloc aléatoire complet, avec 12 génotypes par bloc. Les blocs, au nombre de 4 comportent chacun 24 pots, à raison de 2 pots par génotype (référence).

Le semis est réalisé en octobre pour toutes les variétés. L'irrigation a été réalisée une fois par semaine à raison de 0.5 litre par plante et par semaine. L'arrachage des plantes au stade de floraison est effectué en janvier soit 102 jours après le semis. L'arrachage des plantes au stade de maturité pour l'étude des composantes du rendement est réalisé au mois d'avril.



2.2.2. Essai en plein champ

L'essai a été conduit au domaine du centre de recherche de Génie Rural de Chott Mariem sur un sol homogène de texture argilo-sableuse (Figure 2). Le dispositif expérimental adopté dans cet essai est un dispositif aléatoire complet avec trois blocs. Chaque bloc comporte douze génotypes répartis au hasard. Chaque unité expérimentale comporte quatre lignes distantes de 1 mètre avec un écartement de semis sur la ligne de 0.5 m.

Les trois blocs sont distants de 1.5 mètre (Figure 3). Pour éliminer l'effet de la bordure, l'ensemble des trois blocs été entouré par une variété locale à une distance égale à 0.5 mètre.

Le semis est réalisé au mois de Novembre. Un système d'irrigation goutte à goutte était installé, l'irrigation n'a été pratiquée 8 fois durant la culture. L'arrachage des plantes pour le dosage d'azote total est réalisé 84 jours après le semis au stade pré-floraison, soit 72 plantes au total. La partie aérienne est pesée et mise à l'étuve pour le dosage de l'azote total dans la plante. La culture est conduite biologiquement sans intrants chimiques.

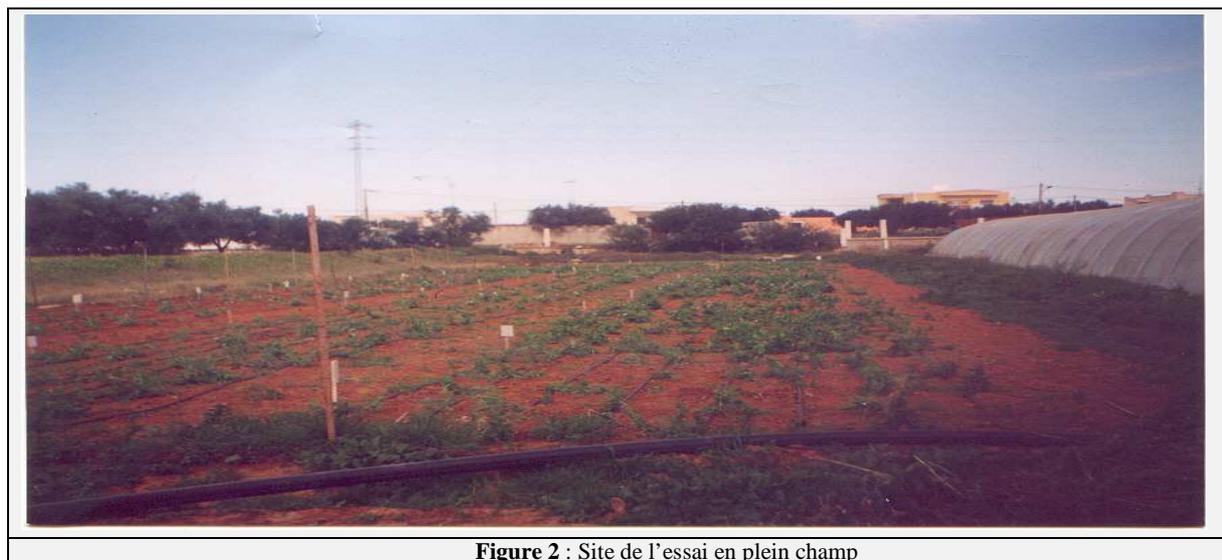




Figure 3: Distribution des génotypes par parcelle élémentaire en plein champ

2.3. Paramètres mesurés

2.3.1. Paramètres mesurés sous serre

Paramètres de croissance

Ces paramètres sont mesurés pour les plants du premier bloc, soit au total 24 plants: le poids frais de la partie aérienne, le poids frais des racines, le poids sec des racines, la longueur des racines, le nombre total des entre-nœuds.

L'étude foliaire

Pour chaque plant du premier bloc soit 24 plants, les paramètres suivants sont mesurés : la surface totale des folioles, la surface totale des vrilles, la longueur totale des vrilles, la distance totale entre vrilles et folioles.

L'étude des composantes du rendement

Les mesures sont réalisées sur les plants des trois derniers blocs au stade de maturité, soit au total 72 plants. Les paramètres suivants sont ainsi mesurés pour chaque plant: la hauteur de la plante, le nombre de branches/plante, le nombre de fleurs/plante, le nombre de gousses/plante, le nombre de graines /plante, le nombre de graines / gousse, la biomasse, le rendement en graines /plante, le poids de 100 grains, la fertilité de la plante = nombre des gousses/nombres des fleurs, l'indice de récolte (IR) = rendement en graines par plante/biomasse.

Dosage de l'azote total dans la graine

Le dosage de l'azote total dans la graine (Sher, 1955) est effectué pour tous les génotypes avec trois répétitions pour chaque génotype, soit 36 plantes au total.

2.3.2. Les paramètres mesurés en plein champ

La date de levée-La date de floraison

Pour chaque variété, la date de levée et la date de floraison sont mesurés dans chaque bloc. L'observation a été faite tous les deux jours.

La mesure des paramètres de croissance

Au stade de préfloraison deux plantes par parcelle élémentaire prises au hasard ont été arrachées, soit 36 plantes au total. Les paramètres mesurés sont: longueur de la racine/plante, poids frais de la racine/plante,

poids frais de la partie aérienne/plante, poids sec de la partie aérienne/plante, nombre des nodules/plante, poids sec des nodules/plante.

Le dosage d'azote total dans la plante

Les plantes arrachées pour les mesures des paramètres de croissance ont servi de même pour le dosage d'azote total dans la plante par la méthode de Kjeldhal (Sher, 1955)

L'étude des composantes du rendement

Les mesures des composantes du rendement sont effectuées sur les plantes récoltées à la maturité à raison de deux plantes par variété et par bloc, ce qui fait 72 plantes. Les composantes du rendement mesurées sont les mêmes qui sont mesurées sous serre.

3. Analyses statistiques

3.1. Analyse de variance

Toutes les analyses statistiques ont été réalisées à l'aide du logiciel S.A.S. Pour l'ensemble des paramètres, l'analyse de variance a été effectuée en utilisant la procédure proc GLM du SAS (1997) avec l'option LS mesures /p diff selon le modèle:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + e_{ij}$$

Avec : α_i : effet génotype

β_j : effet bloc

3.2. Comparaison des moyennes

La comparaison des moyennes ajustées (moyennes des moindres carrés) des différents paramètres a été effectuée selon la procédure Plus Petite Différence Significative (PPDS) pour les paramètres étudiés.

3.3. Corrélations entre les paramètres étudiés

Le but de déterminer les coefficients de corrélation est de déterminer l'intensité de la liaison linéaire entre variables et la relation de chaque paramètre étudié avec les autres.

3.4. Analyse en composantes principales (ACP)

Cette méthode d'analyse permet de grouper les variables corrélées entre elles en un nombre réduit de facteurs principaux.

3.5. Méthode de classification hiérarchique ascendante des génotypes

La classification hiérarchique ascendante des génotypes est réalisée par la méthode d'agrégation : Moyennes non pondérées des génotypes associés (UPGMA).

4. Résultats et discussion

4.1. Analyse de la variance des caractères étudiés et comparaison des moyennes

Une large variabilité génotypique a été observée pour la date de floraison. La précocité de la floraison un mécanisme important d'échappement à la sécheresse sous climat semi-aride. Ceci est confirmé par Voisin et Salon (2004) qui montrent que dans le climat méditerranéen la plante doit fleurir au moment opportun pour éviter les dégâts causés par les gels printaniers tardifs, et par la sécheresse et les hautes températures en fin de cycle. La variabilité du paramètre: poids frais des racines est hautement significative pour les génotypes sous serre. L'effet des souches de Rhizobium peut expliquer cette variabilité. En effet, selon Soon et Arshad (2004), les Rhizobium peuvent synthétiser des phytohormones, tels que l'acide indol-acétique (AIA) et peuvent agir positivement sur le développement de la plante, même sous forme libre, sans formation de nodules.

Quant à l'analyse de variance pour la longueur des vrilles, elle a montré une variabilité très significative entre les génotypes. Certes, la surface de la feuille détermine la capacité photosynthétique de la plante. Puisque la feuille du pois est de type composée, la surface de la feuille du pois est donc la somme de la surface des folioles et des vrilles; d'où la sélection pour ce caractère est difficile dans les zones semi arides ou la surface foliaire diminuerait sous le stress hydrique afin de minimiser les pertes d'eau et donc réduire l'activité photosynthétique (Cousin *et al.*, 1985).

La variation significative du nombre de graines par gousse suggère que la fertilité des gousses est un caractère prépondérant et semble être sous le contrôle génétique comme le suggère Mathura *et al.* (2006) et Million (2012). L'analyse de variance pour le rendement ne montre pas une différence significative entre les génotypes aussi bien sous serre qu'en plein champ. Ce caractère est donc tributaire des conditions environnementales, d'autant plus que le rendement en grains a été très affecté par le stress biotique (oïdium, mildiou, anthracnose) qui a été sans doute à l'origine d'une baisse importante du rendement. Ces constatations sont confirmées par Ghobary (2010).

4.2. Corrélations entre le rendement et les paramètres étudiés

4.2.1. Corrélations entre le rendement et les paramètres étudiés sous serre

Parmi les composantes du rendement, le nombre de gousse par plante (NGO) est fortement corrélé avec le rendement (RDT), $r = 0.82$; il en est de même pour le nombre de graines (NGR) ($r = 0.96$) et le nombre de graines par gousse (NGG) ($r = 0.66$). Donc une sélection pour les paramètres NGO, NGR et NGG serait préconisée afin d'améliorer le rendement en grains. Ces résultats corroborent ceux de Barbottin *et al.*, (2005) et de Sharma *et al.* (2007). D'un autre côté, la biomasse (BM) est associée positivement à l'indice de récolte (IR) avec un coefficient $r = 0.11$. Elle est aussi corrélée positivement avec la fertilité avec $r = 0.42$. Ces relations montrent que le matériel végétal utilisé produit autant de couvert végétal que de graines. L'amélioration de la biomasse pourrait être obtenue en sélectionnant les caractères IR et FER comme le démontre Katyar et dixit (2009).

Par ailleurs le rendement en grains est corrélé négativement et très significativement avec la hauteur (H), ($r = -0.28$) et le nombre de branches (NB) ($r = -0.30$) et significativement avec le nombre de fleurs (NFL), ($r = -0.11$). Des résultats similaires ont été constatés par Sing (2006) et par Slaehi *et al.* (2010).

Les corrélations entre le rendement, le poids frais des racines (PFR), et la longueur des racines (LRA) sont négativement significatives, avec comme coefficients: $r = -0.27$ pour le premier caractère, et $r = -0.57$ pour le deuxième. Ceci montre que plus la plante produit de graines moins elle est vigoureuse, ce qui confirme le phénomène compensatoire des paramètres de croissance et du rendement signalées par Bourion *et al.* (2007) et Khan *et al.* (2013).

Une corrélation très significative et positive est notée entre le rendement et la surface des vrilles (SFV) ($r = 0.89$). Une corrélation positive est établie aussi entre le rendement et la longueur des vrilles (LV) et la distance entre vrilles et folioles (DVF) avec comme coefficient $r = 0.1$ pour le premier paramètre et $r = 0.11$ pour le deuxième. Une sélection pour une longueur et une surface des vrilles élevée permettraient donc une meilleure efficacité photosynthétique et une vigueur garantie en grains (Johanson et Wichern, 2007).

4.2.2. Corrélations entre le rendement et les paramètres étudiés en plein champ

Les corrélations observées entre le rendement d'une part, et la hauteur (H), le nombre de branches (NB), le nombre de fleurs (NFL), et la biomasse (BM) d'autre part sont positives et significative. Ceci explique que les plantes les plus hautes renferment plus de nœuds fructifères et par conséquent assurent les rendements les plus élevés (Saeed, 2008). Les corrélations négatives constatées entre le nombre de gousses et le nombre de graines par gousse nous indiquent que le remplissage des gousses en grains dépend de leurs nombre, en effet pour un faible nombre de gousses, l'énergie fournie par la plante s'oriente vers le remplissage de ces dernières en graines (Cokking et Colkesen, 2007).

On a intérêt à choisir des plantes qui auraient un nombre de gousses plus élevé que de choisir des plantes à gousse contenant plus de graines. Ces résultats peuvent être confirmés par les corrélations significatives et négatives entre le rendement et le poids de 100 grains ($r = -0.24$). Ces résultats concordent avec ceux de Togay *et al.* (2008) et Petr *et al.* (2012). Les corrélations négatives entre la date de floraison et le poids de 100 graines nous permettent de dire que les variétés les plus précoces assurent les bonnes qualités. Ces résultats nous permettent de suggérer une sélection pour la précocité de levée et de la floraison pour améliorer le rendement, à travers les composantes: Nombre de gousses et nombre de graines. Ces mêmes paramètres sont préconisés par Banterng *et al.* (2004) et Nawab *et al.* (2009) dans les programmes d'amélioration du pois. Des corrélations négatives sont notées entre le rendement et les paramètres: Poids frais de la partie aérienne (PFPA) et poids sec de la partie aérienne (PSPA). Le poids frais des racines (PFRA) et la longueur des racines (LRA) sont significativement corrélés avec le rendement ($r = 0.08$; $r = 0.21$ respectivement). Certes, un système racinaire vigoureux et profond permet à la plante de mieux explorer et utiliser les éléments minéraux, l'eau du sol et assurer donc un meilleur rendement (Lamure et Munier-Jolain, 2004). D'autre part, le nombre de nodules par plante (NN) est corrélé positivement avec le rendement. Les protéines sont aussi corrélées positivement avec le rendement ($r = 0.18$). Cette corrélation positive s'explique par le fait que l'énergie nécessaire à la formation et au fonctionnement des nodosités est fournie par la biosynthèse; une augmentation de la teneur en CO_2 dans la plante provoque une augmentation du nombre de nodules, de la fixation de l'azote et du taux des protéines dans la plante (Nisar *et al.*, 2008) ; (Rubio *et al.*, 2014).

4.3. Analyse en composantes principales

Les taux de la variance cumulées sont de 81.6 % sous serre et de 92.63 % en plein champ.

4.3.1. Analyse du facteur 1

Sous serre, le facteur 1 explique 58.57 % de la variabilité totale, il est corrélé significativement avec les variables : NGO, NGR, RDT, BM et IR. En effet, l'examen des corrélations entre ces caractères montre les résultats suivants:

NGO x NGR	$r=0.93^{**}$
NGO x RDT	$r=0.91^{**}$
NGO x BM	$r=0.79^{**}$
NGO x IR	$r=0.78^{**}$
NGR x RDT	$r=0.95^{**}$
NGR x BM	$r=0.86^{**}$
NGR x IR	$r=0.78^{**}$
RDT x BM	$r=0.82^{**}$
RDT x IR	$r=0.84^{**}$
BM x IR	$r=0.51^{**}$

En plein champ, le facteur 1 explique 39.89 % de la variabilité totale il est corrélé significativement avec NGO, NGR et, BM, et à une mesure moindre avec RDT et H. La matrice de corrélation permet de vérifier ce résultat :

NGO x NGR	$r = 0.86^{**}$
NGO x BM	$r = 0.74^{**}$
NGO x RDT	$r = 0.51^{**}$
NGO x H	$r = 0.55^{**}$
NGR x BM	$r = 0.71^{**}$
NGR x RDT	$r = 0.46^{**}$
NGR x H	$r = 0.55^{**}$
BM x RDT	$r = 0.32^{**}$
BM x H	$r = 0.46^{**}$
RDT x H	$r = 0.44^{**}$

La variabilité expliquée par le facteur 1 est donc en étroite relation avec les caractéristiques de la gousse. Donc, la sélection pour le rendement pourrait être préconisée en considérant les caractéristiques citées pour les deux sites.

4.3.2. Analyse du facteur 2

Sous serre, le facteur 2 explique 20.64 % de la variabilité totale (Figure 5), il est bien défini par les variables : NB et PR et à moindre degrés par la variable H. Ces associations sont vérifiées par les coefficients de corrélation:

NB x PR	r=0.45**
NB x H	r=0.13*
H x PR	r=0.57**

En plein champ, le facteur 2 explique 25.93 % de la variabilité totale . Il est clair que le facteur 2 est l'axe caractéristique des protéines. D'après Atta et al. (2004) l'évolution de la répartition de l'azote dans les différents organes de la plante du pois montre que les variétés précoces sont plus riches en azote que celles tardives et donc plus riches en protéines. Les différences des teneurs en protéines entre les variétés précoces et tardives peuvent donc expliquer les différences du rendement.

4.3.3. Analyse du facteur 3

Sous serre, le facteur 3 explique 13.42 % de la variabilité totale (Figure 6), il est défini par la variable H et à moindre mesure par les variables NB, BM et IR. On peut vérifier ces associations moyennant les coefficients de corrélations:

H x NB	r=0.13*
H x IR	r=0.54**
NB x IR	r=0.45**
BM x IR	r=0.51**

4.4. La classification hiérarchique ascendante par la méthode d'agrégation

Sous serre, le génotype 5 et le génotype 6, sont isolés du reste des génotypes. Le premier groupe formé par les génotypes 12 et 3. Le deuxième groupe est formé par les génotypes 9 et 7, s'associe au génotype 10. Le troisième groupe comporte les génotypes 8, 4 et s'associe aux génotypes 1, 11 et 2 (Figure 4).

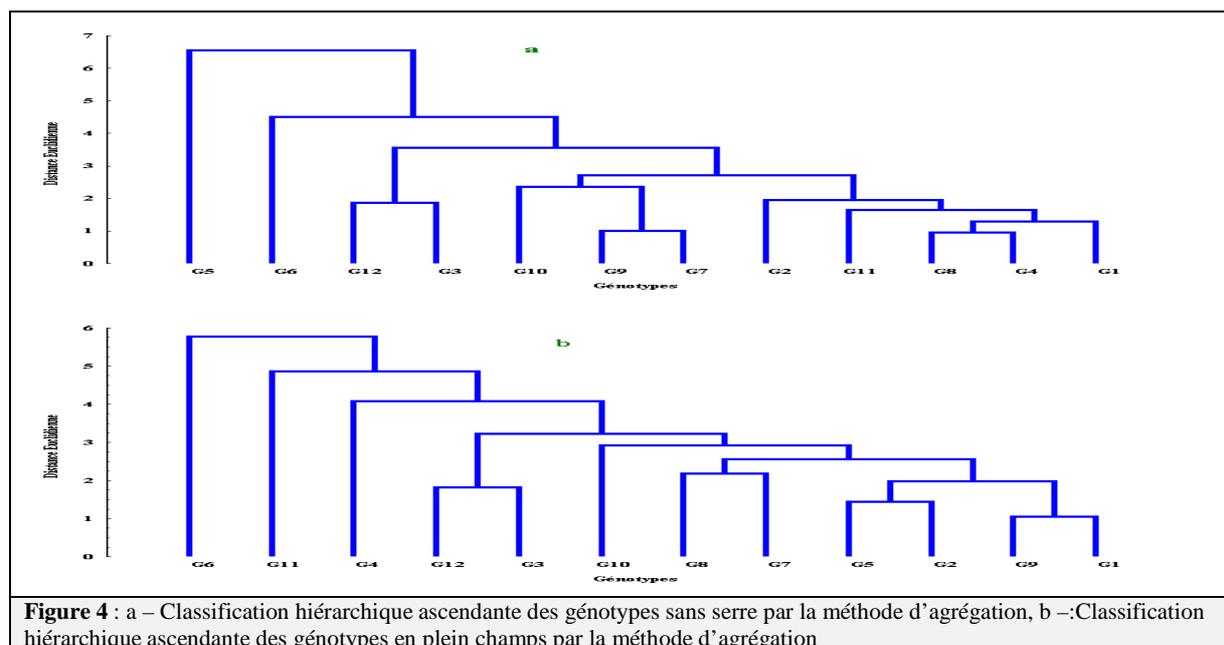


Figure 4 : a – Classification hiérarchique ascendante des génotypes sans serre par la méthode d'agrégation, b --:Classification hiérarchique ascendante des génotypes en plein champs par la méthode d'agrégation

En plein champ, les génotypes 12, 3 forment le premier le groupe suivi du génotype 10 qui se présente isolé. Le deuxième groupe est formé par les génotypes 8 et 7, le troisième groupe comporte les génotypes 5, 2. En bas du classement on trouve les génotypes 9 et 1 qui forment le quatrième groupe (Figure 11).

5. Conclusion

L'étude de la variabilité génétique pour 20 caractères dans deux conditions environnementales différentes sous serre et en plein champ montre l'importance de la diversité génétique de douze génotypes de petit pois. Le but de l'étude de cette diversité génétique est de déterminer un programme de sélection des génotypes adaptés aux deux environnements: sous serre et en plein champ. L'analyse de variance réalisée pour l'ensemble des caractères étudiés a montré une grande variabilité pour les caractères : hauteur de la plante (H) , nombre de branches (NB) ,les paramètres phénologiques (DLEV) et (DFL) , et les composantes du rendement : Nombre de gousses (NGO) , nombre de graines (NGR) , et indice de récolte (IR). Cette variabilité est attribuée à la diversité des génotypes étudiés. Le rendement est une composante complexe qui a été exprimée différemment dans les différents sites vue l'hétérogénéité des génotypes et de leurs interactions avec les deux environnements.

L'analyse des matrices de corrélations des deux sites a montré l'existence d'associations significatives et positives entre le rendement et les caractéristiques des vrilles, les composantes du rendement: NGO, NGR, NGG BM, IR et FER, sous serre. En plein champ, l'analyse de corrélations a montré des corrélations significatives et positives entre le rendement d'une part, et les paramètres phénologiques (DLEV, DFL), la hauteur (H) le nombre de branches (NB) le nombre de fleurs (NFL), le nombre de gousses (NGO) la biomasse (BM), la longueur des racines (LRA), et les protéines (PR) d'autre part. L'analyse en composantes principales, nous a permis de confirmer que l'amélioration du rendement en grains est réalisable à travers l'amélioration du nombre de graines, le nombre de gousses, la biomasse, l'indice de récolte, les protéines, la hauteur, et le nombre de branches.

Abréviations:

BM : Biomasse / DVF : Distance entre vrilles et folioles / FER : Fertilité G : grammes / H : Hauteur / HPA : Hauteur de la partie aérienne / IR : Indice de récolte / LRA: Longueur des raciness / LV : Longueur des vrilles / Mg : Magnésium MS : Matière sèche / N : Azote / NB: Nombre de branches / NEN : Nombre d'entre nœuds / NFL: Nombre de fleurs / NGG: Nombre de graines par gousse / NGO: Nombre de gousses / NGR: Nombre de grains / PFFA : Poids frais de la partie aérienne / PFR : Poids frais des raciness / PR : Protéines / RDT : Rendement / SF : Surface des folioles / SFV : Surface des vrilles

6. Références

- Atta S., Maltese S., et Cousin R., (2004).** Protein content and dry weight of seeds from various pea genotypes. *Agronomie* 24:257-266.
- Bantern P., Patanothai A., Pannangpetch K., S. Jogloy, and G. Hoogenboom. (2004).** Determination and evaluation of genetic coefficients of peanuts lines for breeding applications. *Eur. J. Agron.* 21:297-310.
- Barbottin A., Lecomte C., Bouchard C., et Jeuffroy M., (2005).** Nitrogen remobilisation during grain filling in wheat: genotypic and environmental effect. *Crop Sci.* 45:1141-1150.
- Bourion V., Laguerre G., Depret G., Voisin A.S., Salon C., et Duc G., (2007).** Genetic Variability in Nodulation and Root Growth Affects Nitrogen Fixation and Accumulation in Pea . *Annals of Botany* 100: 589-598.
- Cokking A., et Colkesen M., (2007).** The determination of relationship between yield and yield components by using correlation and path coefficient analysis methods for pea (*Pisum sativum* L.). *Turkish Vn. Field crop congress.* , pp. 649-652.
- Cousin R., Massager A., et Vingere A., (1985).** Breeding for yield in common peas. The peas Crops. *P.H. Hebblethwaite, M.C. Heath and T.C.K. Dawkins (Eds.). Butterworths.*,115-129.
- Ghobary H., (2010).** Study of relationships between yield and some yield components in garden pea (*Pisum sativum* L.), by using correlation and path analysis. *J. Agric. Res. Kafer El-Sheikh Uni.*, 36: 351-360.
- Johanson R. , Wichern D. , (2007).** Applied Multivariate Statistical Analysis. Sixth edition. Pearson Prentice Hall, Upper Saddle River, New Jersey. p. 773.
- Katyar P., Dixit G. , (2009).** Multivariate analysis for genetic divergence in field pea (*Pisum sativum*) germplasm. *Indian J. Agric. Sci.* ISSN 0019-5022, 79 (3):181-183.
- Khan T., Ramzan A., Jilani G., Mehmood T. ,(2013).** Morphological Performance of Peas (*pisum sativum*) Genotypes under Rainfed conditions of Potowar Region. *J. Agric. Res.*, 51(1):51- 60.
- Larmure A., et Munier-Jolain N., (2004).** Teneur en protéines des graines, p. 217-244, *In* B. V. Munier-Jolain Na., Chaillet I., Lecoœur J., Jeuffroy M.H., ed. *Agrophysiologie du pois protéagineux.* INRA-Arvalis, Paris.

- Lecomte C., (2005).** L'évaluation expérimentale des innovations variétales: proposition d'outils d'analyse de l'interaction génotype x milieu adaptés à la diversité des besoins et des contraintes des acteurs de la filière semencière, Thèse de Doctorat, INA-PG, Paris-Grignon (France)
- Mathura R., Verma R., Kumar V., (2006).** Multivariate genetic analysis of pea (*Pisum sativum* L.). *Veg. Sci.* 33(2):149-154.
- Million F., 2012.** Variability, heritability and association of some morpho-agronomic traits in field pea (*Pisum sativum* L.) genotypes. *Pak. J. Biol. Sci.* 15:358-366.
- Munier-Jolain, N. (2004).** Poids d'une graine, p. 129-135, In B. V. Munier-Jolain Na., Chaillat I., Lecoeur J., Jeuffroy M.H., ed. *Agrophysiologie du pois protéagineux*. INRA-Arvalis, Paris.
- Nawab N., Subhani G., Mahmood K., Shakil Q., Saeed A., (2009).** Genetic variability, correlation and path analysis studies in garden pea (*Pisum sativum* L.). *J. Agric. Res.* 46(4):333-340.
- Nisar M., Ghafoor H., Ahmad M., Khan A., Qureshi H., Islam M., (2008).** Evaluation of genetic diversity of pea germplasm through phenotypic trait analysis. *Pak. J. Bot.* 40(5):2081-2086
- Petr S., Aubert G., Burstin J., Coyne C., Ellis N., Flavell A., Ford R., Hýb M., Macas J., Neumann P., McPhee K., Redden R., Rubiales D., Weller J., Warkentin T., (2012).** Pea (*Pisum sativum* L.) in the Genomic Era. *Rev. Agron.* 2:74-115, ISSN 2073-4395.
- Rubio L., Perez A., Ruiz R., Guzman M., Aranda-Olmedo I. et Clemente A., (2014).** Characterization of pea (*Pisum sativum*) seed protein fractions. *J Sci Food Agric.* ;94(2):280-7.
- Saeed M., (2008).** Genetic variability, correlation and path analysis studies in garden pea (*Pisum sativum* L.). *J. Agric. Res.* 46(4):333-340.
- Salehi M., Faramarzi A., et Mohebalipour N., (2010).** Evaluation of different effective traits on seed yield of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), with path analysis. *American-Eurasian J. Agric. & Environ. Sci.*, 9 (1): 52-54.
- Sharma M., Sood A., Rana S., (2007).** Genetic variability and association studies for green pod yield and component horticultural traits in garden pea under high hill dry temperate conditions. *Indian J. Hort.* 64(4):410-414.
- Sher I.J. Two-Step Mixed Indicator for Kjeldahl Nitrogen Titration., (1955),** *Anal. Chem* 27 (5), pp 831–832.
- Singh J., (2006).** Genetic divergence in advanced genotypes for grain yield in field pea (*Pisum Sativum* L.). *Legume Res.* 29(4):301-303.
- Soon Y., et Arshad M., (2004).** Contribution of di-nitrogen fixation by pea to the productivity and N budget of a wheat-based cropping system. *J. Agri. Sci.* 142:629-637.
- Togay N., Togay Y., Yildirim B. et Dogan Y., (2008).** Relationships between yield and some yield components in Pea (*Pisum sativum* ssp *arvense* L.) genotypes by using correlation and path analysis *African Journal of Biotechnology* . Vol. 7 (23), pp. 4285-4287.
- Voisin A., et Salon C., (2004).** Efficacité de la nutrition azotée, p. 94-98, In B. V. Munier-Jolain Na., Chaillat I., Lecoeur J., Jeuffroy M.H., ed. *Agrophysiologie du pois protéagineux*. INRA-Arvalis, Paris.