

Le coefficient de prédiction génétique. Son intérêt pour les sélectionneurs

Le coefficient de prédiction génétique ou *CPG* (Baradat, 1976) est le développement logique de la notion d'héritabilité généralisée (Gallais, 1973). Ce paramètre étend la notion d'héritabilité à deux caractères différents. L'héritabilité d'un caractère X^l , $h^2(X^l)$, est le coefficient de régression de la valeur génétique de ce caractère sur sa valeur phénotypique. On peut également la considérer comme un coefficient de régression standardisé, c'est-à-dire normé par l'écart-type phénotypique du caractère. Ainsi, l'héritabilité est la fraction de l'écart-type phénotypique dont varie, en espérance, la valeur génétique moyenne d'une population dont la valeur phénotypique moyenne a été déplacée de + 1 écart-type par troncature. Pour deux caractères différents, X^l et $X^{l'}$, normé chacun par son écart-type phénotypique, la formule générale du coefficient de prédiction génétique est :

$$CPG(X^l, X^{l'}) = \frac{\text{cov}_G(X^l, X^{l'})}{\sigma_P(X^l)\sigma_P(X^{l'})}$$

Le paramètre est sans dimensions et symétrique, comme un coefficient de corrélation. Il est également défini entre -1 et +1 et donne la fraction d'écart-type phénotypique dont sera, en espérance, diminuée (*CPG* négatif) ou augmentée (*CPG* positif) la valeur génétique de l'un des caractères si la moyenne de la population est augmentée d'un écart-type phénotypique pour l'autre caractère. Comme une héritabilité, le *CPG* peut être défini au sens strict (effets génétiques additifs), ou au sens large (effets génétiques totaux). On peut également le définir comme une extension de la notion d'héritabilité familiale, qui n'utilise aucun modèle génétique. La figure 1 schématise la signification biologique du coefficient de prédiction génétique. On voit bien que l'héritabilité d'un caractère n'est autre que le coefficient de prédiction génétique de ce caractère avec lui-même. Il est par ailleurs immédiat que la mesure de l'efficacité relative de la sélection indirecte du caractère X^l par l'intermédiaire du caractère $X^{l'}$, par rapport à une sélection directe utilisant sa propre valeur phénotypique, peut être exprimée par :

$$ER = \frac{|CPG(X^l, X^{l'})| - h^2(X^l)}{h^2(X^l)} = \frac{|CPG(X^l, X^{l'})|}{h^2(X^l)} - 1$$

Le passage du *CPG* au gain génétique sur X^l se fait par les formules ci-dessous où i désigne l'intensité de sélection et CV le coefficient de variation :

- gain génétique absolu : $\Delta G(X^l) = i\sigma_P(X^l)CPG(X^l, X^{l'})$
- gain génétique relatif : $\Delta G(X^l) = iCV(X^l)CPG(X^l, X^{l'})$

Le coefficient de prédiction génétique défini ci-dessus¹ concerne seulement la sélection massale. Mais il faut également prévoir l'efficacité de la sélection indirecte si l'on utilise une

¹ En fait, Masatoshi Nei (1960) avait déjà défini ce paramètre sous le nom de cohéritabilité (J.A.Vasquez, communication personnelle). Cette notion fut utilisée telle quelle par certains auteurs, par exemple Bedard *et al.* (1971). Mais le coefficient fut redéfini par la suite comme le rapport de la covariance génétique à la covariance phénotypique (Rao et Goud, 1971 ; Janssens, 1979). Il a été utilisé sous cette nouvelle forme dans un grand

autre méthode de sélection. Baradat (1989) montre comment la généralisation du *CPG* à toute méthode de sélection peut se faire facilement en utilisant la théorie des index. Baradat *et al.* (1995) présentent une synthèse générale de la théorie des index de sélection en y intégrant la notion de sélection indirecte dans un cadre multicaractère.

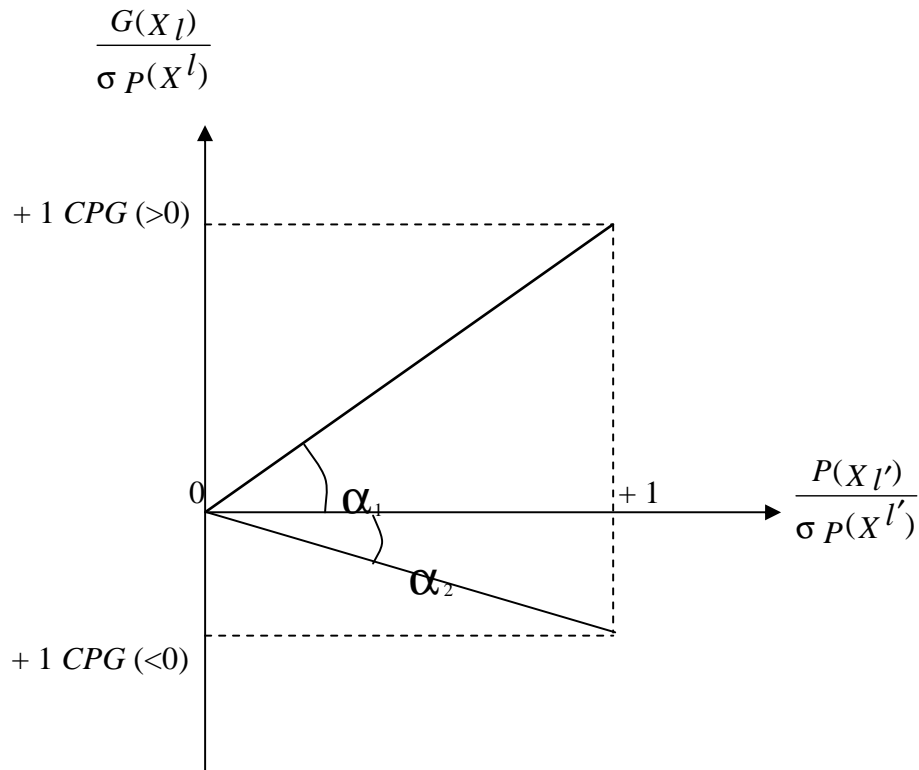


Fig.1. Représentation graphique de la notion de coefficient de prédiction génétique.

Sur cette figure est représentée la réponse corrélée du caractère X^l (axe des ordonnées), sélectionné par l'intermédiaire du caractère $X^{l'}$ (axe des abscisses). Si l'on déplace la moyenne phénotypique de la population de +1 pour $X^{l'}$ en unité d'écart-type phénotypique, il s'ensuit une réponse en valeur absolue (sélection indirecte) de $1 CPG(X^l, X^{l'})$ pour le caractère X^l . La réponse peut être positive ou négative suivant le signe du coefficient de prédiction génétique. L'héritabilité d'un caractère n'est autre que le coefficient de prédiction génétique de ce caractère avec (ou par) lui-même. Dans ce cas, la réponse est, par définition, positive ou nulle.

nombre de références bibliographiques. Nei est donc le véritable père de la notion de régression standardisée du génotype sur le phénotype, mais le terme de cohéritabilité est ambigu, à moins que l'on ne précise qu'il s'agit de la « cohéritabilité de Nei ».

On peut définir un coefficient de prédiction génétique généralisé entre un caractère X^l et un index de sélection, $I(X^l)$, d'écart-type $\sigma [I(X^l)]$, utilisant ce caractère (seul ou associé avec d'autres). La formule donnant le *CPG* généralisé est :

$$CPG[X^l, I(X^l)] = \frac{\text{cov}_G[X^l, I(X^l)]}{\sigma_P(X^l)\sigma[I(X^l)]} = \frac{\sigma[I(X^l)]}{\sigma_P(X^l)}$$

Il ne reste plus alors qu'à exprimer $\sigma [I(X^l)]$ dans chaque situation particulière.

Par exemple, dans le cas de la sélection sur test de descendance utilisant des familles de demi-frères de n individus issues de parents non consanguins, on obtient pour un index mono-caractère, si le caractère sur lequel est fondé la sélection est X^l :

$$CPG[X^l, I(X^l)] = \frac{h^2(X^l)}{2\sqrt{\frac{1}{n}\left[\frac{n-1}{4}h^2(X^l)+1\right]}}$$

Si l'on veut obtenir le coefficient de prédiction génétique entre un index construit avec le caractère X^l et un autre caractère $X^{l'}$, on peut montrer qu'il suffit de remplacer, dans cette expression, $h^2(X^l)$ par $CPG(X^l, X^{l'})$ (en prenant, bien sûr, la valeur absolue de la quantité sous le radical).

$$CPG[X^{l'}, I(X^l)] = CPG[X^l, I(X^{l'})] = \frac{CPG(X^l, X^{l'})}{2\sqrt{\frac{1}{n}\left[\frac{n-1}{4}|CPG(X^l, X^{l'})|+1\right]}}$$

Cette formulation est symétrique, comme pour le coefficient de prédiction génétique simple qui ne s'applique qu'à la sélection massale. Elle est très utile pour comparer l'efficacité de diverses méthodes de sélection. En effet, la réponse corrélée d'un caractère ne dépend, pour une méthode de sélection et pour un effectif donné par unité génétique, que d'un seul paramètre, le coefficient de prédiction génétique. Une conséquence est que les propriétés d'un *CPG* généralisé restent les mêmes que celles du *CPG* simple.

Exemple d'un demi-diallèle installé en plantation comparative

Le modèle mixte, avec un effet bloc fixé, s'écrit, μ désignant la moyenne générale, a_i et a_j les aptitudes générales à la combinaison des parents i et j , s_{ij} l'aptitude spécifique à la combinaison du couple (i,j) , β_k l'effet du bloc k et e'_{ijkl} la déviation individuelle à la moyenne de famille ajustée au bloc :

$$y_{ijkl} = \mu + a_i + a_j + s_{ij} + \beta_k + e'_{ijkl}$$

Tableau I. Modèle d'analyse de variance en demi-diallèle avec effets fixés et dispositif en blocs.

Plan de croisements non-orthogonal sans autofécondations

Carré moyen	Deg.de lib.	Espérance du carré moyen : $E(CM)$	Test F
bloc, CM_b	$B-1$	$\sigma_e^2 + [1/(B-1)] \sum_{k=1}^B n_{..k} \beta_k^2$	CM_b/CM_e non biaisé
aptitude générale, AGC CM_a	$P-1$	$\sigma_e^2 + [1/(P-1)] \sum_{i=1}^P n_i \alpha_i^2$	CM_a/CM_s non biaisé
aptitude spécifique, ASC CM_s	$C-P$	$\sigma_e^2 + [1/(C-P)] \sum_{i=1}^P \sum_{j<i} n_{ij} \sigma_{ij}^2$	CM_s/CM_r non biaisé
intra-famille CM_e	$N-D-B+1$	σ_e^2	

B : nombre de blocs, P : nombre de parents, C : nombre de croisements, réciproques confondus, N : nombre total de plants. Les tests F de l'existence de différences entre effets d'AGC d'une part et d'ASC d'autre part sont réalisés par rapport au CM intra-famille. Ils sont tous deux non biaisés.

Tableau II. Modèle mixte d'analyse de variance en demi-diallèle avec effets génétiques aléatoires et dispositif en blocs (effet bloc fixé).

Plan de croisements non-orthogonal sans autofécondations

Carré moyen et variance de l'effet	Deg.de lib.	Espérance du carré moyen : $E(CM)$	Test F
bloc, CM_b	$B-1$	$\sigma_e^2 + [1/(B-1)] \sum_{k=1}^B n_{..k} \beta_k^2$	CM_b/CM_e non biaisé
aptitude générale, AGC CM_a, σ_a^2	$P-1$	$\sigma_e^2 + k_1 \sigma_a^2 + k_2 \sigma_s^2$	CM_a/CM_s biaisé
aptitude spécifique, ASC CM_s, σ_s^2	$C-P$	$\sigma_e^2 + k_3 \sigma_s^2$	CM_s/CM_r biaisé
intra-famille CM_e, σ_e^2	$N-D-B+1$	σ_e^2	

B : nombre de blocs, P : nombre de parents, C : nombre de croisements, réciproques confondus, N : nombre total de plants. Les tests F de non nullité de la variance d'AGC est réalisé par rapport au carré moyen d'ASC. Il est biaisé si le demi-diallèle est non-orthogonal et déséquilibré. Celui de non nullité de la variance d'ASC est fait par rapport au CM intra-famille. Il est non biaisé dans tous les cas.

Pour estimer les composantes de la variance, le système à résoudre est :

$$\hat{\sigma}_e^2 = CM_e \text{ et } \begin{bmatrix} \hat{\sigma}_a^2 \\ \hat{\sigma}_s^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} k_1 & k_2 \\ k_3 & 0 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} CM_a - CM_e \\ CM_s - CM_e \end{bmatrix}$$

Pour obtenir les composantes de la covariance, il suffit de remplacer les carrés moyens par les coproduits moyens pour tout couple de caractères.

La variance phénotypique est donnée par :

$$\sigma_P^2 = \sigma^2(y_{ijkl}) = 2\sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2$$

le coefficient « 2 » est dû au fait que, dans le modèle statistique écrit plus haut, il faut tenir compte de l'apport des effets principaux (AGC) du parent i (a_i) et du parent j (a_j) dans l'expression de la variance de l'individu y_{ijkl} .

Le modèle génétique utilisé ne prend pas en compte les effets d'épistasie² (interactions entre effets des gènes situés à des loci différents). Dans ces conditions, la variance des effets génétiques additifs, σ_A^2 et la variance des effets de dominance, σ_D^2 , sont données pour les deux types d'analyse par :

$$\sigma_A^2 = \frac{1+F}{4} \text{cov}(HS) = \frac{1+F}{4} \sigma_a^2 \text{ et } \sigma_D^2 = \frac{(1+F)^2}{4} [\text{cov}(FS) - 2\text{cov}(HS)] = \frac{(1+F)^2}{4} \sigma_s^2$$

avec $\text{cov}(HS)$ = covariance entre demi-frères (« half-sibs ») et $\text{cov}(FS)$ = covariance entre pleins-frères (« full-sibs »), F étant le coefficient de consanguinité moyen de la population dont les parents sont un échantillon représentatif.

La même règle vaut pour les covariances génétiques entre caractères différents. Dans les développements qui suivent, Les héritabilités au sens strict et au sens large sont définies de façon classique respectivement par :

Pour le même caractère (héritabilité de X^l , ou coefficient de prédiction génétique de X^l par lui-même) :

- héritabilité au sens strict :

$$h_{SS}^2 = \frac{4\sigma_a^2}{(1+F)(2\sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2)}$$

soit :

² On peut montrer qu'il serait possible d'accéder à certains effets d'épistasie, par exemple de type additif-additif, en clonant tout ou partie des individus issus du plan de croisements. Ceci serait très utile chez une plante pérenne comme l'Olivier chez lequel le bouturage est particulièrement facile et produit des plants au développement très comparable à ceux issus de graine.

$$h_{SS}^2 = \frac{4\sigma_a^2}{2\sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}, \text{ si } F = 0$$

et :

$$h_{sl}^2 = \frac{2\sigma_a^2}{2\sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}, \text{ si } F = 1$$

- héritabilité au sens large :

$$h_{sl}^2 = 4 \frac{(1+F)\sigma_a^2 + \sigma_s^2}{(1+F)^2(2\sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2)}$$

soit :

$$h_{sl}^2 = 4 \frac{\sigma_a^2 + \sigma_s^2}{2\sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}, \text{ si } F = 0$$

et :

$$h_{sl}^2 = \frac{2\sigma_a^2 + \sigma_s^2}{2\sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}, \text{ si } F = 1$$

Pour deux caractères différents, X^l et $X^{l'}$ (coefficient de prédiction génétique), nous ne donnons que les formules générales si $0 \leq F \leq 1$:

- coefficient de prédiction génétique au sens strict :

$$CPG_{SS}^{ll'} = \frac{4\text{cov}_a^{ll'}}{(1+F)\sqrt{2\sigma_a^{(l)} + \sigma_s^{(l)} + \sigma_e^{(l)}}\sqrt{2\sigma_a^{(l')} + \sigma_s^{(l')} + \sigma_e^{(l')}}}$$

- coefficient de prédiction génétique au sens large :

$$CPG_{SL}^{ll'} = 4 \frac{(1+F)\text{cov}_a^{ll'} + \text{cov}_s^{ll'}}{(1+F)^2\sqrt{2\sigma_a^{(l)} + \sigma_s^{(l)} + \sigma_e^{(l)}}\sqrt{2\sigma_a^{(l')} + \sigma_s^{(l')} + \sigma_e^{(l')}}}$$

Tests de signification & intervalles de confiance des estimations

Le rééchantillonnage a pour but de calculer les variances d'échantillonnage de divers paramètres (modèle aléatoire ou mixte), à partir d'un échantillon de n individus (k variables/individu), d'une façon indépendante de la fonction qui permet de passer des observations aux estimations ou aux prédictions des paramètres qui en sont dérivés (linéaire ou non). Le système implémenté sur DIOGENE est très rapide (opère en mémoire vive) et donne les *E.S.* et intervalles de confiance sur des vecteurs entiers (par exemple, espérances de gains génétiques) ou des matrices entières (par exemple, corrélations diverses et *CPG*).

Si n est l'effectif de l'échantillon sur lequel portent les calculs, deux possibilités.

- Traitement de sous-échantillons tronqués (*JACKKNIFE*), on génère ainsi n sous-échantillons au maximum.
- estimations des paramètres très auto-corrélées (formule de Quenouille- Tukey pour calcul de la variance d'échantillonnage).
- Traitement de sous-échantillons tirés au hasard avec remise, n parmi n (*BOOTSTRAP*) : n^n sous-échantillons possibles (exhaustivité pratiquement irréalisable).
- estimations indépendantes (calcul direct de la variance d'échantillonnage).

Illustration :

Recherche des meilleurs prédicteurs du rendement dans un demi-diallèle incomplet 44 x 44 chez l'Arachide

(données de D. Clavel, CERAAS ; Thiès, Sénégal)

Ces résultats correspondent à une analyse en demi-diallèle avec dispositif en blocs (incomplets à composition aléatoire ici). On peut donc faire une analyse en modèle fixe (effets génétiques fixes) ou mixte (effets génétiques aléatoires), l'effet bloc étant toujours considéré comme fixe. Les formules indiquées ci-dessus et les tableaux 1 et 2 s'appliquent donc strictement. Les tableaux complets d'analyse de variance s'obtiennent en combinant les sorties des programmes ENVIR (ajustement à l'effet bloc pour chaque caractère après tests des effets bloc, famille et interaction) et DIAL (analyse des effets ajustés à l'effet bloc selon un modèle général en demi-diallèle non-orthogonal). Après rééchantillonnage (ici, c'est la méthode du Jackknife qui a été choisie), l'ensemble des résultats concernant les corrélations et les coefficients de prédiction génétique, présentés sous forme de matrices triangulaires-basses, sont condensés sous forme de tableaux par le programme JBMAT qui donne les tests t d'hypothèse nulle (la vraie valeur du paramètre est égale à 0) et les intervalles de confiance. On peut donc ne lire que ces sorties là pour prendre connaissance de l'ensemble des résultats concernant les estimations de paramètres génétiques (pages 19-34). Les coefficients de prédiction génétique, au sens strict et au sens large, figurent avec leurs intervalles de confiance pages 30 à 32. Pour l'ensemble des sorties, « -5 » signifie par convention « non calculable » ou « sans signification » (il en est par exemple ainsi des intervalles de confiance concernant la diagonale d'une matrice de corrélations).

On constate que pour une stratégie de sélection récurrente de sélection de géniteurs pour passer à la génération suivante, donc, fondée sur l'additivité des effets génétiques (coefficients de prédiction génétique au sens strict, p. 30-31), le poids de fanes est un bon prédicteur de la biomasse totale du plant. En revanche, le nombre de graines est un mauvais prédicteur de ce même caractère (ce qui peut s'expliquer par une faible proportion du poids de graines dans la biomasse totale). Le nombre de gousses est un bon prédicteur du nombre de graines, mais l'inverse est moins vrai (cette « dissymétrie » ne pourrait évidemment pas être évaluée par une simple inspection de la matrice des corrélations entre effets génétiques additifs). Ces commentaires sont évidemment quelque peu simplistes car déconnectés de la réalité. Il est en effet certain que les fanes et les graines n'ont pas la même valeur par unité de poids, même si les fanes ont au Sénégal une utilisation essentielle pour la nourriture du bétail... Cette recherche de prédicteurs devra donc être reformulée en fonction des véritables objectifs économiques du programme d'amélioration, qui tiennent compte du marché et de l'aspect « qualité » qui conditionne le prix de vente et les possibilités d'exportation. Il faut noter l'augmentation très forte des héritabilités au sens large par rapport aux héritabilités au sens strict. Une analyse détaillée des résultats devra donc être entreprise pour savoir si cela est vraiment dû à des effets d'hétérosis spécifiques importants (dont on pourrait tirer parti dans les sorties variétales en propageant les meilleurs hybrides, si c'est techniquement réalisable à un prix compétitif), ou bien s'il s'agit d'artefacts (« bruit de fond » environnemental ou bien d'effets maternels, génétiques ou non).

\$\$\$\$\$* 24 heures sur 24, DIOGENE a votre service ! *\$\$\$\$\$*

biometrie du fichier : spr498pm

calculs parametres genetiques demi-diallele

noms des 10 caracteres etudies :

y 1 = poidstot
y 2 = poidsgou
y 3 = poidsfan
y 4 = nbgraines
y 5 = monoMAT
y 6 = biMAT
y 7 = pourMAT
y 8 = rdtTV
y 9 = rdtSEM
y 10 = nbgousses

.....
definition des 10 caracteres etudies :

y 1 = x1
y 2 = x2
y 3 = x3
y 4 = x4
y 5 = x5
y 6 = x6
y 7 = x7
y 8 = x8
y 9 = x9
y 10 = x10
.....

ENVIR : ajustement d'un fichier de donnees a n facteurs :
modele croise non-orthogonal a n facteurs

traitement en parallele de n caracteres (observees ou creees)

carre moyen pour test f effets principaux = CM intra cellule

Option de reechantillonnage = 1

Methode = JACKKNIFE, valeur du cache = 40

```

option impression d'effets (effsup) =      0
nombre d'indicatifs/enregistrement :      6
Mode      0 (0 = quantitatif, 1 = qualitatif + transformation, 2 = qualitatif sans transformation.)
enregistrements numeros      1 a 2400
numero du premier individu traite/enregistrement :      1 , dernier =      1 , saut =      1
      10 caracteres mesures,      10 etudies
contraintes
      lim.inf.      lim.sup.
indicatif 3      1      27
indicatif 5      1      97
caractere 1     -99999.000      99999.000
caractere 1     -99999.000      99999.000

constante de correction pour d.l. d'erreur (donnees ajustees) =      0

nombre de niveaux du facteur bloc retenus :      27
nombre de niveaux du facteur famille retenus :      92
nombre de cellules bloc*famille retenues :      536

```

carres moyens & tests F sous l'hypothese d'effets fixes
(sous les tests F figurent les seuils de signification en %)

carres moyens du facteur bloc ajuste (26 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
1.6427E+04	3.3904E+03	5.5170E+03	5.8329E+03	1.2769E+02	5.8899E+02	9.7669E+02	1.4648E+02	4.9141E+02	7.4050E+03

tests F (26 et 1864 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
13.614	17.469	9.171	15.102	4.078	10.246	2.849	4.049	3.657	13.280
0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

carres moyens du facteur famille ajuste (91 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
9.4509E+03	1.4047E+03	5.7937E+03	2.5764E+03	2.1674E+02	2.9147E+02	4.1513E+03	4.6229E+02	8.8423E+02	4.8086E+03

tests F (91 et 1864 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
7.832	7.238	9.631	6.671	6.922	5.071	12.108	12.778	6.581	8.624
0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

carres moyens de l'interaction bloc*famille (418 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
1.7718E+03	2.6334E+02	8.9435E+02	4.6762E+02	3.8192E+01	6.6613E+01	4.6518E+02	4.1841E+01	1.9129E+02	8.2976E+02

tests F (418 et 1864 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
1.468	1.357	1.487	1.211	1.220	1.159	1.357	1.157	1.424	1.488
0.000	0.002	0.000	0.518	0.386	2.433	0.002	2.591	0.000	0.000

carres moyens intra-cellule bloc*famille (1864 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
1.2066E+03	1.9408E+02	6.0159E+02	3.8624E+02	3.1314E+01	5.7483E+01	3.4285E+02	3.6178E+01	1.3436E+02	5.5761E+02

moyennes (en % si caracteres qualitatifs non transformes)

moyennes generales

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
83.724	30.221	53.504	45.093	7.190	11.887	53.974	66.934	52.479	47.079

vajust cree : 2400 enreg.a 6 indic., 1 indiv.& 10 caract.

DIAL : MANOVA non orthogonale
 modele diallele avec niveau individuel sans effet reciproque
 (extension du modele Henderson III adaptee de Garretsen & Keuls 1977-78)

 Nombre moyen d'individus/donnee elementaire = 1.000
 Option de reechantillonnage = 3

Pilotage par un programme d'amont (AMONT = 1)

carre moyen pour test F des AGC = cm d'interaction

composantes individuelles utilisees pour estimation des variances-covariances.

options mat.& effets : matsup = 1 ,dendro = 0 ,effsup = 0

option elimination des selfs

facteur etudie = parent

nombre d'indicatifs/enregistrement : 6

Mode 0 (0 = quantitatif, 1 = qualitatifs + transformation, 2 = qualitatif sans transformation)

coefficient des variances - covariances des effets genetiques additifs dans composante d'AGC = 2.5000E-01

coefficient des variances - covariances de dominance dans composante d'ASC = 2.5000E-01

enregistrements numeros 1 a 2400

numero du premier individu traite/enregistrement : 1 , dernier = 1 , saut = 1

10 caracteres observes , 10 etudies

contraintes

	lim.inf.	lim.sup.
indicatif 2	1	44
indicatif 1	1	44
caractere 1	-99999.000	99999.000
caractere 1	-99999.000	99999.000

constante de correction pour d.l. d'erreur (donnees ajustees) = 26

nombre de niveaux de l'aptitude generale (AGC) : 43

nombre de cellules retenues(reciproques confondues) : 87

carres moyens & tests F sous l'hypothese d'effets aleatoires

carres moyens de l'AGC du genotype parent (42 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
1.4817E+04	2.0447E+03	8.9956E+03	3.7968E+03	2.7233E+02	4.2860E+02	7.0330E+03	7.3059E+02	1.4907E+03	7.5611E+03

tests F (42 et 44 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
2.678	1.815	3.011	1.935	1.424	1.976	3.404	2.741	3.474	2.536
0.080%	2.648%	0.022%	1.621%	12.438%	1.369%	0.005%	0.062%	0.004%	0.140%

carres moyens de l'aptitude specifique, ASC (44 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
5.5337E+03	1.1264E+03	2.9871E+03	1.9620E+03	1.9124E+02	2.1686E+02	2.0662E+03	2.6657E+02	4.2912E+02	2.9810E+03

tests F (44 et 2180 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
4.242	5.473	4.573	4.991	5.920	3.771	5.719	7.135	2.971	4.940
0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%	0.000%

carres moyens intra-cellule (2180 d.l.)

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
1.3044E+03	2.0580E+02	6.5323E+02	3.9307E+02	3.2302E+01	5.7500E+01	3.6132E+02	3.7363E+01	1.4446E+02	6.0348E+02

Esperance des 3 sommes de carres et coproduits (modele aleatoire) :

ve = variance intra, var(ASC) = variance d'aptitude specifique, var(AGC) = variance d'aptitude generale

S1 = 42 ve + 1123.112 var(ASC) + 4337.162 var(AGC)

S2 = 44 ve + 1142.709 var(ASC)

S3 = 2180 ve

correlations des effets d'aptitude generale a la combinaison

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
y 2: poidsgou	0.719	1.000								
y 3: poidsfan	0.963	0.506	1.000							
y 4: nbgraines	0.564	0.764	0.404	1.000						
y 5: monoMAT	0.745	0.741	0.639	0.405	1.000					
y 6: biIMAT	0.664	0.220	0.739	0.302	-0.384	1.000				
y 7: pourMAT	-0.307	0.285	-0.492	0.576	0.232	-0.488	1.000			
y 8: rdtTV	-0.130	0.425	-0.326	0.446	0.053	-0.440	1.103	1.000		
y 9: rdtSEM	-0.280	0.476	-0.532	0.509	0.383	-0.496	0.993	0.960	1.000	
y 10: nbgousses	0.183	0.737	-0.059	0.916	0.534	-0.067	0.829	0.743	0.811	1.000

correlations des effets d'aptitude specifiques a la combinaison

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
y 2: poidsgou	0.714	1.000								
y 3: poidsfan	0.898	0.333	1.000							
y 4: nbgraines	0.235	0.510	-0.005	1.000						
y 5: monoMAT	-0.039	0.210	-0.185	0.718	1.000					
y 6: biIMAT	0.460	0.612	0.235	0.482	-0.039	1.000				
y 7: pourMAT	0.080	0.514	-0.215	0.589	0.276	0.148	1.000			
y 8: rdtTV	-0.141	0.311	-0.385	0.541	0.456	0.134	0.381	1.000		
y 9: rdtSEM	0.100	0.488	-0.172	0.414	0.420	-0.005	0.365	0.801	1.000	
y 10: nbgousses	0.302	0.658	-0.007	0.894	0.429	0.582	0.727	0.576	0.547	1.000

correlations intra-cellule

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
y 2: poidsgou	0.827	1.000								
y 3: poidsfan	0.949	0.607	1.000							
y 4: nbgraines	0.774	0.900	0.588	1.000						
y 5: monoMAT	0.400	0.463	0.305	0.576	1.000					
y 6: biIMAT	0.566	0.598	0.465	0.635	0.025	1.000				
y 7: pourMAT	0.179	0.306	0.081	0.248	0.460	-0.263	1.000			
y 8: rdtTV	-0.011	0.156	-0.102	0.123	0.228	-0.161	0.536	1.000		
y 9: rdtSEM	-0.022	0.140	-0.109	0.031	0.193	-0.262	0.499	0.687	1.000	
y 10: nbgousses	0.661	0.862	0.450	0.840	0.466	0.433	0.389	0.300	0.406	1.000

Decomposition des variances-covariances selon plan de croisements

correlations des effets genetiques additifs

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
y 2: poidsgou	0.719	1.000								
y 3: poidsfan	0.963	0.506	1.000							
y 4: nbgraines	0.564	0.764	0.404	1.000						
y 5: monoMAT	0.745	0.741	0.639	0.405	1.000					
y 6: biIMAT	0.664	0.220	0.739	0.302	-0.384	1.000				
y 7: pourMAT	-0.307	0.285	-0.492	0.576	0.232	-0.488	1.000			
y 8: rdtTV	-0.130	0.425	-0.326	0.446	0.053	-0.440	1.103	1.000		
y 9: rdtSEM	-0.280	0.476	-0.532	0.509	0.383	-0.496	0.993	0.960	1.000	
y 10: nbgousses	0.183	0.737	-0.059	0.916	0.534	-0.067	0.829	0.743	0.811	1.000

correlations des effets de dominance

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
y 2: poidsgou	0.714	1.000								
y 3: poidsfan	0.898	0.333	1.000							
y 4: nbgraines	0.235	0.510	-0.005	1.000						
y 5: monoMAT	-0.039	0.210	-0.185	0.718	1.000					
y 6: biIMAT	0.460	0.612	0.235	0.482	-0.039	1.000				
y 7: pourMAT	0.080	0.514	-0.215	0.589	0.276	0.148	1.000			
y 8: rdtTV	-0.141	0.311	-0.385	0.541	0.456	0.134	0.381	1.000		
y 9: rdtSEM	0.100	0.488	-0.172	0.414	0.420	-0.005	0.365	0.801	1.000	
y 10: nbgousses	0.302	0.658	-0.007	0.894	0.429	0.582	0.727	0.576	0.547	1.000

correlations des effets genetiques totaux

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
y 2: poidsgou	0.704	1.000								
y 3: poidsfan	0.921	0.373	1.000							
y 4: nbgraines	0.324	0.563	0.116	1.000						
y 5: monoMAT	0.116	0.286	-0.005	0.661	1.000					
y 6: biIMAT	0.517	0.525	0.388	0.439	-0.095	1.000				
y 7: pourMAT	-0.069	0.433	-0.327	0.572	0.248	-0.059	1.000			
y 8: rdtTV	-0.137	0.337	-0.363	0.511	0.361	-0.031	0.650	1.000		
y 9: rdtSEM	-0.058	0.461	-0.328	0.429	0.373	-0.174	0.647	0.856	1.000	
y 10: nbgousses	0.261	0.671	-0.025	0.894	0.433	0.397	0.761	0.631	0.644	1.000

pourcentage d'additivite dans la variance genetique

y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
35.258	19.577	39.024	22.279	10.783	24.625	42.035	33.407	48.197	32.296

correlations des effets d'environnement

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
y 2: poidsgou	0.987	1.000								
y 3: poidsfan	0.996	0.968	1.000							
y 4: nbgraines	1.309	1.379	1.254	1.000						
y 5: monoMAT	0.827	0.773	0.847	0.438	1.000					
y 6: biIMAT	0.627	0.673	0.594	0.813	0.130	1.000				
y 7: pourMAT	0.656	-0.034	1.030	-0.459	1.034	-0.755	1.000			
y 8: rdtTV	0.524	-0.628	1.155	-1.604	-0.458	-0.926	0.231	1.000		
y 9: rdtSEM	-0.021	-0.158	0.054	-0.300	0.024	-0.340	0.515	1.023	1.000	
y 10: nbgousses	1.154	1.154	1.140	0.770	0.519	0.441	-0.487	-1.118	0.227	1.000

correlations phenotypiques

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
y 2: poidsgou	0.801	1.000								
y 3: poidsfan	0.945	0.561	1.000							
y 4: nbgraines	0.694	0.840	0.499	1.000						
y 5: monoMAT	0.363	0.439	0.261	0.585	1.000					
y 6: biIMAT	0.562	0.574	0.463	0.596	-0.002	1.000				
y 7: pourMAT	0.098	0.326	-0.043	0.324	0.402	-0.236	1.000			
y 8: rdtTV	-0.043	0.205	-0.171	0.215	0.245	-0.149	0.610	1.000		
y 9: rdtSEM	-0.041	0.200	-0.166	0.107	0.224	-0.260	0.553	0.724	1.000	
y 10: nbgousses	0.569	0.822	0.337	0.851	0.460	0.405	0.491	0.395	0.462	1.000

matrices des coefficients de prediction genetique (h2 sur diagonale)

Coefficients de prediction genetique au sens strict

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	0.216									
y 2: poidsgou	0.122	0.134								
y 3: poidsfan	0.232	0.096	0.268							
y 4: nbgraines	0.099	0.105	0.079	0.142						
y 5: monoMAT	0.094	0.074	0.090	0.042	0.074					
y 6: biIMAT	0.106	0.028	0.132	0.039	-0.036	0.119				
y 7: pourMAT	-0.086	0.063	-0.154	0.131	0.038	-0.101	0.365			
y 8: rdtTV	-0.034	0.088	-0.096	0.095	0.008	-0.086	0.378	0.322		
y 9: rdtSEM	-0.063	0.084	-0.133	0.092	0.050	-0.082	0.289	0.262	0.232	
y 10: nbgousses	0.040	0.127	-0.014	0.163	0.069	-0.011	0.236	0.199	0.185	0.223

coefficients de prediction genetique au sens large

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	0.612									
y 2: poidsgou	0.455	0.682								
y 3: poidsfan	0.597	0.255	0.687							
y 4: nbgraines	0.202	0.371	0.077	0.637						
y 5: monoMAT	0.075	0.196	-0.003	0.437	0.688					
y 6: biIMAT	0.281	0.301	0.223	0.243	-0.054	0.481				
y 7: pourMAT	-0.050	0.333	-0.252	0.425	0.192	-0.038	0.868			
y 8: rdtTV	-0.105	0.273	-0.295	0.400	0.294	-0.021	0.594	0.963		
y 9: rdtSEM	-0.031	0.264	-0.188	0.238	0.214	-0.084	0.418	0.583	0.481	
y 10: nbgousses	0.170	0.461	-0.017	0.594	0.299	0.229	0.589	0.515	0.371	0.691

Estimation des Aptitudes Generales et Specifiques a la Combinaison

correlations entre ecovalences (41 d.l.)

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
y 2: poidsgou	0.651	1.000								
y 3: poidsfan	0.892	0.379	1.000							
y 4: nbgraines	0.279	0.367	0.305	1.000						
y 5: monoMAT	0.444	0.443	0.419	0.537	1.000					
y 6: biIMAT	0.319	0.310	0.416	0.250	0.137	1.000				
y 7: pourMAT	0.161	0.506	0.159	0.362	0.491	0.279	1.000			
y 8: rdtTV	0.029	0.133	0.135	0.682	0.384	0.197	0.369	1.000		
y 9: rdtSEM	0.116	0.221	0.166	0.614	0.588	-0.031	0.525	0.559	1.000	
y 10: nbgousses	0.165	0.520	0.151	0.837	0.610	0.277	0.636	0.622	0.684	1.000

Programme JBMAT : E.S. et intervalles de confiance d'elements de matrices

Methode utilisee pour calcul des E.S. = JACKKNIFE

Seuil choisi pour les intervalles de confiance = 95.000%

Coefficient des E.S. calcule = 1.9771

Pour les intervalles de confiance, ligne 1 = limite sup., ligne 2 = limite inf.

nombre de degres de liberte pour les E.S. = 59

Parametres et tests de la matrice numero 1
correlations des effets d'aptitude generale a la combinaison

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
y 1: poidstot	1.000									
E.stand:	-5.000									
Test t:	0.000									
Signif.(%):	100.000									
y 2: poidsgou	0.719	1.000								
E.stand:	0.074	-5.000								
Test t:	9.694	0.000								
Signif.(%):	0.000	100.000								
y 3: poidsfan	0.963	0.506	1.000							
E.stand:	0.013	0.120	-5.000							
Test t:	76.199	4.221	0.000							
Signif.(%):	0.000	0.012	100.000							
y 4: nbgraines	0.564	0.764	0.404	1.000						
E.stand:	0.105	0.092	0.128	-5.000						
Test t:	5.367	8.321	3.165	0.000						
Signif.(%):	0.000	0.000	0.258	100.000						
y 5: monoMAT	0.745	0.741	0.639	0.405	1.000					
E.stand:	0.200	0.200	0.213	0.192	-5.000					
Test t:	3.730	3.705	3.001	2.114	0.000					
Signif.(%):	0.053	0.057	0.401	3.672	100.000					
y 6: biIMAT	0.664	0.220	0.739	0.302	-0.384	1.000				
E.stand:	0.116	0.188	0.122	0.161	0.259	-5.000				
Test t:	5.708	1.171	6.048	1.871	1.481	0.000				
Signif.(%):	0.000	24.480	0.000	6.302	13.985	100.000				
y 7: pourMAT	-0.307	0.285	-0.492	0.576	0.232	-0.488	1.000			
E.stand:	0.103	0.128	0.092	0.100	0.161	0.130	-5.000			
Test t:	2.984	2.222	5.340	5.771	1.436	3.743	0.000			
Signif.(%):	0.420	2.858	0.000	0.000	15.231	0.051	100.000			
y 8: rdtTV	-0.130	0.425	-0.326	0.446	0.053	-0.440	1.103	1.000		
E.stand:	0.123	0.163	0.100	0.131	0.198	0.141	0.044	-5.000		
Test t:	1.051	2.614	3.264	3.396	0.267	3.128	24.803	0.000		

Signif.(%):	29.806	1.098	0.196	0.136	78.648	0.284	0.000	100.000		
y 9: rdtSEM	-0.280	0.476	-0.532	0.509	0.383	-0.496	0.993	0.960	1.000	
E.stand:	0.110	0.139	0.096	0.122	0.186	0.136	0.047	0.038	-5.000	
Test t:	2.557	3.417	5.520	4.174	2.054	3.637	20.978	25.066	0.000	
Signif.(%):	1.265	0.128	0.000	0.014	4.206	0.069	0.000	0.000	100.000	
y 10: nbgousses	0.183	0.737	-0.059	0.916	0.534	-0.067	0.829	0.743	0.811	1.000
E.stand:	0.113	0.079	0.119	0.032	0.176	0.176	0.060	0.075	0.064	-5.000
Test t:	1.623	9.306	0.495	28.464	3.043	0.382	13.857	9.924	12.697	0.000
Signif.(%):	10.586	0.000	62.826	0.000	0.358	70.509	0.000	0.000	0.000	100.000

Intervalles de confiance de la matrice 1
correlations des effets d'aptitude generale a la combinaison

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	-5.000									
	-5.000									
y 2: poidsgou	0.866	-5.000								
	0.573	-5.000								
y 3: poidsfan	0.988	0.743	-5.000							
	0.938	0.269	-5.000							
y 4: nbgraines	0.771	0.945	0.656	-5.000						
	0.356	0.582	0.152	-5.000						
y 5: monoMAT	1.000	1.000	1.000	0.784	-5.000					
	0.350	0.345	0.218	0.026	-5.000					
y 6: biIMAT	0.894	0.591	0.981	0.621	0.129	-5.000				
	0.434	-0.151	0.498	-0.017	-0.897	-5.000				
y 7: pourMAT	-0.104	0.539	-0.310	0.773	0.551	-0.230	-5.000			
	-0.510	0.031	-0.674	0.379	-0.087	-0.745	-5.000			
y 8: rdtTV	0.114	0.747	-0.128	0.706	0.445	-0.162	1.000	-5.000		
	-0.374	0.104	-0.523	0.186	-0.339	-0.718	-1.000	-5.000		
y 9: rdtSEM	-0.064	0.752	-0.342	0.750	0.752	-0.226	1.000	1.000	-5.000	
	-0.497	0.201	-0.723	0.268	0.014	-0.765	0.899	0.885	-5.000	
y 10: nbgousses	0.405	0.894	0.176	0.979	0.881	0.281	0.947	0.891	0.937	-5.000
	-0.040	0.581	-0.294	0.852	0.187	-0.416	0.710	0.595	0.685	-5.000

Parametres et tests de la matrice numero 2
 correlations des effets d'aptitude specifique a la combinaison

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
E.stand:	-5.000									
Test t:	0.000									
Signif.(%):	100.000									
y 2: poidsgou	0.714	1.000								
E.stand:	0.055	-5.000								
Test t:	12.909	0.000								
Signif.(%):	0.000	100.000								
y 3: poidsfan	0.898	0.333	1.000							
E.stand:	0.020	0.095	-5.000							
Test t:	44.320	3.518	0.000							
Signif.(%):	0.000	0.096	100.000							
y 4: nbgraines	0.235	0.510	-0.005	1.000						
E.stand:	0.129	0.061	0.154	-5.000						
Test t:	1.825	8.322	0.031	0.000						
Signif.(%):	6.963	0.000	97.342	100.000						
y 5: monoMAT	-0.039	0.210	-0.185	0.718	1.000					
E.stand:	0.125	0.098	0.126	0.059	-5.000					
Test t:	0.311	2.152	1.467	12.091	0.000					
Signif.(%):	75.493	3.363	14.382	0.000	100.000					
y 6: biIMAT	0.460	0.612	0.235	0.482	-0.039	1.000				
E.stand:	0.126	0.083	0.147	0.105	0.130	-5.000				
Test t:	3.657	7.336	1.595	4.602	0.301	0.000				
Signif.(%):	0.065	0.000	11.198	0.004	76.237	100.000				
y 7: pourMAT	0.080	0.514	-0.215	0.589	0.276	0.148	1.000			
E.stand:	0.116	0.089	0.113	0.086	0.101	0.129	-5.000			
Test t:	0.686	5.758	1.908	6.887	2.725	1.146	0.000			
Signif.(%):	50.266	0.000	5.827	0.000	0.827	25.547	100.000			
y 8: rdtTV	-0.141	0.311	-0.385	0.541	0.456	0.134	0.381	1.000		
E.stand:	0.133	0.112	0.113	0.106	0.097	0.117	0.085	-5.000		
Test t:	1.059	2.768	3.401	5.123	4.697	1.150	4.504	0.000		
Signif.(%):	29.426	0.740	0.134	0.001	0.003	25.358	0.005	100.000		
y 9: rdtSEM	0.100	0.488	-0.172	0.414	0.420	-0.005	0.365	0.801	1.000	
E.stand:	0.168	0.137	0.161	0.139	0.135	0.173	0.133	0.056	-5.000	
Test t:	0.593	3.572	1.070	2.974	3.116	0.026	2.750	14.320	0.000	
Signif.(%):	56.245	0.083	28.934	0.431	0.294	97.730	0.775	0.000	100.000	
y 10: nbgousses	0.302	0.658	-0.007	0.894	0.429	0.582	0.727	0.576	0.547	1.000
E.stand:	0.106	0.050	0.133	0.029	0.095	0.111	0.080	0.094	0.117	-5.000
Test t:	2.836	13.164	0.053	30.868	4.542	5.230	9.091	6.122	4.670	0.000
Signif.(%):	0.620	0.000	95.681	0.000	0.005	0.001	0.000	0.000	0.003	100.000

Intervalles de confiance de la matrice 2
 correlations des effets d'aptitude specifique a la combinaison

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	-5.000 -5.000									
y 2: poidsgou	0.823 0.604	-5.000 -5.000								
y 3: poidsfan	0.938 0.858	0.519 0.146	-5.000 -5.000							
y 4: nbgraines	0.489 -0.020	0.632 0.389	0.300 -0.310	-5.000 -5.000						
y 5: monoMAT	0.209 -0.287	0.403 0.017	0.064 -0.433	0.836 0.601	-5.000 -5.000					
y 6: biIMAT	0.709 0.211	0.777 0.447	0.526 -0.056	0.688 0.275	0.218 -0.297	-5.000 -5.000				
y 7: pourMAT	0.310 -0.150	0.690 0.337	0.008 -0.438	0.758 0.420	0.477 0.076	0.403 -0.107	-5.000 -5.000			
y 8: rdtTV	0.122 -0.404	0.533 0.089	-0.161 -0.609	0.750 0.333	0.647 0.264	0.365 -0.097	0.548 0.214	-5.000 -5.000		
y 9: rdtSEM	0.432 -0.233	0.758 0.218	0.146 -0.490	0.689 0.139	0.686 0.153	0.337 -0.346	0.628 0.103	0.912 0.691	-5.000 -5.000	
y 10: nbgousses	0.512 0.091	0.757 0.559	0.256 -0.270	0.952 0.837	0.616 0.242	0.801 0.362	0.885 0.569	0.762 0.390	0.778 0.315	-5.000 -5.000

Parametres et tests de la matrice numero 3
 correlations des effets genetiques additifs

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
E.stand:	-5.000									
Test t:	0.000									
Signif.(%):	100.000									
y 2: poidsgou	0.719	1.000								
E.stand:	0.074	-5.000								
Test t:	9.694	0.000								
Signif.(%):	0.000	100.000								
y 3: poidsfan	0.963	0.506	1.000							
E.stand:	0.013	0.120	-5.000							
Test t:	76.199	4.221	0.000							
Signif.(%):	0.000	0.012	100.000							
y 4: nbgraines	0.564	0.764	0.404	1.000						
E.stand:	0.105	0.092	0.128	-5.000						
Test t:	5.367	8.321	3.165	0.000						
Signif.(%):	0.000	0.000	0.258	100.000						
y 5: monoMAT	0.745	0.741	0.639	0.405	1.000					
E.stand:	0.200	0.200	0.213	0.192	-5.000					

Test t:	3.730	3.705	3.001	2.114	0.000						
Signif.(%):	0.053	0.057	0.401	3.672	100.000						
y 6: biIMAT	0.664	0.220	0.739	0.302	-0.384	1.000					
E.stand:	0.116	0.188	0.122	0.161	0.259	-5.000					
Test t:	5.708	1.171	6.048	1.871	1.481	0.000					
Signif.(%):	0.000	24.480	0.000	6.302	13.985	100.000					
y 7: pourMAT	-0.307	0.285	-0.492	0.576	0.232	-0.488	1.000				
E.stand:	0.103	0.128	0.092	0.100	0.161	0.130	-5.000				
Test t:	2.984	2.222	5.340	5.771	1.436	3.743	0.000				
Signif.(%):	0.420	2.858	0.000	0.000	15.231	0.051	100.000				
y 8: rdtTV	-0.130	0.425	-0.326	0.446	0.053	-0.440	1.103	1.000			
E.stand:	0.123	0.163	0.100	0.131	0.198	0.141	0.044	-5.000			
Test t:	1.051	2.614	3.264	3.396	0.267	3.128	24.803	0.000			
Signif.(%):	29.806	1.098	0.196	0.136	78.648	0.284	0.000	100.000			
y 9: rdtSEM	-0.280	0.476	-0.532	0.509	0.383	-0.496	0.993	0.960	1.000		
E.stand:	0.110	0.139	0.096	0.122	0.186	0.136	0.047	0.038	-5.000		
Test t:	2.557	3.417	5.520	4.174	2.054	3.637	20.978	25.066	0.000		
Signif.(%):	1.265	0.128	0.000	0.014	4.206	0.069	0.000	0.000	100.000		
y 10: nbgousses	0.183	0.737	-0.059	0.916	0.534	-0.067	0.829	0.743	0.811	1.000	
E.stand:	0.113	0.079	0.119	0.032	0.176	0.176	0.060	0.075	0.064	-5.000	
Test t:	1.623	9.306	0.495	28.464	3.043	0.382	13.857	9.924	12.697	0.000	
Signif.(%):	10.586	0.000	62.826	0.000	0.358	70.509	0.000	0.000	0.000	100.000	

Intervalles de confiance de la matrice 3
correlations des effets genetiques additifs

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	-5.000									
	-5.000									
y 2: poidsgou	0.866	-5.000								
	0.573	-5.000								
y 3: poidsfan	0.988	0.743	-5.000							
	0.938	0.269	-5.000							
y 4: nbgraines	0.771	0.945	0.656	-5.000						
	0.356	0.582	0.152	-5.000						
y 5: monoMAT	1.000	1.000	1.000	0.784	-5.000					
	0.350	0.345	0.218	0.026	-5.000					
y 6: biIMAT	0.894	0.591	0.981	0.621	0.129	-5.000				
	0.434	-0.151	0.498	-0.017	-0.897	-5.000				
y 7: pourMAT	-0.104	0.539	-0.310	0.773	0.551	-0.230	-5.000			
	-0.510	0.031	-0.674	0.379	-0.087	-0.745	-5.000			
y 8: rdtTV	0.114	0.747	-0.128	0.706	0.445	-0.162	1.000	-5.000		
	-0.374	0.104	-0.523	0.186	-0.339	-0.718	-1.000	-5.000		
y 9: rdtSEM	-0.064	0.752	-0.342	0.750	0.752	-0.226	1.000	1.000	-5.000	
	-0.497	0.201	-0.723	0.268	0.014	-0.765	0.899	0.885	-5.000	
y 10: nbgousses	0.405	0.894	0.176	0.979	0.881	0.281	0.947	0.891	0.937	-5.000
	-0.040	0.581	-0.294	0.852	0.187	-0.416	0.710	0.595	0.685	-5.000

Parametres et tests de la matrice numero 4
 correlations des effets de dominance

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
E.stand:	-5.000									
Test t:	0.000									
Signif.(%):	100.000									
y 2: poidsgou	0.714	1.000								
E.stand:	0.055	-5.000								
Test t:	12.909	0.000								
Signif.(%):	0.000	100.000								
y 3: poidsfan	0.898	0.333	1.000							
E.stand:	0.020	0.095	-5.000							
Test t:	44.320	3.518	0.000							
Signif.(%):	0.000	0.096	100.000							
y 4: nbgraines	0.235	0.510	-0.005	1.000						
E.stand:	0.129	0.061	0.154	-5.000						
Test t:	1.825	8.322	0.031	0.000						
Signif.(%):	6.963	0.000	97.342	100.000						
y 5: monoMAT	-0.039	0.210	-0.185	0.718	1.000					
E.stand:	0.125	0.098	0.126	0.059	-5.000					
Test t:	0.311	2.152	1.467	12.091	0.000					
Signif.(%):	75.493	3.363	14.382	0.000	100.000					
y 6: biIMAT	0.460	0.612	0.235	0.482	-0.039	1.000				
E.stand:	0.126	0.083	0.147	0.105	0.130	-5.000				
Test t:	3.657	7.336	1.595	4.602	0.301	0.000				
Signif.(%):	0.065	0.000	11.198	0.004	76.237	100.000				
y 7: pourMAT	0.080	0.514	-0.215	0.589	0.276	0.148	1.000			
E.stand:	0.116	0.089	0.113	0.086	0.101	0.129	-5.000			
Test t:	0.686	5.758	1.908	6.887	2.725	1.146	0.000			
Signif.(%):	50.266	0.000	5.827	0.000	0.827	25.547	100.000			
y 8: rdtTV	-0.141	0.311	-0.385	0.541	0.456	0.134	0.381	1.000		
E.stand:	0.133	0.112	0.113	0.106	0.097	0.117	0.085	-5.000		
Test t:	1.059	2.768	3.401	5.123	4.697	1.150	4.504	0.000		
Signif.(%):	29.426	0.740	0.134	0.001	0.003	25.358	0.005	100.000		
y 9: rdtSEM	0.100	0.488	-0.172	0.414	0.420	-0.005	0.365	0.801	1.000	
E.stand:	0.168	0.137	0.161	0.139	0.135	0.173	0.133	0.056	-5.000	
Test t:	0.593	3.572	1.070	2.974	3.116	0.026	2.750	14.320	0.000	
Signif.(%):	56.245	0.083	28.934	0.431	0.294	97.730	0.775	0.000	100.000	
y 10: nbgousses	0.302	0.658	-0.007	0.894	0.429	0.582	0.727	0.576	0.547	1.000
E.stand:	0.106	0.050	0.133	0.029	0.095	0.111	0.080	0.094	0.117	-5.000
Test t:	2.836	13.164	0.053	30.868	4.542	5.230	9.091	6.122	4.670	0.000
Signif.(%):	0.620	0.000	95.681	0.000	0.005	0.001	0.000	0.000	0.003	100.000

Intervalles de confiance de la matrice 4
 correlations des effets de dominance

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	-5.000									
	-5.000									
y 2: poidsgou	0.823	-5.000								
	0.604	-5.000								
y 3: poidsfan	0.938	0.519	-5.000							
	0.858	0.146	-5.000							
y 4: nbgraines	0.489	0.632	0.300	-5.000						
	-0.020	0.389	-0.310	-5.000						
y 5: monoMAT	0.209	0.403	0.064	0.836	-5.000					
	-0.287	0.017	-0.433	0.601	-5.000					
y 6: biIMAT	0.709	0.777	0.526	0.688	0.218	-5.000				
	0.211	0.447	-0.056	0.275	-0.297	-5.000				
y 7: pourMAT	0.310	0.690	0.008	0.758	0.477	0.403	-5.000			
	-0.150	0.337	-0.438	0.420	0.076	-0.107	-5.000			
y 8: rdtTV	0.122	0.533	-0.161	0.750	0.647	0.365	0.548	-5.000		
	-0.404	0.089	-0.609	0.333	0.264	-0.097	0.214	-5.000		
y 9: rdtSEM	0.432	0.758	0.146	0.689	0.686	0.337	0.628	0.912	-5.000	
	-0.233	0.218	-0.490	0.139	0.153	-0.346	0.103	0.691	-5.000	
y 10: nbgousses	0.512	0.757	0.256	0.952	0.616	0.801	0.885	0.762	0.778	-5.000
	0.091	0.559	-0.270	0.837	0.242	0.362	0.569	0.390	0.315	-5.000

Parametres et tests de la matrice numero 5
 correlations des effets genetiques totaux

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
E.stand:	-5.000									
Test t:	0.000									
Signif.(%):	100.000									
y 2: poidsgou	0.704	1.000								
E.stand:	0.038	-5.000								
Test t:	18.558	0.000								
Signif.(%):	0.000	100.000								
y 3: poidsfan	0.921	0.373	1.000							
E.stand:	0.010	0.063	-5.000							
Test t:	88.738	5.922	0.000							
Signif.(%):	0.000	0.000	100.000							
y 4: nbgraines	0.324	0.563	0.116	1.000						
E.stand:	0.081	0.044	0.097	-5.000						
Test t:	3.982	12.908	1.192	0.000						
Signif.(%):	0.025	0.000	23.614	100.000						
y 5: monoMAT	0.116	0.286	-0.005	0.661	1.000					

E.stand:	0.082	0.075	0.079	0.045	-5.000						
Test t:	1.405	3.818	0.064	14.791	0.000						
Signif.(%):	16.163	0.041	94.722	0.000	100.000						
y 6: biIMAT	0.517	0.525	0.388	0.439	-0.095	1.000					
E.stand:	0.074	0.062	0.085	0.073	0.093	-5.000					
Test t:	7.005	8.407	4.579	5.995	1.024	0.000					
Signif.(%):	0.000	0.000	0.004	0.000	31.129	100.000					
y 7: pourMAT	-0.069	0.433	-0.327	0.572	0.248	-0.059	1.000				
E.stand:	0.065	0.053	0.060	0.056	0.061	0.074	-5.000				
Test t:	1.067	8.175	5.433	10.191	4.081	0.803	0.000				
Signif.(%):	29.045	0.000	0.000	0.000	0.019	56.956	100.000				
y 8: rdtTV	-0.137	0.337	-0.363	0.511	0.361	-0.031	0.650	1.000			
E.stand:	0.069	0.061	0.060	0.061	0.057	0.074	0.038	-5.000			
Test t:	1.975	5.500	6.013	8.345	6.356	0.417	17.019	0.000			
Signif.(%):	5.026	0.000	0.000	0.000	0.000	68.086	0.000	100.000			
y 9: rdtSEM	-0.058	0.461	-0.328	0.429	0.373	-0.174	0.647	0.856	1.000		
E.stand:	0.080	0.069	0.075	0.079	0.075	0.086	0.054	0.024	-5.000		
Test t:	0.721	6.725	4.376	5.424	4.985	2.029	11.997	36.026	0.000		
Signif.(%):	51.956	0.000	0.008	0.000	0.001	4.455	0.000	0.000	100.000		
y 10: nbgousses	0.261	0.671	-0.025	0.894	0.433	0.397	0.761	0.631	0.644	1.000	
E.stand:	0.066	0.030	0.081	0.018	0.061	0.071	0.044	0.049	0.059	-5.000	
Test t:	3.986	22.613	0.313	49.660	7.103	5.559	17.458	12.921	10.949	0.000	
Signif.(%):	0.025	0.000	75.358	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	100.000	

Intervalles de confiance de la matrice 5
correlations des effets genetiques totaux

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	-5.000									
	-5.000									
y 2: poidsgou	0.779	-5.000								
	0.629	-5.000								
y 3: poidsfan	0.942	0.497	-5.000							
	0.901	0.248	-5.000							
y 4: nbgraines	0.485	0.649	0.308	-5.000						
	0.163	0.477	-0.076	-5.000						
y 5: monoMAT	0.278	0.434	0.151	0.749	-5.000					
	-0.047	0.138	-0.161	0.573	-5.000					
y 6: biIMAT	0.663	0.648	0.556	0.584	0.088	-5.000				
	0.371	0.401	0.221	0.294	-0.278	-5.000				
y 7: pourMAT	0.059	0.537	-0.208	0.683	0.368	0.087	-5.000			
	-0.198	0.328	-0.446	0.461	0.128	-0.205	-5.000			
y 8: rdtTV	0.000	0.457	-0.244	0.632	0.474	0.116	0.725	-5.000		
	-0.274	0.216	-0.483	0.390	0.249	-0.178	0.574	-5.000		
y 9: rdtSEM	0.100	0.597	-0.180	0.586	0.520	-0.004	0.754	0.903	-5.000	
	-0.216	0.326	-0.476	0.273	0.225	-0.343	0.540	0.809	-5.000	
y 10: nbgousses	0.391	0.730	0.135	0.930	0.554	0.538	0.847	0.727	0.760	-5.000
	0.132	0.612	-0.186	0.859	0.313	0.255	0.675	0.534	0.527	-5.000

Parametres et tests de la matrice numero 6
 correlations des effets d'environnement

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
E.stand:	-5.000									
Test t:	0.000									
Signif.(%):	100.000									
y 2: poidsgou	0.987	1.000								
E.stand:	0.041	-5.000								
Test t:	24.339	0.000								
Signif.(%):	0.000	100.000								
y 3: poidsfan	0.996	0.968	1.000							
E.stand:	0.012	0.097	-5.000							
Test t:	81.452	10.031	0.000							
Signif.(%):	0.000	0.000	100.000							
y 4: nbgraines	1.309	1.379	1.254	1.000						
E.stand:	0.067	0.082	0.115	-5.000						
Test t:	19.398	16.904	10.890	0.000						
Signif.(%):	0.000	0.000	0.000	100.000						
y 5: monoMAT	0.827	0.773	0.847	0.438	1.000					
E.stand:	0.136	0.140	0.165	0.092	-5.000					
Test t:	6.062	5.538	5.135	4.757	0.000					
Signif.(%):	0.000	0.000	0.001	0.002	100.000					
y 6: biIMAT	0.627	0.673	0.594	0.813	0.130	1.000				
E.stand:	0.075	0.073	0.100	0.061	0.127	-5.000				
Test t:	8.323	9.206	5.961	13.422	1.022	0.000				
Signif.(%):	0.000	0.000	0.000	0.000	31.196	100.000				
y 7: pourMAT	0.656	-0.034	1.030	-0.459	1.034	-0.755	1.000			
E.stand:	0.191	0.219	0.269	0.269	0.209	0.204	-5.000			
Test t:	3.441	0.156	3.832	1.705	4.944	3.708	0.000			
Signif.(%):	0.120	87.117	0.039	8.959	0.001	0.056	100.000			
y 8: rdtTV	0.524	-0.628	1.155	-1.604	-0.458	-0.926	0.231	1.000		
E.stand:	0.724	1.006	1.434	2.049	0.844	1.072	0.590	-5.000		
Test t:	0.724	0.624	0.805	0.783	0.543	0.863	0.391	0.000		
Signif.(%):	52.125	54.221	57.079	55.727	59.610	60.436	69.933	100.000		
y 9: rdtSEM	-0.021	-0.158	0.054	-0.300	0.024	-0.340	0.515	1.023	1.000	
E.stand:	0.093	0.125	0.105	0.112	0.112	0.079	0.131	0.873	-5.000	
Test t:	0.229	1.266	0.517	2.682	0.212	4.300	3.927	1.172	0.000	
Signif.(%):	81.438	20.776	61.290	0.923	82.738	0.010	0.030	24.425	100.000	
y 10: nbgousses	1.154	1.154	1.140	0.770	0.519	0.441	-0.487	-1.118	0.227	1.000
E.stand:	0.086	0.052	0.148	0.042	0.117	0.100	0.301	1.601	0.101	-5.000
Test t:	13.460	22.068	7.714	18.335	4.441	4.407	1.617	0.698	2.254	0.000
Signif.(%):	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	0.007	10.716	50.521	2.648	100.000

Intervalles de confiance de la matrice 6
 correlations des effets d'environnement

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	-5.000 -5.000									
y 2: poidsgou	1.000 0.907	-5.000 -5.000								
y 3: poidsfan	1.000 0.972	1.000 0.777	-5.000 -5.000							
y 4: nbgraines	1.000 -1.000	1.000 -1.000	1.000 -1.000	-5.000 -5.000						
y 5: monoMAT	1.000 0.557	1.000 0.497	1.000 0.521	0.620 0.256	-5.000 -5.000					
y 6: biIMAT	0.776 0.478	0.818 0.529	0.791 0.397	0.933 0.693	0.382 -0.122	-5.000 -5.000				
y 7: pourMAT	1.000 0.279	0.398 -0.466	1.000 0.499	0.073 -0.992	1.000 0.621	-0.353 -1.000	-5.000 -5.000			
y 8: rdtTV	1.000 -0.907	1.000 -1.000	1.000 -1.000	1.000 -1.000	1.000 -1.000	1.000 -1.000	1.000 -0.937	-5.000 -5.000		
y 9: rdtSEM	0.163 -0.205	0.089 -0.404	0.262 -0.154	-0.079 -0.522	0.244 -0.197	-0.184 -0.497	0.774 0.256	1.000 -0.702	-5.000 -5.000	
y 10: nbgousses	1.000 0.984	1.000 -1.000	1.000 0.848	0.853 0.687	0.751 0.288	0.639 0.243	0.108 -1.000	1.000 -1.000	0.426 0.028	-5.000 -5.000

Parametres et tests de la matrice numero 7
 correlations phenotypiques

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
E.stand:	-5.000									
Test t:	0.000									
Signif.(%)	100.000									
y 2: poidsgou	0.801	1.000								
E.stand:	0.009	-5.000								
Test t:	89.412	0.000								
Signif.(%)	0.000	100.000								
y 3: poidsfan	0.945	0.561	1.000							
E.stand:	0.002	0.016	-5.000							
Test t:	431.150	35.502	0.000							
Signif.(%)	0.000	0.000	100.000							
y 4: nbgraines	0.694	0.840	0.499	1.000						
E.stand:	0.013	0.007	0.019	-5.000						
Test t:	53.801	124.835	25.785	0.000						
Signif.(%)	0.000	0.000	0.000	100.000						
y 5: monoMAT	0.363	0.439	0.261		1.000					
E.stand:	0.016	0.015	0.018	0.014	-5.000					

Test t:	22.794	28.339	14.429	42.841	0.000						
Signif.(%):	0.000	0.000	0.000	0.000	100.000						
y 6: biIMAT	0.562	0.574	0.463	0.596	-0.002	1.000					
E.stand:	0.016	0.014	0.020	0.013	0.019	-5.000					
Test t:	34.133	40.358	22.756	45.217	0.108	0.000					
Signif.(%):	0.000	0.000	0.000	0.000	91.064	100.000					
y 7: pourMAT	0.098	0.326	-0.043	0.324	0.402	-0.236	1.000				
E.stand:	0.021	0.021	0.021	0.022	0.016	0.021	-5.000				
Test t:	4.712	15.557	2.041	15.021	24.969	11.397	0.000				
Signif.(%):	0.003	0.000	4.328	0.000	0.000	0.000	100.000				
y 8: rdtTV	-0.043	0.205	-0.171	0.215	0.245	-0.149	0.610	1.000			
E.stand:	0.021	0.021	0.021	0.023	0.020	0.021	0.019	-5.000			
Test t:	2.008	9.691	8.230	9.440	12.113	6.987	32.907	0.000			
Signif.(%):	4.670	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	100.000			
y 9: rdtSEM	-0.041	0.200	-0.166	0.107	0.224	-0.260	0.553	0.724	1.000		
E.stand:	0.021	0.020	0.021	0.023	0.022	0.022	0.020	0.012	-5.000		
Test t:	1.956	10.009	7.820	4.621	10.341	11.859	27.105	62.495	0.000		
Signif.(%):	5.241	0.000	0.000	0.004	0.000	0.000	0.000	0.000	100.000		
y 10: nbgousses	0.569	0.822	0.337	0.851	0.460	0.405	0.491	0.395	0.462	1.000	
E.stand:	0.015	0.008	0.021	0.007	0.016	0.017	0.016	0.017	0.016	-5.000	
Test t:	36.949	102.892	16.329	130.231	29.537	23.472	31.546	22.909	29.398	0.000	
Signif.(%):	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	100.000	

Intervalles de confiance de la matrice 7
correlations phenotypiques

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	-5.000									
y 2: poidsgou	0.819	-5.000								
y 3: poidsfan	0.949	0.592	-5.000							
y 4: nbgraines	0.719	0.529	-5.000	-5.000						
y 5: monoMAT	0.668	0.853	0.538	-5.000	-5.000					
y 6: biIMAT	0.394	0.470	0.297	0.612	-5.000	-5.000				
y 7: pourMAT	0.331	0.409	0.226	0.558	0.036	-5.000	-5.000			
y 8: rdtTV	0.529	0.546	0.422	0.570	-0.040	-5.000	-5.000	-5.000		
y 9: rdtSEM	0.140	0.367	-0.001	0.367	0.434	-0.195	0.647	-5.000	-5.000	
y 10: nbgousses	0.057	0.284	-0.084	0.282	0.370	-0.277	0.573	0.747	0.702	-5.000
	-0.001	0.247	-0.130	0.260	0.285	-0.107	0.205	0.593	0.429	0.493
	-0.084	0.163	-0.212	0.170	0.267	-0.191	0.251	0.513	0.429	0.431
	0.000	0.240	-0.124	0.153	0.181	-0.217	0.573	0.747	0.702	0.493
	-0.082	0.161	-0.209	0.061	0.181	-0.303	0.513	0.702	0.702	0.493
	0.600	0.838	0.378	0.864	0.491	0.439	0.521	0.429	0.429	0.493
	0.539	0.806	0.296	0.838	0.429	0.371	0.460	0.361	0.431	0.493

Parametres et tests de la matrice numero 8
coefficients de prediction genetique au sens strict

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	0.216									
E.stand:	0.035									
Test t:	6.112									
Signif.(%):	0.000									
y 2: poidsgou	0.122	0.134								
E.stand:	0.032	0.036								
Test t:	3.870	3.747								
Signif.(%):	0.035	0.050								
y 3: poidsfan	0.232	0.096	0.268							
E.stand:	0.035	0.030	0.037							
Test t:	6.559	3.139	7.266							
Signif.(%):	0.000	0.276	0.000							
y 4: nbgraines	0.099	0.105	0.079	0.142						
E.stand:	0.029	0.033	0.029	0.037						
Test t:	3.370	3.147	2.688	3.864						
Signif.(%):	0.146	0.270	0.909	0.036						
y 5: monoMAT	0.094	0.074	0.090	0.042	0.074					
E.stand:	0.026	0.029	0.026	0.031	0.042					
Test t:	3.696	2.535	3.498	1.337	1.761					
Signif.(%):	0.058	1.337	0.102	18.314	7.968					
y 6: biIMAT	0.106	0.028	0.132	0.039	-0.036	0.119				
E.stand:	0.030	0.029	0.030	0.027	0.023	0.036				
Test t:	3.495	0.961	4.382	1.427	1.579	3.311				
Signif.(%):	0.103	65.755	0.008	15.508	11.567	0.172				
y 7: pourMAT	-0.086	0.063	-0.154	0.131	0.038	-0.101	0.365			
E.stand:	0.027	0.033	0.028	0.031	0.031	0.026	0.041			
Test t:	3.217	1.921	5.465	4.261	1.217	3.865	8.834			
Signif.(%):	0.223	5.664	0.000	0.011	22.629	0.036	0.000			
y 8: rdtTV	-0.034	0.088	-0.096	0.095	0.008	-0.086	0.378	0.322		
E.stand:	0.033	0.037	0.030	0.033	0.032	0.025	0.034	0.037		
Test t:	1.048	2.377	3.155	2.920	0.260	3.424	11.021	8.612		
Signif.(%):	29.954	1.970	0.264	0.497	79.190	0.126	0.000	0.000		
y 9: rdtSEM	-0.063	0.084	-0.133	0.092	0.050	-0.082	0.289	0.262	0.232	
E.stand:	0.024	0.028	0.024	0.025	0.025	0.024	0.032	0.030	0.033	
Test t:	2.654	2.986	5.572	3.626	2.011	3.426	9.076	8.654	7.055	
Signif.(%):	0.991	0.417	0.000	0.071	4.635	0.125	0.000	0.000	0.000	
y 10: nbgousses	0.040	0.127	-0.014	0.163	0.069	-0.011	0.236	0.199	0.185	0.223
E.stand:	0.028	0.035	0.029	0.037	0.032	0.027	0.035	0.034	0.031	0.043
Test t:	1.429	3.609	0.504	4.439	2.148	0.406	6.760	5.926	5.953	5.226
Signif.(%):	15.454	0.074	62.213	0.006	3.390	68.861	0.000	0.000	0.000	0.001

Intervalles de confiance de la matrice 8
coefficients de prediction genetique au sens strict

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	0.285 0.146									
y 2: poidsgou	0.184 0.060	0.204 0.063								
y 3: poidsfan	0.301 0.162	0.156 0.035	0.341 0.195							
y 4: nbgraines	0.156 0.041	0.171 0.039	0.137 0.021	0.215 0.069						
y 5: monoMAT	0.145 0.044	0.131 0.016	0.141 0.039	0.103 -0.020	0.157 0.000					
y 6: biIMAT	0.166 0.046	0.085 -0.029	0.191 0.072	0.093 -0.015	0.009 -0.081	0.189 0.048				
y 7: pourMAT	-0.033 -0.139	0.128 -0.002	-0.098 -0.209	0.192 0.070	0.100 -0.024	-0.050 0.283	0.446 0.283			
y 8: rdtTV	0.030 -0.099	0.161 0.015	-0.036 -0.156	0.160 0.031	0.070 -0.054	-0.036 -0.135	0.446 0.310	0.396 0.248		
y 9: rdtSEM	-0.016 -0.109	0.139 0.028	-0.086 -0.180	0.143 0.042	0.100 0.001	-0.035 -0.130	0.352 0.226	0.322 0.202	0.297 0.167	
y 10: nbgousses	0.096 -0.015	0.197 0.058	0.042 -0.071	0.236 0.090	0.132 0.005	0.042 -0.064	0.306 0.167	0.265 0.133	0.246 0.123	0.308 0.139

Parametres et tests de la matrice numero 9
coefficients de prediction genetique au sens large

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	0.612									
E.stand:	0.065									
Test t:	9.345									
Signif.(%):	0.000									
y 2: poidsgou	0.455	0.682								
E.stand:	0.059	0.060								
Test t:	7.647	11.285								
Signif.(%):	0.000	0.000								
y 3: poidsfan	0.597	0.255	0.687							
E.stand:	0.066	0.057	0.069							
Test t:	9.065	4.480	9.897							
Signif.(%):	0.000	0.006	0.000							
y 4: nbgraines	0.202	0.371	0.077	0.637						
E.stand:	0.066	0.053	0.069	0.060						
Test t:	3.083	6.953	1.115	10.573						
Signif.(%):	0.321	0.000	26.872	0.000						
y 5: monoMAT	0.075	0.196	0.003	0.437	0.688					
E.stand:	0.055	0.055	0.054	0.050	0.067					

Test t:	1.353	3.558	0.064	8.782	10.305					
Signif.(%):	17.781	0.086	94.732	0.000	0.000					
y 6: biIMAT	0.281	0.301	0.223	0.243	-0.054	0.481				
E.stand:	0.060	0.053	0.061	0.057	0.053	0.056				
Test t:	4.683	5.647	3.660	4.234	1.019	8.531				
Signif.(%):	0.003	0.000	0.064	0.012	31.344	0.000				
y 7: pourMAT	-0.050	0.333	-0.252	0.425	0.192	-0.038	0.868			
E.stand:	0.047	0.048	0.044	0.049	0.054	0.048	0.053			
Test t:	1.084	6.950	5.751	8.687	3.536	0.801	16.330			
Signif.(%):	28.265	0.000	0.000	0.000	0.092	56.798	0.000			
y 8: rdtTV	-0.105	0.273	-0.295	0.400	0.294	-0.021	0.594	0.963		
E.stand:	0.053	0.054	0.050	0.055	0.053	0.051	0.050	0.072		
Test t:	1.996	5.016	5.881	7.327	5.546	0.416	11.822	13.425		
Signif.(%):	4.791	0.001	0.000	0.000	0.000	68.161	0.000	0.000		
y 9: rdtSEM	-0.031	0.264	-0.188	0.238	0.214	-0.084	0.418	0.583	0.481	
E.stand:	0.043	0.048	0.044	0.048	0.051	0.044	0.053	0.061	0.067	
Test t:	0.728	5.507	4.326	4.959	4.214	1.912	7.944	9.629	7.184	
Signif.(%):	52.386	0.000	0.009	0.001	0.013	5.770	0.000	0.000	0.000	
y 10: nbgousses	0.170	0.461	-0.017	0.594	0.299	0.229	0.589	0.515	0.371	0.691
E.stand:	0.051	0.046	0.056	0.051	0.049	0.052	0.047	0.053	0.051	0.052
Test t:	3.315	10.103	0.315	11.558	6.087	4.386	12.585	9.726	7.271	13.365
Signif.(%):	0.170	0.000	75.203	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.000	0.000

Intervalles de confiance de la matrice 9
coefficients de prediction genetique au sens large

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	0.741									
	0.482									
y 2: poidsgou	0.572	0.802								
	0.337	0.563								
y 3: poidsfan	0.728	0.368	0.824							
	0.467	0.143	0.550							
y 4: nbgraines	0.332	0.477	0.212	0.756						
	0.073	0.266	-0.059	0.518						
y 5: monoMAT	0.185	0.304	0.104	0.536	0.820					
	-0.035	0.087	-0.111	0.339	0.556					
y 6: biIMAT	0.399	0.406	0.344	0.357	0.051	0.593				
	0.162	0.195	0.103	0.130	-0.160	0.370				
y 7: pourMAT	0.042	0.427	-0.166	0.522	0.299	0.056	0.973			
	-0.143	0.238	-0.339	0.328	0.084	-0.133	0.763			
y 8: rdtTV	-0.001	0.380	-0.196	0.509	0.399	0.079	0.693	1.000		
	-0.210	0.165	-0.395	0.292	0.189	-0.121	0.495	0.821		
y 9: rdtSEM	0.054	0.359	-0.102	0.333	0.315	0.003	0.522	0.703	0.614	
	-0.116	0.169	-0.274	0.143	0.114	-0.170	0.314	0.463	0.349	
y 10: nbgousses	0.271	0.551	0.092	0.695	0.396	0.332	0.682	0.619	0.472	0.794
	0.069	0.371	-0.127	0.492	0.202	0.126	0.497	0.410	0.270	0.589

Parametres et tests de la matrice numero 10
 correlations entre ecovalences

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	1.000									
E.stand:	-5.000									
Test t:	0.000									
Signif.(%):	100.000									
y 2: poidsgou	0.651	1.000								
E.stand:	0.104	-5.000								
Test t:	6.259	0.000								
Signif.(%):	0.000	100.000								
y 3: poidsfan	0.892	0.379	1.000							
E.stand:	0.057	0.113	-5.000							
Test t:	15.533	3.358	0.000							
Signif.(%):	0.000	0.151	100.000							
y 4: nbgraines	0.279	0.367	0.305	1.000						
E.stand:	0.148	0.142	0.145	-5.000						
Test t:	1.893	2.587	2.100	0.000						
Signif.(%):	6.021	1.175	3.791	100.000						
y 5: monoMAT	0.444	0.443	0.419	0.537	1.000					
E.stand:	0.158	0.146	0.170	0.136	-5.000					
Test t:	2.815	3.031	2.469	3.933	0.000					
Signif.(%):	0.655	0.370	1.575	0.029	100.000					
y 6: biIMAT	0.319	0.310	0.416	0.250	0.137	1.000				
E.stand:	0.131	0.148	0.151	0.174	0.141	-5.000				
Test t:	2.438	2.095	2.765	1.436	0.971	0.000				
Signif.(%):	1.701	3.835	0.745	15.257	66.275	100.000				
y 7: pourMAT	0.161	0.506	0.159	0.362	0.491	0.279	1.000			
E.stand:	0.161	0.134	0.165	0.178	0.134	0.209	-5.000			
Test t:	1.003	3.763	0.963	2.030	3.669	1.335	0.000			
Signif.(%):	32.127	0.048	65.846	4.444	0.063	18.385	100.000			
y 8: rdtTV	0.029	0.133	0.135	0.682	0.384	0.197	0.369	1.000		
E.stand:	0.108	0.123	0.157	0.128	0.150	0.142	0.210	-5.000		
Test t:	0.266	1.079	0.859	5.311	2.569	1.388	1.757	0.000		
Signif.(%):	78.696	28.513	60.166	0.000	1.229	16.683	8.045	100.000		
y 9: rdtSEM	0.116	0.221	0.166	0.614	0.588	-0.031	0.525	0.559	1.000	
E.stand:	0.184	0.155	0.213	0.163	0.179	0.182	0.170	0.168	-5.000	
Test t:	0.634	1.425	0.778	3.776	3.291	0.171	3.080	3.330	0.000	
Signif.(%):	53.554	15.578	55.458	0.046	0.182	85.897	0.325	0.163	100.000	
y 10: nbgousses	0.165	0.520	0.151	0.837	0.610	0.277	0.636	0.622	0.684	1.000
E.stand:	0.114	0.133	0.124	0.068	0.119	0.194	0.149	0.144	0.171	-5.000
Test t:	1.443	3.912	1.218	12.370	5.138	1.424	4.277	4.316	4.009	0.000
Signif.(%):	15.042	0.031	22.582	0.000	0.001	15.589	0.011	0.009	0.023	100.000

Intervalles de confiance de la matrice 10
 correlations entre ecovalences

	y 1	y 2	y 3	y 4	y 5	y 6	y 7	y 8	y 9	y 10
	poidstot	poidsgou	poidsfan	nbgraines	monoMAT	biIMAT	pourMAT	rdtTV	rdtSEM	nbgousses
y 1: poidstot	-5.000 -5.000									
y 2: poidsgou	0.856 0.445	-5.000 -5.000								
y 3: poidsfan	1.000 0.778	0.601 0.156	-5.000 -5.000							
y 4: nbgraines	0.571 -0.012	0.648 0.087	0.591 0.018	-5.000 -5.000						
y 5: monoMAT	0.757 0.132	0.731 0.154	0.754 0.083	0.806 0.267	-5.000 -5.000					
y 6: biIMAT	0.577 0.060	0.602 0.017	0.714 0.119	0.594 -0.094	0.416 -0.142	-5.000 -5.000				
y 7: pourMAT	0.478 -0.156	0.772 0.240	0.486 -0.168	0.715 0.009	0.755 0.226	0.693 -0.134	-5.000 -5.000			
y 8: rdtTV	0.242 -0.185	0.375 -0.110	0.446 -0.176	0.936 0.428	0.680 0.089	0.478 -0.084	0.784 -0.046	-5.000 -5.000		
y 9: rdtSEM	0.479 -0.246	0.527 -0.086	0.587 -0.255	0.935 0.292	0.941 0.235	0.329 -0.392	0.861 0.188	0.891 0.227	-5.000 -5.000	
y 10: nbgousses	0.390 -0.061	0.783 0.257	0.397 -0.094	0.971 0.703	0.845 0.375	0.661 -0.107	0.929 0.342	0.906 0.337	1.000 0.347	-5.000 -5.000

Compteur de series initialise a 0 sur INDEX

This document was created with Win2PDF available at <http://www.daneprairie.com>.
The unregistered version of Win2PDF is for evaluation or non-commercial use only.