Performances agronomiques de huit (8) génotypes de tournesol (*Helianthus annuus L.*) dans les conditions de culture du centre bassin arachidier du Sénégal

Malick Ndiaye[1*], Mame Diarra Mbaye[1], Babacar Kane[2], Adama Ngom[1], Youssoupha sankharé[1], Aliou Ndiaye[1]
[1]Institut Sénégalais de Recherches Agricoles, Centre National de Recherches Agronomiques (CNRA), BP 53 Bambey
[2]Institut Sénégalais de Recherches Agricoles, Centre de Recherches Agricoles (CRA) de Djibelor, BP 34 Ziguinchor
Auteur correspondant : (*) agromalick@yahoo.fr
Mots clés : Génotype, tournesol, graines oléagineuses, Bassin arachidier, Sénégal
Keywords: Genotype, sunflower, oilseeds, Peanut-growing region, Senegal

Submitted 14/08/2026, Published online on 31st October 2026 in the *Journal of Animal and Plant Sciences (J. Anim. Plant Sci.) ISSN 2071 – 7024*

1. RESUME

Au Sénégal, la forte dépendance aux importations d'huiles végétales, malgré une production notable d'arachide, constitue un enjeu majeur de sécurité alimentaire. C'est dans ce sens que cette étude, visant à évaluer les performances agronomiques de huit génotypes de tournesol en conditions pluviales dans le Centre du Bassin arachidier, a été initiée. L'essai a été mené à la station expérimentale du Centre Nationale de Recherches Agronomiques (CNRA) de Bambey durant l'hivernage 2025. Le dispositif expérimental en blocs complets randomisés avec quatre répétitions a été utilisé. Les résultats de l'analyse de variance ont révélé que le génotype n'a pas significativement influencé les variables de croissance et de phénologie. En revanche, pour les variables de rendement et de ses composantes, un effet significatif a été observé uniquement sur le rendement en graines ($p = 0,0277$) et le rendement en capitules ($p = 0,00213$). Les durées semis-floraison et maturité ont été respectivement de $53 \pm 3,5$ jours et $84 \pm 1,8$ jours. Le génotype G2 a enregistré les meilleurs rendements en graines, en capitules et en biomasse sèche, avec des valeurs respectives de $1464,7 \pm 270,9$ kg.ha^{-1}, $2708,2 \pm 464,6$ kg.ha^{-1} et $4264,7 \pm 2080,4$ kg.ha^{-1}. La valeur moyenne du poids de mille graines a été de $36,7 \pm 5$ g et celle du nombre de graines par capitule 440 ± 98. Les génotypes G8, G6 et G7 ont également présenté des performances intéressantes, témoignant de leur bonne adaptation aux conditions de la zone d'étude. L'ACP a mis en évidence une structuration nette des génotypes, avec une forte association du génotype G2 aux variables de rendement, au poids de mille graines et à la durée du cycle semis-maturation. La CAH a confirmé cette organisation en regroupant les génotypes en classes homogènes et en montrant la supériorité des génotypes G2 et G8 qui pourraient être utilisés dans les programmes de sélection du tournesol au Sénégal pour améliorer durablement la production oléagineuse nationale tout en contribuant à la sécurité alimentaire.

Agronomic performance of eight (8) sunflower genotypes (*Helianthus annuus L.*) under growing conditions in the central groundnut-growing region of Senegal

SUMMARY

In Senegal, the heavy reliance on vegetable oil imports, despite significant groundnut production, poses a major food security challenge. It is with this in mind that this study, aimed at evaluating the agronomic performance of eight sunflower genotypes under rain-fed conditions in the Central Groundnut-Growing Basin, was initiated. The trial was conducted at the experimental station of the National Centre for Agronomic Research (CNRA) in Bambey during the 2025 wet season. The experimental design used was a Randomised Complete Blocks design with four replicates. The results of the analysis of variance revealed that genotype did not significantly influence the growth and phenology variables. However, for yield and its components, a significant effect was observed only on seed yield ($p = 0.0277$) and flower head yield ($p = 0.00213$). The periods from sowing to flowering and to maturity were 53 ± 3.5 days and 84 ± 1.8 days, respectively. Genotype G2 recorded the highest yields of seed, flower heads and dry biomass, with values of 1,464.7 ± 270.9 kg.ha^{-1}, 2,708.2 ± 464.6 kg.ha^{-1} and 4,264.7 ± 2,080.4 kg.ha^{-1} respectively. The mean thousand-seed weight was 36.7 ± 5 g and the mean number of seeds per head was 440 ± 98. Genotypes G8, G6 and G7 also showed promising performance, demonstrating their good adaptation to conditions in the study area. PCA revealed a clear clustering of the genotypes, with a strong association between genotype G2 and the variables of yield, thousand-seed weight and the duration of the sowing-to-maturity cycle. The HAC confirmed this pattern by grouping the genotypes into homogeneous classes and demonstrating the superiority of genotypes G2 and G8, which could be utilised in sunflower breeding programmes in Senegal to sustainably improve national oilseed production whilst contributing to food security.

2. INTRODUCTION

Le tournesol est la quatrième culture oléagineuse la plus importante au monde, après le soja, le colza et le carthame, en raison de ses avantages économiques. Il est cultivé principalement pour ses Génotypes riches en huile, avec des rendements optimaux atteints dans des conditions favorables telles qu'un sol fertile et des pluies adéquates (Terres Inovia, 2022). La production mondiale de tournesol est estimée à 56,2 millions de tonnes, cultivées sur environ 27,3 millions d'hectares dans le monde (USDA, 2025). En 2025, les principaux pays producteurs étaient la Russie avec 17,5 millions de tonnes, soit 33 % de la production mondiale, suivie de l'Ukraine avec 11 millions de tonnes (20 % de la production mondiale), l'Union européenne (8,6 millions de tonnes, environ 16 %), la Chine (2,1 millions de tonnes, soit 4 %), les États-Unis (1,05 million de tonnes, environ 2 %) et enfin la Moldavie avec 850 mille tonnes (soit 1,5 % du total mondial) (USDA, 2025). En Afrique, la filière du tournesol demeure faiblement développée et contribue marginalement à la production mondiale, avec environ 720 mille tonnes produites sur près de 1,2 million d'hectares cultivés (USDA, 2025). Cette situation entraîne une forte dépendance aux importations, qui sont nécessaires pour satisfaire la demande en huiles végétales. Ainsi, en 2025, la production africaine de graines de tournesol et les importations d'huile de tournesol ont été estimées respectivement à 1,9 million de tonnes et 1,7 million de tonnes (FAO, 2025). Au Sénégal, les données de la DAPSA (2024) confirment une forte dépendance alimentaire avec l'importation annuelle de plus de 240 000 tonnes d'huiles végétales ; un flux que l'État ambitionne de réduire par une relance massive de la transformation locale à l'horizon 2026. C'est donc dans ce cadre que le gouvernement

du Sénégal a mis en œuvre la Stratégie Nationale de Sécurité Alimentaire et de Résilience (SNSAR) qui vise la diversification des sources d'huile et de protéines végétales locales pour les besoins alimentaires du pays. Dans ce cadre, le tournesol, culture oléoprotéagineuse de haute valeur économique et nutritionnelle, est proposé comme culture prometteuse, du fait de sa bonne adaptation aux environnements contraints, de ses besoins de fertilisation relativement modérés et de sa tolérance au stress hydrique, ce qui en fait une culture potentielle en conditions pluviales et sous irrigation (Agreste, 2014 ; Yerima *et al.,* 2014). Le Bassin arachidier représente une zone à forte potentialité pour son introduction. En effet, il représente environ 57% des terres arables du Sénégal et constitue le principal bassin de production agricole du pays (Tounkara *et al.,* 2022). Cependant, cette région fait face à de nombreuses contraintes agroécologiques parmi lesquelles on peut évoquer la baisse de la disponibilité en eau, plus particulièrement, la baisse de la pluviométrie, la dégradation progressive de la fertilité des sols ainsi que l'accélération des effets du changement climatique qui remettent en cause la durabilité des systèmes de culture pratiqués (Tounkara *et al.* 2022). Dans ce contexte, l'introduction de cultures alternatives plus résilientes comme le tournesol constitue une source de diversification agricole et de mise en valeur des potentialités productives de cette zone. Cependant, l'expression du potentiel agronomique du tournesol dépend largement de l'interaction entre les génotypes et l'environnement. En effet, au-delà des modalités de conduite culturale (date de semis, fertilisation, densité de peuplement et conditions édapho-climatiques), le choix variétal est un facteur décisif de la productivité, car il détermine l'adaptation de la culture aux contraintes abiotiques et biotiques. Plusieurs études ont montré l'existence d'une grande variabilité entre génotypes au sein du tournesol, traduit par des différences significatives de productivité en fonction des environnements de production (Terres Inovia, 2021 ; Hosni *et al.,* 2024). Cette forte variabilité entre génotypes chez cette culture (Terres Inovia, 2021 ; Hosni *et al.,* 2024) est donc à l'origine du besoin d'évaluer ces performances agronomiques dans un environnement donné pour y identifier les génotypes les mieux adaptés. C'est dans cette conjoncture où l'importation d'huiles végétales est fortement dépendante et où l'on cherche des cultures oléagineuses adaptées aux conditions agroécologiques du Sénégal, que le Centre National de Recherches Agronomiques de Bambey a réalisé une évaluation agronomique de huit (8) génotypes de tournesol durant l'hivernage 2025. L'objectif de cette étude visait à évaluer les performances agronomiques de ces génotypes afin d'identifier les plus adaptés dans les conditions de culture du centre bassin arachidier du Sénégal.

3 MATERIEL ET METHODES

3.1 Site d'étude : Cette étude a été conduite durant la saison des pluies 2025 dans la station de recherches du Centre National de Recherches Agronomiques (CNRA) de Bambey. La station est située dans le Centre-Nord du bassin arachidier dans la région de Diourbel, département de Bambey et de la commune de Ngogom avec comme coordonnées géographiques 14°42'N latitude et 16°28'O longitude, distant de 120 km de Dakar (Sénégal). Les sols du Centre National de Recherches Agronomiques de Bambey sont de types ferrugineux tropicaux faiblement lessivés à dominance sableux appelé aussi « Sol Dior couvrant quasiment toute l'étendue (98 % du territoire) alors que le Deck Dior occupe 2% comme la plupart des sols de la région sahélienne, ils sont perméables et pauvres en matières organiques et très favorables aux grandes cultures,

3.2 Matériel végétal : Le matériel végétal utilisé est composé de huit génotypes avancés de tournesol introduits du Pakistan (Figure 1). Ces génotypes, de lignées pures à un stade avancé de sélection, ont été codés de G1 à G8 afin de faciliter leur identification et leur analyse statistique. Ces génotypes ont été obtenus dans le cadre d'une convention de collaboration entre

l'Agence Internationale de l'Énergie Atomique (AIEA), l'Institut Nucléaire pour l'Agriculture et la Biologie (NIAB) de Faisalabad un centre de recherche et de développement placé sous l'égide de la Commission pakistanaise de l'Énergie Atomique et l'Institut Sénégalais de Recherches Agricoles (ISRA).

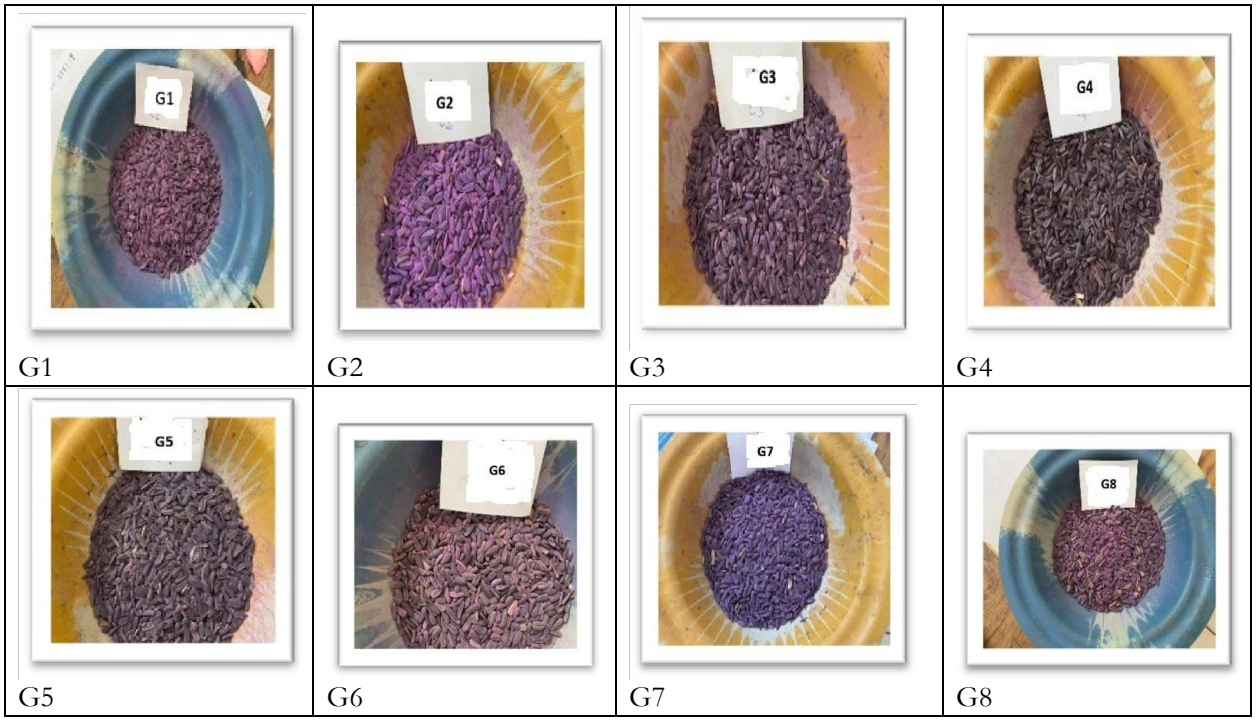


Figure 1 : Génotypes testés durant l'expérimentation.

3.3 Dispositif expérimental : Le dispositif expérimental utilisé était en blocs complets randomisés avec quatre répétitions. Le facteur étudié était le génotype avec 8 modalités (G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8). Chaque répétition a été constituée de huit (8) parcelles élémentaires. Chaque unité expérimentale était matérialisée par une parcelle élémentaire sous forme de carré. Il a été constitué de 8 lignes**,** comprenant chacune à 13 poquets**.** L'écartement entre les poquets sur une même ligne est de 0,3 m**,** et celui entre les lignes est de 0,5 m. La distance entre deux (2) blocs était 1,5 m et la distance entre parcelle dans un bloc est de 1 m. La superficie totale de l'essai a été de 799,5 m^2 (39 m x 20,5 m).

3.4 Conduite de l'essai: L'essai a été implanté sur une parcelle dont le précédent cultural été le mil. La préparation du terrain a consisté en un labour à une profondeur de 20 cm avec un tracteur pour l'aération du sol, l'amélioration de sa structure et l'enfouissement des résidus de récolte. Cette opération a été suivie d'un hersage croisé pour briser les mottes de terre labourée, afin d'obtenir un bon lit de semis, de rendre les conditions pédoclimatiques favorables à la bonne germination et à la bonne levée des plants**.** Le semis a été effectuée le 06 août 2025, après une pluie utile de 20 mm. Le semis a été fait manuellement à raison de 3 à 5 graines par poquet en respectant les écartements 0,5 m entre les lignes et de 0,3 m entre les poquets sur la ligne. Les lignes de semis ont été tracées par le biais d'un rayonneur. Un démariage a été effectué au 15^e jour après semis (JAS) en laissant un plant par poquet. Des sarclobinages ont été effectués à la demande pour lutter contre les mauvaises herbes. Concernant le plan de fertilisation, l'engrais de fond minérale (NPK 15-15-15) et organique ont été apportés au moment du semis aux doses respectives de 200 $kg.ha^{-1}$ et 5 $t.ha^{-1}$. Pour la

fertilisation azotée, l'urée a été appliquée à la dose de 150 kg.ha^{-1}, en deux fractions égales. Le premier apport a été effectué 20 jours après le semis et le second 20 jours après le premier. Pour lutter contre les insectes ravageurs, un insecticide à base de K-Optimal a été apporté à une dose de 1 l.ha^{-1}. Pour compenser les pauses pluviométriques, une irrigation d'appoint a été appliquée en fonction du cycle de développement de la culture, à une fréquence de deux fois par semaine, jusqu'à atteindre la capacité au champ du sol. Un gardiennage a été effectuée durant les premiers jours de semis pour éviter que les oiseaux déterrent les graines semées ou que les rongeures endommagent les petits plants. La chasse des oiseaux a démarré un mois avant la récolte pour lutter contre les oiseaux granivores. La récolte manuelle a été effectuée à la maturité physiologique. Dans chaque parcelle élémentaire, un carré de rendement de six lignes centrales a été prévu à cet effet en laissant deux lignes de bordure. L'ensemble des poquets du carré de rendement de chaque parcelle élémentaire a été récolté en séparant la biomasse (tiges + feuilles) des capitules à l'aide d'un couteau à moissonner. Les échantillons de capitules et de biomasse (tiges + feuilles) après récolte ont été pesés avant séchage. Le séchage de la biomasse et des capitules a été effectué sous serre à température ambiante pendant 3 à 4 semaines suivi d'un séchage à l'étuve à 65°C pendant 48 heures pour permettre aux échantillons de bien séchés. Un battage manuel des capitules a été effectué consistant à frotter deux à deux les capitules pour séparer les graines des résidus.

3.5 Observations et mesures : Les mesures et observations ont été réalisées sur les 4 lignes centrales considérées comme parcelle utile pour la collecte des données. Les principales variables observées ont été :

3.5.1 Durée semis-floraison : Il s'agit du nombre de jours écoulés entre le semis et l'ouverture de 50% des fleurs dans chaque parcelle. Pour déterminer cette variable, les dates de semis et de 50% de floraison ont été enregistrées dans chaque parcelle.

3.5.2 Durée semis-maturité : Elle représente le nombre de jours entre le semis et la maturité de 50% des plantes dans chaque parcelle. Pour déterminer cette variable, les dates de semis et de 50% de maturité ont été répertoriées dans chaque parcelle.

3.5.3 Hauteur des plantes : La hauteur considérée a été celle qui sépare le collet de l'extrémité apicale de la tige. Cette mesure a été faite au sein de toutes les unités expérimentales sur la base de 10 poquets prises au hasard dans la parcelle utile au 30, 45 et 60 jours après semis. Elle a été obtenue à l'aide d'un ruban mètre. Les valeurs moyennes, exprimées en centimètre (cm), ont été calculées dans chaque parcelle.

3.5.4 Rendement en capitules : Il est déterminé après séchage et avant battage, à l'aide d'une balance électronique. Le poids est exprimé en grammes (g) pour chaque parcelle élémentaire.

3.5.5 Rendements en graines et biomasse sèche : Il correspond respectivement au poids des graines et biomasse sèche obtenus par parcelle utile rapporté à l'hectare.

3.5.6 Poids mille graines : il a été déterminé par comptage à l'aide d'un compteur électronique Data Technologies (Data Count R $^{25+}$, Data Count 60^{+}). Trois échantillons de mille graines ont été prélevés par parcelle élémentaire, comptés puis pesés à l'aide d'une balance électronique de précision. La moyenne des valeurs obtenues pour chaque parcelle élémentaire a été retenue.

3.6 Traitement et analyse des données : Les données collectées sur le terrain ont été saisies et traitées à l'aide du tableur Excel 2016. Une analyse de variance (Anova) à un facteur (Génotype) a été réalisée sur l'ensemble des variables étudiées. Pour s'assurer de la normalité des données et de l'homogénéité des variances entre génotypes, les tests de Shapiro et de Barlett ont été respectivement effectués. En cas d'effet génotypique significatif, la comparaison des moyennes a été effectuée à l'aide du test de Tukey au seuil de 5%. Par ailleurs, une analyse de corrélation de Pearson, une analyse en composantes principales (ACP) ainsi qu'une classification ascendante hiérarchique (CAH) à

partir de la matrice de données standardisée a été conduites, afin de mieux visualiser les liaisons complexes entre les différentes variables mesurées. Toutes les analyses statistiques ont été réalisées avec le logiciel R (version 4.5.2).

4 RESULTATS

4.1 Durée du cycle semis-floraison et semis-maturité : Au seuil de 5 %, les résultats de l'analyse de variance n'ont pas montré un effet génotypique significatif pour la durée cycle semis–floraison (p = 0,79) et la durée du cycle semis–maturité (p = 0,79). Les valeurs moyennes des cycles semis–floraison et semis–maturité ont été respectivement de 54 ± 3,8 jours, et de 84 ± 2,1 jours (Figure 2).

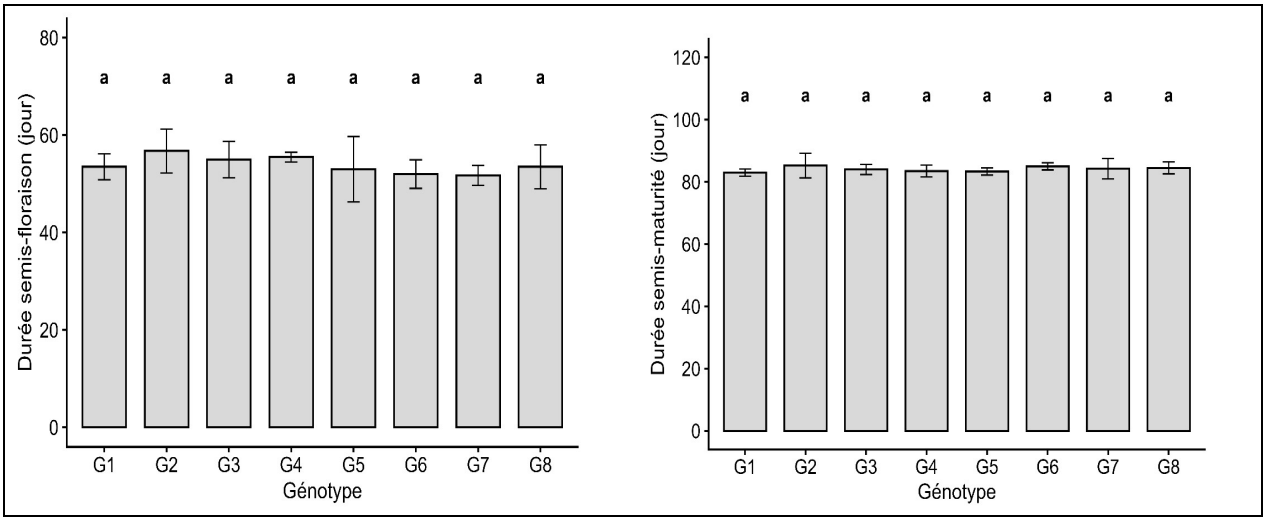


Figure 2 : Durée du cycle semis-floraison et semis-maturité en fonction des génotypes. Les moyennes affectées d'une même lettre ne sont pas différentes du point de vue statistique selon le test de Tukey au seuil de 5%. Les barres d'erreur représentent l'écart-type. G1=LG1 ; G2=LG2 ; G3=LG3 ; G4=LG4 ; G5=LG5 ; G6=LG6 ; G7=LG7 ; G8=LG8

4.2 Hauteur des plantes : L'analyse de variance n'a révélé aucune différence significative entre les génotypes (P > 0,05) pour les hauteurs mesurées au 30^{e}, 45^{e} et au 60^{e} jours après semis (JAS) (Figure 3). Les p-values correspondantes sont respectivement de 0,57 ; 0,35 et 0,74**,** indiquant l'absence d'effet génotypique au seuil de 5 %. La hauteur moyenne enregistrées des plantes a été de 16,1 ± 2, cm au 30^{e} jours après semis (JAS), 42,3 ± 10,8 cm au 45^{e} jours et 97,6 ± 21,9 cm au 60 jours après semis.

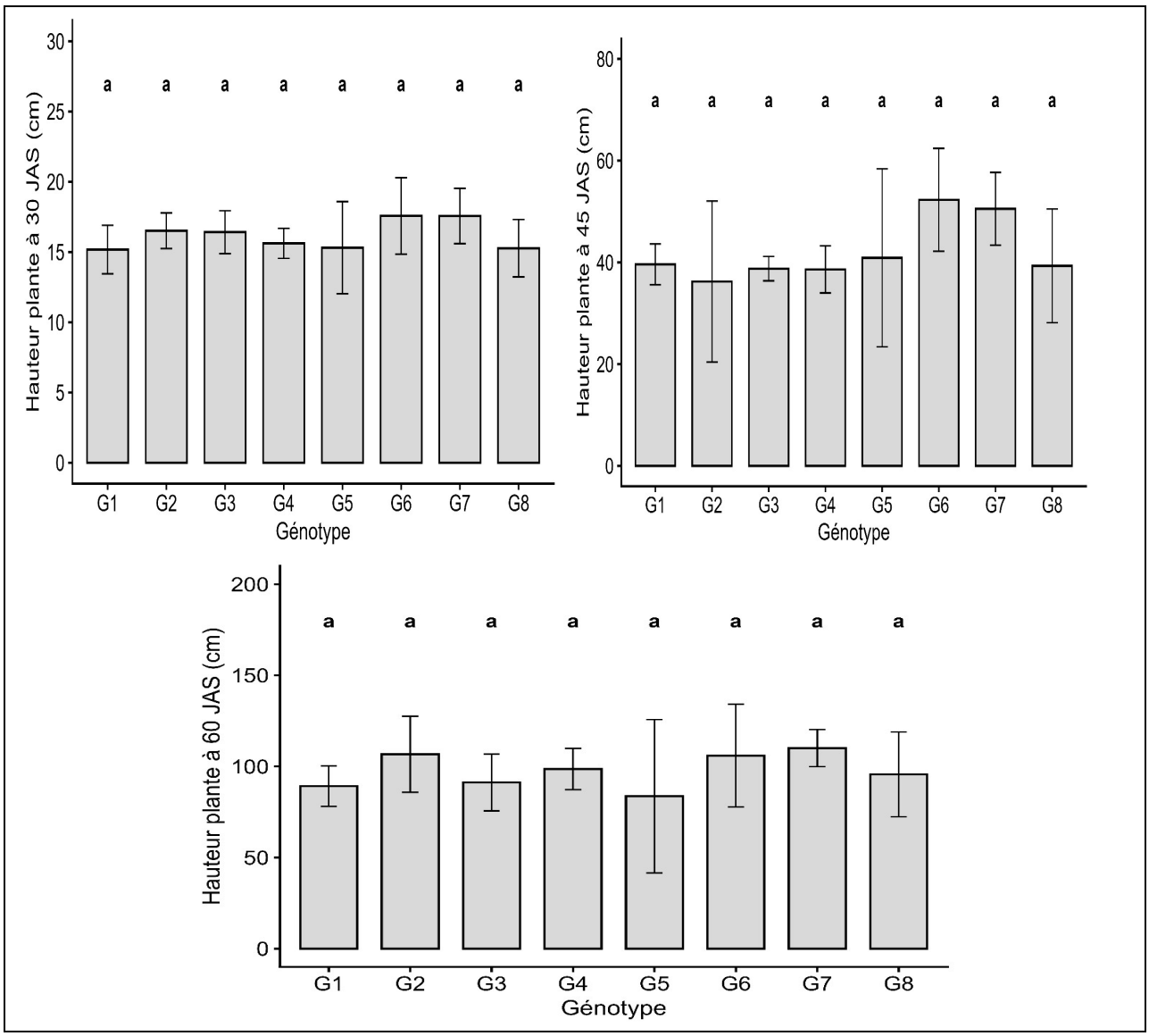


Figure 3 : Hauteur des plantes à 15, 45 et 60 jours après semis en fonction des génotypes. Les moyennes affectées d'une même lettre ne sont pas différentes du point de vue statistique selon le test de Tukey au seuil de 5%. Les barres d'erreur représentent l'écart-type. G1=LG1 ; G2=LG2 ; G3=LG3 ; G4=LG4 ; G5=LG5 ; G6=LG6 ; G7=LG7 ; G8=LG8

4.3 Rendement du tournesol : Pour le rendement en graines, un effet génotypique significatif a été noté au seuil de 5 % (p-value = 0,02) (Figure 4). Le génotype G2 a été le plus productif avec un rendement de 1464,7 ± 270,9 kg.ha^{-1}. En revanche, les génotypes G3 et G1 ont enregistré les plus faibles valeurs, avec des rendements respectifs de 876,1 ± 256,0 kg.ha^{-1} et 844,7 ± 168,2 kg.ha^{-1} (Figure 15). Le rendement en capitule a été significativement affecté par le génotype (p = 0,002). Le génotype G2 a présenté le rendement le plus élevé, avec une moyenne de 2708,2 ± 461,6 kg.ha^{-1} alors que G3, G4 et G1 ont enregistré les rendements les plus faibles, avec des valeurs respectives de 1761,5 ± 430,8 kg.ha^{-1}, 1760,1 ± 265,4 kg.ha^{-1} et 1707,2 ± 196,5 kg.ha^{-1} (Figure 5). Pour le rendement en biomasse sèche, l'analyse de variance n'a pas montré d'effet significatif du génotype au seuil de 5 % (p-value = 0,0556) (Figure 6). La valeur moyenne a été de 3113,57± 1015,8 kg.ha^{-1}.

4.4 Nombre de graine par capitule et poids de mille graines : L'analyse de variance réalisée au seuil de 5 % n'a pas mis en évidence d'effet significatif du génotype sur le nombre de graines par capitule et sur le poids de milles graines ($p > 0,05$) (Figure 7). La moyenne a été respectivement de 440 ± 97,6 graines par capitule de 36,75± 5 g.

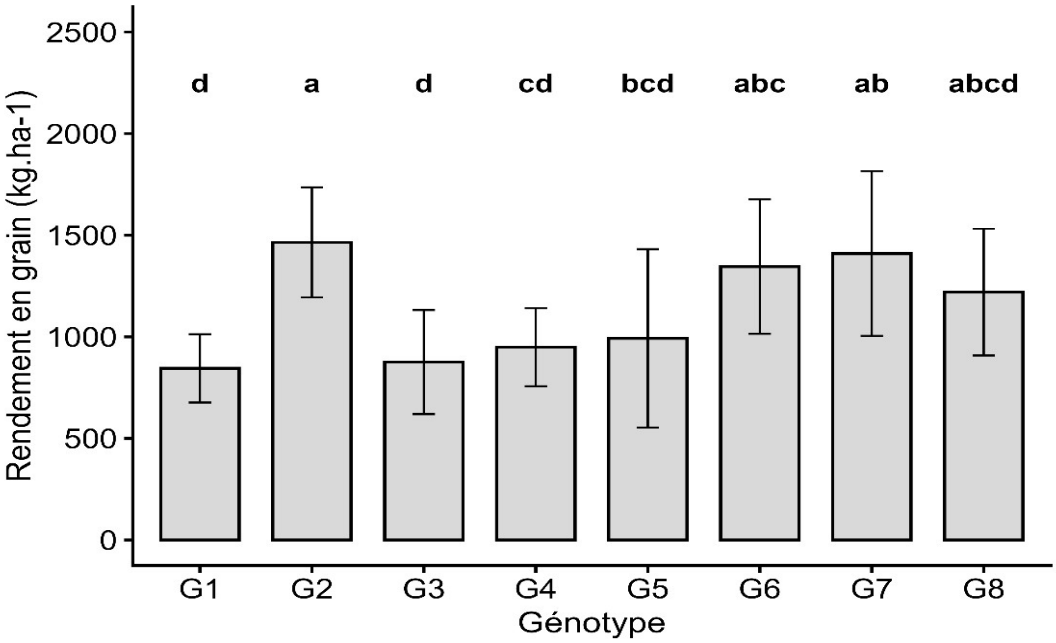


Figure 4 : Rendement en graine en fonction des génotypes. Les moyennes affectées d'une même lettre ne sont pas différentes du point de vue statistique selon le test de Tukey au seuil de 5%. Les barres d'erreur représentent l'écart-type.

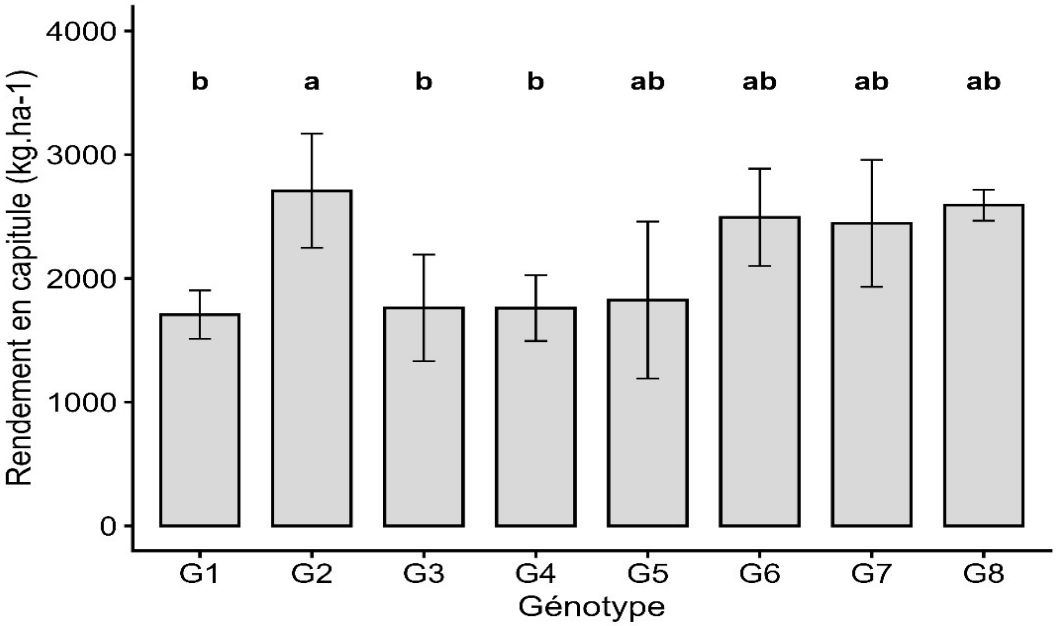


Figure 5 : Rendement en capitules en fonction des génotypes. Les moyennes affectées d'une même lettre ne sont pas différentes du point de vue statistique selon le test de Tukey au seuil de 5%. Les barres d'erreur représentent l'écart-type. G1=LG1 ; G2=LG2 ; G3=LG3 ; G4=LG4 ; G5=LG5 ; G6=LG6 ; G7=LG7 ; G8=LG8

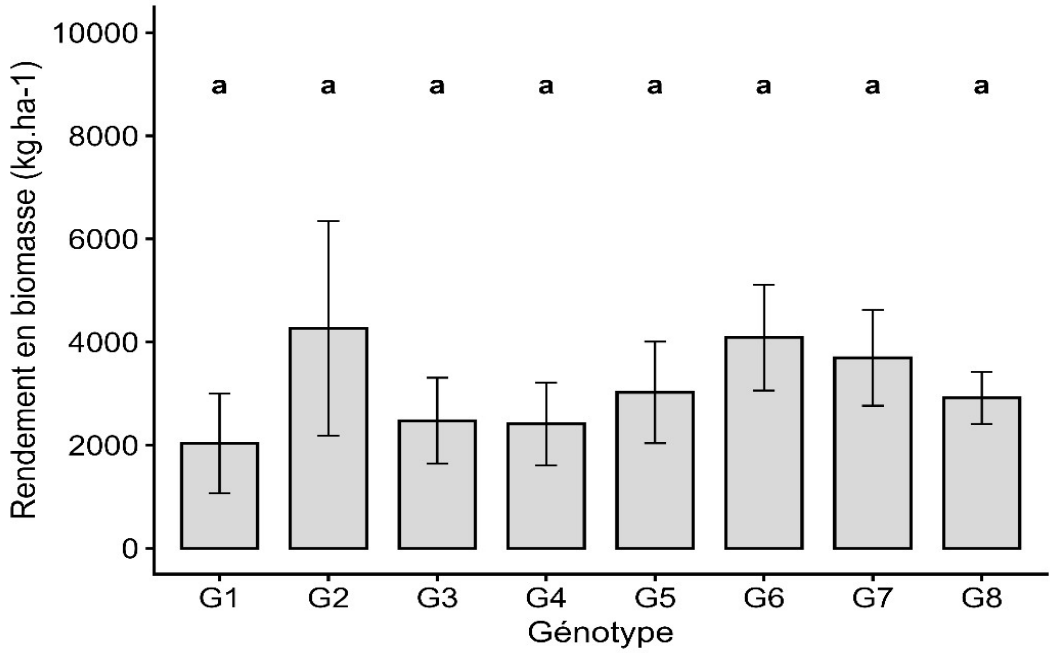


Figure 6 : Rendement en biomasse sèche en fonction des Génotypes. Les moyennes affectées d'une même lettre ne sont pas différentes du point de vue statistique selon le test de Tukey au seuil de 5%. Les barres d'erreur représentent l'écart-type. G1=LG1 ; G2=LG2 ; G3=LG3 ; G4=LG4 ; G5=LG5 ; G6=LG6 ; G7=LG7 ; G8=LG8

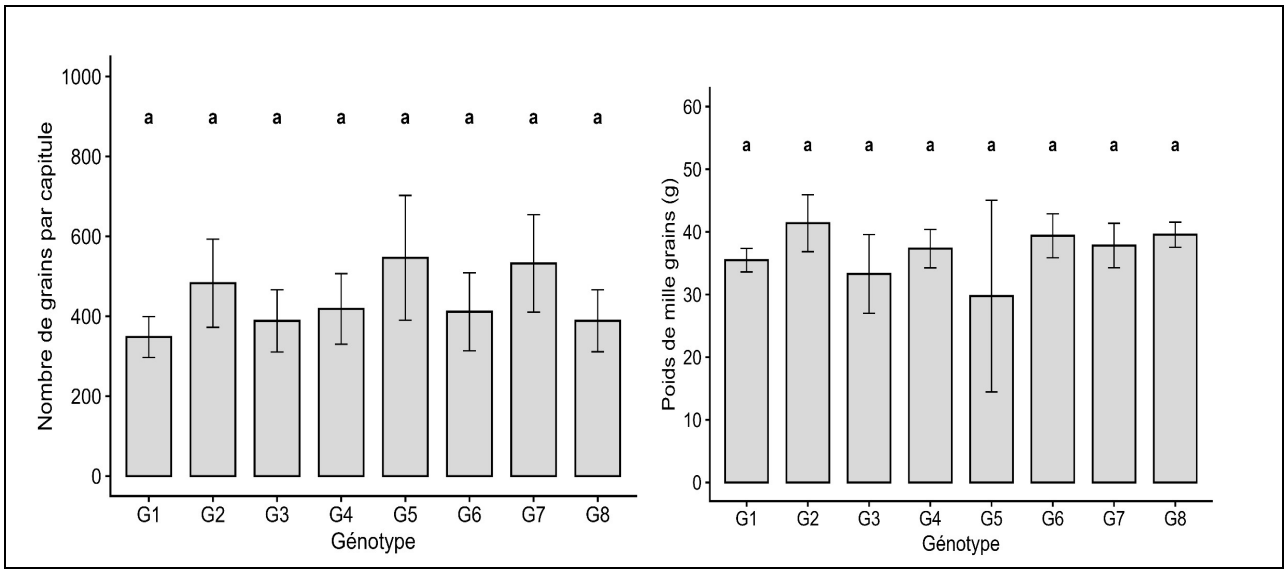


Figure 7 : Nombre de grains par capitule et poids de mille graines en fonction des Génotypes. Les moyennes affectées d'une même lettre ne sont pas différentes du point de vue statistique selon le test de Tukey au seuil de 5%. Les barres d'erreur représentent l'écart-type. G1=LG1 ; G2=LG2 ; G3=LG3 ; G4=LG4 ; G5=LG5 ; G6=LG6 ; G7=LG7 ; G8=LG8

4.5 Corrélation de Pearson entre les variables quantitatives : Le rendement en graine est fortement et positivement corrélé au rendement en capitule (r=0,95), au poids de mille graines, au cycle semis maturité ainsi qu'à la hauteur des plantes au 60^{e} jours après semis (r= 0,84). Le rendement en biomasse est également fortement significatif et positivement corrélé au rendement en graine, au rendement en capitule, à la hauteur des plantes au 60^{e} JAS

(r=0,74). En revanche, le cycle semis-floraison est significativement et négativement corrélée à la hauteur des plants au 45e jours après semis (r=-85). Par ailleurs, la hauteur moyenne des plantes au 30e JAS est significativement et positivement corrélé au rendement en biomasse sèche (r=0,72) (Tableau 1).

Tableau 1 : Corrélation entre les variables agro-morphologique.

Variables	H30	NGCAP	Rdtbiom	RdtG	RdtCAP	PMG	MAT	FLO	H60	H45
H30	1	0,3	0,72*	0,67	0,51	0,35	0,46	-0,36	0,80**	0,75*
NGCAP		1	0,53	0,45	0,24	0,01	-0,12	-0,22	0,21	0,24
Rdtbiom			1	0,93***	0,84***	0,68	0,65	-0,15	0,74*	0,47
RdtG				1	0,95***	0,82**	0,72*	-0,15	0,84**	0,45
RdtCAP					1	0,87***	0,83**	-0,08	0,74*	0,31
PMG						1	0,83**	0,19	0,78*	0,14
MAT							1	0,18	0,69*	0,15
FLO								1	-0,04	-0,85*
H60									1	0,5
H45										1

*H30 = hauteur 30 jours après semis ; H45 = hauteur 45 jours après semis ; H60 = hauteur 60 jours après semis, FLO = durée semis-floraison ; MAT = durée semis-maturité ; Signifatif = * ; **, *** : significativité respective au seuil de 5%, 1% et 0,1%; PMG= Poids de mille graines ; RdtG =Rendement en graine ; RdtCAP= Rendement en capitule ; Rdtbiom=Rendement en biomasse ; NGCAP=Nombre de gaines par capitules .*

4.6 Analyse en composante principale (ACP) : L'analyse en composantes principales (ACP) effectuée sur les dix variables agronomiques considérées a révèle que les deux premiers axes de l'ACP (Dim1 et Dim2) ont expliqué 79,64 % de la variance totale, dont 57,96 % seulement par la première composante (Dim1) et 21,69 %, par la seconde (Dim2) (Tableau 2). La première composante (Dim.1) constitue l'axe principal de distinction des génotypes et est fortement corrélée et positivement au rendement en graines (RdtG), au rendement en biomasse (Rdtbiom), au rendement en capitule (RdtCAP), à la hauteur de plantes à 60 jours après semis (H60), au poids de mille grains (PMG), à la hauteur de plantes à 30 jours après semis (H30) et à la durée du cycle semis–maturité (MAT). Cet axe a opposé les génotypes à fort potentiel productif et bonne vigueur végétative aux génotypes moins performants. La deuxième composante (Dim2) a contribué à hauteur de 21,69% à l'explication de la variance totale. Elle a été positivement corrélée avec la durée du cycle semis–floraison (FLO), le poids de mille graines (PMG) et la durée semis–maturité (MAT). Dim2 a été négativement corrélée à la hauteur des plantes à 45 jours après le semis (H45). Cet axe a mis en évidence une différenciation génotypique pour les variables phénologiques et morphologiques. L'interprétation du biplot (Figure 2) a mis en évidence des associations distinctes entre l'ensemble des variables agronomiques et des génotypes. Les variables de rendement (RdtG, RdtCAP et PMG) et la durée du cycle jusqu'à maturité (MAT) ont été regroupées dans la zone positive de Dim.1 montrant une forte corrélation avec cet axe. De même, le rendement en biomasse (Rdtbiom), H30 et H60 ont été situés dans la même zone, traduisant ainsi une association entre la croissance. L'examen des projections des génotypes sur le plan factoriel a permis de dégager plusieurs profils agronomiques. Le génotype G2 s'est en effet clairement établi dans le quadrant positif des axes Dim.1 et Dim.2, à proximité des variables PMG, RdtCAP, RdtG et MAT, traduisant ainsi une forte association avec les composantes de

rendement, témoignant de son haut potentiel productif et de ses capacités à la production grainière. Le génotype G8, situé également dans le secteur positif de Dim.1 et relativement proche de G2, a également été corrélé positivement aux variables de rendement, mais sa position légèrement plus centrée pourrait prédire un profil performant toutefois plus équilibré, associant un bon potentiel productif et des caractéristiques plutôt intermédiaires. Les génotypes G6 et G7 se sont projetés fortement dans la partie haute de Dim.1, mais dans la partie basse de Dim.2, en association avec Rdtbiom, H30 et H45. Ils se sont d'abord démarqués par une forte vigueur végétative et une forte production de biomasse, ayant atténué davantage leur potentiel de rendement en graines. Les génotypes G1, G3 et G5, positionnés dans la partie basse de Dim.1, se sont opposés aux variables de rendement et de croissance, assurant des performances agronomiques relativement faibles. Le génotype G4 a pris une position intermédiaire.

Tableau 2 : Contribution des variables aux composantes principales

Variables / Indicateurs	Dim. 1	Dim. 2	Dim. 3
Valeur propre	5,8	2,17	1,07
Variance expliquée (%)	57,96	21,69	10,69
Variance cumulée (%)	57,96	79,64	90,33
RdtG	0,97	0,05	0,17
Rdtbiom	0,93	-0,05	0,26
RdtCAP	0,91	0,23	0,03
H60	0,9	0,07	-0,12
PMG	0,81	0,49	-0,1
H30	0,78	-0,38	-0,15
MAT	0,78	0,47	-0,26
H45	0,56	-0,75	-0,32
NGCAP	0,35	-0,41	0,83
FLO	-0,2	0,87	0,24

*H30 = hauteur 30 jours après semis ; H45 = hauteur 45 jours après semis ; H60 = hauteur 60 jours après semis, FLO = durée semis-floraison ; MAT = durée semis-maturité ; Signifatif = * ; Hautement significatifs = ** ; PMG= Poids de mille graines ; RdtG =Rendement en graine ; RdtCAP= Rendement en capitule ; Rdtbiom=Rendement en biomasse ; NGCAP=Nombre de gaines par capitules ;*

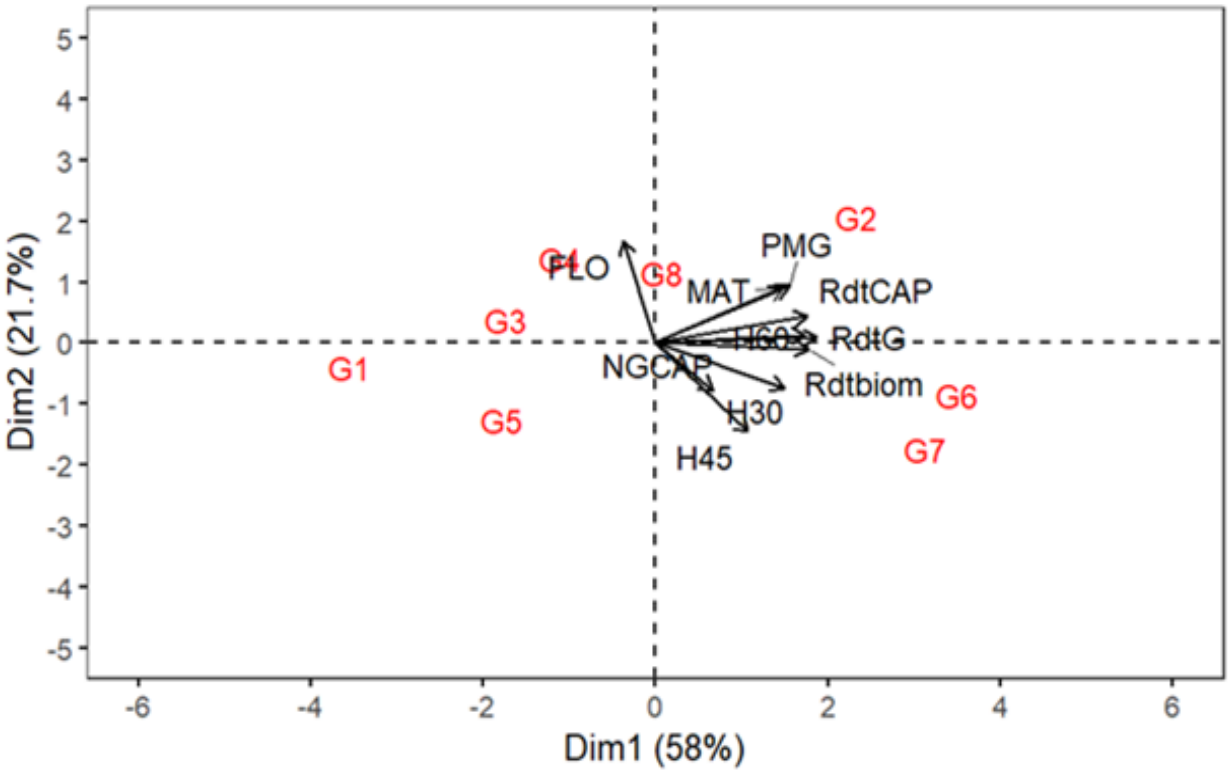


Figure 2 : Distribution des génotypes autour des axes principaux définis par les variables étudiées. *H30 = hauteur 30 jours après semis ; H45 = hauteur 45 jours après semis ; H60 = hauteur 60 jours après semis, FLO = durée semis-floraison ; MAT = durée semis-maturité ; Signifatif = * ; Hautement significatifs = ** ; PMG= Poids de mille graines ; RdtG =Rendement en graine ; RdtCAP= Rendement en capitule ; Rdtbiom=Rendement en biomasse ; NGCAP=Nombre de gaines par capitules.*

4.7 Classification ascendante hiérarchisée : La Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) (Figure 3) a confirmé la structuration obtenue dans l'analyse en composantes principales (ACP). Trois groupes homogènes de génotypes ont été identifiés comme relativement distincts, essentiellement le long de l'axe Dim.1, qui représente 57,96 % de la variabilité totale. Le premier groupe (1) a regroupé les génotypes G1, G3, G4 et G5 dans la partie négative de l'axe Dim.1. Ces génotypes sont ceux qui montrent les moindres corrélations avec les différentes composantes du rendement, de la biomasse et de la croissance végétative. On peut donc les considérer comme appartenant à un groupe de faible performance agronomique caractérisé par une productivité relativement faible et une croissance végétative limitée. Les génotypes G2 et G8 ont composé le groupe 2 en occupant la partie positive de Dim.1 et positive de Dim.2. Ils ont regroupé les génotypes les plus fortement associés aux caractères de rendement dont le rendement en graines, le rendement en capitules, le poids de mille grains et la durée semis-maturité. Ce groupe a donc regroupé les génotypes les plus performants, avec fort potentiel productif et meilleure valorisation des ressources pour la production grainière. Le groupe 3 formé des génotypes G6 et G7 a occupé la partie positive de Dim.1 et la zone négative de Dim.2. Ce groupe a été mieux associé cette fois aux variables de croissance végétative et de production de biomasse et correspond donc à des génotypes à profil intermédiaire, avec forte vigueur végétative et accumulation importante de biomasse, au détriment de performances grainières bien moindres que celles du groupe 2.

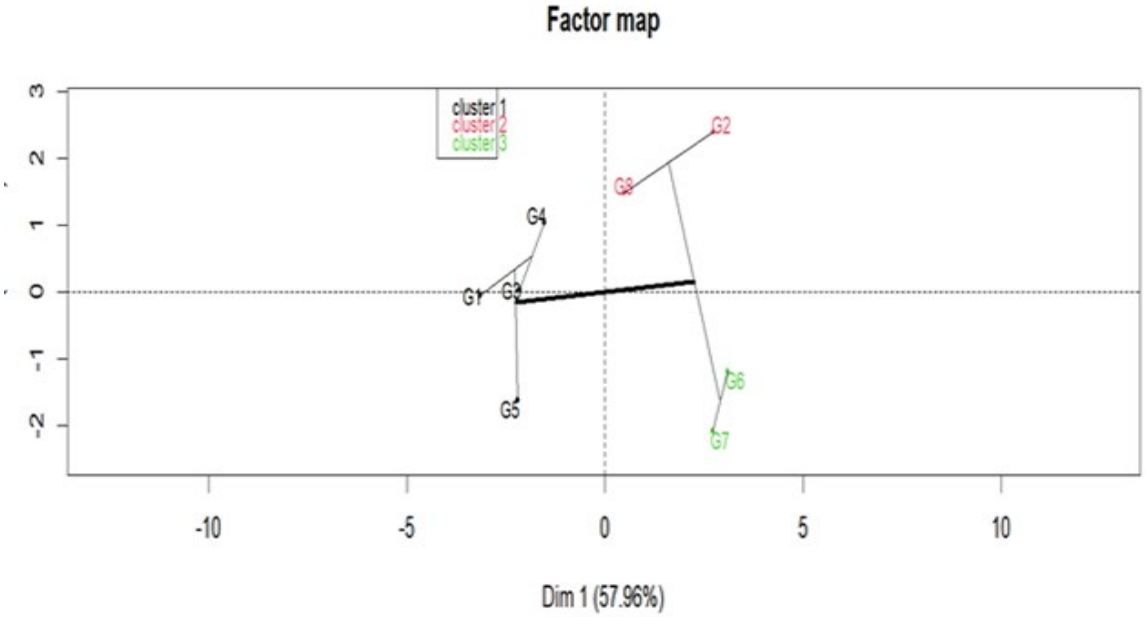


Figure 3: Classification ascendante hiérarchisée des différents groupes de génotypes.

5 DISCUSSION

5.1 Durée Semis-50% floraison et semis-50% maturité : L'analyse de variance des variables phénologiques n'a révélé aucun effet significatif entre les génotypes. Cela peut s'expliquer par le fait que ces génotypes se comportent de façon similaire dans les conditions de l'essai. Pour la durée du cycle semis-floraison, la valeur moyenne a été de 54 ± 3,5 jours. Ces résultats se corroborent avec ceux de Sasikala et *al.* (2020) et Camargo et *al.* (2023) qui ont rapporté que la durée moyenne de la floraison est comprise respectivement entre 53 à 87 jours et 50 à 55 jours. De même, ceux de la SODEFITEX (2005), qui indique, lors de deux campagnes d'expérimentation menées dans le Sénégal oriental, que la durée moyenne du cycle semis-floraison du tournesol se situe entre 40 et 55 jours après semis. Concernant la durée du cycle semis–maturité, la moyenne générale obtenue est de 84 jours. Cette valeur se situe également dans l'intervalle rapporté par Sasikala et *al.* (2020), qui ont montré que la durée du cycle semis–maturité du tournesol varie entre 79 et 124 jours.

5.2 Hauteur des plantes : Les résultats de l'analyse de variance des variables de croissance n'ont révélé aucune différence significative entre les génotypes. L'absence de différence pourrait s'expliquer par une homogénéité des génotypes étudiés. Ces résultats sont en accord avec ceux obtenus par Wey et *al.* (2008), Jerjero et Tadesse (2025) et Awoke et *al.* (2022), qui ont signalé que les effets principaux des variétés, ainsi que leurs interactions, n'avaient pas d'effet significatif ($P > 0,05$) sur la hauteur des plantes. La hauteur moyenne enregistrée des plantes a varié de 16,1 ± 2 cm à 97,6 ± 21,9 cm. Ces résultats sont en désaccord avec ceux de Jerjero et Tadesse (2025), qui ont obtenu des valeurs moyennes comprises entre 193,10 cm et 216,67 cm.

5.3 Rendement du tournesol : Les résultats de l'analyse de variance du rendement en graine révèlent une différence significative entre les génotypes, ce qui est en accord avec ceux de Eman et *al.* (2015), Terres Inovia (2022) et Milan et *al.* (2019), qui ont rapporté que le rendement en graines est significativement affecté par la variété. Dans la présente étude, le rendement en graines varie entre G1 (844

kg·ha⁻¹) et G2 (1464,7 kg·ha⁻¹). Ces résultats sont globalement en désaccord avec ceux rapportés dans la littérature, notamment par Suresh et al. (2015), qui ont observé des rendements plus élevés du tournesol dans des conditions optimisées de fertilisation et de conduite culturale. En revanche, ces valeurs sont similaires à celles rapportées par Wey et *al.* (2008), qui ont trouvé des rendements compris entre 1370 et 2042 kg·ha⁻¹, inclus dans l'intervalle de notre étude. Cependant, ces résultats ne concordent pas avec ceux de Turchetto et *al.* (2021) et Khan et *al.* (2013) qui ont rapporté que le rendement moyen des graines de tournesol atteint respectivement environ 1743 kg·ha⁻¹, 2500 à 4000 kg·ha⁻¹ et 1500 à 2200 kg·ha⁻¹. De même, Kaya et *al.* (2007) et Marinkovic (1992) ont rapporté des rendements en graines compris respectivement entre 1500 et 2800 kg·ha⁻¹ et entre 1800 et 2600 kg·ha⁻¹ selon les génotypes et les conditions de culture, mettant ainsi en évidence l'importance des composantes du rendement. Cependant, le génotype G2 a enregistré le rendement le plus élevé. Cela pourrait s'expliquer par le fait qu'il présentait parfois deux capitules sur une même tige. Ce résultat rejoint les observations de Merrien (1992) et d'Allinne (2009), selon lesquelles le rendement se construit progressivement au cours du cycle de développement de la plante, sous l'influence de plusieurs facteurs, notamment la formation des ébauches florales, le nombre de graines fécondées à la floraison et les conditions de leur remplissage. Bien que l'essai ait été mené en station expérimentale, les rendements en graines restent inférieurs à la moyenne mondiale estimée à 18,2 q·ha⁻¹ selon FAOSTAT (2024). Cette faiblesse des rendements pourrait s'expliquer par les maladies et les hétérogénéités du sol observées durant l'expérimentation. Ces résultats sont similaires à ceux rapporté par Hall (2010), selon lesquels les stress biotiques et abiotiques constituent des facteurs majeurs limitant les rendements agricoles du tournesol à l'échelle mondiale. Les résultats de l'analyse de variance relatifs au rendement en biomasse sèche concordent avec ceux rapportés par Ziebell et *al.* (2013), qui ont estimé un rendement en biomasse sèche compris entre 3 000 et 7 000 kg·ha⁻¹. Des tendances similaires ont également été observées par Seiler et *al.* (2017), qui soulignent que le rendement en biomasse sèche du tournesol varie fortement en fonction des conditions environnementales et du potentiel génétique des génotypes. Les résultats obtenus pour le rendement en capitule sont également en accord avec ceux de Shahave et *al.* (2024), qui ont rapporté un rendement moyen en capitule du tournesol de 1 933 kg·ha⁻¹, valeur comprise dans l'intervalle de celles obtenues dans la présente étude. Cette concordance pourrait s'expliquer par des similarités au niveau des conditions agro écologiques, des pratiques culturales ainsi que des génotypes étudiés.

5.4 Poids de mille graines et nombre de graines par capitule : Les résultats de l'analyse de variance (ANOVA) relative au poids de mille graines n'ont révélé aucun effet significatif entre les génotypes. Ces résultats sont en accord avec ceux de Awoke et *al.* (2022), Natalija et *al.* (2015) et Shahave et *al.* (2024), qui n'ont pas trouvé de différence significative entre ces Variétés. Toutefois, les valeurs obtenues dans leurs études sont supérieures à celles de notre étude. Ces auteurs ont rapporté que la valeur moyenne du poids de mille graines varie respectivement de 75,5 g pour la Génotype Rouge Noir et 68,81 g pour le génotype local, ainsi que de 53,90 g à 62,43 g. Cependant, Kartika (2005) rapporte que le PMG du tournesol varie généralement entre 30 et 80 g, intervalle dans lequel s'inscrivent partiellement nos valeurs. Ces résultats sont également comparables à ceux trouvés par Evon (2008) et Roche (2005), avec respectivement des moyennes de 52,1 g et 59,4 g. Cependant, les résultats de l'ANOVA ne corroborent pas ceux de Wey et *al.* (2008), qui ont mis en évidence une différence significative entre les génotypes étudiés au Cameroun. Cette divergence pourrait s'expliquer par l'influence des conditions environnementales, des pratiques culturales et du génotype. Toutefois, les valeurs obtenues dans leur étude sont en désaccord avec celles de

notre étude. Le nombre de graines par capitule a varié de 1707 à 2708 entre les génotypes, ce qui reste supérieur à celui rapporté dans certaines études. Le nombre de graines par capitule a varié de 1707 à 2708 entre les génotypes, ce qui reste supérieur à celui rapporté dans certaines études. Cette variabilité pourrait s'expliquer par les différences génétiques entre les génotypes ainsi que par l'influence des conditions environnementales sur le développement des capitules et la formation des graines. Des auteurs comme Skorić (2012) et Hladni *et al.* (2014) ont également rapporté que les caractéristiques morphologiques du capitule et les conditions du milieu influencent fortement les composantes du rendement chez le tournesol.

5.5 Corrélation entre les variables quantitatives : Les résultats de l'analyse de corrélation ont révélé que la plupart des variables liées au rendement exercent une influence significative sur le rendement en graines du tournesol. En effet, le rendement en graines dépend principalement du rendement en capitule, du poids de mille graines, de la durée du cycle semis–maturation ainsi que de la hauteur des plantes. Ces résultats sont en accord avec ceux rapportés par Wey et *al.* (2008) et Khalil et *al.* (2006), qui ont conclu que le rendement en graines chez le tournesol dépend en grande partie du poids de mille graines, de la hauteur des plantes et de la durée du cycle semis–maturation. De même, Kaya (2013) a montré que la hauteur des plantes et le poids de milles graines constituent les facteurs les plus importants influençant le rendement en graines. Par ailleurs, l'analyse de corrélation a indiqué que la hauteur des plantes joue un rôle important dans l'amélioration à la fois du rendement en capitules et des autres composantes du rendement. Ces résultats corroborent ceux de Kaya et *al.* (2007), qui ont montré que le rendement en capitule est fortement corrélé à plusieurs composantes agronomiques telles que le diamètre du capitule, le poids de 1000 graines et la hauteur des plants. Plusieurs études (Khalil et *al.*, 2006 ; Kaya et Atakisi, 2003 ; Goksoy et Turan, 2007) ont montré que les plants plus hauts présentent généralement une meilleure capacité de photosynthèse, une accumulation accrue de biomasse et un développement plus important du capitule, contribuant ainsi à l'amélioration du rendement en graines. Ainsi, la hauteur des plantes du tournesol constitue un caractère clé en amélioration variétale du tournesol (Dagustu, 2002 ; Kaya et *al.,* 2003a et Kaya et *al.,* 2009).

5.6 Analyse en composante principale et classification ascendante hiérarchisée : L'analyse en composantes principales (ACP) a mis en évidence une structuration nette de la variabilité phénotypique des génotypes de tournesol puisque les deux premiers axes ont expliqué 79,64 % de la variance totale, ce qui témoigne d'une bonne qualité de représentation des données. Les variables qui ont beaucoup contribué à la première composante sont le rendement en graines, le rendement en capitules, le poids de mille grains, le rendement en biomasse et les variables de croissance végétative, indiquant que la différenciation variétale repose principalement sur un gradient de performance agronomique globale. La relation positive observée entre vigueur végétative, accumulation de biomasse et rendement grain confirme que la capacité de croissance et l'allocation efficace des assimilats vers les organes reproducteurs sont des déterminants majeurs de la productivité du tournesol. Au-delà de cela, la contribution des variables phénologiques (durée semis–floraison et durée semis-maturité) indique que la phénologie joue un rôle dans l'expression du rendement en agissant et en modifiant la durée d'accumulation de biomasse et la durée de remplissage des graines. Ces résultats sont en accord avec ceux de Hosni *et al.* (2024), qui ont également observé une structuration marquée de la diversité morpho-agronomique chez le tournesol par ACP, mais aussi avec les travaux de Reddy *et al.* (2025) et ceux de Casadebaig *et al.* (2014) rapportant que la vigueur végétative, la production de biomasse, et la durée du cycle sont des variables déterminantes du potentiel productif chez le tournesol. La classification ascendante hiérarchique (CAH) a validé les structures mises en lumière par l'ACP en présentant trois groupes génotypiques aux

profils agronomiques différents. Le premier groupe est composé de génotypes globalement moins performants, se distinguant par des niveaux de rendement et de croissance faibles, tandis que le deuxième groupe, constitué des génotypes les mieux associés aux composantes du rendement, a affiché le meilleur potentiel productif, témoignant d'une efficience agronomique meilleure de la conversion de biomasse en rendement économique. Le troisième groupe a été caractérisé par une forte vigueur végétative et une biomasse élevée, permettant de suggérer une approche physiologique davantage orientée vers la croissance de la plante que la production du grain. Cette séparation entre les génotypes selon leurs performances productives et leur compétence d'allocation des ressources permet de confirmer que la diversité phénotypique exploitée par les programmes de sélection variétale existe bien. Des résultats tout aussi probants ont été trouvés par Hosni *et al.* (2024) et Gemeda et Abu (2024) qui ont également mis en évidence que la combinaison ACP-CAH représentait une méthode fiable de distinction des génotypes de tournesol en fonction de leurs caractéristiques morphologiques, physiologiques, et productives, contribuant au choix de génotypes prometteurs pour la sélection variétale.

6 CONCLUSION

Les résultats obtenus ont révélé une variabilité significative entre les génotypes étudiés. Le génotype G2 s'est nettement distinguée par ses performances agronomiques élevées, avec les meilleurs rendements en graines (1464,7 ± 270,9 kg.ha^{-1}), en biomasse (4264,7 ± 2080,4 kg.ha^{-1}) et en capitules (2708,2 ± 464,6 kg.ha^{-1}), ainsi que le poids de mille graines le plus élevé (41,38 ± 4,5 g). Les génotypes G8, G6 et G7 ont également présenté des performances intéressantes, témoignant de leur bonne adaptation aux conditions de la zone d'étude. Par ailleurs, les plus grandes hauteurs de plantes ont été observées chez les génotypes G7 et G2, traduisant une vigueur végétative importante. A l'issue de cette étude, l'analyse en composantes principales (ACP) a montré une structuration claire des génotypes, qui révèle une forte association du génotype G2 avec les variables de rendement, le poids de mille graines et la durée du cycle semis – maturité. De même, la classification ascendante hiérarchique (CAH) a permis de confirmer cette organisation en regroupant les génotypes en classes homogènes et a permis de mettre en évidence la supériorité des génotypes G2 et G8, suivis de G6 et G7. En somme, cette analyse fait ressortir le potentiel agronomique élevé de certains génotypes de tournesol, notamment G2 et G8, dans les conditions du bassin arachidier, Sénégal, fournissant des éléments d'aide à la décision pour le choix génotypique tout en contribuant à l'amélioration de la productivité du tournesol.

7 REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Agreste : 2014. Enquête Pratiques culturales 2011. Les Dossiers Agreste 21 : 70 p.

Allinne C : 2009. Modélisation écophysiologique et analyse génétique pour la recherche des génotypes du tournesol adaptés aux basses températures causées par le semis précoce. Thèse de doctorat, Institut National Polytechnique de Toulouse, France, 166 p.

Awoke T et Anteneh T : 2022. Évaluation des génotypes de tournesol (Helianthus annuus L.) pour la croissance, le rendement et les composantes du rendement sous irrigation dans la zone de South Omo, au sud de l'Éthiopie.

Camargo TO, Zimmer G, Rodrigues HCS, Silva AF, Pohl S, Madruga F, Tunes LVM et Almeida AS: 2024. Morphological and phenological characterization of sunflower seeds. Colloquium Agrariae 20(1): e244817. DOI: 10.5747/ca.2024.v20.h530.

Casadebaig P, Trépos R, Picheny V, Langlade NB, Vincourt P et Debaeke P: 2014.

Increased genetic diversity improves crop yield stability under climate variability: a computational study on sunflower. arXiv:1403.2825.

Dagustu N: 2002. Correlations and path coefficient analysis of seed yield components in sunflower (Helianthus annuus L.). Turkish Journal of Field Crops 7 : 5-19.

DAPSA : 2024. Rapport de la campagne agricole et statistiques du commerce extérieur agroalimentaire. Ministère de l'Agriculture, de la Souveraineté Alimentaire et de l'Élevage, République du Sénégal, 12 p.

Eman R: 2015. Water productivity of sunflower under different irrigation regimes on Gezira clay soil, Sudan. PhD dissertation, Wageningen University, Netherlands, 168 p.

Evon P : 2008. Cycle de développement du tournesol. 388 p.

FAO : 2025. Perspectives de récoltes et situation alimentaire : Rapport trimestriel mondial n°1, mars 2025. Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture, Rome.

FAOSTAT : 2024. Crops and livestock products: Sunflower seed. Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture, Rome.

Gemeda AD et Abu M: 2024. Variability, mean performance evaluation, trait relationship and principal component analysis of sunflower genotypes. American Journal of Plant Biology 9(3): 56-66. DOI: 10.11648/j.ajpb.20240903.12.

Goksoy AT et Turan ZM: 2007. Correlation and path coefficient analysis of seed yield components in sunflower (Helianthus annuus L.). Turkish Journal of Agriculture and Forestry 31: 195-203.

Hall AE: 2010. Breeding for heat tolerance. Plant Breeding Reviews 10: 129-168.

Hladni N, Miklič V, Radić V, Jocić S et Balalić I: 2014. Variability of sunflower head diameter and its influence on seed yield. Genetika 46(1): 173-183.

Hosni T, Abbes Z, Thebti S et Kharrat M : 2024. Evaluation of genetic diversity among sunflower (Helianthus annuus L.) genotypes from different origins through agro-morphological traits for use in future breeding. Euro-Mediterranean Journal for Environmental Integration 10(5). DOI: 10.1007/s41207-024-00713-x.

Jerjero T et Tadesse A : 2025. Performance Evaluation of Sunflower (Helianthus annuus L.) Varieties under Irrigation Condition in Land Areas of South Omo Zone, South Ethiopia. Journal of Agriculture and Environmental Sciences 14: 29-35. DOI: 10.15640/jaes.v14p4.

Kartika A: 2005. Nouveau procédé de fractionnement des graines de tournesol : expression et extraction en extrudeur bi-vis, purification par ultrafiltration de l'huile de tournesol. Thèse de doctorat, Institut National Polytechnique de Toulouse, France, 339 p.

Kaya Y et Atakisi I : 2003. Path and correlation analysis in sunflower (Helianthus annuus L.). Helia 26(39) : 131-136.

Kaya Y, Evci G, Pekcan V et Gücer T : 2003a. Determination of the contribution of the main yield components to seed and oil yield in sunflower. Proceedings of the 5th Turkish Field Crops Congress: 120-125.

Kaya Y, Evci G, Durak S, Pekcan V et Gücer T : 2007. Determining the relationships between yield and yield attributes in sunflower. Turkish Journal of Agriculture and Forestry 31(4): 237-244.

Kaya Y, Evci G, Durak S, Pekcan V et Gücer T : 2009. Yield components affecting seed yield and their relationships in sunflower (Helianthus annuus L.). Pakistan Journal of Botany 41(5): 2261-2269.

Kaya Y: 2013. Determination of combining ability and heritability of inbred lines for different yield components in sunflower. Thèse de doctorat, Trakya University.

Khalil IA, Khan H et Hussain A : 2006. Genetic variability and correlation studies in sunflower (Helianthus annuus L.). Journal of Agricultural and Biological Science 1(2) : 1-6.

Khan A, Khan AR, Gurmani AR et Jalal-Ud-Din: 2013. Oil yield, fatty acid profile, achene yield and yield attributes of sunflower (Helianthus annuus L.) as influenced by autumn planting conditions in Islamabad. Pakistan Journal of Botany 45: 107-110.

Marinkovic R: 1992. Path-coefficient analysis of some yield components of sunflower (Helianthus annuus L.). Euphytica 60(3) : 201-205.

Merrien A et Milan MJ : 1992. Physiologie du tournesol. Centre Technique Interprofessionnel des Oléagineux Métropolitains (CETIOM), Paris.

Markova Ruzdik N, Karov I, Mitrev S, Gorgieva B, Kovacevik B et Arsov E: 2015. Evaluation of sunflower (Helianthus annuus L.) varieties using multivariate statistical analysis. Helia 38(63) : 175-187.

Milan J, Sandra C, Sinisa J, Marjanovic J, Dragana M, Bojan J, Vladimir M et Velimir R : 2019. Evaluation of sunflower hybrids in multi-environment trial (MET). Turkish Journal of Field Crops 24(2): 202-210.

Reddy YPK, Ravi Prakash Reddy BV, Shanthi P, Venkataramanamma K, Amarnath K et Chandra Reddy B: 2025. Comprehensive Study of Sunflower Traits through Principal Component Analysis and Character Association. Journal of Experimental Agriculture International 47(10): 576-589. DOI: 10.9734/JEAI/2025/v47i103839

Roche J : 2005. Composition de la graine de tournesol (Helianthus annuus L.) sous l'effet conjugué des contraintes agri-environnementales et des potentiels variétaux. Thèse de doctorat, Institut National Polytechnique de Toulouse, France.

Sasikala R, Christina GR, Reddy PS, Viswanathan PL et Manonmani S : 2020. Multivariate analysis of sunflower genotypes for yield-associated traits. Electronic Journal of Plant Breeding 11(4): 1116-1119.

Seiler GJ, Qi LL et Marek LF : 2017. Utilization of sunflower crop wild relatives for cultivated sunflower improvement. Crop Science 57(3) : 1083-1101.

Shahare NJ, Badole WP, Ghodpage RM, Mandavgane SA, Meshram KA, Dhale RB et Deshmukh RB : 2024. Effect of biomass ash on yield and nutrient uptake of sunflower in Vertisol. International Journal of Advanced Biochemistry Research 8(9) : 520-523.DOI: 10.33545/26174693.2024.v8.i9g.2204.

Skorić D: 2012. Sunflower breeding for resistance to abiotic stresses. In: Technological Innovations in Major World Oil Crops. Springer, New York: 169-238.

SODEFITEX : 2005. Expérimentation du tournesol au Sénégal. Campagne agricole 2005, 11 p.

Suresh G, Sudhakara Babu SN et Aziz Qureshi A : 2015. Productivity and nutrient use of sunflower (Helianthus annuus L.) in sequential cropping system in Vertisols. Journal of Oilseeds Research 32(2). DOI : 10.56739/jor.v32i1.141817.

Terres Inovia : 2021. La culture du tournesol. Terres Inovia.

Terres Inovia : 2022. 10 bonnes raisons de cultiver le tournesol. Terres Inovia, 2 p.

Tounkara A, Sarr S, Ndiaye M, Senghor Y et Camara B : 2022. Renouvellement de la fertilité des sols dans les systèmes de culture à base de mil du Bassin Arachidier du Sénégal : évolution et voies d'amélioration. African & Mediterranean Agricultural Journal – Al Awamia 137: 139-161.

Turchetto R, Trombetta LJ, Rosa GM, Volpi GB et Barros S : 2021. Production components of sunflower cultivars at different sowing times. Pesquisa

Agropecuária Tropical 51: e68137. DOI: 10.1590/1983-40632021v5168137.

USDA Foreign Agricultural Service: 2025. Oilseeds: World Markets and Trade. U.S. Department of Agriculture, Washington, D.C.

Wey J et Yakouba O: 2008. Synthèse de la campagne expérimentale de diversification dans la zone cotonnière du Nord Cameroun. Institut de Recherche Agricole pour le Développement (IRAD), Station polyvalente de Garoua, 58 p.

Yerima BPK, Tiamgne AY et Van Ranst E : 2014. Réponse de deux génotypes de tournesol (Helianthus sp.) à la fertilisation à base de fiente de poule sur un Hapli-Humic Ferralsol du Yongka Western Highlands Research Garden Park (YWHRGP), Nkwen-Bamenda, Cameroun. Tropicultura 32(4).

Ziebell A, Barb JG, Sandhu S, Sun J, Gjersing E, Davis MF et Burke JM : 2013. Sunflower as a biofuels crop: an analysis of lignocellulosic chemical properties. Biomass and Bioenergy 59 : 208-217.