INSTITUTO INTERAMERICANO DE COOPERACION PARA LA AGRICULTURA
INTER-AMERICAN INSTITUTE FOR COOPERATION ON AGRICULTURE
INSTITUT INTERAMERICAIN DE COOPERATION POUR L'AGRICULTURE
INSTITUTO INTERAMERICANO DE COOPERAÇAO PARA A AGRICULTURA

IICA

REPRESENTATION EN HAITI
Boite Postale 2020
Port-au-Prince, Haiti

ariel azael, ph.d.

Introduction a la selection vegetale

Publication misc. #465
ISSN-0534-5391

port-au-prince, decembre, 1983

L'Institut est l'organisme spécialisé en agriculture du système interaméricain. Il fut formé par les gouvernements américains afin de stimuler, de promouvoir et d'accélérer les efforts des Etats membres pour parvenir au développement agricole et obtenir le bien-être de la population rurale. L'Institut Interaméricain des Sciences Agricoles, établi le 7 octobre 1942, fut remplacé par l'Institut Interaméricain de Coopération pour l'Agriculture par Convention ouverte à la signature des Etats Américains le 8 mars 1979 et qui est entrée en vigueur en décembre 1980.

IICA

INSTITUTO INTERAMERICANO DE COOPERACION PARA LA AGRICULTURA
INTER-AMERICAN INSTITUTE FOR COOPERATION ON AGRICULTURE
INSTITUT INTERAMERICAIN DE COOPERATION POUR L AGRICULTURE
INSTITUTO INTERAMERICANO DE COOPERAÇAO PARA A AGRICULTURA

REPRESENTATION EN HAITI
Boîte Postale 2020
Port-au-Prince, Haiti

ariel azael, ph.d.

Introduction a la selection vegetale

Publication misc. #465
ISSN-0534-5391

port-au-prince, decembre, 1983

L'IICA est l'organisme spécialisé en agriculture du système interaméricain. Il fut fondé par les gouvernements américains afin de stimuler, de promouvoir et d'appuyer les efforts des Etats membres pour parvenir au développement agricole et obtenir le bien être de la population rurale. L'Institut Interaméricain des Sciences Agricoles, établi le 7 octobre 1942, fut réorganisé et devint l'Institut Interaméricain de Coopération pour l'Agriculture par Convention ouverte à la signature des Etats Américains le 6 mars 1979 et qui est entrée en vigueur en décembre 1980.

00000543

[illegible]

NOTE

Cette nouvelle publication de la Représentation de l'Institut Interaméricain de Coopération pour l'Agriculture en Haiti est un effort additionnel de l'IICA dans le cadre de sa coopération avec le Gouvernement d'Haiti et les institutions du Secteur Agricole, pour élargir la base d'information du secteur et améliorer la capacité technique et administrative des entités nationales dont l'action est orientée vers le développement agricole et rural.

P. Aitken-Soux
Représentant de l'IICA

A mon épouse, Marie Bastianie Azael

A mes fils, Ariel Robert et Alain Azael

PREFACE

La Représentation de l'Institut Interaméricain de Coopération pour l'Agriculture en Haiti s'estime heureuse d'avoir pu coopérer à la publication de cette Introduction à la Sélection Végétale, élaborée par le Dr. Ariel Azael, Spécialiste en Phytotechnie de l'Institut.

Voici donc un manuel d'introduction à la génotechnie, pour utiliser un vocable de l'auteur, qui arrive au moment opportun, pour contribuer à l'amélioration de la capacité technique des Responsables nationaux d'organisation et d'administration des systèmes de Recherche Agricole.

Par sa conception, la simplicité et la clarté du style, jointes à la qualité technique du texte et enfin par la variété des thèmes traités et des exercices proposés, l'ouvrage s'adresse à une clientèle aussi diverse que possible.

Nous félicitons le Dr. Ariel Azael de la conception et de l'élaboration d'un ouvrage appelé à rendre les plus grands services à Haiti.

Dr. Percy Aitken-Soux
Représentant Résident
de l'IICA en Haiti

C O N T E N U

P R O L O G U E

On s'accorde à reconnaître à la recherche agricole le rôle d'instrument efficace et efficient de promotion du développement socio-économique. La fonction essentielle des systèmes de recherche agricole doit être, en conséquence, celle de produire des alternatives technologiques améliorées adaptées aux agro-systèmes de production de la clientèle agricole.

Nonobstant la complexité de ces agro-systèmes, il va de soi que le matériel végétal - qu'il s'agisse de populations locales ou de variétés à haut potentiel de rendement - que sème, de saison en saison, le producteur agricole haitien, en constitue une composante universelle.

C'est précisément dans le but d'introduire les agronomes attachés à la Section de Phytotechnie du Centre National de Recherche et Documentation Agricoles au Département de l'Agriculture d'Haiti, à cette composante fondamentale des systèmes de recherche agricole que constitue l'Amélioration Variétale, que cet ouvrage a été produit.

Il convient de souligner à l'attention des destinataires de cette Introduction à la Sélection Végétale qu'améliorer les variétés qu'utilisent les producteurs agricoles d'Haiti ne saurait, à lui seul, résoudre le problème de l'inefficience relative de leurs agro-systèmes de production. Il faut, à cette fin, une approche intégrale.

Cette Introduction à la Sélection Végétale est divisée en deux parties. La Première Partie qui comprend cinq chapîtres introduit le lecteur aux Principes de génétique quantitative de l'amélioration variétale, sans lesquels les Méthodes de Sélection qui forment la Seconde Partie ne peuvent être comprises. A la fin des quatre premiers chapîtres de la Première Partie, le lecteur trouvera une série d'exercices varies qui lui permettront d'assimiler le contenu formel de ces chapîtres. La Seconde Partie comprend

sept chapîtres qui introduisent le lecteur aux méthodes de sélection les plus usuelles de l'Amélioration Variétale et à quelques techniques de croisements chez certaines plantes cultivées. Le douzième chapître que l'auteur doit à l'aimable coopération du Dr. Antonio M. Pinchinat, Personnel Professionnel International de l'Institut Interaméricain de Coopération pour l'Agriculture et pour lequel il le prie d'agréer ses plus vifs remerciements, doit introduire l'usager de cet ouvrage aux systèmes de production et de distribution de semences, qui constituent le complément obligé des programmes d'amélioration variétale. Le lecteur désireux d'approfondir ses connaissances en Sélection Végétale pourra consulter avec profit les références bibliographiques qui terminent l'ouvrage.

L'auteur prie également l'Agronome Emmanuel Prophète du DARNDR d'agréer ses vifs remerciements pour la permission à lui accordée de reproduire dans cet ouvrage un passage de son Mémoire sur le "Haricot et l'amélioration génétique de la couleur des graines".

A l'Agronome M. S. Claude Grand-Pierre du Ministère du Plan vont aussi les sincères remerciements de l'auteur qui lui doit, ainsi qu'aux Drs. A.M. Pinchinat et Pierre G. Sylvain, la révision du manuscrit de cet ouvrage, ainsi que la conception de certains chapîtres.

L'auteur remercie sincèrement le Représentant de l'Institut Interaméricain de Coopération pour l'Agriculture en Haiti, le Dr. Percy Aitken-Soux, qui lui a donné les facilités nécessaires pour publier cet ouvrage, le Directeur du Service de Semences Améliorées de l'ODVA, l'Agronome Maurice Guignard, à qui il doit d'avoir été stimulé à écrire cette Introduction à la Sélection Végétale et enfin, Mme Marie-Denyse Day, qui a réalisé le travail mécanographique de la préparation des originaux.

1ère PARTIE :

PRINCIPES DE GENETIQUE QUANTITATIVE

CHAPITRE 1

INTRODUCTION

1.1 Définition et Nature d'un Problème

En Haiti la production nationale des cultures alimentaires en général et des grains de base (mais, millet, haricot et riz) en particulier ne suffit pas pour satisfaire les besoins d'une population sans cesse croissante. Voici, pour définir quantitativement le problème, un extrait d'un Tableau d'un document de projet élaboré en 1977 par le Département de l'Agriculture en coopération avec l'IICA (1):

TABLEAU No. 1 : Demande nationale, Offre totale et Déficit national de quatre grains de base en Haiti

Grains de base	Demande nationale (TM)	Offre totale (TM)	déficit national (TM)
	année 1 9 7 7		
mais	204.749	136.375	68.374
millet	133.897	113.365	20.532
haricot	133.897	35.781	98.116
riz	63.646	25.546	38.106

Mis en face de cette situation, le Gouvernement d'Haiti a consigné dans son Plan Quinquennal 1981/1986 de développement du secteur agricole, l'augmentation de la production et de la productivité des denrées de base comme l'un des objectifs prioritaires. C'est, sans aucun doute, au niveau des systèmes de production agricole opérés par les cultivateurs haitiens qu'il faut rechercher les causes et les solutions du problème de la faiblesse relative de la production nationale des denrées de base du pays. Néanmoins, pour un système

de production agricole donné S_1 , la production nationale d'une culdonnée est définie par l'équation:

$$P_1 = SR \qquad (1.1)$$

dans laquelle P_1 désigne la production totale, S la superficie consacrée à cette culture et R le rendement moyen par unité de surface. Ce que le Gouvernement d'Haiti veut dans le cadre de son Plan Quinquennal 1981/1986, c'est: augmenter P_1 , la production nationale, en augmentant R, le rendement moyen par unité de surface. En d'autres termes le Gouvernement d'Haiti veut, en coopération avec les cultivateurs haitiens d développer des alternatives améliorées de systèmes de production agricole S_2 , S_3 , ... S_n tels que :

$$P_2 , P_3 ,\ldots \quad P_n > P_1 \qquad (1.2)$$

Bien entendu, selon le Plan, l'augmentation de la production nationale $P_2 - P_1 = \Delta P$ sera donnée par l'équation :

$$\Delta P = S.\Delta R \qquad (1.3)$$

dans laquelle ΔR désigne l'augmentation du rendement moyen.

Voilà, en termes clairs et mathématiques, le problème que doit résoudre le Gouvernement d'Haiti.

1.2 Comment augmenter R

Pour donner au lecteur une idée de la faiblesse relative des rendements par unité de surface des principales cultures alimentaires d'Haiti, nous allons à partir de données recueillies par Sanders et Alvarez (2) calculer les rendements (kg/ha) du haricot commun pour quatre pays de la zone des Antilles et les Etats-Unis:

TABLEAU No. 2 : Production superficie et rendement du haricot commun dans quatre pays de la zone des Antilles et aux Etats-Unis.

pays	Production (TM)	Superficie (ha)	rendement kg/ ha
Cuba	25.000	37.000	676
Haiti	42.000	80.000	525
Puerto Rico	2.000	4.000	500
Rép. Dominicaine	25.000	38.000	658
Etats-Unis	- -	- -	1.370

Le tableau ci-dessus montre clairement que, comparativement aux Etats-Unis d'Amérique, les rendements (kg/ha) du haricot commun sont faibles dans les Antilles, Comment donc augmenter R en Haiti en particulier ? Sans chercher à systématiser les facteurs déterminants de la faiblesse relative des rendements des cultures alimentaires et industrielles du pays, nous pouvons dire qu'il y a deux catégories de variables sur lesquelles il est possible d'agir pour augmenter R, à savoir : premièrement : celles qui concernent le milieu - au sens le plus large - dans lequel se développe la culture, tel que : la préparation du sol, le traitement de la semence utilisée, la densité et l'époque de semis, l'approvisionnement en eau, la fertilité du sol, la protection contre les mauvaises herbes, les insectes, les maladies et autres parasites, le précédent cultural, les amendements du sol, l'association de cultures ..., deuxièmement : celles qui concernent la plante elle-même ou, pour être plus clair, la variété utilisée, par exemple : variétés résistantes ou tolérantes aux maladies, aux insectes, au sel, à la sécheresse, à l'excès d'eau; variétés répondant positivement à la

fumure , aux densités relativement élevées de semis; variétés hâtives ou précoces, à chaume court, résistantes à la verse; variétés ayant une bonne capacité de combinaison avec le Rhizobium pour fixer l'azote athmosphérique...

Pour terminer ce paragraphe, nous allons rapporter un exemple intéressant d'augmentation du rendement (kg/ha) chez le haricot. Dans ce qui fut l'ilôt de développement de Bongnotte l'un des facteurs déterminants du faible rendement moyen du haricot commun (environ 400 kg/ha) est la mauvaise préparation du sol que les cultivateurs aménagent en cuvettes retenant trop longtemps l'eau dans ces sols relativement lourds. En améliorant seulement la préparation du sol - aménagement de billons au lieu de cuvettes - les producteurs de Bongnotte ont pu doubler le rendement moyen du haricot. Il s'agit là, sans nul doute, d'une amélioration du milieu dans lequel se développe la culture.

Dans le même îlot les cultivateurs utilisent comme variété une population locale de haricot très hétérogène- types arbustifs, types à rames et autres. En changeant de variété - conservant le système de préparation du sol en cuvettes, les producteurs de haricot ont passé de 400 à environ 600 kg/ha. Ce qui est encore plus intéressant, c'est que le changement de variété et l'amélioration de la préparation du sol ont fait passer les rendements moyens de 400 à 950 kg/ha environ.

1.3 Phytotechnie et Ecotechnie

Tout au cours du développement de ce texte, les termes de milieu et environnement seront employés pour signifier la même chose : l'ensemble des conditions édaphiques, climatiques et biologiques, naturelles et artificielles, dans lesquelles se développe une culture donnée. En grec, milieu ou environnement se dit éco. Par ailleurs, il est permis de qualifier de technologiques - terme dans lequel on sépare une première racine grecque : technie - toutes les interventions, toutes les manipulations

que l'on opère au niveau de l'environnement d'une culture . En somme, nous forgeons le terme de écotechnie (= manipulation du milieu) pour désigner toute variation améliorante de l'environnement d'une culture. Par exemple, l'aménagement du sol en billons constitue une variation dans la préparation du sol; cette variation est améliorante parce qu'elle augmente le rendement de la culture.

Quant aux manipulations que l'on opère au niveau de la culture, de la plante, il est facile de les grouper sous le vocable de phytotechnie, car, en grec plante se dit phyto. En réalité, nous verrons au chapitre 2 que la phytotechnie est essentiellement de la génotechnie - terme dans lequel apparait le mot gène. En effet, ce sont les gènes, le génotype, de la plante ou de l'ensemble des plantes, et non la plante elle-même, que le phytotechnicien manipule.

Ainsi donc, en revenant au problème de l'augmentation du rendement R, nous pouvons écrire:

Amélioration de R = phytotechnie et/ou écotechnie (1.3.1) ou, si vous préférez :

Amélioration de R = génotechnie et/ou écotechnie (1.3.2).

Les deux parties de notre Introduction à la Sélection Végétale se réfèrent essentiellement à la phytotechnie - ou génotechnie- , c'est-à-dire l'augmentation des rendements des cultures par des manipulations opérées au niveau des génotypes de plantes individuelles ou de populations de plantes. Pour vous donner une idée du domaine de notre travail, en tant que phytotechnicien, nous vous dirons ceci : dans une zone relativement sèche comme le Nord-Ouest d'Haiti, un agronome spécialiste en production végétale pourra s'intéresser au développement de pratiques culturales orientées vers la conservation de l'humidité du sol - paillis et autres - ou vers la diminution de la transpiration des plantes par exemple; tandis que

l'agronome spécialiste en phytotechnie s'intéressera au développement de variétés résistantes à la sécheresse. Quand les deux spécialistes travaillent en équipe interdisciplinaire, faisant de l'écotechnie et de la phytotechnie, les objectifs d'augmentation du rendement sont réalisés plus rapidement et, parfois, au delà du but visé.

EXERCICES

1.1.1 : A combien (kg/ha) estime-t-on en Haiti le rendement des cultures suivantes : patate, manioc, igname, café, coton, canne-à-sucre, arachide, pois congo, pois de souche?

1.1.2 : On estime à 24 kg/habitant/année le besoin normal en haricot en Haiti. En 1977, la population haitienne était estimée à 5.000.000 habitants. Quelle était, à cette époque, la consommation moyenne (kg) par habitant par année ? Quelle sera cette valeur en 1986 si le taux d'accroissement de la population se maintient à 1,5% l'an et si l'offre totale de 35.781 TM n'aura pas changé ? Quel sera, à cette même année, le déficit (kg) par habitant ?

1.1.3 : Soit l'équation $P = RS$ dans laquelle P = production totale (kg) ; R= rendement (kg/ha) et S = superficie (ha). On augmente le rendement de ΔR et la surface de ΔS. Quel sera l'accroissement total de P ?

1.2.1 : Comment, selon votre expérience personnelle et des documents de diagnostic agro-socio-économique dont vous disposez, expliquez-vous la faiblesse relative des rendements des cultures de l'exercice 1.1.1 ?

CHAPITRE 2

CONCEPTS ET DEFINITIONS

2.1 Sélection

Sélectionner veut dire choisir, isoler, mettre à part, trier. La sélection est donc un choix, un tri. Elle peut être naturelle ou artificielle. La sélection naturelle est celle qui s'opère sans aucune intervention de l'homme. Elle est le moteur de l'évolution des êtres vivants. La sélection artificielle est celle qui s'opère par l'homme et pour les besoins de l'homme. Vavilov a dit que la sélection artificielle est une évolution "at the will of man", selon la volonté de l'homme.

Evidemment on ne peut sélectionner que là où il y a un ensemble de choses différentes, de choses qui ne se ressemblent pas, en d'autres termes, là où il y a variation, que cette variation soit donnée naturellement ou développée artificiellement. La sélection, naturelle ou artificielle, présuppose toujours la variation. Evidemment encore, pour sélectionner, il faut que celui qui opère la sélection - le sélectionneur - ait un critère de choix, ou, en d'autres termes, un objectif de sélection. Il faut que parmi les choses différentes au sein desquelles on va choisir, l'on ait en tête de choisir certaines choses - et elles seules - ayant certaines caractéristiques que l'on désire, "at the will of man".

Nous avons vu, au paragraphe 1.1. que l'un des objectifs prioritaires du Plan Quinquennal 1981/1986 de développement du secteur agricole en Haiti, est d'augmenter la production nationale des cultures alimentaires de base en augmentant les rendements par unité de surface. Ainsi donc, le Gouvernement, en établissant sa politique agricole, fixe pour le phytotechnicien haitien un objectif général de

sélection qui est d'augmenter le rendement des cultures par unité de surface.

Mais le rendement d'une culture - comme caractéristique désirable-n'en est pas moins une caractéristique complexe. Il est, pratiquement, le terme ultime et concret du développement de la culture. Par exemple, un diagnostic agronomique peut révéler qu'une culture de riz dans la Vallée de l'Artibonite fournit un rendement faible parce qu'elle a une faible capacité de tallage effectif, une très grande susceptibilité à la piriculariose et une très faible tolérance au sel.

Par conséquent, l'objectif général de sélection, à savoir augmentation du rendement R peut être éclaté en trois objectifs spécifiques de sélection, à savoir: sélection de variétés à forte capacité de tallage effectif, résistantes ou tolérantes à la piriculariose et au sel. La réalisation de l'un ou l'autre, ou de l'ensemble de ces objectifs spécifiques de sélection - jointe, dans le meilleur des cas, à la réalisation de pratiques culturales (écotechnie) convenables - permettra d'atteindre le but fixé qui est d'augmenter le rendement R.

2.2 Population

Il a été dit au paragraphe 2.1 que la sélection présuppose la variation.

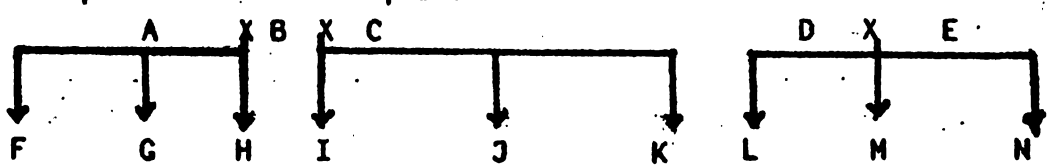
En phytotechnie, on désigne par le terme de population tout ensemble au sein duquel il y a variation. Ainsi, l'ensemble de variétés de riz dont le CIAT, dans le cadre de la coopération technique réciproque HAITI/CIAT, envoie des semences au Centre National de Recherche et de Documentation Agricoles aux fins de sélection, forme une population à partir de laquelle les phytotechniciens de l'ODVA isoleront les variétés adaptées aux agro-systèmes de production des cultivateurs de la

Vallée. Evidemment une même variété de riz, Quisqueya par exemple, constitue une population, un ensemble de plantes qui, pour une caractéristique telle que le rendement individuel, laisseront observer une certaine variation. De même, ce que nous appelons "variétés locales" de riz, mais, millet, haricot, patate, manioc, igname et autres, sont des populations, puisque les individus qui forment ces populations, ne sont jamais tous semblables pour un caractère donné. Enfin, les individus issus du croisement de deux variétés de mais par exemple, qu'ils aient été ou non autofécondées après, forment une population par définition.

Evidemment, la variation observée à l'intérieur d'une population peut être dûe à plusieurs causes que nous nous proposons d'approfondir au paragraphe 2.4. De même, nous verrons plus tard comment séparer les causes les unes des autres et de quelles causes de variation dépend essentiellement l'efficacité et l'efficicience des sélections que nous opérons au sein d'une population. Toutefois, il n'en reste pas moins vrai que tout ensemble au sein duquel il y a variation constitue une population.

2.3 Unité de Sélection

Il y a deux niveaux auxquels un sélectionneur peut considérer une population : au niveau d'individus dont l'ensemble constitue la population, ou bien au niveau de groupes d'individus. Cette considération se base sur le degré de parenté des individus formant la population. Considérons le schéma ci-dessus que, pour avoir déjà appris le symbolisme de la génétique classique, vous comprenez sans explication de notre part:



Les individus F, G, H, I, J, K, L et M forment une population. Avec comme objectif spécifique de sélection la couverture complète des épis par leurs spathes chez le maïs par exemple, le phytotechnicien peut, indépendamment du degré de parenté existant entre ces individus, considérer chaque individu comme l'unité de sélection et choisir, au sein de la population, tous les individus montrant le caractère désiré, soient: F, G, I et K. Néanmoins, le phytotechnicien peut grouper les individus de la population en frères complets par exemple: FGH, IJK, et LMN, considérer chaque groupe de frères complets comme l'unité de sélection, c'est à dire sélectionner entre les groupes de frères complets FGH et IJK d'abord et ensuite, le cas échéant, choisir à l'intérieur de chacun des groupes. Ainsi, il pourra, avec le groupe comme unité de sélectionner F et G à l'intérieur de FGH et I et K à l'intérieur de IJK, c'est à dire les individus qui, dans chaque groupe montrent le caractère désiré avec une expression plus complète.

Ainsi donc, le sélectionneur peut opérer des sélections de familles groupes d'individus apparentés - et/ou des sélections d'individus. Nous apprendrons plus tard quand et pourquoi opérer à l'un ou l'autre ou aux deux niveaux de sélection : individus et familles.

2.4 Phénotype, Génotype et Environnement

Dans une population donnée, quelle que soit l'unité de sélection-individus ou famille - le phytotechnicien sélectionne les individus ou familles qui montrent, à un degré satisfaisant, le caractère désiré ou, pour employer le terme consacré par la génétique, le phénotype désiré. Le phénotype que l'on recherche peut être une caractéristique morphologique ou anatomique (riz à chaume court versus riz à paille longue), physiologique (millet neutre à la photopériode versus millet sensible à la photopériode), biochimique (manioc

Les individus F, G, H, I, J, K, L et M forment une population. Avec comme objectif spécifique de sélection la couverture complète des épis par leurs spathes chez le mais par exemple, le phytotechnicien peut, indépendemment du degré de parenté existant entre ces individus, considérer chaque individu comme l'unité de sélection et choisir, au sein de la population, tous les individus montrant le caractère désiré, soient : F,G, I et K. Néanmoins, le phytotechnicien peut grouper les individus de la population en frères complets par exemple : FGH, IJK et LMN, considérer chaque groupe de frères complets comme l'unité de sélection, c'est à dire sélectionner entre les groupes de frères complets FGH et IJK d'abord et ensuite, le cas échéant, choisir à l'intérieur de chacun des groupes. Ainsi, il pourra, avec le groupe comme unité de sélectionner F et G à l'intérieur de FGH et I et K à l'intérieur de IJK, c'est à dire les individus qui, dans chaque groupe montrent le caractère désiré avec une expression plus complète.

Ainsi donc, le sélectionneur peut opérer des sélections de familles-groupes d'individus apparentés - et/ou des sélections d'individus. Nous apprendrons plus tard quand et pourquoi opérer à l'un ou l'autre ou aux deux niveaux de sélection : individus et familles.

2.4 Phénotype, Génotype et Environnement

Dans une population donnée, quelle que soit l'unité de sélection - individus ou familles - le phytotechnicien sélectionne les individus ou familles qui montrent, à un degré satisfaisant le caractère désiré ou, pour employer le terme consacré par la génétique, le phénotype désiré. Le phénotype que l'on recherche peut être une caractéristique morphologique ou anatomique (riz à chaume court versus riz à paille longue), physiologique (millet neutre à la photopériode versus millet sensible à la photopériode), biochimique (manioc pauvre en

manihotoxine versus manioc riche en manihotoxine), cytologique betterave tétraploide versus betterave diploide) ou autre. La relation entre l'individu et son phénotype est si étroite qu'en phytotechnie phénotype et individu sont employés l'un pour l'autre. Quand, au paragraphe 2.2, nous avons défini la population comme un ensemble d'individus variables, c'est, pour un phénotype donné, à la variation d'un phénotype à un autre, à la variation phénotypique que nous faisons allusion.

Par génotype d'un individu, on entend le gène ou la combinaison de gènes qui fait que, lorsque l'individu se développe dans un environnement donné, il montre tel ou tel phénotype. Par environnement, on entend toutes les conditions édaphiques, climatiques, biologiques ou autres, naturelles ou artificielles, dans lesquelles se développent les individus. Je vous conseille de relire le paragraphe 1.3.

Nous allons, pour vous permettre de comprendre la relation entre phénotype, génotype et environnement, vous donner un exemple classique en génétique. Il existe chez la primevère un génotype aa qui, lorsque les plantes qui le possèdent, se développent à la température de 15-20° C, montre des fleurs rouges. Cependant, les mêmes plantes de génotype aa donnent des fleurs blanches en se développant à la température de 30° - 35° C. De même, une variété de riz à jours longs ne fleurit pas dans un régime de jours courts; placée dans un régime de jours longs, cette même variété - même génotype - fleurit et fructifie normalement.

Voici un autre exemple : la "variété locale" de haricot commun, plantée à l'îlot de Bongnotte vers le 15-30 novembre, donne des rendements relativement élevés; cette même variété - même génotype -, plantée à Bongnotte sur la même parcelle, mais au mois de janvier, donne les rendements relativement bas.

Ainsi donc, nous pouvons dire que le phénotype est la résultante des actions du génotype et de l'environnement. En première approximation, cette assertion se traduit algébriquement par l'équation:

$$P = G + E \qquad (2.4.1)$$

dans laquelle P désigne le phénotype, G le génotype et E l'environnement.

Selon l'équation (1.3.1) nous avons :

Amélioration de R = Phytotechnie et / ou Ecotechnie.

Le rendement R d'une plante individuelle étant, par définition, un phénotype, nous pouvons écrire, en rapprochant les équations (2.4.1) et (1.3.1) :

Amélioration du phénotype = amélioration du génotype et /ou amélioration de l'environnement

Ainsi, comme nous l'avons déjà dit au paragraphe 1.3 , la phytotechnie est essentiellement de la génotechnie. Nous verrons plus tard que la génotechnie consiste à développer, à partir d'une population variable S_o - que cette variation soit naturelle ou créée par le sélectionneur lui-même -, un ou plusieurs sous-populations S_1, S_2... S_n dans laquelle la fréquence des génotypes désirables est plus grande que la fréquence de ces mêmes génotypes dans la population S_o .

2.5 Héritabilité

La définition que nous venons de donner de la génotechnie sous-entend que ce qui est intéressant dans une population, ce n'est pas la variation phénotypique en soi, mais bien la variation des génotypes, la variation génotypique. Comment le génotechnicien pourrait-il augmenter

la fréquence des génotypes désirables dans la sous-population qu'il veut développer s'il n'y a pas de variation génotypique dans la population de départ.

l'équation approximative :

$$P = G + E$$

signifie que, dans une population, la valeur phénotypique P_i d'un individu quelconque i est égale à sa valeur génotypique G_i plus-algébriquement - la valeur de l'environnement particulier E_i du génotype G_i ; en d'autres termes:

$$V_P = V_G + V_E + 2COV_{GE} \quad (2.5.1)$$

équation dans laquelle V signifie variance génotypique , V_E variance environnementale, COV_{GE} covariance entre génotype et environnement.*

C'est le rapport, en pourcentage, de la variance génotypique V_G à la variance phénotypique V_P que l'on nomme héritabilité au sens large du caractère en question et que l'on symbolise par H^2. Ainsi donc :

$$H^2 = \frac{100 \; V_G}{V_P} \quad (2.5.2)$$

L' héritabilité n'est autre chose qu'une mesure de la contribution relative du génotype au phénotype. Elle exprime encore dans quel pourcentage le caractère désiré dans la population est héritable,

---

* Nous nous proposons de revenir sur ce concept.

donc transmissible à la progéniture des individus sélectionnés. Nous disons héritabilité au sens large parce que, pour le moment présent , nous pensons comme si les individus sélectionnés transmettaient leur génotype à leurs descendants.. Or, sauf pour les plantes propagées par voie asexuelle, telles que le manioc, la patate, la canne-à-sucre et autres, les individus ne transmettent que leurs allèles à leurs descendants. Or encore, dans la transmission des allèles, il faut tenir compte de leurs effets additifs du degré de dominance d'un allèle sur l'autre et, dans le cas de deux ou plusieurs gènes, de la relation d'épistasie d'un gène sur l'autre. Nous étudierons tous ces phénomènes en temps opportun; pour le moment il nous suffit de savoir que :

$$H^2 = \frac{100V_G}{V_P}$$

De même, nous verrons plus tard de quelle manière on estime H^2 dans la pratique. Remarquons, en attendant que : pour $V_G = 0$, c'est à dire lorsque tous les individus de la population ont le même génotype, on a $H^2 = 0$ (héritabllité nulle); pour $V_G = V_P$, H^2 sera égal à 1 ou 100%. Ainsi donc, H^2 ne pourra varier qu'entre 0 et 1, c'est à dire :

$$0 \leqslant H^2 \leqslant 1 \qquad (2.5.3)$$

En effet, l'équation (2.5.1) montre qu'il est impossible que V_G soit supérieure à V_P , ce qui donnerait une héritabilité au sens large supérieure à 1 ou 100%.

Remarquons que, quand nous disons héritabilité nulle, cela ne signifie pas que le caractère en question n'est pas héritable ; nous voulons

simplement dire que tous les individus de la population ont le même génotype et que, par conséquent toute sélection à l'intérieur de cette population n'entraînera aucune amélioration héritable.

2.6 Différentielle de Sélection et Intensité de Sélection

Imaginons une population de haricot commun comprenant n=10 plants dont, à la maturité de récolte, nous mesurons le phénotype : nombre de gousses par plant ($=X_i$). Nous pourrons trouver dix valeurs de X_i telles que :

Plant no.	X_i	$X_i - \bar{X}_p$	$(X_i - \bar{X}_p)^2$
1	12	0	0
2	10	-2	4
3	9	-3	9
4	9	-3	9
5	10	-2	4
6	15	+3	9
7	15	+3	9
8	15	+3	9
9	15	+3	9
10	10	-2	4
TOTAL	120	0	66
MOYENNE	12		

Ainsi la valeur phénotypique moyenne de la population est : $\bar{X}_p = 12$ et une estimation de la variance phénotypique est:

$$V_p = \frac{66}{9} = 7,33$$

Imaginons maintenant qu'un phytotechnicien désire améliorer la valeur phénotypique moyenne de cette population, en sélectionnant, par exemple, tous les plants pour lesquels X_i est supérieur à 10, c'est à dire, les plants 1, 6, 7, 8 et 9. La valeur phénotypique moyenne des plants sélectionnés - on dit encore et souvent des élites - est $\overline{X}_p = 14,4$.

La différence :

$$S = \overline{X}_p - \overline{X}_p \qquad (2.6.1)$$

$$= 14,4 - 12 = 2,4 \text{ gousses par plant}$$

entre la valeur phénotypique moyenne des élites $\overline{X}_p$ et la valeur phénotypique moyenne de la population est appelée différentielle de sélection.

Imaginons encore une autre population de haricot formée de n =10 plants pour lesquels nous avons:

Plant No.	X_i	$X_i - \overline{X}_p$	$(X_i - \overline{X}_p)^2$
1	20	-2	4
2	18	-4	16
3	22	0	0
4	16	-6	36
5	24	+2	4
6	22	0	0
7	20	-2	4
8	24	+2	4
9	22	0	0
10	32	+10	100
TOTAL	220	0	168
MOYENNE	22		

Pour cette population, nous avons $\overline{X}_p = 22$ et une estimation de V_p est $\frac{168}{9} = 18,67$.

Supposons maintenant qu'un sélectionneur désire améliorer la valeur phénotypique moyenne de la population en sélectionnant tous les individus pour lesquels X_i est supérieur à 20, c'est à dire les plants 3, 5, 6, 8, 9 et 10.

La valeur phénotypique moyenne des élites est $\overline{X}_p = 24,3$.

La différentielle de sélection est :

$$S = \overline{X}_p - \overline{X}_p = 24,3 - 22 = 2,3 \text{ gousses / plant}$$

Ainsi donc, le phytotechnicien a, pour les deux populations imaginées, obtenu une même - à peu près - différentielle de sélection: 2, 3. Néanmoins, il a dû , pour la première population, sélectionner 5 élites, c'est à dire 50% des individus de la population. Pour la deuxième population, au contraire, il a choisi 6 élites, c'est à dire 60% des individus de cette population. De plus, les deux populations n'ont pas la même variance phénotypique V_p . Dans le premier cas, V_p est égal à 7,33; dans le second cas, il est égal à 18.67.

Tout comme le statisticien utilise le coefficient de variation pour comparer deux populations statistiques, le phytotechnicien emploie l'intensité de sélection, symbolisée par i, pour comparer deux populations de plantes. Mathématiquement, l'intensité de sélection est donnée par le quotient :

$$i = \frac{S}{\sqrt{V_p}} \qquad (2.8.2)$$

Pour la première population on a :

$$i = \frac{2,4}{\sqrt{7,33}} = 0,89$$

Pour la deuxième population, on a:

$$i = \frac{2,3}{\sqrt{18,67}} = 0,53$$

Ainsi donc, la sélection est plus intense dans la population 1 que dans la population 2.

Nous allons voir immédiatement l'importance de l'intensité de sélection en phytotechnie. Mais, en attendant, disons qu'il existe des tables, comme celles de Brewbaker, qui permettent, à partir du pourcentage d'individus sélectionnés dans une population très grande - $n > 1000$ - de lire immédiatement la valeur correspondante de l'intensité de sélection. Nous donnons, ci-après, un extrait de telles tables:

Pourcentage d'individus sélectionnés	Intensité de sélection (i)
1	2,64
5	2,06
10	1,76
20	1,40
30	1,16
40	0,96
50	0,80
90	0,20

Si les valeurs de i que nous avons calculées, c'est-à-dire i = 0,89 et i = 0,53 ne sont pas exactement celles données par la table pour les pourcentages d'individus sélectionnés correspondants, c'est à dire i = 0,80 et i compris entre 0,80 et 0,20 , c'est simplement à cause de l'effectif relativement petit de nos populations, n=10, alors que la table a été élaborée pour des valeurs très grandes de n.

2.7 Progrès de Sélection

Puisque ce que, en phytotechnie, on appelle progrès de sélection, est mesuré à partir de la progéniture des élites, c'est à dire, à partir des descendants des individus sélectionnés, imaginons que les 5 élites de la première population donnée en exemple au paragraphe 2.6 fournit les dix descendants suivants:

Elite No.	Descendant No.	X_i
1	1 2	12 14
6	3 4	10 18
7	5 6	10 18
8	7 8	17 18
9	9 10	14 18
TOTAL	10	142
MOYENNE		14,2

Quand nous faisons donner le même nombre de descendants, ici deux, par chaque élite, c'est parce que nous supposons qu'il n'y a pas de sélection naturelle au niveau des élites. Quoi qu'il en soit, cependant, la valeur phénotypique moyenne de la génération filiale des élites est $\bar{X}_F = 14,2$. C'est précisément la différence entre cette valeur $\bar{X}_F$ et la valeur phénotypique moyenne de la population originelle, que l'on appelle progrès de sélection à cette génération et que l'on symbolise par R.

Par définition, on a :

$$R = \bar{X}_F - \bar{X}_P \qquad (2.7.1)$$

ou, en l'occurence :

$$R = 14,2 - 12 = 2,2$$

Cela signifie qu'après un cycle de sélection, le phytotechnicien a pu améliorer augmenter de 2,2 le nombre moyen de gousses par plant de la population de départ.

Le rapport : $$H^2 = \frac{100R}{S} \qquad (2.7.2)$$

fournit en pourcentage une estimation assez grossière de l'héritabilité au sens large du caractère en question. Ici, nous avons :

$$H^2 = \frac{2,2}{2,4} = 91\%$$

ce qui,en vérité, représente une très forte héritabilité du nombre de gousses par plant.

Considérons maintenant les équations :

$$R = H^2S \quad \text{et} \quad i = \frac{S}{\sqrt{V_P}}$$

Remplaçant dans la première S par sa valeur tirée de la deuxième équation, on aura :

$$R = iH^2\sqrt{V_P} \qquad (2.7.3)$$

Ainsi donc, nous voyons que le progrès de sélection R est directement proportionnel à l'intensité de sélection i, à l'héritabilité au sens

au sens large H^2 et à la racine carrée de la variance phénotypique V_p.

Le lecteur qui réfléchit tire déjà la conclusion à savoir qu'à des valeurs de plus en plus élevées de l'intensité de sélection i, correspondent des valeurs de plus en plus élevées du progrès R de sélection. Cela est vrai, mais dans une certaine mesure. Imaginons en effet une population formée de $n = 100$ plants de mais. La plus forte intensité de sélection 2,64 correspond à 1% d'individus sélectionnés, c'est-à-dire qu'en fait le sélectionneur retient un seul plant comme élite. Tous les individus qui descendent de cette élite sont des demi-frères, en ayant leur mère en commun, qui s'interfécondent. En conséquence, il apparaitra à la génération filiale de l'élite des effets de consanguinité que le mais, vous le savez déjà, ne tolère pas.

D'un autre côté, les fortes intensités de sélection restreignent énormement la base génétique des populations. Et cela équivaut à une certaine "érosion génétique" qui est à la phytotechnie ce que l'érosion pédologique est à l'agriculture, c'est-à-dire une perte.

2.8 Corrélation Génotype-Environnement

Il y a corrélation entre génotype et environnement lorsque les meilleurs génotypes se développent dans les meilleurs environnements. En zootechnie, par exemple, lorsque les races laitières les plus performantes reçoivent les meilleures rations alimentaires.

Supposons qu'un Agronome désire comparer les rendements de quatre variétés de tomate A, B, C et D. Il pourrait, en répétant chacune

des variétés trois fois sur le terrain expérimental, réaliser un dispositif semblable à celui-ci :

I	A	B	C	D
II	A	B	C	D
III	A	B	C	D

Dans ce cas on dit que les variétés ont été disposées au hasard sur le terrain, en d'autres termes, que l'essai a été randomizé. En randomizant, l'Agronome atteint le but, à savoir qu'une variété quelconque, C par exemple, soit disposée sur le terrain de telle manière qu'elle soit favorisée dans un endroit et défavorisée dans un autre, et que la somme des influences positives (= favorisantes) et négatives (= défavorisantes) soit nulle. Dans ce cas, il n'y a pas de corrélation entre génotype et environnement.

Revenons à la formule (2.5.1)

$$V_P + V_G + V_E + 2 \cdot COV_{GE}$$

dans laquelle V_P = variance phénotypique, V_G = variance génotypique et COV_{GE} = covariance entre génotype et environnement. Cette formule n'est vraie que s'il y a corrélation entre génotype et environnement. Quand il n'y a pas cette corrélation - que l'on s'efforce d'annuler par la randomization des essais expérimentaux - la formule devient :

$$V_P = V_G + V_E \quad (2.8.1)$$

puisque

$$COV_{GE} = 0$$

2.9 Corrélation Phénotypique

On entend par corrélation phénotypique toute relation entre la variation de deux caractères chez même individu, ou bien toute relation de variation d'un même caractère chez deux individus. Par exemple, il existe chez le haricot commun une corrélation phénotypique entre la couleur de l'hypocotyle de la plantule et la coloration de la graine chez la plante adulte. De même, il existe une corrélation phénotypique entre la hauteur moyenne de plantes-filles et celles de leurs progéniteurs.

Tout comme la variance phénotypique, la corrélation phénotypique renferme une composante génotypique et une composante environnementale. Les causesgénétiques de la corrélation phénotypique sont au nombre de deux: liaison génique et pléiotropie. Il y a liaison génique quand deux gènes gouvernant deux caractères différents sont situés sur le même chromosome et sont, par conséquent, le plus souvent hérités ensemble. C'est ainsi, par exemple, que les gènes Su (mais sucré) et Tu (mais à tunique) sont situés sur le même chromosome 4 chez le mais. Il y a pléiotropie quand un même gène est responsable de deux caractères différents, par exemple, le gène de la coloration de l'hypocotyle et de la graine chez le haricot commun.

Pour des caractères quantitatifs tels que le nombre de gousses et le rendement (en grammes) par plant chez le haricot, une corrélation phénotypique observée peut être positive ou négative.

Soient, par exemple, X et Y deux caractères quantitatifs, tels que:

X = 2,0; 3,0; 3,5; 4,0; 5,0

Y = 0,1; 0,5; 0,8; 1,0; 1,2

Nous remarquons que Y augmente avec X. La corrélation entre Y et X est positive.

Si nous avions , au contraire:

$X = 2{,}0;\ 3{,}0;\ 3{,}5;\ 4{,}0;\ 5{,}0$

$Y = 1{,}2;\ 1{,}0;\ 0{,}8;\ 0{,}5;\ 0{,}1$

La corrélation entre Y et X serait négative : Y diminue quand X augmente.

Si X_i et Y_i désignent les différentes valeurs correspondantes de deux caractères quantitatifs, le degré de relation entre Y et X est donné mathématiquement par le coefficient de corrélation r tel que :

$$r = \frac{\sum (X_i - \overline{X})\ (Y_i - \overline{Y})}{\sqrt{\left[\sum (X_i - \overline{X})^2\right]\left[(Y_i - \overline{Y})^2\right]}} \qquad (2.9.1)$$

Pour r = 0 , il n'y a pas de corrélation entre X et Y.

Pour $-1 \leqslant r < 0$ la corrélation entre X et Y est négative.

Pour $0 \leqslant r \leqslant +1$. La corrélation entre X et Y est positive.

La quantité $\dfrac{\sum (X_i - \overline{X})\ (Y_i - \overline{Y})}{n - 1}$ dans laquelle n désigne le nombre de valeurs de X ou Y, s'appelle covariance entre X et Y. C'est de cette covariance que nous avons parlé aux paragraphes 2.5 et 2.8.

Très souvent, on exprime mathématiquement le degré de relation entre X et Y par le coefficient de régression de Y sur X. Ce coefficient b est donné par la formule :

$$b = \frac{\sum (X_i - \overline{X})\ (Y_i - \overline{Y})}{\sum (X_i - X)^2}$$

X_i	$X_i - \bar{X}$	$(X_i - \bar{X})^2$	Y	$Y_i - \bar{Y}$	$(Y_i - \bar{Y})^2$	$(X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})$
2	-1,40	-1,96	0,1	-0,62	0,38	+0,87
2	-0,40	0,16	0,5	-0,22	0,05	+0,09
3,5	+0,10	0,01	0,8	+0,08	0,006	+0,01
4	+0,60	0,36	1,0	+0,28	0,08	+0,53
4,5	+1,10	1,21	1,2	+0,48	0,23	+0.53
$\bar{X}$ =3,4	0	3,70	$\bar{Y}$= 0,72	0	0,746	+1,67

$$r = \frac{1,67}{\sqrt{2,76}} = \frac{1,67}{1,67} \approx 1$$

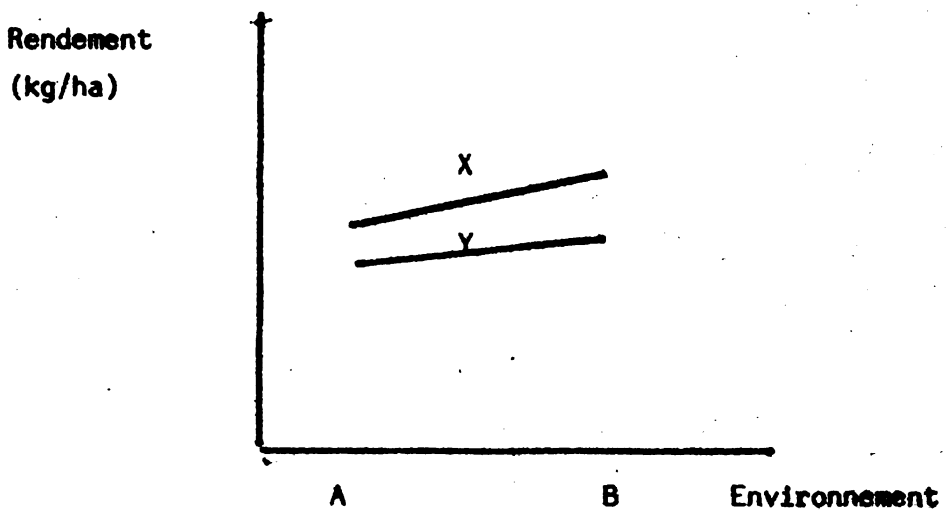
$$b = \frac{1,67}{3,70} = 0,45$$

2.10 Interaction Génotype-Environnement

Soient deux variétés de millet, Toro et la Toussaint, que nous désignons par X et Y respectivement. Soient encore deux environnements, Bongnotte et Croix-Fer, que nous représentons par A et B respectivement. Après avoir réalisé un essai comparatif de rendement de ces deux variétés dans chacun des environnements, un agronome observe, par exemple, les valeurs moyennes suivantes:

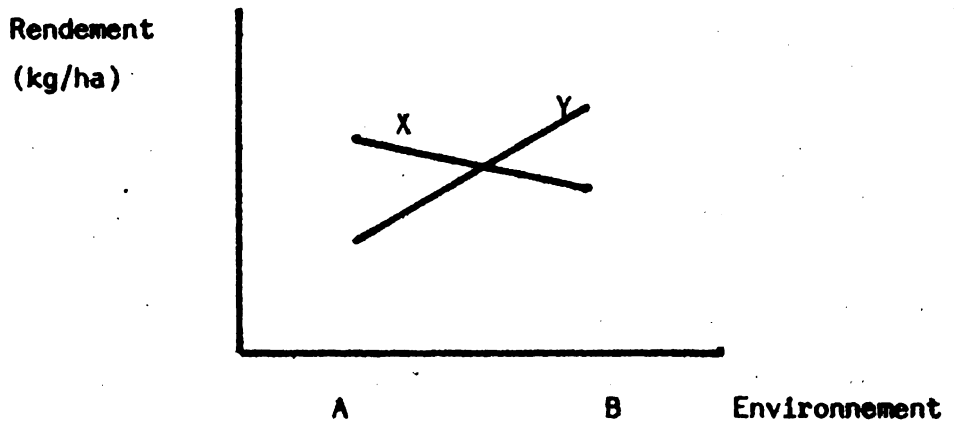
Variété	Rendement (kg /ha)	
	A	B
X	3000	3500
Y	2500	2750

Sous forme graphique, nous aurions :



Le tableau et le graphique nous permettent de voir que la variété X est supérieure à Y dans chaque environnement.

Mais l'Agronome aurait pu trouver le graphique suivant :



Cette fois-ci, X est supérieur à Y dans A, mais inférieur à Y dans B. Dans ce cas, on dit qu'il y a interaction (ne pas confondre avec corrélation) entre génotype et environnement, et la formule (2.8.I) :

$$V_P = V_G + V_E \quad \text{devient :}$$

$$V_P = V_G + V_E + V_{GE} \quad (2.10.1)$$

où V_{GE} désigne la variance d'interaction génotype-environnement.

C'est précisément dans le but d'avoir une estimation de la variance d'interaction V_{GE} que l'on réalise ce que l'on appelle des essais pluri-locaux (dans plusieurs zones) et pluri-annuels (au cours de plusieurs années). Si, du point de vue du producteur agricole de Bongnotte, la variété Toro est la meilleure, et si, du point de vue de l'agriculteur de Croix-Fer, la variété La Toussaint est plus performante, (voir le deuxième graphique), du point de vue du sélectionneur par contre, aucune des deux variétés d'est bonne, car ce que le sélectionneur recherche avant tout, c'est d'avoir, pour une même variété, un utilisateur de semences aussi bien à Bongnotte qu' à Croix-Fer. Il n'en reste pas moins vrai cependant qu'un sélectionneur peut développer des variétés performantes dans des régions spécifiques déterminées, dans la mesure où la clientèle de consommation est alléchante.

2.11 Valence Ecologique

D'une variété de millet par exemple, qui donne bien dans plusieurs environnements différents, on dit qu'elle a une bonne valance écologique. Mais si cette même variété donne bien dans un environnement et mal dans un autre

environnement, on dit qu'elle est susceptible à l'environnement, qu'elle a une mauvaise valence écologique. Il existe une formule très simple, qui permet de calculer la valence écologique d'une variété, c'est :

$$W_i = \sum \left(X_{ij} - \frac{X_i}{q} - \frac{X_j}{p} + \frac{X}{pq}\right)^2$$

l'indice i désigne la variété
l'indice j désigne l'environnement
p désigne le nombre de variétés
q désigne le nombre d'environnements.

Soient, par exemple, les résultats d'essais de rendement de trois variétés de manioc A, B et C dans trois environnements X, Y et Z :

Variété	Rendement (TM/Ha) dans l'environnement			X_i	$\bar{X}_i$
	X	Y	Z		
A	40,5	27,5	52,0	120	40
B	47,0	37,5	50,5	135	45
C	32,5	25,0	47,5	105	35
X_j	120	90	150	360	
$\bar{X}_j$	40	30	50	40	

Proposons nous de calculer la valence écologique de la variété C pour l'environnement X, nous avons :

$$W_C^X = \left(32,5 - \frac{105}{3} - \frac{120}{3} + \frac{360}{9}\right)^2 = 6,25$$

Pour l'environnement Y, nous avons :

$$W_C^Y = (25 - \frac{105}{3} - \frac{90}{3} + \frac{360}{9})^2 = 0$$

Pour l'environnement Z, nous avons :

$$W_C^Z = (47,5 - \frac{105}{3} - \frac{150}{3} + \frac{360}{9})^2 = 6,25$$

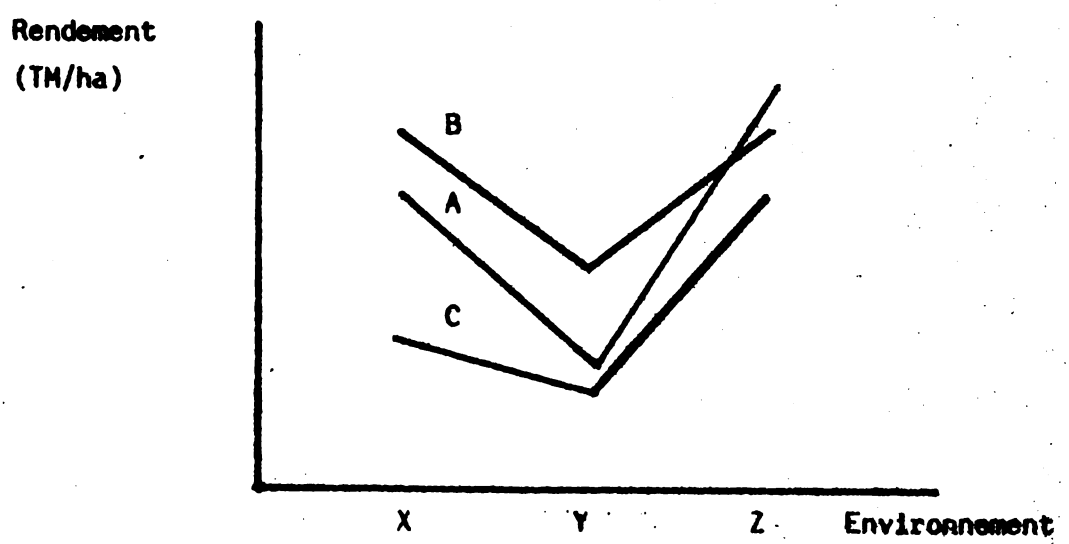
La somme Σ donne V_C = 12,5 qui représente la valence écologique de la variété C.

Pour les variétés A et B, on a :

W_A = 10,5

W_B = 330,5

Il est évident que la variété de manioc B est moins susceptible à l'environnement et possède ce de fait une forte valence écologique : 330,5. D'ailleurs la représentation graphique le montre:



Voici la preuve : Etablissons, pour chacune des variétés A, B et C, la somme des carrés des déviations des rendements dans chacun des environnements

par rapport à la moyenne pour les trois environnements.

Pour A, nous avons :

$$(40,5 - 40)^2 + (27,5 - 40)^2 + (52 - 40)^2 = 300,50$$

Pour B, nous avons :

$$(47 - 45)^2 + (37,5 - 45)^2 + (50,5 - 45)^2 = 90,50$$

Pour C, nous avons :

$$(32,5 - 35)^2 + (25 - 35)^2 + (47,5 - 35)^2 = 262,50$$

En effet, la variété B est celle pour laquelle la somme des carrés des déviations est minimum : 90,50.

EXERCICES

2.1.1 : Pouvez-vous suggérer quelques objectifs spécifiques de sélection pour les cultures de l'exercice 1.1.1 ?

2.2.1 : Connaissez-vous quelques populations locales de mais, millet, haricot et riz ?

2.2.2 : Vous croisez les génotypes suivants : AABB x aabb. Quelle est la composition de la F_1 ? Quelle est celle de la F_2 ? Cette F_2 constitue-t-elle une population ?

2.3.3 : Autofécondée, la plante Aa donne une proportion théorique de 25% AA, 50% Aa et 25% aa. Combien de graines de cette plante devez-vous prendre pour être certain à 99,99% d'y trouver au moins un génotype aa ?

Réponse :

Soit n le nombre de graines qu'il faut prendre. De ces n graines nous voudrions qu'au plus n-1 soient du génotype dominant (AA ou Aa). Or la probabilité théorique des génotypes dominants est : 25% + 50% = 75% = 3/4.
Donc la probabilité pour que des n graines, n-1 soient des génotypes AA ou Aa est $(\frac{3}{4}$ n-1 . D'après le problème, on veut que cette probabilité soit au plus égale à 0,01 (= 100% - 99,99%).
Donc, on a :

(3/4) n-1	= 0,01
log (3/4) n-1	= log 0,01
(n-1) log 3/4	= log 0,01
(n-1) (log 3 - log4)	= log 0,01
(n - 1) (0,48 - 0,60)	= -2
(n -1) (-0,12)	= -2
-0,12n + 0,12	=-2
0,12n	=2,12
n	=18

2.5.1 Une population de graines de pois (Pisum sativum) renferme :

27 graines jaunes et lisses
9 graines jaunes et ridées
3 graines vertes et ridées
9 graines vertes et lisses

a. Calculer la fréquence relative de chaque phénotype dans la population ?

b. Combien d'objectifs différents de sélection peut-on avoir pour cette population ?

c. Quel phénotype sélectionneriez-vous si vous aviez l'intention de produire des conserves de pois pour les markets ?

2.5.2 : Il y a des variétés de haricots dont les gousses sont formées à une position intermédiaire sur la tige ; d'autres variétés forment leurs gousses à une position si inférieure qu'à la maturité les gousses touchent le sol. Quel type de variétés sélectionneriez-vous ?

2.5.3. : Chez le radis, on a $V_P = 50$ et $V_E = 12$ pour la longueur de la racine. Calculez V_G et H^2 au sens large ?

2.5.4 : Chez une variété de patate, on a trouvé $V_P = 40$ pour le poids des tubercules de 1000 individus plantés à Damien.
Calculez V_E , V_G et H^2 pour cette variété ? Parmi les 1000 individus, on a trouvé deux dont le poids moyen des tubercules est égal à 800 g. Sélectionneriez-vous ces 2 individus pour former une nouvelle variété de patate ?

2.6.1 : Dans une population de haricot de 20 individus, on a trouvé les nombres de gousses suivants par plant :

3,6,6,12,9,8,2,15,18, 3, 6, 7, 7, 7, 8, 9, 10, 2, 18, 20.

a. Quel est le nombre moyen de gousses par plant dans la population ?

b. Vous sélectionnez les individus 18, 19 et 20 comme parents à la prochaine génération. Quel est le nombre moyen de gousses par plant chez les individus sélectionnés ?

c. Calculez la différentielle de sélection ?

d. Quel est le pourcentage d'individus sélectionnés ?

e. La génération filiale des individus sélectionnés donne pour le même caractère, les valeurs suivantes : 17, 17, 24, 18, 18, 20, 20, 15, 24, 22, 21, 16, 20, 24, 30, 17, 18, 20, 19, 20.

f. Calculez le nombre moyen de gousses par plant dans la génération filiale.

2.7.1 : De l'exercice 2.6.1, calculez :

a. Calculez le gain de votre sélection ?

b. Calculez H^2 ?

c. Estimez i dans la table Brewbaker ?

2.8.1 : Trois variables P, G et E sont telles que

$$P = G + E$$

Soient, respectivement : $\frac{\Sigma(P_i - \bar{P})^2}{n-1}$, $\frac{\Sigma(G_i - \bar{G})^2}{n-1}$ et $\frac{\Sigma(E_i - \bar{E})^2}{n-1}$

les variance de P, G et E. Démontrez que :

Variances P = Variance G + Variance E + 2 Covariance GE ?
Que se passe-t-il si Covariance GE = 0 ?

2.9.2 : Soit le tableau suivant dans lequel, pour le haricot, on a :

a : X = nombre moyen de gousses / plant
Y = nombre moyen de graines / gousse
Z = poids moyen (g) d'une graine
W = rendement moyen (g) / plant

Variété	X	Y	Z	W
1	12,8	4,8	0,17	10,20
2	18,0	4,3	0,19	14,90
3	10,2	4,1	0,19	7,90
4	10,4	5,7	0,21	12,69
5	8,6	3,0	0,21	5,37

Calculez les coefficients de corrélation entre :

a. X et Y ?
b. X et Z ?
c. X et W ?
d. Y et Z ?
e. Y et W ?
f. Z et W ?

2.11.1 : Dans les cinq îlots de développement, Bongnotte, Croix-fer, Désarmes, Desbarrières et Orangers, des essais de rendements de cinq variétés d'arachide ont donné les valeurs moyennes suivants (kg/ha) :

Variété	Environnement et rendement (kg/ha)				
	Bongnotte	Croix-Fer	Désarmes	Desbarière	Orangers
1	400	800	600	1000	300
2	600	500	650	550	600
3	1000	30	700	200	600
4	800	700	750	850	800
5	200	1000	600	400	200

a. Calculez la valence écologique de chacune des variétés ?

b. Quelle est, à ce point de vue, la meilleure variété ?

c. Quelles variétés choisissez-vous pour chacun des îlots ?

2.11.2 : Dans un essai de rendement de 5 variétés de riz : BB-50 La Belle, Chianung-Sen-8, Mme Gougousse et Ti Fidèle, on a pu dresser le tableau d'analyse de variance suivant :

Sources de Variation	Somme des carrés	Degré de Liberté	Variance
Entre variétés	468,13	4	117,03
Entre blocs	24,47	2	12,23
A l'intérieur des variétés	24,71	8	6,84
TOTAL	547,31	13	

a. De quelles variances se compose la variance 117,03 observée entre les variétés ?

b. Estimez V_E si vous pouvez ?

2.11.3 : Pour les caractéristiques X = nombre de gousses/plant, Y = nombre de graines/gousse et Z = poids de la graine, Denis (1977) a trouvé les valeurs suivantes d'héritabilité chez le haricot :

Concept	X	Y	Z
H^2	0,51	0,83	0,85

a. Pour quel caractère est-on en droit d'espérer un plus grand progrès de sélection ?

CHAPITRE 3

STRUCTURE GENETIQUE DES POPULATIONS NATURELLES

3.1 Introduction

On entend par structure génétique d'une population naturelle la variation, de génération en génération, de la fréquence relative des génotypes qui composent une population végétale, qui évolue sans intervention de l'homme. L'évolution des populations naturelles dépend de plusieurs facteurs :

- du mode de reproduction des individus de la population : populations à autogamie prédominante (haricot commun, riz, arachide et autres); populations à allogamie prédominante (mais, melon, concombre et autres);
- du degré de ploidie des individus : populations diploides ; populations polyploides;
- de la sélection naturelle;
- de la migration, c'est à dire, du flux d'autres gènes dans ou hors de la population;
- de l'effectif ou grandeur de la population;
- de la mutation;
- et du degré de parenté des individus de la population;

Nous allons, dans ce chapître, étudier les cas des populations naturelles diploides, autogames et allogames, assez grandes et dans lesquelles il n'y a ni sélection , ni migration , ni mutation.

3.2 Populations Autogames Diploides

Considérons une population naturelle de haricot commun formée de n = 1000 individus. Pour un gène A avec deux allèles A et a, nous pouvons

nous pouvons avoir les génotypes suivants : AA, Aa et aa. Soient, à la génération g_1 , 100, 600 et 300 les fréquences absolues de AA, Aa, et aa respectivement.

Par conséquent, les fréquences relatives sont :

$$\frac{100}{1000} = 0{,}10 \text{ pour AA}$$

$$\frac{600}{1000} = 0{,}60 \text{ pour Aa}$$

et $$\frac{300}{1000} = 0{,}30 \text{ pour aa}$$

Laissons chaque plante s'autoféconder. AA ne fournira que des individus AA à la génération g_2 , et cela, avec la fréquence relative de 0,1. aa ne fournira que des plantes aa avec la fréquence relative de 0,3. Quant à Aa, le quart de sa progéniture sera formé de AA, la moitié de Aa et le dernier quart de aa. Les fréquences relatives de ces différents génotypes seront : $\frac{0{,}6}{4}$; 0,15 pour AA ; $\frac{0{,}6}{2}$; 0,30 pour Aa; $\frac{0{,}6}{4}$ = 0,15 pour aa. Ainsi [illegible] à la génération g_2 , la fréquence relative totale de AA sera de 0,25 (= 0,10 + 0,15) ; celle de Aa sera de 0,30; celle de aa sera de 0,45 (= 0,30 + 0,15). A la génération g_3 , nous aurons :

$$0{,}25 + \frac{0{,}30}{4} = 0{,}325 \text{ pour AA}$$

$$\frac{0{,}30}{2} = 0{,}15 \text{ pour Aa}$$

et $$0{,}45 + \frac{0{,}30}{4} = 0{,}525 \text{ pour aa}$$

Sous une forme tabulaire, nous aurons :

Génération	Fréquence relative de			Total
	AA	Aa	aa	
g_1	0,10	0,60	0,30	1,00
g_2	0,25	0,30	0,45	1,00
g_3	0,325	0,15	0,525	1,00

Ce tableau indique que :

- la fréquence relative des individus hétérozygotes Aa diminue de moitié à chaque génération;
- les fréquences relatives des individus homozygotes AA et aa augmentent à chaque génération ;
- la population tend vers l'homozygotie ; en effet, à la génération g_1, le degré d'homozygotie de la population était de : (0,10 + 0,30) = 0,40 . Après deux générations d'autofécondation, cette valeur est devenue :

$$(0,325 + 0,525) = 0,85$$

Ainsi donc, nous pouvons formuler le principe fondamental suivant: toute population naturelle à autogamie prédominante tend à devenir homozygote lorsque le nombre de générations tend vers l'infini.

Remarquons, pour le moment présent, que ce principe est d'une importance considérable dans les méthodes de sélection des plantes autogames.

3.3 Population Allogames Diploides

Considérons une population naturelle de mais formée de n = 1000 individus. Pour un gène A avec deux allèles A et a, nous pouvons avoir les génotypes suivants : AA, Aa, et aa avec les fréquences relatives respectives de 0,1 0,6 et 0,3 à la génération g_1 . Lors de la floraison, les individus AA ne fournissent que des allèles A avec la fréquence de 0,1. Les individus aa ne fournissent que des allèles a avec la fréquence de 0,3. Quant aux individus Aa, ils fournissent deux types d'allèles : A avec la fréquence de $\frac{0,6}{2} = 0,3$ et a avec la fréquence de $\frac{0,6}{2} = 0,3$. Avant la fécondation, la fréquence relative totale de A est (0,1 + 0,3) = 0,4 et celle de a est : (0,3 + 0,3) = 0,6 et cela, au niveau des panicules comme au niveau des épis.

Ainsi donc, nous pouvons élaborer le tableau de fécondation suivant:

Fréquence relative à la génération	Allèle panicule		Allèle épis	
	A	a	A	a
g_1	0,4	0,6	0,4	0,6

Après la fécondation, donc à la génération g_2 , nous aurons les génotypes :

AA avec la fréquence 0,16 (= 0,4 x 0,4)

Aa avec la fréquence 0,48 (= 0,4 x 0,6) + (0,4 x 0,6)

aa avec la fréquence 0,36 (= 0,6 x 0,6)

A la floraison de la génération g_2 , la fréquence relative de A, au niveau de panicule comme au niveau d'épi sera :

$$0,16 + \frac{0,48}{2} = 0,40$$

Celle de a sera de : $0,36 + \frac{0,48}{2} = 0,60$

Et nous retrouvons les valeurs du tableau précédent. Ainsi donc, après une génération la population a atteint un état d'équilibre, dit équilibre de Hardy-Weinberg, où les fréquences relatives des allèles et, par conséquent des génotypes, ne changent pas. Le principe de Hardy-Weinberg est d'une importance fondamentale dans les méthodes de sélection des plantes allogames, en particulier dans le développement des variétés dites synthétiques.

EXERCICES

3.1.1 : Mettez s (= autogame), c (= allogame) ou v (= propagation par voie végétative) à chacune des plantes suivantes : blé, orge, avoine, riz, pois, haricot, soya, arachide, tabac, laitue, seigle, chou, radis, betterave, coton, oignon, pomme de terre, patate, ail.

3.1.2 : Sur une parcelle expérimentale à Damien vous plantez, en rangées alternées, deux variétés pures de haricot A et B. La variété A est à fleurs blanches, de génotype bb et la variété B est à fleurs violettes, de génotype BB. A la maturité, vous récoltez les rangées de la variété A, dont vous semez la progéniture. A la floraison vous trouvez 2% de plantes à fleurs violettes. Quel a été, B étant dominant sur b, le pourcentage de fécondation croisée pour les 2 variétés et les conditions expérimentales qui ont prévalu lors de l'essai ?

3.2.1 : Si 40 pour cent des plantes d'un champ de riz sont hétérozygotes pour un certain gène , calculez le pourcentage d'homozygotes pour le même gène après 2 générations d'autofécondation ?

3.2.2 : Schnell distingue 4 structures différentes de variétés : les clones, les lignées pures, les variétés panmictiques (ou encore synthétiques) et les variétés hybrides. Quelle structure donneriez-vous aux plantes autogames ?

3.2.3 : Un sélectionneur sème la F_2 d'un monohybride Aa, d'une plante autogame en vue d'éliminer le caractère dominant. Quel pourcentage de plantes aura-t-il à éliminer à chaque génération ?

Réponse

La F_2 comprendra 1/4 (AA) : 1/2 (Aa): 1/4 (aa) . Il aura donc à éliminer les 3/4 de la population à la génération 1; il n'aura plus rien à éliminer à la génération 2, puisque aa fournira toujours aa, sauf bien entendu en cas de mutation.

3.2.4 : Quel pourcentage de plantes aurait-il à éliminer à chaque génération s'il voulait éliminer le caractère récessif ?

Réponse

Construisons le tableau suivant que vous n'aurez aucune peine à comprendre.

Génération	génotype et fréquence absolue avant sélection			génotype et fréquence absolue après sélection			% de aa à éliminer
	AA	Aa	aa	AA	Aa	aa	
1	1	2	1	1	2	0	1/4 = 2,5
2	6	4	2	6	4	0	2/12=16,7
3	28	8	4	28	8		4/40=10

Vous n'avez pas compris ? Voici : Prenons la génération 1. Après sélection il reste 1 AA et 2 Aa. Ces plantes s'autofécondent. Chacune d'elles est supposée donner le même nombre de descendants, sinon il y aurait <u>sélection naturelle</u>. Soit 4 le même nombre de descendants.

AA donne 4AA
2Aa donnent 2 Aa 4 Aa et 2aa

Total 1AA + 2Aa donnent <u>6</u>Aa <u>4</u>Aa et <u>2</u>aa

Vous éliminez les aa, il reste 6AA et 4Aa et vous continuez de même jusqu'à la génération que vous voulez.

Que concluez-vous à partir des exercices 3.2.3 et 3.2.4 ?

3.2.5 : Un sélectionneur désire éliminer un caractère dominant d'une population allogame formée de 1/4 (AA) : 2/4 (Aa) : 1/4 (aa). Quel pourcentage de plantes aura-t-il à éliminer à chaque génération, si le caractère est reconnaissable avant la floraison?

Réponse :

Même résultat qu'en 3.2.3

3.2.6 : Reprenez le même exercice en remplaçant dominant par récessif.

Le tableau suivant vous fera comprendre

Génération	Génotype et fréquence absolue avant sélection			Allèle et fréquence absolue avant sélection		Génotype et fréquence absolue après sélection			% de aa éliminés
	AA	Aa	aa	A	a	AA	Aa	aa	
1	1	2	1	4	2	16	16	4	1/4 = 25
2	16	16	4	48	16	2304	1536	256	4/36 = 11,1

Si vous aimez les mathématiques, essayez de remplacer les fréquences absolues par des fréquences relatives et continuez jusqu'à la génération 10.

3.2.7 : Que concluez-vous des exercices 3.2.5 et 3.2.6 ?

3.2.8 : Reprenez l'exercice 3.2.5 en remplaçant avant la floraison par après la floraison ?

Réponse

Nous travaillons cette fois avec des fréquences relatives. C'est plus simple. Au moment de la floraison, il y a un nuage pollinique formé de 1/2 (A) : 1/2 (a) qui "tombe" sur chaque plante. Après la floraison, on élimine 75% des individus. On récolte la progéniture de aa, composée, selon toute évidence, de 1/2 (Aa) : 1/2 (aa). Le nuage pollinique de la génération suivante comprend 3/4 (a): 1/4 (A) . Après la floraison, on élimine la moitié des plantes. Mais la progéniture de aa sera formée de 3/4 (aa): 1/4 (Aa), qui produira un nuage pollinique 1/8 (A) : 7/8 (a).

A l'aide de ce raisonnement, nous voyons que nous devons éliminer 0,75, 0,50, 0,25, 0,125, 0,0625, etc ., aux générations 1. 2, 3, 4, 5, etc. respectivement.

3.2.9 : Reprenez l' exercice 3.2.5 en remplaçant dominant par récessif et avant la floraison par après la floraison.

Réponse

0,25 0,167 0,125 0,096

3.2.10 : Echandi et Bolanos (1971) ont analysé la teneur en protéine de 300 échantillons de graines de haricot, provenant chacun de 300 plantes individuelles du cultivar JAMAPA. Les conditions expérimentales ont été similaires. La teneur en protéines a oscillé entre 18,04% et 29,94%, avec une moyenne de 22,82%. Sélectionneriez-vous toutes les plantes dont les graines ont accusé les plus fortes teneurs en protéines, pour développer un cultivar plus riche en ces constituants biochimiques ? Réponse : Si la structure du cultivar JAMAPA est celle d'une lignée pure, toutes les plantes

sont homozygotes et isogéniques, sauf bien entendu s'il y a eu mutation. Si nous excluons ces changements héréditaires, la variance phénotypique est due toute entière à l'environnement, i.e. :

$$V_P = V_E$$

$$V_G = 0_G$$

$$H^2 = \frac{V^G}{V_P} = \frac{0}{V_P} = 0$$

Nous aboutissons à la conclusion que le progrès de sélection est nul dans les lignées pures.

CHAPITRE 4

GENETIQUE DES CARACTERES QUANTITATIFS

4.1 Introduction

Il a été dit, au paragraphe 1.1, que l'objectif général de sélection végétale en Haiti doit être d'augmenter le rendement R par unité de surface des plantes alimentaires et industrielles. Or le rendement est un caractère quantitatif, c'est à dire, un caractère qui, à la mesure, peut prendre n'importe quelle valeur. C'est un caractère qui montre une variation continue et dépend en général de plusieurs gènes. C'est un caractère polygénique.

Il a été expliqué au paragraphe 2.7 que le progrès de sélection R augmente avec H^2, l'héritabilité au sens large du caractère Or, nous savons déjà que la variance phénotypique totale V_P d'un caractère est, en première approximation, égale à la somme de la variance génotypique V_G et de la variance environnementale V_E, et que c'est précisément le quotient $\frac{V^G}{V_P}$ qui est l'héritabilité au sens large.

Comment pouvons-nous, quand il s'agit d'un caractère quantitatif comme le rendement, dissocier V_P en ses composantes V_G et V_E ? C'est le but de ce chapître.

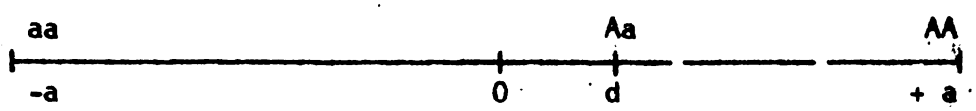
4.2 Modèle de Génétique Quantitative

Supposons, pour simplifier, que le caractère quantitatif que nous étudions, dépende d'un seul gène A avec deux allèles A et a. Soit p la fréquence relative de A et q celle de a. On a évidemment : $p + q = 1$. Les trois génotypes possibles dans la population sont AA de fréquence relative p^2 ; Aa de fréquence relative $2pq$ et aa de fréquence relative q^2. On a évidemment : $p^2 + 2pq + q^2 = 1$.

Chacune des trois catégories de génotypes AA, Aa et aa a sa propre valeur génotypique : G_i (AA), G_j (Aa) et G_k (aa). Soit + a, la valeur génotypique des individus AA, et a celle de aa. La moyenne des valeurs génotypiques de AA et aa sera :

$$\frac{(+a) + (-a)}{2} = 0$$

C'est par rapport à cette moyenne 0 que nous allons mesurer sur une droite la valeur génotypique +a de AA, -a de aa et d de Aa. Ainsi donc, nous aurons la droite suivante de mesure :



Evidemment, la position de Aa - et par conséquent la valeur de d - sur la droite dépend de la relation de dominance de l'allèle A sur a.

S'il n'y a pas de dominance de A sur a - hérédité intermédiaire - d se confond avec le point 0;

S'il y a dominance partielle de A sur a, d sera situé quelque part entre 0 et + a;

Calculons maintenant la valeur génotypique moyenne M de la population, en utilisant le tableau suivant:

génotype	fréquence	Valeur génotypique
AA	p^2	+a
Aa	2pq	d
aa	q^2	-a

Les valeurs génotypiques +a , d et -a étant déjà mesurées par rapport à une moyenne, nous avons :

$$M = p^2a + 2pqd - q^2a$$
$$= p^2a - q^2a + 2pqd$$
$$= a(p^2 - q^2) + 2pqd$$
$$= a(p + q)\ (p = q) + 2pqd$$

Puisque $p + q = 1$, nous avons enfin:

$$M = a(p = q) + 2pqd \quad (4.2.1)$$

Remarques :

1) Quand il n'y a pas de dominance :

$d = 0$ et $M = a(p-q)$

2) Quand il y a dominance totale :

$a = d$ et $M = a(p - q) + 2pqa$

$= a(p + 2pq - q)$

3) Le quotient $\frac{d}{a}$ est appelé degré de dominance.

4) Dans le cas d'un caractère polygénique, comme le rendement, M devient :

$$M = \Sigma a(p - q) + 2\Sigma pqd$$

4.3 Effet Moyen d'un allèle et Valeur Sélective d'un génotype

Le travail du sélectionneur consiste à augmenter la moyenne M de la population par sélection de certains génotypes désirables. Mais les individus ne passent pas leurs génotypes, mais simplement leurs allèles à leurs descendants. Ce qui intéresse le sélectionneur, ce ne sont point les valeurs génotypiques, mais les valeurs allèliques. Nous sommes ainsi amenés à introduire la notion d'effet moyen d'un Allèle. Imaginons-nous pour cela une population de mais dont nous

aurions émasculé tous les individus. Du côté femelle, nous aurions les allèles A et a avec les fréquences relatives respectives p et q. Imaginons que nous pouvons fertiliser les ovules avec du pollen ne renfermant que l'allèle A, par conséquent de fréquence relative égale à 1.

Nous aurions comme progéniture les individus AA de fréquence relative (p x 1) = p et les individus Aa de fréquence relative (q x 1) = q. La moyenne de cette population serait pa + qd.

On définit l'effet moyen de l'allèle A comme la différence entre la moyenne de cette population imaginaire et celle de la population initiale. Si nous désignons l'effet moyen de l'allèle A par e_A , nous aurons :

$$e_A = pa + qd - a(p - q) + 2pqd$$
$$= qa + d(p - p) \qquad (4.3.1)$$

Imaginons maintenant que nous fertilisions les ovules avec du pollen ne renfermant que l'allèle a, par conséquent de fréquence relative égale à 1. Nous aurions comme progéniture Aa et aa de fréquences relatives respectives : p et q. La moyenne de cette population serait de : pd - qa.

L'effet moyen e_a de l'allèle a est, par définition :

$$e_a = pd - qa - a(p - q) + 2pqd$$
$$= -p\left[a + d(q - p)\right] \qquad (4.3.2)$$

La somme des effets moyens de ses allèles est définie comme la valeur sélective d'un génotype. Selon cette définition, nous avons:

- pour AA : $2e_A$
- pour Aa : $e_A + e_a$
- pour aa + $2e_a$

Considérons maintenant le génotype AA, de valeur sélective $2e_A$. Remplaçons un allèle A par a. Nous avons un individu Aa, de valeur sélective égale à $e_A + e_a$. La différence de valeur sélective obtenue en passant du génotype AA au génotype Aa prend le nom d'effet moyen d'une substitution allélique (e). Ainsi donc, nous aurons :

$$e = 2e_A - (e_A + e_a)$$
$$= e_A - e_a \qquad (4.3.3)$$

En remplaçant, dans l'équation (4.3.3.), e_A et e_a par leurs valeurs tirées des équations (4.3.1) et (4.3.2), nous avons:

$$e = q[a + d(q - p)] + p[a + d(q - q)]$$
$$= (p + q)[a + d(q - p)]$$
$$= a + d(q - p) \qquad (4.3.4.)$$

Les valeurs sélectives deviennent

- pour AA : $2e_A = 2q[a + d(q - p)]$
  $2e_a = 2qe \qquad (4.3.5)$
- pour aa : $2e_a = -2pe \qquad (4.3.6)$
- pour Aa : $e_A + e_a = qe - ppe$
  $= e(q - p) \qquad (4.3.7)$

4.4 Variance Additive et Déviation de Dominance

Comme autre paramètre statistique de la population, nous allons calculer la variance des valeurs génotypiques ou encore la variance génotypique.

Mais, d'abord, dressons le tableau suivant:

Génotype	Valeur génotypique	Carré de valeurs génotypiques	Fréquence
AA	+a	a^2	p^2
Aa	d	d^2	2pq
aa	- a	a^2	q^2

Nous allons, pour calculer la variance génotypique, utiliser la formule bien connue :

Variance = (Somme des carrés) - (Moyenne x Somme des valeurs simples).

Nous avons :

Somme des carrés $= p^2 a^2 + 2pqd^2 + q^2 a^2$

Moyenne $= a(p - q) + 2pqd$

Somme des valeurs simples $= p^2a + 2pqd - q^2a$

Donc :

$$V_G = p^2 a^2 + 2pqd^2 + q^2 a^2 - a(p - q) + 2pqd \quad p^2a + 2pqd - q^2a$$
$$= 2pqa^2 + (2pdq)^2 + 2pq(p - q)^2d^2 - 4pq(p - q)ad$$
$$= (2pdq)^2 + 2pq(a + d(q - p))^2$$
$$= (2pqd)\ 2+ \ 2pqe^2$$

puisque $a + d(p - q) = e$

Calculons maintenant la variance des valeurs sélectives (V_A), utilisant la même formule, mais en remplaçant les valeurs génotypiques par les valeurs sélectives. Nous avons le tableau suivant :

Génotype	Valeur sélective	carré des valeurs sélectives	Fréquence
AA	2qe	$4q^2 e^2$	p^2
Aa	e(q-p)	$e^2(q-p)^2$	2pq
aa	-2pe	$4p^2 e^2$	q^2

Moyenne $= 2p^2 qe + 2pqe (q - p) - 2pq^2 e = 0$

Par conséquent, Moyenne par Somme des valeurs simples = 0

Somme des carrés $= 4p^2q^2 e^2 + 2pqe^2 (q - p)^2 + 4p^2q^2e^2$

$= 2pq [a + d (q - p)] = 2pqe^2$

Par conséquent, nous avons:

$$V_A = 2pqe^2 \qquad (4.4.2)$$

La quantité $(2pqd)^2$ est appelée déviation de dominance (V_D), parce qu'elle est dûe à l'effet de dominance de A sur a. En effet. quand il n'y a pas de dominance, nous avons : d = 0 et $(2pqd)^2 = 0$.

Ainsi donc, nous écrirons:

$$V_G = V_A + V_D \qquad (4.4.3)$$

Mais V_P $\quad V_P = V_G + V_E$

Donc $\quad V_P = V_A + V_D + V_E$

Quand il y a interaction entre génotype et environnement, nous avons la formule générale:

$$V_P = V_A + V_D + V_E + V_{GE} \qquad (4.4.4)$$

Ainsi donc : la variance phénotypique d'un caractère est la somme de la variance additive, de la déviation de dominance, de la variance environnementale et de la variance d'interaction entre génotype et environnement.

EXERCICES

4.2.1 : Une population d'une plante autogame comprend 4AA, 12Aa et 9aa. La valeur génotypique de AA est 12g, celle de Aa 10g et celle de aa 6 g.

a. Calculez les fréquences relatives des 3 génotypes ?

b. Y a-t-il dominance de A sur a ?

c. En prenant la moyenne arithmétique des valeurs génotypiques de AA et aa pour origine 0 de mesure. calculez :

1) la valeur génotypique transformée + a de AA ?

2) celle (d) de Aa ?

3) celle (- a) de aa?

4) le degré de dominance de A sur a ?

d. Calculez la moyenne M de cette population?

e. Calculez la variance génotypique V_G de la population ?

f. La population s'autofécondant, refaites tous les calculs de a. à e à la 2ème génération.

g. Quelle conclusion tirez-vous, quant à la variation de la moyenne de la population ?

4.3.1 : Reprenez l'exercice 4.2.1, Calculez :

a. Les effets moyens des allèles A et a à la génération initiale.

b. Les valeurs sélectives des trois génotypes ?

4.4.1 : Avec le même exercice, calculez :

a. V_A et V_D ?

b. Si, pour la population, $V_E = 2$, calculez :

1) V_P ?

2) H^2 au sens large ?

3) Le progrès de sélection espéré, si l'on sélectionne 3Aa dans la population initiale.

4.4.2 : Chez le riz, on a trouvé, pour les dates de montaison de 2 variétés P_1 et P_2 et leur progéniture :

Génération	Moyenne (jours)	V_P (jours)
P_1	13.0	11,04
P_2	27,6	10,32
F_1	18,5	5,24
F_2	21,2	40,35
$R_1 = (P_1 \times P_2) \times P_1$	15,6	17,35
$R_2 = (P_1 \times P_2) \times P_2$	23,4	34,29

a. Calculez : V_E ?

b. Calculez : V_G ?

c. Calculez : V_P ?

d. Calculez : H^2 au sens large ?

e. Calculez : $\frac{V_A}{V_P}$?

f. Calculez le degré de dominance du caractère : date de montaison?

CHAPITRE 5

COVARIANCES GENETIQUES

5.1 Introduction

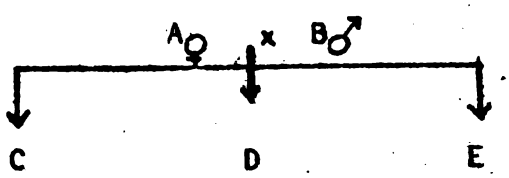
Nous savons déjà (voir paragraphe 2.4) que la génotechnie consiste à développer, à partir d'une population variable S_o , une ou plusieurs sous-populations dans lesquelles la fréquence relative des génotypes désirables est plus grande que la fréquence de ces mêmes génotypes dans la population initiale. Augmenter la fréquence relative des génotypes désirables, c'est augmenter la moyenne M de la population.

Mais ce que le sélectionneur choisit dans une population ce sont des phénotypes et non des génotypes. Nous savons déjà que:

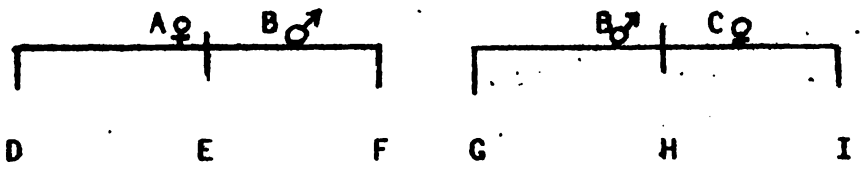
$$P = G + E + GE \quad \text{ou} \quad V_P = V_G + V_E + V_{GE}$$

Par conséquent, quand le phytotechnicien sélectionne deux phénotypes semblables pour un caractère donné, par exemple A et B, il suppose que ces individus sont plus près génétiquement l'un et de l'autre qu'un troisième phénotype différent C. Dans une population donnée, les individus qui se ressemblent ont toujours une certaine parenté génétique entre eux.

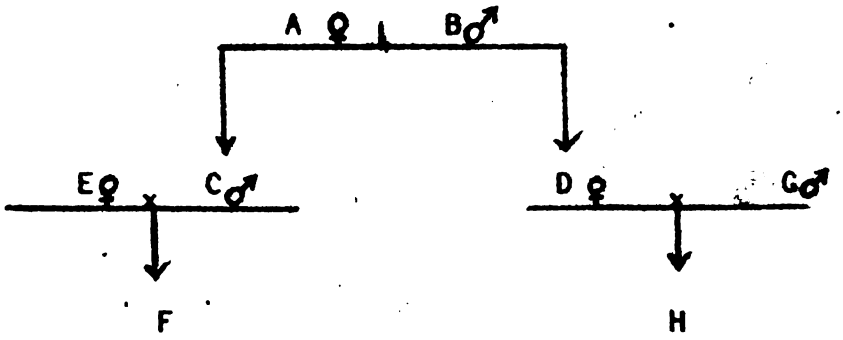
Ils peuvent être des frères complets C, D et E:



Ils peuvent être des demi-frères, par exemple, F et G :



Ils peuvent être des cousins de premier degré, par exemple F et H :



En génotechnie on utilise la covariance, comme nous l'avons définie et expliquée au paragraphe 2.9, pour mesurer le degré de ressemblance entre deux individus.

5.2 Formules de Covariance

A. Covariance entre un Parent et son Descendant

Désignons par X le parent (père ou mère) et par Y le descendant. La covariance calculée entre X et Y est égale à :

$$\text{Cov}\ (X,\ Y\ ) = 1/2\ V_A \qquad (5.2.1)$$

En d'autres termes, le degré de ressemblance entre un parent et son descendant est égal à la moitié de la variance additive des allèles qu'ils ont en commun.

B. Covariance entre Frères Complets

Soient X et Y les frères complets . On a :

$$Cov\ (X,Y) = 1/2\ V_A + 1/4\ V_D \quad (5.2.2.)$$

En d'autres termes le degré de ressemblance entre deux frères complets est égal à la moitié de la variance additive des allèles qu'ils ont en commun, plus le quart de la variance de dominance d'un allèle sur l'autre.

C. Covariance entre Demi-Frères

X et Y représentant les demi-frères , on a :

$$Cov\ (X,Y) = 1/4\ V_A \quad (5.2.3)$$

D. Covariance entre Cousins du premier degré

X et Y étant ces cousins, on a :

$$Cov\ (X,Y) = 1/3\ V_A \quad (5.2.4)$$

Ainsi donc, pour pouvoir calculer les variances V_A et V_D , si importantes - comme nous allons le voir au paragraphe 5.3. dans le calcul de ce que l'on appelle héritabilité au sens strict, il suffit au sélectionneur de réaliser dans la pratique des expériences avec des populations où les individus ont des degrés de parenté connus. Le calcul des covariances donne immédiatement une estimation des variances V_A et V_D .

Aussi, allons-nous dire quelques mots sur les schémas expérimentaux.

5.3 Schémas Expérimentaux

Le problème que nous allons résoudre est celui-ci : dans une population donnée, nous ne pouvons mesurer que les valeurs phénotypiques des individus, et , par conséquent, calculer la variance phénotypique totale d'un

caractère quantitatif. Quand nous connaissons la variance phénotypique, nous pouvons écrire, dans le cas le plus simple, que:

$$V_P = V_A + V_D + V_E$$

(nous supposons qu'il n' a pas interaction génotype-environnement). Nous pouvons alors réaliser une expérience qui nous permette d'estimer V_E. D'une façon générale, il nous suffira de semer un matériel où tous les individus ont exactement le même génotype, par exemple les lignées pures, la F_1 de 2 lignées pures et les clones, pour avoir une estimation de V_E. Nous saurons alors que $V_P = V_E$ puisque $V_G = 0$. Mais quel matériel devrons-nous semer pour pouvoir estimer V_A et V_D ? Nous venons de voir que les covariances génotypiques entre individus ou populations ayant un degré de parenté connu, peuvent être exprimées en fonction de V_A et V_D. De toute évidence, il nous suffira de réaliser un schéma expérimental qui nous permette d'estimer les covariances génétiques, i.e. de semer un matériel dont nous connaissons le degré de parenté des individus. Ce sont les schémas les plus courants que nous allons passer en revue.

Mais avant, nous croyons opportun de rappeler au lecteur le principe de l'analyse de la variance. Supposons que nous réalisions un essai comparatif de rendement, de k variétés selon un dispositif de n blocs complets randomizés et que nous ayons obtenu pour les parcelles expérimentales les valeurs phénotypiques suivantes (voir le tableau suivant).

Variété	Valeur phénotypique (X) dans le bloc				Somme	Moyenne
	1	2	j	n		
1	X_{11}	X_{12}	X_{1j}	X_{1n}	S_1	$\bar{X}_1$
2	X_{21}	X_{22}	X_{2j}	X_{2n}	S_2	$\bar{X}_2$
3	X_{31}	X_{32}	X_{3j}	X_{3n}	S_3	$\bar{X}_3$
i	X_{i1}	X_{i2}	X_{ij}	X_{in}	S_i	$\bar{X}_i$
k	X_{k1}	X_{kj}	X_{kj}	X_{kn}	S_k	$\bar{X}_k$
	Somme et moyenne				S	$\bar{X}$

Dans l'analyse de variance, on met à profit le fait bien connu que la somme des carrés des déviations des valeurs phénotypiques par rapport à la moyenne se comporte de façon additive :

$$\text{SC total} = \sum_{i=1}^{k} \sum_{j=1}^{n} (X_{ij} - \bar{X})^2$$

$$\text{SC entre entre les variétés} = n \sum_{i=1}^{k} (\bar{X}_i - \bar{X})^2$$

$$\text{SC à l'intérieur des variétés} = \sum_{i=1}^{k} \sum_{j=1}^{n} (X_{ij} - \bar{X}_i)^2$$

c'est-à-dire :

SC total = SC entre les variétés + SC à l'intérieur des variétés, ou en mettant des indices :

$SC_1 = SC_2 + SC_3$

Le tableau d'analyse de la variance aura l'allure suivante:

Source de variation	Degré de liberté	Somme des carrés	Carré moyen = Estimation de	
Entre les variétés	k - 1	SC_2	MC_2	$S_E^2 + nS_G^2$
A l'intérieur des variétés (erreur)	k (n - 1)	SC_3	MC_3	S_E^2
Total	nk - 1	SC_1		

SC_3 représente la somme des carrés des déviations des valeurs phénotypiques des parcelles d'un même cultivar par rapport à la moyenne de ce cultivar. La moyenne de cette somme (MC_3) sera, en toute évidence une estimation de la variance de l'erreur expérimentale, puisque nous nous attendions à ce que toutes les parcelles d'un même cultivar aient la même valeur phénotypique. Nous écrirons donc :

$$MC_3 = \frac{SC_3}{k(n-1)}$$ qui est une estimation de S_E^2.

SC_2 représente la somme des carrés des déviations des rendements moyens des cultivars par rapport à la moyenne totale. La moyenne de cette somme, MC_2, contiendra en toute évidence, la variance génotypique V_G et une partie de la variance de l'erreur. Cette partie sera égale à $\frac{S_E^2}{n}$ puisque chaque variété a été répétée n fois.

En définitive, on aura : $MC_2 = \frac{SC_2}{k - 1}$ qui est une estimation de $S_E^2 + nS_G^2$.

Faisons un exercice. On a essayé 16 variétés de riz à l'ODVA selon un dispositif de 4 blocs complets randomizés. On a trouvé les valeurs suivantes (voir le tableau ci-dessous):

Calculs

Facteur de correction (FC) $= \frac{\Sigma X^2}{kn} = \frac{256^2}{64} = 1024$

SC total $= \Sigma X_{ij}^2 - FC = 1200 - 1024 = 176$

SC variété $= X_j^2 /n - FC = 160$

SC blocs $= X_i^2 /k - FC = 1,5$

SC erreur $= 176 - (160 + 1,5) = 14,5$

variété	tonnes métriques obtenues dans le bloc				total	moyenne
	I	II	III	IV		
1	1	2	0	0	4	1
2	2	1	3	2	8	2
3	2	2	2	2	3	2
4	2	2	2	2	12	2
5	3	2	4	3	12	3
6	2	4	3	3	12	3
7	4	4	4	4	16	4
8	5	4	4	3	16	4
9	4	4	4	4	16	4
10	3	4	5	4	16	4
11	5	5	5	5	20	5
12	5	5	5	5	20	5
13	5	5	6	4	20	5
14	5	6	7	6	24	6
15	6	6	6	6	24	6
16	7	7	7	7	28	7
Total	62	64	68	62	256	64
Moyenne	3,875	4	4,25	3,875	16	4

Tableau de variance

Source de variation	DL	SC	MC	Estimation de:
Total	63	176		
blocs	3	1,5		
variétés	15	160	$MC_2 = 10,6$	$S_E^2 + nS_G^2$
erreur	45	14,5	$MC_3 = 0,32$	S_E^2

Estimation de composantes de variances :

$$S_E^2 = MC_3$$

$$S_G^2 = (MC_2 - MC_3) / n$$

Donc $S_E^2 = 0,32$

$$S_G^2 = (10,6 - 0,32)\ 4 = 2,57$$

Puisqu'il a fallu 4 répétitions pour calculer S_E^2, en divisant S_E^2 par 4, on trouve une moyenne de la variance environnementale V_E.

Donc $V_E = 0,32/4 = 0,08$

On a évidemment : $S_G^2 = V_G = 2,57$

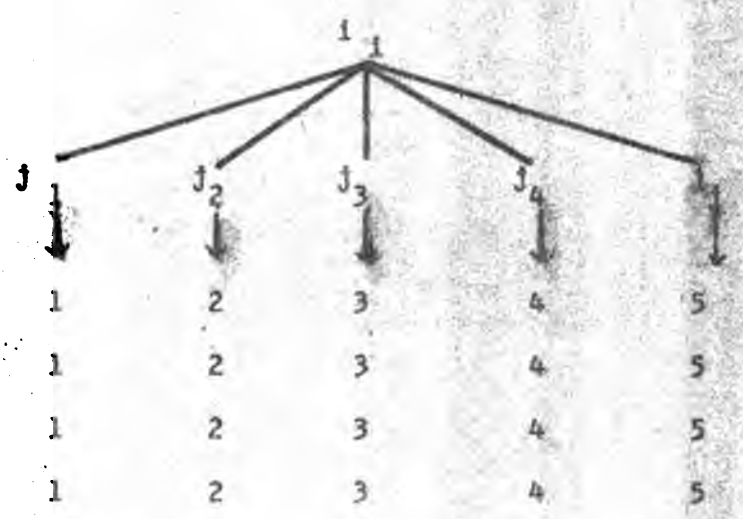
Donc $V_P = 2,57 + 0,08 = 2,65$

$$H_2^2 = 97\%$$

Nous allons maintenant apprendre à estimer V_A et V_D séparément.

A. Classification Hiérarchique

Soit une population de mais par exemple. Choisissons au hasard i plants que nous considérons comme parents mâles. Croisons chacun d'eux par un échantillon de j plants femelles (émasculation). Les semences issues de chaque croisement sont semées en k répétitions. Nous aurons le schéma :



Nous pouvons considérer cet arrangement de notre matériel comme une classification hiérarchique, dans laquelle les individus placés verticalement sont des frères complets, et ceux placés horizontalement des demi-frères. Dans l'analyse de la variance, il nous sera possible de décomposer la variance phénotypique totale en :

Variance due aux parents mâles s_m^2

Variance due aux parents femelles à l'intérieur d'un même parent mâle (s_f^2);

Variance entre les descendants d'un même parent mâle et d'un même parent femelle (variance de l'erreur) : S_E^2

Nous avons ainsi le tableau d'analyse :

Variation	Dl	MC = estimation de
Entre pères	i - 1	$S_E^2 + ks_f^2 + kjs_m^2$
Entre mères à l'intérieur des pères	i(j-1)	$S_E^2 + ks_f^2$
Entre descendants (erreur)	ij(k-1)	S_E^2

Nous avons donc les équations suivantes :

$$s_m^2 = \frac{MC_m - MC_f}{jk}$$

$$s_f^2 = \frac{MC_f - MC_E}{k}$$

où MC_m , MC_f et MC_E représentent respectivement le carré moyen des déviations des valeurs phénotypiques entre pères; entre mères à l'intérieur des pères et entre descendants, par rapport à la moyenne.

D'après Wricke (1972), la covariance entre les frères complets dans la classification hiérarchique (Modèle avec effets aléatoires) est : Cov (frères complets) = $s_m^2 + s_f^2$.

Celle entre les demi-frères est : Cov (demi-frères) $= s_m^2$. Or :

Au paragraphe 5.2., nous avons :

Cov (frères complets) = $1/2\ V_A + 1/4\ V_D$

et Cov (demi-frères) = $1/4\ V_A$

Par conséquent :

$$s_m^2 = 1/4\ V_A \quad \text{d'où :}$$

$$V_A = 4\ s_m^2$$

$$s_m^2 + s_f^2 = 1/2\ V_A + 1/4\ V_D \quad \text{d'où}$$

$$V_D = 4(s_f^2 - s_m^2)$$

B. Modèle factoriel

Dans ce modèle, on prend au hasard m parents mâles et f parents femelles. On croise chaque parent femelle avec chacun des parents mâles, soit au total mf croisements à effectuer. L'analyse de la variance se fait de la façon suivante:

Variation	DL	MC = estimation de
Répétition	k - 1	
parents mâles	m - 1	$S_E^2 + ks_{mf}^2 + kfs_m^2$
parents femelles	f - 1	$S_E^2 + ks_{mf}^2 + kms_f^2$
pères x mères	(m-1) (f-1)	$S_E^2 + ks_{mf}^2$
erreur	(k-1) (mf-1)	S_E^2

Selon Wricke (1972) , on a :

$$\text{Cov (demi-frères)} = s_m^2 = s_f^2$$

$$\text{Cov (frères complets)} = s_{mf}^2 + 2s_m^2$$

$$\text{ou} = s_{mf}^2 + 2s_f^2$$

Nous référant au paragraphe 5.2, nous avons :

$$s_m^2 = s_f^2 = 1/4\ V_A$$

$$V_A = 4s_m^2 = 4s_f^2$$

$$s_{mf}^2 + 2s_m^2 = 1/2\ V_A + 1/4\ V_D$$

$$s_{mf}^2 + 2s_m^2 = 2s_m^2 + 1/4\ V_D$$

$$s_{mf}^2 + 2s_m^2 - 2s_m^2 = 1/4\ V_D$$

$$V_D = 4s_{mf}^2$$

C. Schéma Diallèle

Quand un sélectionneur désire développer un hybride, il commence d'abord par développer des lignées autofécondées, à l'intérieur desquelles il effectue une première sélection en faveur des lignées qui ont les meilleurs rendements. Ensuite, il effectue tous les croisements possibles entre les meilleures lignées pour déterminer les meilleures combinaisons hybrides. Il détermine ce que l'on appelle la capacité de combinaison des lignées.

Désignons par n le nombre de parents de croisements. Le nombre de croisements possibles sera :

$$n (n - 1) / 2, \quad \text{si}$$

nous ne considérons par les croisements réciproques.

L'analyse de la variance se résume ainsi :

variation	DL	MC= estimation de
répétition	k-1	
entre les parents de croisements (capacité générale de combinaison)	p-1	$S^2_E + ks^2_s + k (p-2) s^2_g$
reste entre les croisements (capacité spéc. de combinaison)	p(p-3) /2	$S^2_E + ks^2_s$
Erreur	1/2p (p-1) (k-1) - r+ 1	

Les covariances sont les suivantes :

Cov (frères complets) = $s^2_s + 2s^2_g$

Cov (demi-frères) = s_g^2

Les indices s et g tiennent lieu de spécifique et générale (sous-entendu : capacité générale et spécifique de combinaison). Nous expliquerons au chapître 9 ce que nous devons entendre par ces termes.

En attendant, nous avons :

$$s_g^2 = 1/4\ V_A$$

$$V_A = 4s_g^2$$

$$s_s^2 + 2s_g^2 = 1/2\ V_A + 1/4\ V_D$$

$$s_s^2 + 2s_g^2 = 2s_g^2 + 1/4\ V_D$$

$$V_D = 4s_s^2$$

D. Schémas Expérimentaux pluri-annuels et pluri-locaux

Quand un sélectionneur effectue des essais de variétés, il doit comparer les rendements de son matériel dans des environnements et à des années différents, dans le but de se rendre compte s'il y a interaction génotype-environnement, génotype-année et génotype- environnement-année. Imaginons 3 variétés de riz A, B, et C dont nous comparons les rendements en une année mais dans 3 environnements différents. Supposons que nous ayons obtenu les résultats suivants :

Cultivar	Environnement		
	1	2	3
A	100	90	83
B	90	81	105
C	70	63	50

Nous remarquons sans peine que l'adaptabilité de chacune des variétés au milieu 2 est faible, mais aussi que les 3 cultivars réagissent dans le même sens : pour chacun d'eux, nous constatons une diminution de rendement de 10 pour cent des milieux 1 à 2. Quand nous passons du milieu 2 au milieu 3 nous remarquons que les cultivars ne réagissent pas dans le même sens : le cultivar A accuse une diminution de rendement de 17% , le cultivar B accuse une augmentation de 17%, tandis que C diminue de 29%. C'est ce phénomène que nous avons appelé interaction entre génotype et environnement.

L'effet de cette interaction est d'agumenter la variance phénotypique totale V_p . Si nous comparons v variétés dans e environnements différents et pendant a années, nous pouvons dresser un tableau d'analyse de variance semblable à celui-ci :

Variance	DL	MC = Estimation de
Entre variétés	v - 1	$MC_1 = S_E^2 + rS_{GEA}^2 + raS_{GE}^2 + reS_{GA}^2 + raeS_G^2$
Variétés x Environnements	(v-1) (e-1)	$MC_2 = S_E^2 + S_{GEA}^2 + raS_{GE}^2$
Variétés x années	(v-1) (a-1)	$MC_3 = S_E^2 + rS_{GEA}^2 + reS_{GA}^2$
Variétés x Environnements x Années	(v-1) (e-1) (a-1)	$MC_4 = S_E^2 + rS_{GEA}^2$
Erreur	ea (r-1) (v-1)	$MC_5 = S_E^2$

Exemple pratique : v = 74 variétés ; e = 2 environnements;
a = 2 années ; r = 2 répétitions

$MC_1 = 17,89$; $MC_2 = 11,30 = MC_3 = 15,19$; $MC_4 = 13,49$;
$MC_5 = 12,23$

Estimation des composantes de variances

$$S_E^2 = MC_5$$

$$S_{GEA}^2 = \frac{MC_4 - MC_5}{r}$$

$$S_{GA}^2 = \frac{MC_3 - MC_4}{re}$$

$$S_{GE}^2 = \frac{MC_2 - MC_4}{ra}$$

$$S_G^2 = \frac{\left[MC_1 - rS_{GEA}^2 + raS_{GE}^2 + reS_{GA}^2 + S_E^2)\right]}{rae}$$

Ainsi donc :

$S_E^2 = 12,23$

$S_{GEA}^2 = 0,63$

$S_{GA}^2 = 0,43$

$S_{GE}^3 = 0$ (une variance ne peut être négative)

$S_G^2 = 0,34$

Puisqu'il a fallu 2 environnements, 2 années et 2 répétitions pour calculer S_E^2 ; en divisant S_E^2 par 8 (= 2 x 2 x 2), on trouve une variance environnementale moyenne de :

$$V_E = S_E^2 / 8 = \frac{12,23}{8} = 1,53$$

Il a fallu 2 années et 2 environnements pour calculer S^2_{GEA} . En divisant S^2_{GEA} par 4 (=2 x 2), on trouve une moyenne de la variance d'interaction génotype - environnement - année de :

$$V_{GEA} = S^2_{GEA} / 4 = 0,16$$

Il a fallu 2 années pour calculer S^2_{GA} ; la division de S^2_{GA} par 2 donne une moyenne de la variance d'interaction génotype-année de :

$$V_{GA} = S^2_{GA} / 2 = 0,21$$

On a évidemment $V_{GE} = 0$

et $V_G = 0,34$

$$V_P = V_G + V_{GE} + V_{GA} + V_{GEA} + V_E$$

$$= 1,53 + 0 + 0,21 + 0,16 + 0,34 = 2,24$$

$$H^2 = \frac{V_G}{V_P} \times 100$$

$$= \frac{0,34}{2,24} \times 100 = 15\% \text{ au sens large}$$

E. <u>Héritabilité au sens strict</u>

Nous savons que l'héritabilité au sens large est la mesure de la contribution de la variance génotypique totale à la variance phénotypique totale ; $H^2 = V_G / V_P$. Nous avons aussi appris à décomposer V_G en V_A et V_D : $V_G = V_A + V_D$. Dans le développement de variétés à structure clonale comme la patate, la pomme de terre et autres, chaque génotype peut, par propagation asexuelle, devenir une variété,. Dans ce cas, la totalité de V_G est transmise à la progéniture, puisqu'il n'y a pas de recombinaison des allèles. Mais dans le développement de variétés multipliés par voie générative, il y a cette recombinaison allélique, de sorte que ce sont leurs valeurs sélectives que

les parents transmettent à leurs descendants. Nous sommes ainsi amenés à définir une héritabilité au sens strict, qui mesure la contribution de la variance additive V_A à la variance phénotypique totale V_P. Nous aurons donc :

$$H^2_{ss} = V_A / V_P \qquad (5.3.1.)$$

où H^2_{ss} désigne l'héritabilité au sens strict.

La variance additive V_A peut se calculer à partir des covariances entres individus apparentés (voir paragraphe 5.2).

F. Epistasie

Reprenons la formule $V_G = V_A + V_D$. Nous avons avancé que V_A représente une variance additive, celle dûe à l'effet additif des 2 allèles A et a. De même, V_D désigne la variance de dominance, celle due au fait de la dominance d'un allèle sur l'autre. Quand d = 0, i.e. en l'absence de dominance : $V_G = V_A$. En toute évidence, la dominance peut être définie comme l'interaction entre allèles d'un même gène. Dans le cas de plusieurs gènes, nous pourrions , en première approximation, écrire que $V_G = V_A + V_D$. Ceci reviendrait à supposer qu' il n'existe pas d'interaction entre allèles de 2 gènes différents. Mais considérons le schéma:

		gène A			Somme
		AA	Aa	aa	
ène B	BB	100	100	100	300
	Bb	100	80	60	240
	bb	100	60	10	170
	Somme	300	240	170	

Considérons la dernière rangée du schéma et faisons comme si le gène B n'existait pas. Aa mesure 240; il y a donc dominance partielle à ce gène, puisque l'hétérozygote devrait, si d était égal à 0, mesurer 235 (= 300 + 170) / 2 . A l'aide du même raisonnement, le lecteur peut vérifier qu'il y a aussi dominance du gène B. Considérons maintenant le génotype aabb de valeur 10. Remplaçons bb par BB : nous obtenons le génotype aaBB de valeur : 100 ; il y a aussi additivité du gène B au gène A . Mais considérons le génotype aaBb de valeur 60. Qu'en est-il donc de la dominance de B sur b ? En toute évidence, il y a une interaction entre les allèles des 2 gènes A et B, il y a épistasie. Quand il y a épistasie, nous ne pouvons plus écrire : $V_G = V_A + V_D$, puisqu' il y a une nouvelle composante de la variance génotypique totale. Nous devrons écrire:

$$V_G = V_A + V_D + V_I \qquad (5.3.2)$$

où V_I représente une variance épistatique, c'est à dire une variance due à l'effet d'épistasie d'un gène A sur une autre B.

2ème PARTIE :

METHODES DE SELECTION

CHAPITRE 6

INTRODUCTION

6.1 Méthodes de Sélection

Le point de départ de tout travail d'amélioration variétale est donné par l'objectif de sélection. Une fois que celui-ci est fixé, on se pose la question, à savoir : quelle méthode de sélection permet d'atteindre, dans un temps et à des coûts minimum, l'objectif pré-établi ?

Toute méthode de sélection dépend de plusieurs facteurs, dont:

- le mode de reproduction de la plante en question : reproduction sexuée, reproduction asexuée;
- la biologie florale de la plante : plantes à autogamie prédominante, plantes à allogamie prédominante;
- la nature de la variation existante à l'intérieur de la population de départ : variation naturelle, variation induite par croisement ou par mutation;
- l'objectif de sélection;
- le type de variétés que l'on désire développer : lignée pure, variété clonale, variété hybride et variété synthétique.

On entend par méthode de sélection le processus que le sélectionneur utilise pour conduire les élites (individus ou familles) qu'il choisit au sein d'une population depuis la génération de sélection jusqu'à l'étape finale d'essais de rendement de la population améliorée.

Il existe une grande variété de méthodes de sélection : sélection massale, sélection individuelle, sélection récurrente, sélection

récurrente réciproque et autres. Toutes les méthodes de sélection ont un but : augmenter la moyenne d'une population par la sélection des génotypes désirables.

Il va sans dire que tout travail d'amélioration des plantes présuppose une connaissance du patrimoine héréditaire de l'espèce en question et d'autres espèces du même genre ou d'autres genres d'une même famille. En particulier, le sélectionneur doit connaître :

- les centres de plus grande variabilité de l'espèce;
- son nombre chromosomique ;
- son degré de ploidie;
- la carte génique des chromosomes de l'espèce;
- le mode d'hérédité des caractères;
- les groupes de liaison génique.

6.2 Populations locales

On entend par populations locales, des populations d'une espèce végétale qu'une longue sélection naturelle , associée à une sélection artificielle empirique, a façonnée et que l'on cultive dans certaines régions du pays. Ce sont, en général, des populations relativement bien adaptées à leur environnement et aux systèmes de production agricole des cultivateurs. Ce sont aussi des populations d'une immense variation phénotypique et génétique que tout organisme de recherche agricole devrait systématiquement collectionner et conserver pour combattre ce que, de nos jours, on appelle érosion génétique. Les populations locales sont utiles à trois points de vue :

- elles peuvent, si elles sont bien adaptées à une zone, être utilisées directement à la culture;
- elles peuvent servir de matériel de départ pour le développement de nouvelles variétés ;

- elles peuvent fournir des souches avec des caractères désirables que l'on peut utiliser comme parents dans un programme de croisement.

On connait, en Haiti, plusieurs populations locales de:

Mais : Jérémie 3 mois, Bois Noir, Gros Bougon, Bois Blanc, Alizène et autres;

Millet : Toro, Panache, Ti Bongon, La Toussaint;

Riz : Ti-Fidèle, Nèg Pap Di Ou, Ti Manchette;

Haricot: Manzè Joute, Décayette, Cajalas, Bombarde, et autres;

Patate : Ti Savien, Ti Bleu, Gros Bouzin;

Manioc : Manyok Ginin et autres.

CHAPITRE 7

SELECTION DANS LES POPULATIONS NATURELLES

7.1 Sélection Massale

A. Plantes autogames

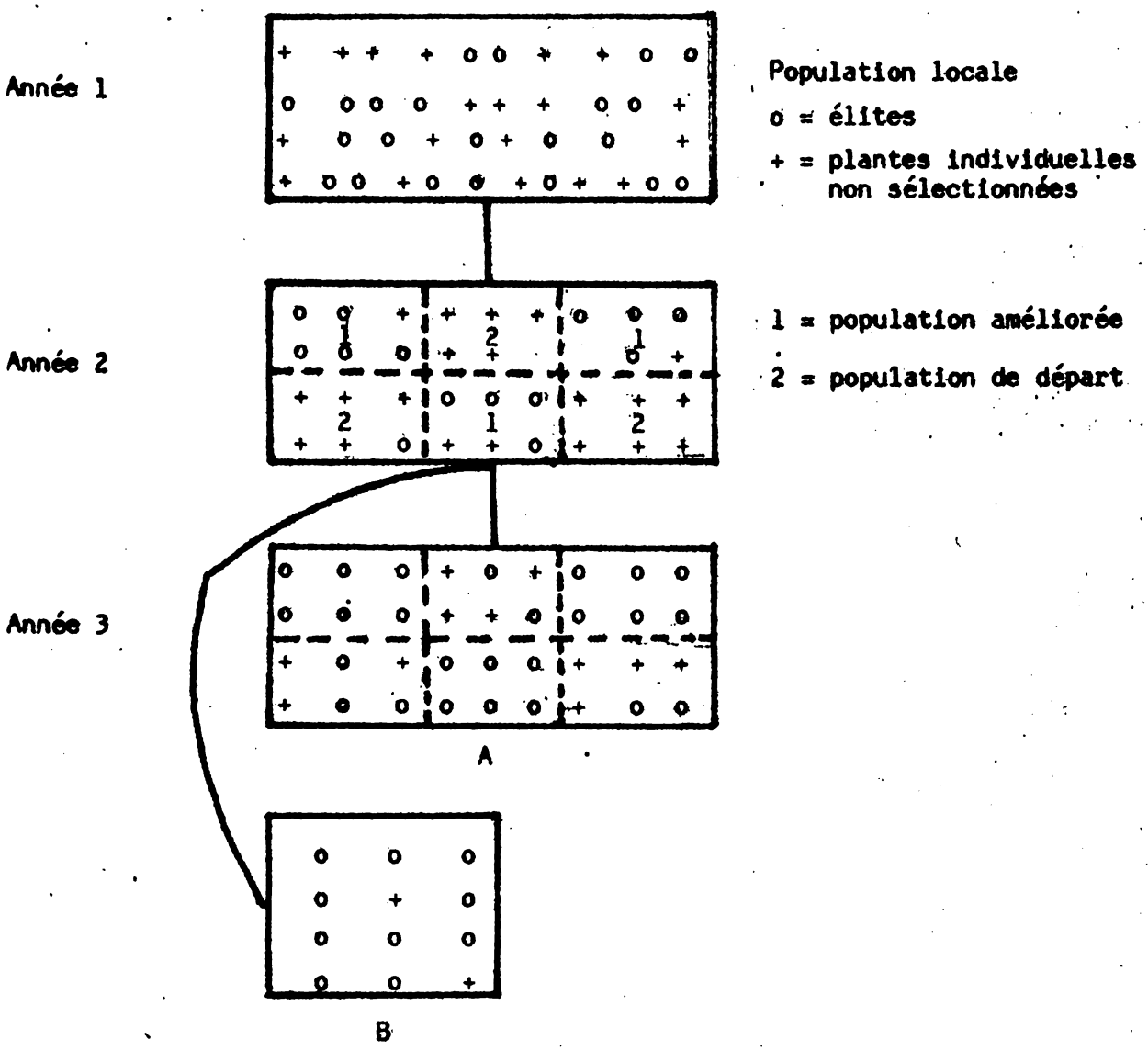
a. Sélection massale positive

Cette méthode consiste à sélectionner, à l'intérieur d'une population naturelle, plusieurs individus dont les caractères correspondent à l'objectif de sélection fixé. Les graines issues de ces élites sont mélangées pour la multiplication suivante. La sélection massale positive est une sélection d'après le phénotype des individus. Or nous savons déjà que : P = G + E. Dans la sélection massale positive on suppose que les individus du même phénotype pourraient avoir le même génotype. Cette supposition n'est cependant valable que pour les caractères monogéniques, très peu influençables par l'environnement, tels que le mode de croissance chez le haricot.

D'après Allard, il est sûrement avantageux de répéter la sélection massale positive (à partir de la population améliorée Z tous les deux ans, jusqu'à ce que le progrès de sélection ne puisse plus être amélioré (voir page 81).

b. Sélection massale négative

La sélection massale négative qui consiste à éliminer



Année 1 : sélection des élites (o) ; mélange en proportions égales de la progéniture des élites

Année 2 : essai comparatif de rendement de la population améliorée (= 1) avec la population de départ (=2)

Année 3 : répétition de l'essai de rendement (A) et démarrage de la multiplication de semences (B).

du champ de sélection toutes les plantes qui apparemment ne correspondent pas au type désiré, s'emploie surtout dans les programmes de maintien de la pureté génétique d'une variété déjà développée. Elle est donc une sélection conservatrice et joue un grand rôle dans les programmes de production de semences.

c. Sélection massale groupée

La sélection massale groupée est une forme de la sélection massale positive, dans laquelle la population de départ est conduite selon deux ou plusieurs objectifs de sélection (groupes). Chaque groupe contient en mélange les graines de toutes les élites qui ont été sélectionnées d'après un objectif de sélection. On peut par exemple dans une population locale du riz Ti Fidèle, sélectionner des plantes pour leur précocité (1er groupe), pour la hauteur de leur chaume (2ème groupe) ou pour leur rendement individuel (3ème groupe) d'après le schéma suivant:

o	o	+	+	o	o	-	-	o	o
+	+	o	o	+	+	o	o	+	+
o	o	+	-	o	o	+	-	o	o
+	+	.	.	.	.	+	+	o	o
.	.	.	.	o	o	o	+	+	+

0 = individus précoces
. = plantes à chaume court
+ = individus à fort rendement individuelle
- = individus non désirés

Chaque groupe d'élites est conduite selon le schéma de sélection massale positive.

B. Plantes Allogames

a. Sélection massale positive

Chez les plantes allogames, l'efficacité de la sélection massale positive dépend de trois facteurs :

- l'héritibilité du caractère désirable ;

- le stade phénologique auquel on reconnaît le caractère : avant ou après la floraison;
- le mode d'hérédité du caractère : dominant ou récessif (voir le tableau suivant) :

Efficacité de la sélection massale positive d'après le pourcentage des individus non désirés, par sélection en faveur d'un caractère récessif (a) et d'un caractère dominant (b) *

		F_2	F_3	F_4	F_5
Plantes autogames	a	75,0	0	0	0
	b	25,0	16,7	10,0	5,5
Plantes allogames					
sélection avant la floraison	a	75,0	0	0	0
	b	25,0	11,1	6,3	4,0
sélection après la floraison	a	75,0	50,0	25,0	12,5
	b	25,0	16,7	12,5	9,6

* Comparez avec les exercices 3.2.3 à 3.2.8

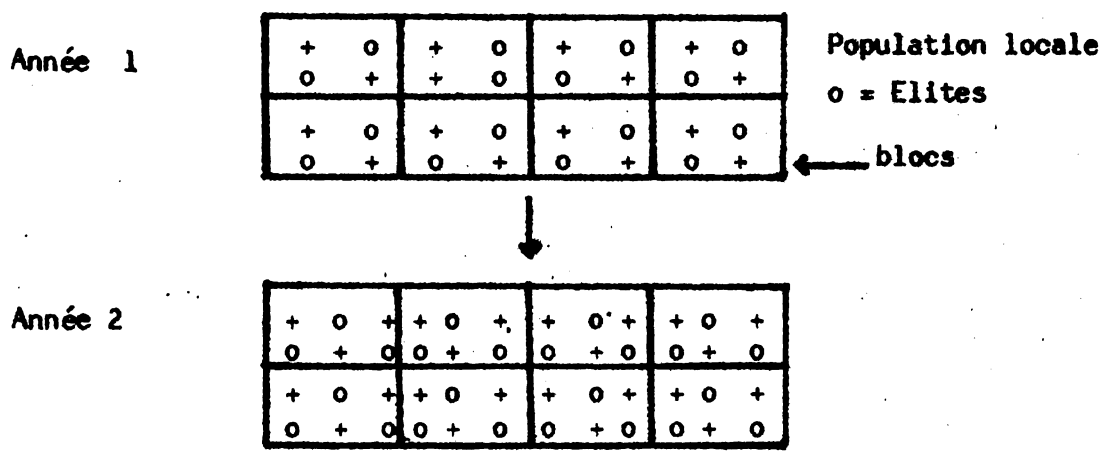
Le schéma de la sélection massale positive chez les plantes allogames est alors le même que pour les plantes autogames. Toutefois, il faut savoir que contrairement aux plantes autogames, la sélection des élites se fait d'après le phénotype de la mère; les pères étant inconnus. De plus, la progéniture des élites sélectionnées doit, chez les allogames, être isolée de toute autre population en vue d'éviter la contamination de la population améliorée par du pollen étranger.

b. Sélection massale négative

On l'emploie dans le même but que pour les plantes autogames.

C. Sélection massale positive stratifiée

Cette méthode est une modification de la sélection massale positive qui permet d'exercer un certain contrôle de la variance environnementale par stratification de la parcelle de sélection. Elle s'applique aussi bien aux plantes autogames qu'aux plantes allogames. Le schéma en est le suivant :



Année 1 : La population est semée selon les pratiques culturales usuelles; éclaircissage = 1 plant par poquet. La sélection s'effectue par blocs égaux ayant le même nombre de plantes. Dans chaque bloc, on sélectionne le même nombre d'élites. S'il s'agit du mais par exemple, on peut, après la sélection des plants, effectuer une deuxième sélection des meilleurs épis parmi les élites. On prend un même nombre de semences des plantes (ou épis) sélectionnées pour former un mélange sur lequel on démarre le second cycle de sélection (Année 2).

D. Sélection massale et sélection naturelle

Considérons le schéma de la sélection massale positive. Les élites sélectionnées peuvent, en l'absence de dominance, avoir le génotype AA ou Aa, mais ils ont le même phénotype. Quant aux individus non sélectionnés, ils ont aa comme génotype. A l'année 2, dans les parcelles d'essais de rendement les parcelles marquées 1 renferment quelques individus aa (signe +). Cela est dû à la ségrégation des Aa sélectionnés en première année.

S'il s'agit d'une plante autogame, la probabilité est très grande pour que la population de départ ne renferme que des génotypes homozygotes AA et aa (revoir le paragraphe 3.2), de sorte que les élites sélectionnées seront très probablement du génotype AA.

S'il s'agit au contraire d'une plante allogame, la population de départ peut sûrement avoir déjà atteint son équilibre, c'est-à-dire l'état où la fréquence relative des génotypes AA, Aa et aa ne varie plus. A l'année où nous débutons la sélection, la proportion des individus Aa peut être relativement élevée, compte tenu naturellement de la fréquence relative des allèles A et a, de sorte qu'à l'année 2, la population améliorée peut ségréguer un pourcentage relativement élevé de aa. Qu'arrive-t-il alors lorsque deux génotypes AA et Aa n'ont pas le même "fitness", c'est-à-dire, ne fournissant pas le même nombre de descendants à chaque génération ? Nous sélectionnons en faveur de AA par exemple, tandis que la sélection naturelle favorise Aa ou même aa.

Quand deux génotypes AA et Aa sont en compétition naturelle dans un même champ et que l'indice de sélection (ne confondez pas avec l'intensité de sélection i) a pour valeur s - c'est-à-dire, par exemple, que Aa fournit 100 descendants et AA fournit 100 s (s compris entre 0 et 1), la proportion du "génotype faible " se calcule d'après la formule :

$$A_n = as^{n-1} \qquad (7.1.1)$$

dans laquelle n désigne la génération et a la proportion initiale de ce génotype :

Exemple : a = 0,50 et

s = 0,90 (c'est-à-dire que AA, génotype faible, ne fournit que 90% du nombre des descendants de Aa)

n = 4

$A_4 = 0,50 \times 0,9^3 = 0,36$

En conclusion, la sélection naturelle, en sélection massale, peut constituer un danger pour le sélectionneur quand il n'y prend pas garde. Ainsi donc, toute sélection artificielle doit se réaliser dans la zone même - ou des zones similaires - où l'on prévoit la mise en culture la variété potentielle.

7.2 Sélection Individuelle

A. Introduction

La sélection individuelle diffère fondamentalement de la sélection massale par le fait que la progéniture de chaque élite sélectionnée est conduite séparément, et non en mélange comme dans la sélection massale. La valeur de chaque individu sélectionné est appréciée par le test de sa progéniture. En conséquence, la sélection individuelle est une sélection d'après le génotype. Un exemple fera mieux comprendre. Soit une population formée de AA, Aa, et aa, A étant dominant sur a ; c'est-à-dire que AA et Aa est le même phénotype. Supposons que nous sélectionnions en faveur des individus A- :

	Sélection massale positive	Sélection individuelle	
Elites	AA + Aa	AA	Aa
Progéniture	AA, Aa, aa	AA	AA Aa aa progéniture éliminée

Ainsi donc en sélection individuelle la progéniture de AA étant uniforme, cette famille est conservée ; celle de Aa est en ségrégation ; la famille est éliminée . En sélection massale, il est impossible de distinguer AA de Aa.

B. <u>Sélection Individuelle dans les Plantes Autogames</u>

a. Schéma (voir page 88)

Année 1 : Sélection des élites (100 - 1000)

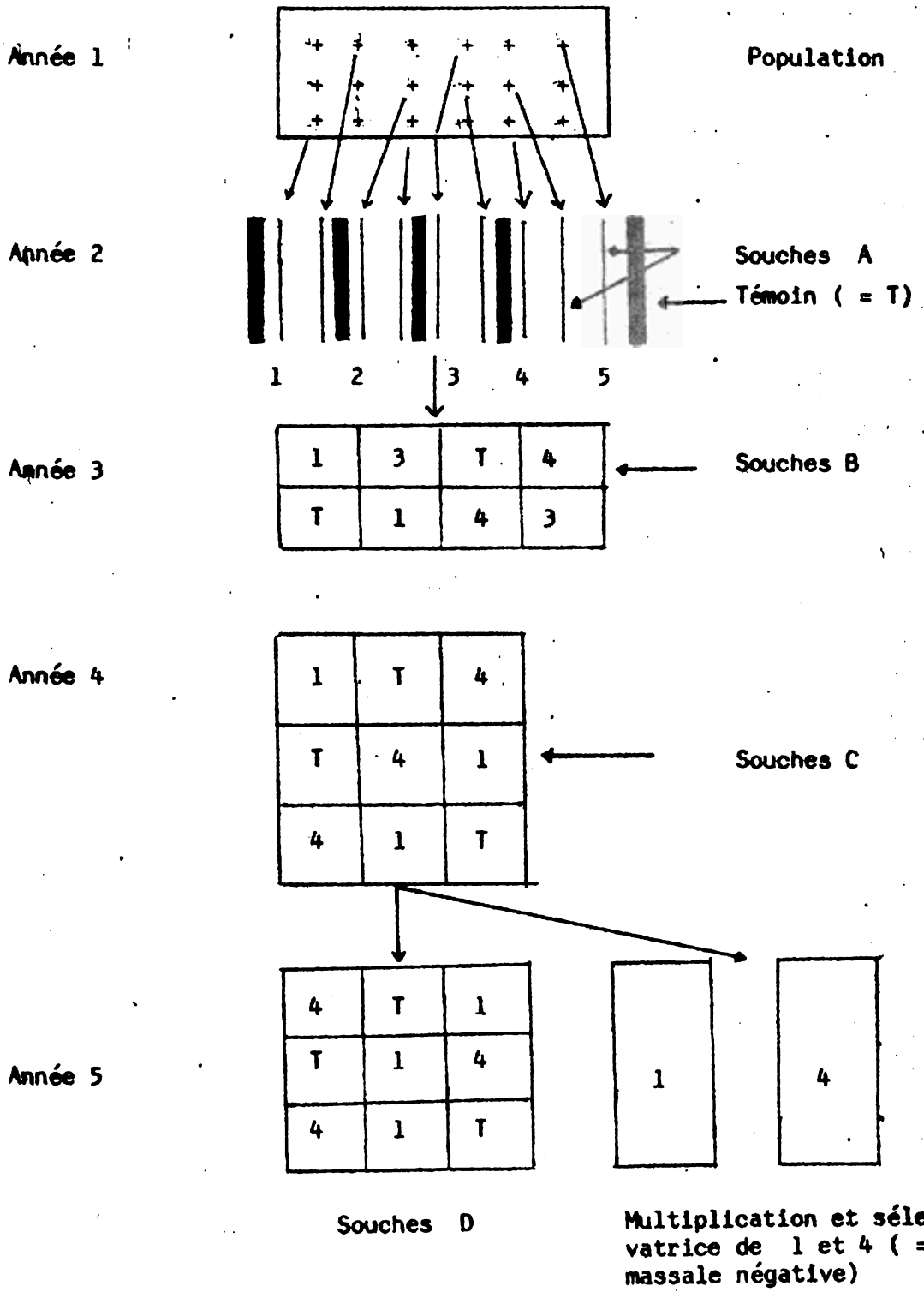
Année 2 : Semis de la progéniture de chaque élite (= souche A) avec une variété standard comme témoin (=T). Sélection des meilleures souches A (sélection de familles)

Année 3 : Micro-essai de rendement entre la progéniture des souches A (= souches B) et le témoin T. Sélection des meilleures souches B.

Année 4 : Essais pluri-locaux de rendement entre la progéniture des souches B (= souches C) et le témoin T . Sélection des meilleures souches C.

Année 5 : Répétition des essais et démarrage de la multiplication de semences.

Schéma de la sélection individuelle dans les plantes autogames



C. Sélection Individuelle dans les Plantes Allogames

a. Méthode plante à la ligne (Schéma voir page 90)

Année 1 : Sélection des élites ;

Année 2 : Semis en ligne de la progéniture de chaque élite. (= souche A) et sélection des meilleures familles et à l'intérieur de chaque famille sélectionnée, sélection de meilleures plantes;

Années 3 : Même processus qu'aux années 2 et 4;

Année 5 : Même processus qu'aux années 2, 3 et 4. Mélange de la progéniture des meilleures familles.

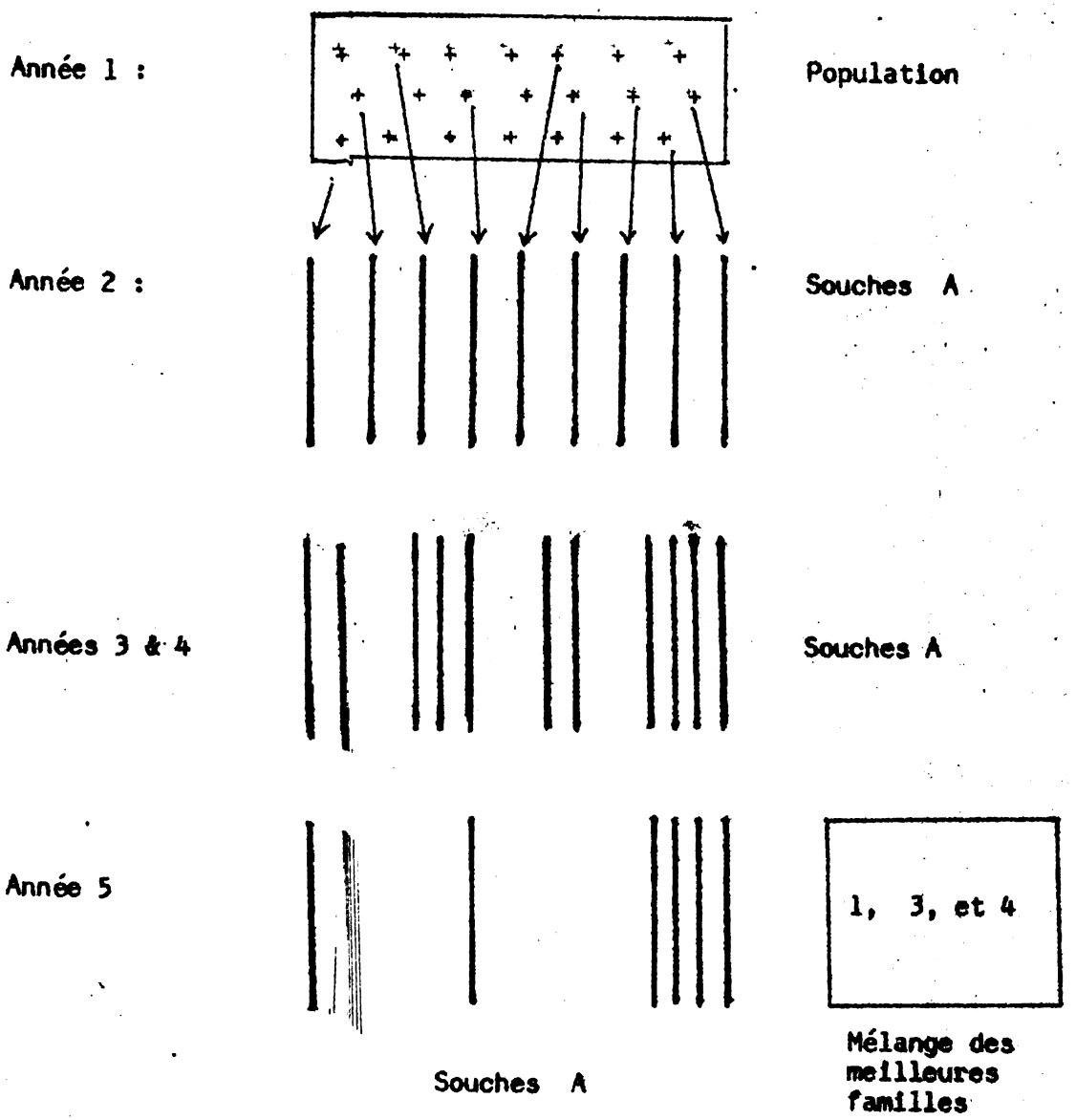
La méthode de sélection "plante à la ligne" est une sélection d'après le phénotype de la mère dont le sélectionneur peut suivre l'origine au cours des années de sélection. Cette méthode est, en conséquence, une sélection individuelle maternelle. Dans cette méthode une certaine régulation de la pollinisation est possible toutes les fois que le caractère en faveur duquel on sélectionne, peut être reconnu avant la floraison. Toutes les plantes qui présentent des caractères indésirables peuvent être éliminées avant la floraison.

b. Méthode- Ohio

Le principe de la méthode-Ohio est le suivant :
de la progéniture des élites sélectionnées en première année, on sème, en deuxième année, la moitié des semences et l'on conserve l'autre moitié. La moitié semée sert à l'appréciation des élites sélectionnées. En troisième année, on prend la moitié

Sélection individuelle dans les plantes allogames

Méthode de plante à la ligne



conservée en première année et l'on ne sème que la progéniture des plantes dont les descendants se sont révélés performants en deuxième année. De cette façon, seules les meilleures familles se pollinisent en troisième année. Le processus peut être répété une deuxième fois avant le mélange des meilleures familles. Le schéma de la méthode-Ohio est le suivant : (voir page 92).

Année 1 : Semis de la population et sélection élites;

Année 2 : Semis de la moitié de la progéniture (=souche A_1) de chaque élite sélectionnée; appréciation des descendances ;

Année 3 : Semis de l'autre moitié de la progéniture des élites dont les descendants se sont révélés performants en deuxième année (= souche A_2) et sélection des meilleures familles ;

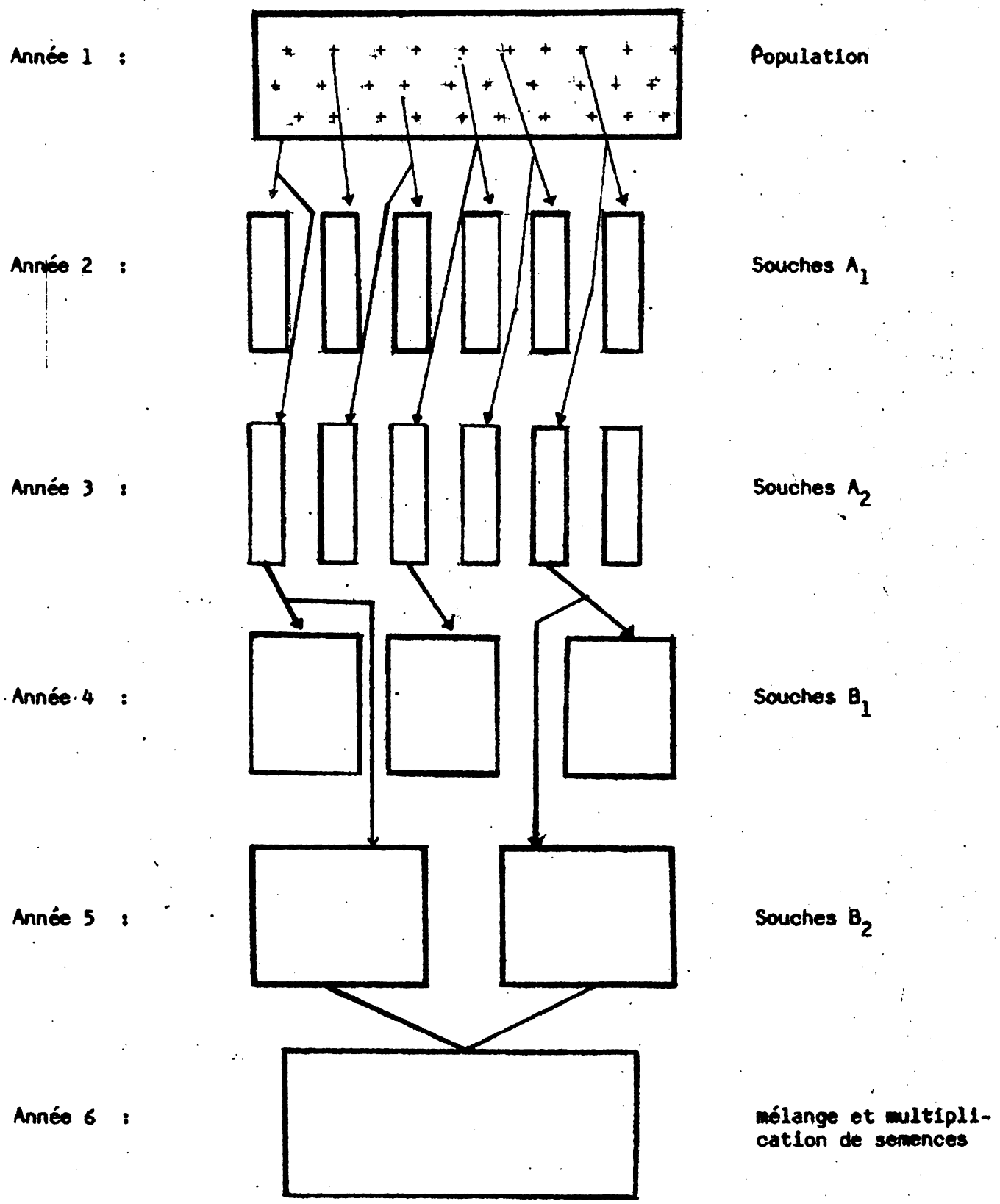
Année 4 : Semis sous forme d'essai de rendement de la moitié de la progéniture des familles sélectionnées (souches B_1);

Année 5 : Semis de l'autre moitié de la progéniture des familles dont les descendants se sont révélés performants en quatrième année (souches B_2)

Année 6 : Mélange des meilleures familles pour la multiplication de semences.

Schéma de la sélection individuelle dans les plantes allogames-

Méthode Ohio



CHAPITRE 8

SELECTION APRES HYBRIDATION

8.1 Introduction

Quand le sélectionneur a, par sélection massale ou individuelle, épuisé la variation existante dans les populations naturelles, il peut, par croisement de génotypes différents, créer une nouvelle variation au sein de laquelle il choisira des génotypes qui correspondent à son objectif de sélection.

Soit, par exemple, le génotype AAbb qui représente une plante à haut rendement (AA) et susceptible à une maladie, la rouille par exemple (bb). Soit, chez la même espèce, un autre génotype aaBB qui représente une plante à faible rendement (aa) mais résistante à la rouille (BB). Le croisement de deux génotypes AAbb et aaBB fournit à la F_1 l'hybride AaBb. La composition de la F_2 sera :

1/16	AABB
2/16	AABb
1/16	AAbb
2/16	AaBB
4/16	AaBb
2/16	Aabb
1/16	aaBB
2/16	aaBb
1/16	aabb

Aussi donc, il apparait à la F_2 le génotype AABB (= plante) à haut rendement et résistante à la rouille) qui correspond à l'objectif de sélection fixé.

Un croisement peut être réciproque, comme d'après le schéma:

A ♀ x B ♂

A ♂ x B ♀

Il y a des croisements intraspécifiques, c'est-à-dire à l'intérieur de l'espèce. Phaseolus vulgaris x Phaseolus vulgaris; des croisements interspécifiques : Phaseolus vulgaris x Phaseolus coccineus et des croisements intergénériques : Triticum vulgare x Secale cereale.

Au chapître 9 suivant, on trouvera quelques techniques de croisements chez les plantes alimentaires les plus usuelles.

8.2 Sélection après hybridation chez les plantes autogames

A. La méthode Pedigree

a. Le Schéma (voir page 98)

Année 1 : P : Croisement des plantes A x B;

Année 2 : F_1: Semis des graines issues de A x B pour la multiplication; élimination des faux croisements;

Année 3 : F_2: Semis des graines issues de F_1; sélection de 500-1500 plantes individuelles (=élites);

Année 4 : F_3: Semis, en lignes séparées, de la progéniture de chaque élite; sélection des meilleures familles et ensuite sélection des meilleurs individus à l'intérieur des familles sélectionnées.

Années 5,6,7 et 8 : Comme à la F_3. A la F_8 les souches A deviennent assez uniformes à cause de l'augmentation du degré d'homozygotie, de sorte qu'une sélection d'individus à l'intérieur des souches devient presque pas nécessaire;

Année 9 : Essai préliminaire de rendement et sélection des meilleures souches B;

Année 10 : Répétition des essais en plusieurs endroits et sélection des meilleures souches C;

Année 11 : Répétition des essais en plusieurs endroits et démarrage de la multiplication de semences.

b. La base génétique

Au paragraphe 3.2 il a été établi que toute population hybride d'une plante autogame tend à devenir homozygote quand le nombre de générations tend vers l'infini. Si maintenant nous revoyons le paragraphe 8.1, nous observons que pour deux gènes A et B non situés sur le même chromosome, la fréquence théorique du génotype désiré AABB est, à la F_2 , de 1/16. Pour des caractères qui dépendent de plusieurs gènes comme le rendement par exemple, la fréquence théorique des homozygotes (dominants ou récessifs) est relativement très faible. Si la F_1 est formée d'un polyhybride n, (n désignant le degré d'hybridisme, par exemple n = 2, dehybride, n = 10 décahybride, la fréquence théorique d'un hybride h (h = 1, 2, 3 ...n) à la génération g est donnée par la formule:

$$f = \frac{1}{2^{n\ (g-1)}} \left(2^{g-2} - \frac{1}{2}\right)^{n-h} \qquad (8.2.1)$$

Exemple : P : AAbbCCdd x aaBBCCDD

F_1 : AaBbCCDd

On recherche à la F_2 le génétype AABBCCDD. On a :

n = 4= g = 2 et h = 0 (individu non hybride)

On a donc :

$$f(AABBCCDD) = \frac{1}{2^{4(2-1)}} \left(2^{-2} - \frac{1}{2}\right)^4$$

$$= \frac{1}{2^4} \left(2^0 - \frac{1}{2}\right)^4$$

$$= \frac{1}{16} \quad \frac{1}{16} = 0{,}39\%$$

Par contre, la fréquence de l'hybride Aa BbCcDD à la F_2 est :

$$f\ (AaBbCcDD) = \frac{1}{2^{4\ (2-1)}} \left(2^0 - \frac{1}{1}\right)^{4-3}$$

$$= \frac{1}{2^4} \times \frac{1}{2} = 3{,}125\%$$

Aussi donc, nous n'avons pas même une chance sur 100 de trouver à la F_2 le génotype AABB CCDD tandis que nous en avons déjà 3 sur 100 de trouver le génotype AaBbCcDD. Voilà la raison pour laquelle nous devons, au moins jusqu' en F_7 , sélectionner non seulement entre les familles, mais aussi à l'intérieur des familles. C'est dans le but de trouver le génotype AABBCCDD.

A la F_2, on peut avoir mis la main sur Aa Bb Cc DD; à la F_4 sur AaBBCCDD; à la F_5 sur AABBCCDD. En s'autofécondant, ce dernier génotype ne fournira que AABBCCDD. Voilà pourquoi, en génération avancée (F_7 ...) la sélection à l'intérieur des familles n'a presqu'aucune efficacité .

B. Méthode "Bulk"

Cette méthode met à profit le fait que nous venons d'expliquer, à savoir que le pourcentage des individus homozygotes augmente au fur et à mesure qu'augmente le nombre de générations.

a. Schéma de la méthode (voir page 99)

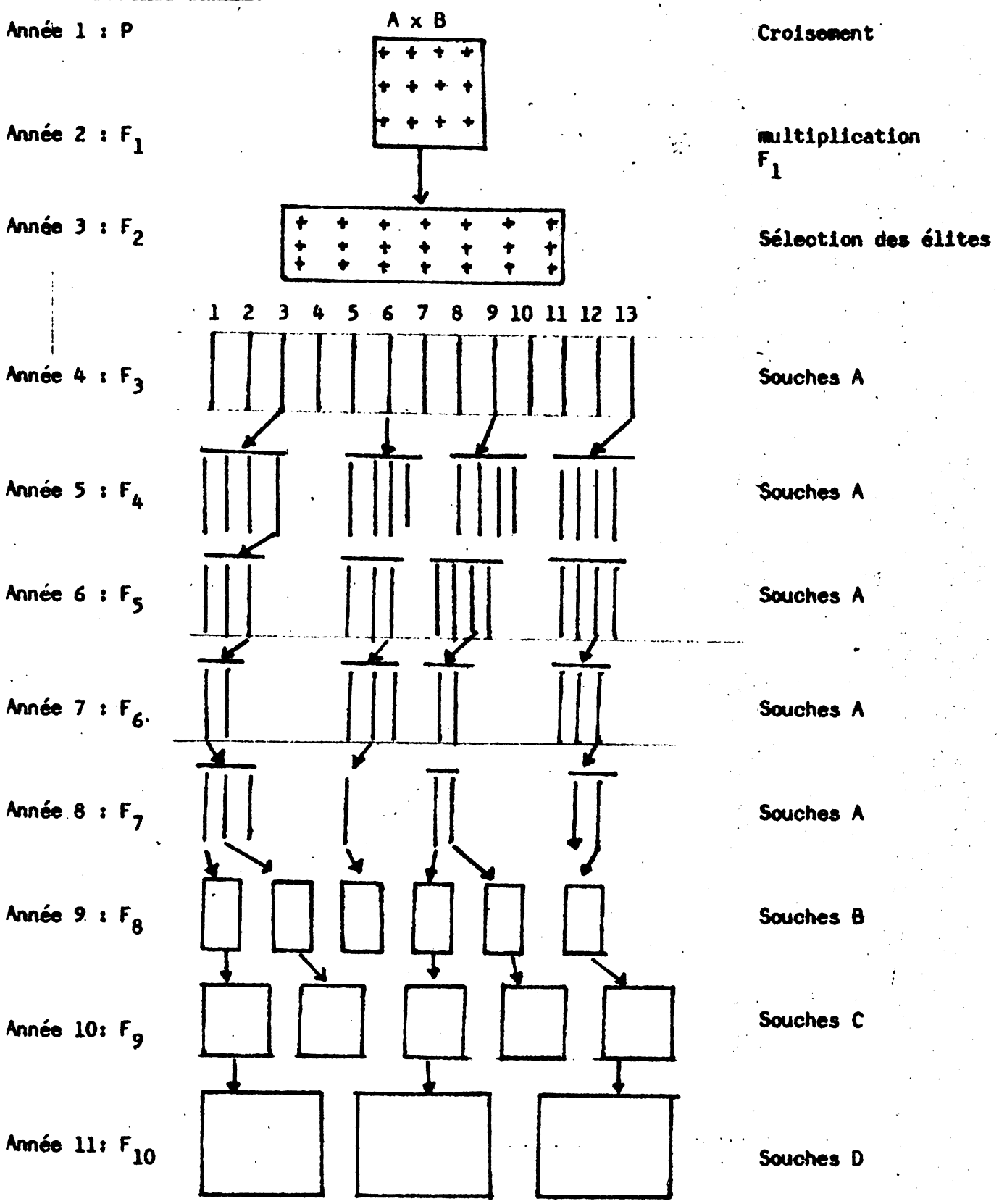
Lorsque le sélectionneur utilise la méthode "Bulk", il est indispensable qu'il accorde la plus grande attention à la sélection naturelle qui pourrait contrecarrer le but qu'il recherche. Supposons par exemple qu'un croisement ait été effectué entre les 2 variétés de riz Ti-Fidèle et Mme Gougousse. Si l'on sème la F_2 et les générations subséquentes dans les zones mal drainées, il peut arriver que seuls les génotypes qui renferment les gènes de tolérance de Ti-Fidèle à l'excès d'eau fourniront les plus forts pourcentages de descendants. Les combinaisons recherchées peuvent ne jamais apparaître.

C. Méthodes des Populations Partielles

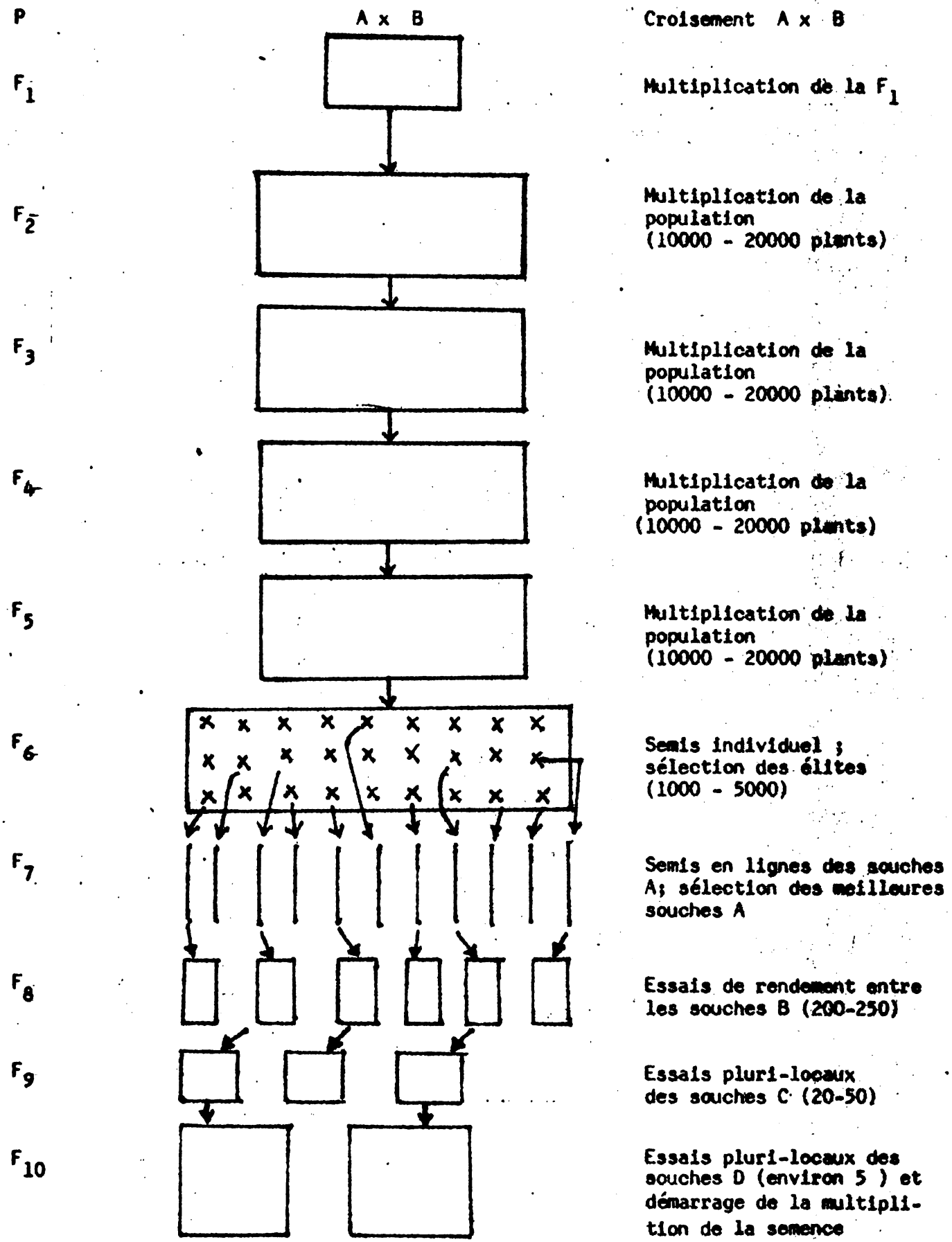
Cette méthode est une combinaison de la méthode pedigree et de la méthode "Bulk". La sélection débute en F_2, génération à laquelle on sélectionne les individus qui correspondent à l'objectif de sélection (500 - 1000). Etant donné que ces élites sont encore hétérozygotes, leurs progénitures sont conduites pendant quelques générations comme des populations partielles. Au cours de ces générations de multiplication de familles, les populations partielles avec des caractères défavorables sont éliminées. A partir de la F_8, on redémarre avec une sélection individuelle à l'intérieur des populations partielles retenues. Le schéma de la méthode est le suivant : (voir page 100).

Sélection après hybridation dans les plantes autogames

Méthode Pedigree

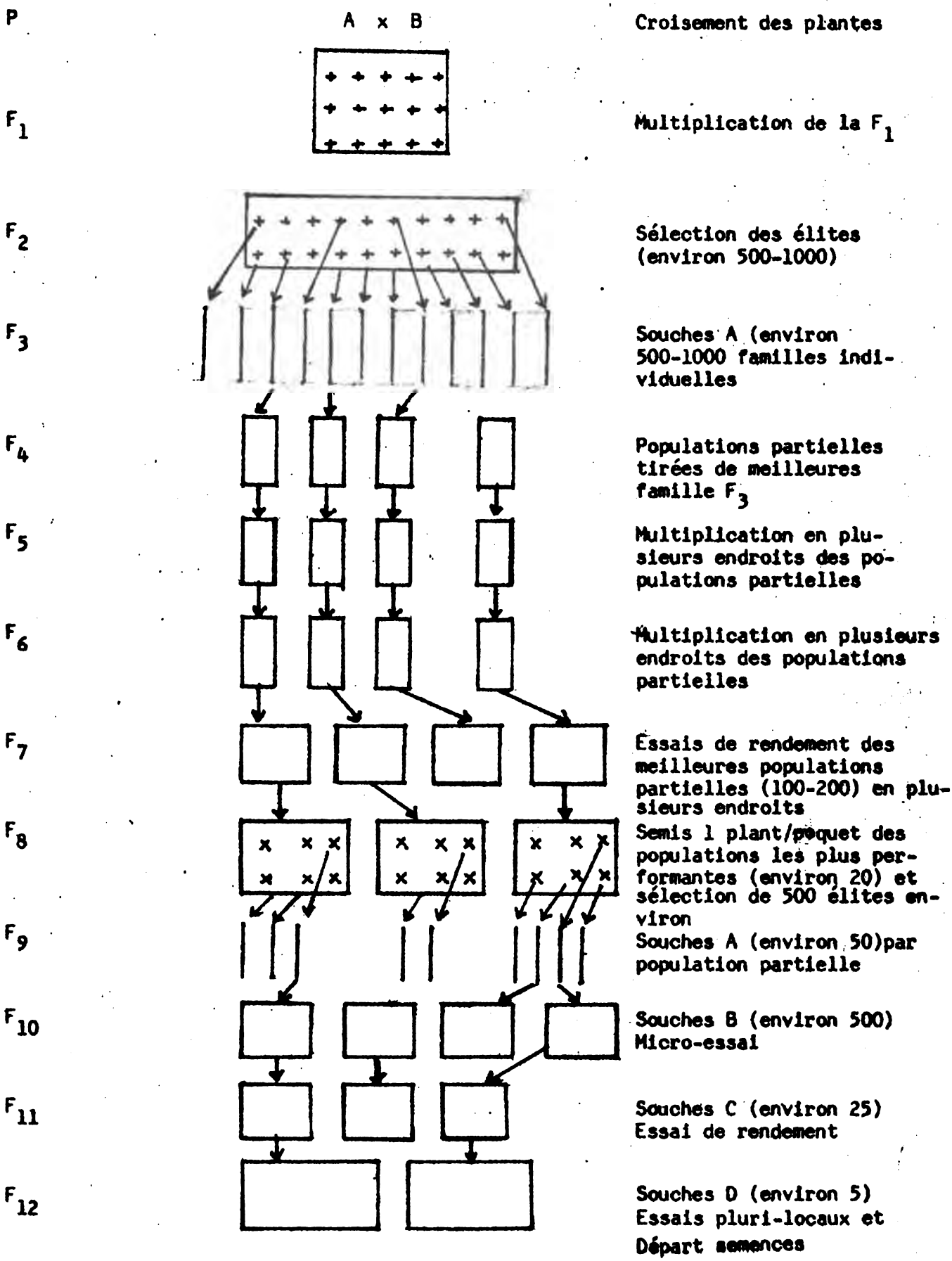


Sélection individuelle après hybridation dans les plantes autogames : Méthode Bulk



Sélection individuelle après hybridation dans les plantes autogames

(Méthodes des populations partielles)



D. Rétrocroisement

Soit une variété V à haut potentiel de rendement et de génotype aaBBCC. L'un des inconvénients de cette variété imaginaire peut être sa susceptibilité à l'anthracnose (aa). Soit maintenant le génotype AA à faible potentiel de rendement, mais résistant. Il s'agit de transférer à la variété V le gène A tout en conservant ses autres gènes B et C dont dépend le haut potentiel de rendement. Dans ces cas, on emploie la méthode de sélection dite sélection récurrente simple.

a. Sélection récurrente simple

1) Introduction d'un gène de résistance dominante

Année 1 : P_1 (RR) x P_2 (rr)

Année 2 : F_1 (Rr) x P_2 (rr)

Progéniture: 1/2 (Rr) + 1/2 (rr) (à éliminer)

Année 3 : F_2 (Rr) x P_2 (rr)
Progéniture: 1/2 (Rr) + 1/2 (rr) (à éliminer)

Année 4 : F_3 (Rr) x P_2 (rr)
Progéniture: 1/2 (Rr) + 1/2 (rr) (à éliminer)

Année 5 : F_4 (Rr) x P_2 (rr)
Progéniture: 1/2 (Rr) + 1/2 (rr) (à éliminer)

Année 6 : F_5 (Rr) x F_5 (Rr) autofécondation
Progéniture: 1/4 (RR) + 1/2 (Rr) + 1/4 (rr)
(à éliminer)

Pour tester le génotype des plantes résistantes RR ou Rr,

il suffit de laisser chaque génotype s'autoféconder. On reconnait le génotype RR au fait que toute sa progéniture est résistante.

Vocabulaire

- Le parent P_1 (RR) est le donneur de résistance
- Le parent P_2 (rr) est le receveur
- Le parent P_2 qui revient à chaque génération de rétro-croisement est appelé parent récurrent
- La première génération de croisement est symbolisé par R_1 ; $R_1 = F_1 \times P_2$. La seconde génération de croisement est symbolisée par R_2 ; $R_2 = (F_1 \times P_2) \times P_2$ ou $F_2 \times P_2$. Ainsi de suite.

2) Introduction d'un gène de résistance récessive

Année 1 : P_1 (rr) x P_2 (RR) P_1 = donneur

Année 2 : F_1 (Rr) x P_2 (RR)

Progéniture : 1/2 (Rr) + 1/2 (RR)

Croisements : Rr x P_2 (RR) / P_1 (rr) — RR x P_2 (RR) / P_1 (rr)

Progéniture : (RR + Rr) + (Rr + rr) * RR + Rr *

Année 3 : RR x P_2 (RR) / P_1 (rr) — Rr x P_2 (RR) / P_1 (rr)

et l'on continue comme à l'année 2.

8.3 Sélection après Hybridation chez les Plantes Allogames

La sélection après hybridation chez les plantes allogames est conduite de manière similaire à celle des plantes autogames. Etant donné que les

---

* à éliminer

parents de croisement des plantes allogames sont dans la plupart des cas hétérozygotes, on devrait, par sélection ou consanguinité, développer des familles qui, pour les caractéristiques désirables, sont plus ou moins homozygotes. L'hétérozygotie des parents permet de démarrer la sélection en F_1. Toutes les remarques que nous avons produites à propos de la possibilité de reconnaître les caractères désirés avant ou après la floraison, du mode d'hérédité de ces caractères et de leur héritabilité, sont valables ici également. C'est précisément de ces données que dépend le progrès de sélection et la rapidité avec laquelle ce progrès est réalisé.

CHAPITRE 9

TECHNIQUES DE CROISEMENT

9.1 Riz

Première Méthode

- réduire la panicule à 10-12 épillets;
- pratiquer une ouverture, en coupant obliquement avec une paire de petits ciseaux, la partie supérieure du lemma;
- enlever les 6 anthères avec une petite pincette recourbée;
- recouvrir la panicule émasculée avec un sachet approprié;
- pour polliniser, écraser des anthères mûres à l'intérieur des fleurs émasculées;

Deuxième Méthode

- réduire la panicule à 10- 12 épillets;
- plonger la panicule réduite pendant 5 - 10 minutes dans un récipient contenant de l'eau chaude à 43 - 44 ^{o} C.
- polliniser, comme plus haut, une demie-heure après émasculation

9.2 Mais

Méthode

- avant l'apparition des soies, recouvrir l'épi avec un sachet transparent;
- quand les soies atteignent quelques centimètres de longueur, couper 2 - 3 cm et recouvrir immédiatement;
- recouvrir en même temps l'inflorescence mâle avec un sachet approprié ;

- après 24 heures, couper l'inflorescence mâle, agiter vigoureusement pour que le pollen s'accumule au fond du sachet;
- enlever rapidement le sachet qui recouvre l'épi et verser le pollen sur les soies et recouvrir immédiatement après.

9.3 Sorgho/Millet

Méthode

- utiliser un grand tube de caoutchouc que l'on serre à la base du pédoncule de l'inflorescence femelle;
- attacher la partie supérieure du tube à un récipient contenant de l'eau chaude à 42 - 48 ^{o} C;
- recouvrir la panicule émasculée avec un sachet approprié;
- pour polliniser, écraser des anthères mûres à l'intérieur de l'inflorescence émasculée.

9.4 Haricot

Méthode

- équipé d'une loupe, écarter en utilisant une petite pince droite, étendard et ailes et pratiquer l'ablation du carène jusqu'à ce que le style apparaisse;
- enlever les étamines au nombre de 10;
- avec une pincette droite, enlever les enveloppes externes du parent mâle et dégager le style;
- trancher soigneusement la partie terminale du style, porteuse de poils auxquels adhèrent des grains de pollen, et frotter sur le stigmate du parent femelle;
- la pollinisation effectuée, remettre étendard et ailes de la fleur femelle en place ; le changement de coloration du pétale est un bon signe de la réussite du croisement.

CHAPITRE 10

SELECTION DE VARIETES HYBRIDES

10.1 Principes Généraux

Pour des raisons purement didactiques nous consacrerons tout ce chapître aux principes de sélection de variétés hybrides de mais. Shull, qui est avec East, l'un des pionniers du développement de mais hybride, avait déjà en 1908 énoncé les principes de base suivants:

- dans une population normale de mais, chaque plante représente un hybride très hétérozygote;
- la diminution de rendement observée après auto-fécondation est dûe au passage graduel de la population vers l'homozygotie;
- l'objectif du sélectionneur doit être, non pas celui de découvrir les meilleures lignées auto-fécondées, mais celui de développer et de conserver les meilleures combinaisons hybrides.

Choisissons, par exemple, quelques plantes, dans un champ planté de la variété "Eto Amarillo". Si nous soumettons chacune de ces plantes à l'autofécondation, nous remarquerons que :

- après la première génération d'autofécondation (= S_1) apparaissent un grand nombre de formes létales et subvitales;
- le matériel donne très vite naissance à des lignées qui deviennent de plus en plus homogènes, au fur et à mesure qu'augmente le nombre de générations d'autofécondation;
- dans beaucoup de lignées, il y a une telle diminution de la vigueur et de la fertilité que ces lignées sont difficiles à maintenir;
- les lignées qui survivent montrent une vitalité relativement réduite ;

- le croisement de certaines lignées génétiquement différentes donne lieu à une F_1 dans laquelle on constate une augmentation de la vigueur et de la fertilité. Dans les combinaisons les plus favorables, la fertilité et la vigueur peuvent surpasser celle des lignées parentales. C'est ce phénomène que Shull a appelé hétérosis.

Sans les discuter, nous énonçons les principales hypothèses avancées pour expliquer le phonomène de la vigueur hybride ou hétérosis:

- l'hypothèse de l'hétérozygotie (East et Hayes, 1912);
- l'hypothèse de la dominance (Daventport, 1908);
- l'hypothèse de liaison génique (Jones, 1917);
- l'hypothèse de la superdominance (East, 1936)

10.2 Mesure de l' Hétérosis

Soient X et Y deux lignées autofécondées de mais. Supposons que l'hétérosis soit dû à un seul gène A avec deux allèles A et a. Soient enfin :

p, la fréquence relative de A

q, la fréquence relative de a dans la ligné X

p' la fréquence relative de A

q' la fréquence relative de a dans la lignée Y

Construisons y tel que :

$$y = p - p' = q - q' \qquad (10.2.1)$$

Désignons par + a. d et -a, les valeurs génotypiques des individus AA, Aa et aa respectivement. La moyenne des valeurs génotypiques dans la lignée X sera :

$$\bar{X} = p^2 a + 2pqd - q^2 a$$

$$a(p - q) + 2pqd$$

Pour $\bar{y}$, on aura :

$$\bar{Y} = p'^2 a + 2p'q'd - q'^2 a$$
$$= a(p' - q') + 2p'q'd$$
$$= a(p - y - q - y) + 2d \quad pq + y(p - q) - y^2$$

Si nous remplaçons p' et q' àr leurs valeurs tirées de 10.2.1.

La moyenne de $\bar{X}$ et $\bar{Y}$ sera :

$$\frac{X + Y}{2} = a(p - q - y) + \left[d(2pq + y)(p - q) - y^2\right]$$

La F_1 du croisement X par Y aura la composition suivante :

Gamètes de X / Gamètes de Y	A	a
	p	q
A(p ') = p - y	AA p(p - y)	Aa q(p - y)
a(q') = q - y	Aa p(q - y)	aa q(q - y)

c'est à dire :

AA	Aa	aa
p(p - y)	q(p - y) + p(q - y)	q(q - y)

La moyenne de cette population sera :

$$\bar{F}_1 = ap(p - y) + d\left[q(p - y) + p(q - y)\right] - aq(q - y)$$
$$= a(p - q - y) + d\left[2pq + y(p - q)\right]$$

Le degré d'hétérosis sera donné par :

$$H_{F_1} = \bar{F} - \frac{\bar{X} + \bar{Y}}{2}$$

$$= a(p - q - y) + d\left[2pq + y\ (p - q)\right] - a(p - q - y) + \left[d(2pq + y)\ (p - q) - y^2\right].$$

$$= dy^2 \quad (\ 10.2.2\ )$$

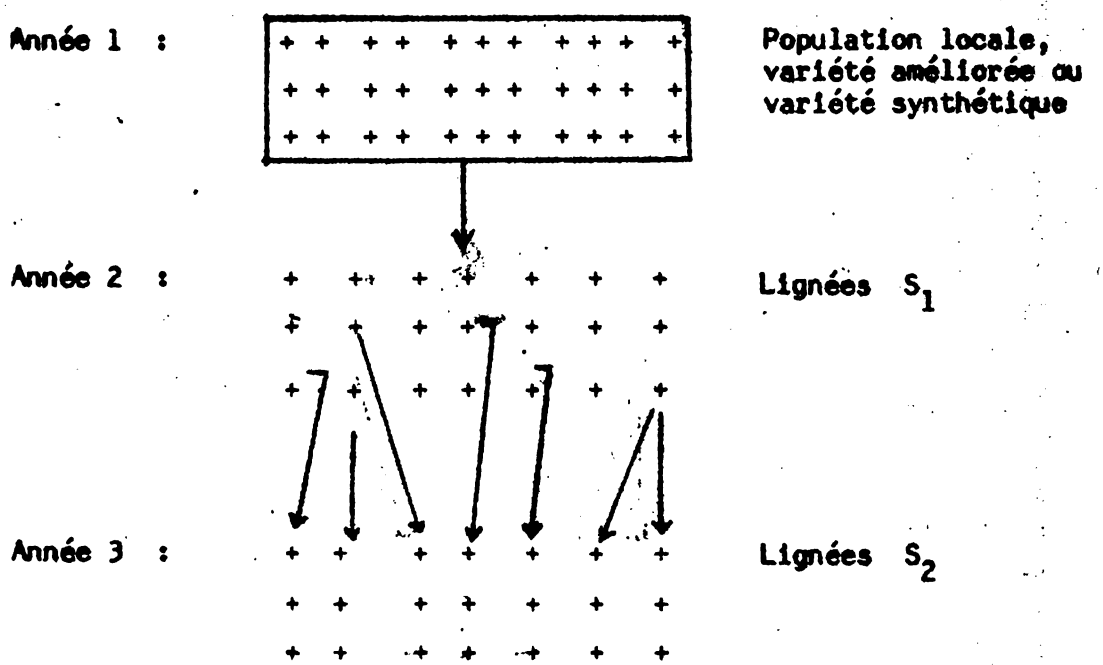
10.3 La méthode de sélection

Le processus de développement de variétés hybrides comprend trois étapes:

- développement des lignées autofécondées (= lignées S);
- test des lignées S en ce qui concerne leur capacité générale et spécifique de combinaison;
- mise au point des croisements simples, à trois voies, ou croisements doubles, à partir des lignées S qui ont la meilleure capacité de combinaison.

A. Développement des lignées S

a. Méthode Standard

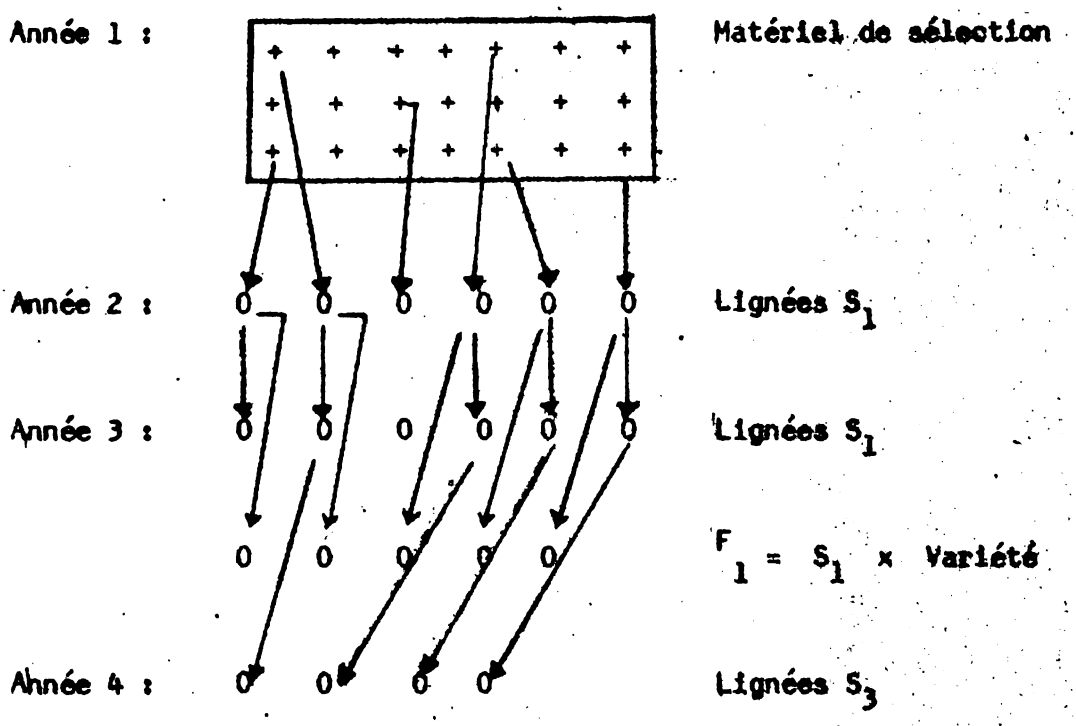


Année 1 : Semis du matériel de sélection. Autofécondation de 500-2000 plantes individuelles sélectionnées;

Année 2 : Semis en lignes de 25-30 graines de chaque épi autofécondé (= lignée S_1) Sélection des meilleures lignées S_1 et auto-fécondation de 3-5 meilleures plantes individuelles.

Années 3, 4.....6 : Comme à l'année 2, jusqu' à ce que les lignées S deviennent uniformes.

b. Méthode du poquet unique



Année 1 : Semis du matériel de sélection. Autofécondation de plantes individuelles sélectionnées ;

Année 2 : Semis dans un poquet de 6 graines de chaque épi autofécondé. Eclaircissage à 3 plants . Autofécondation de la meilleure plante, qui est en même temps croisée avec une variété (comme parent femelle);

Année 3 : Même chose qu'à l'année 2. Essai de rendement des F_1 F_1 (S_1 x Variété) ;

Année 4 : Avec les lignées S_1 dont les F_1 (S_1 x Variété) ont donné les meilleurs rendements, on recommence le même procédé qu'à l'année 2, jusqu'à l'uniformité des lignées S.

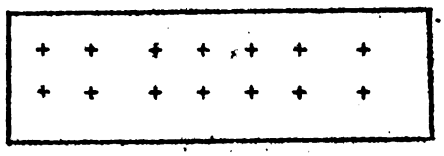
c. Sélection récurrente simple et réciproque

Ces deux méthodes sont employées pour développer des lignées S ou pour améliorer des lignées autofécondées déjà développées.

Schéma de la sélection récurrente simple

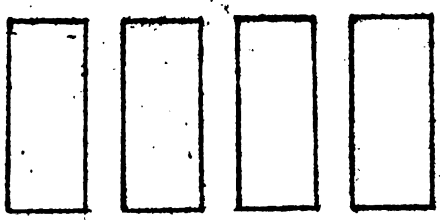
PREMIER CYCLE

Année 1 :



Population

Année 2 :

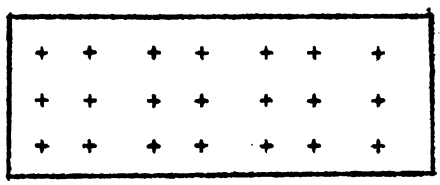


Lignées S_1

1 2 3 4

Croisements 1 x 2 ..... 3 x 4

Année 3 :



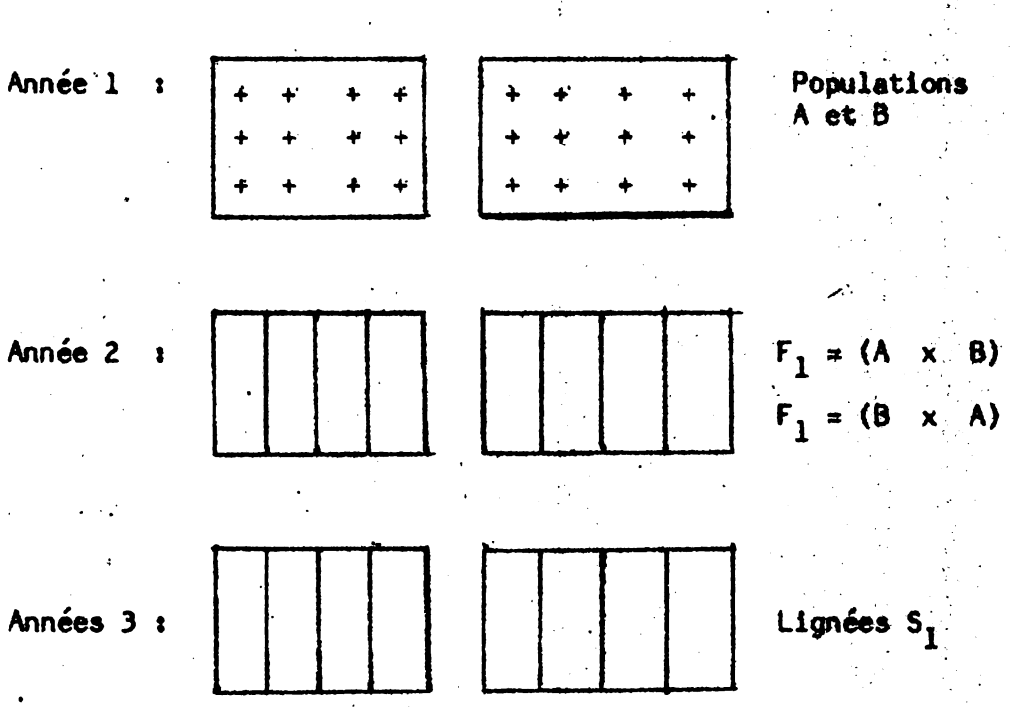
Population améliorée de laquelle on démarre du second cycle de sélection

Année 1 : Semis de la population. Autofécondation de plantes individuelles . Récolte des épis des meilleures plantes autofécondées;

Année 2 : Semis des lignées S_1 . Sélection des meilleures lignées S_1 que l'on croise en plusieurs combinaisons;

Année 3 : Semis du mélange des graines issues des croisements et démarrage du second cycle de sélection.

Schéma de la sélection récurrente réciproque



Année 1 : Semis de 2 populations A et B. Autofécondation de plantes individuelles dans A et dans B. Croisement des plantes autofécondées dans A par des plantes autofécondées dans B et vice-versa;

Année 2 : Essai comparatif des F_1 (= A x B) et F_1 (B x A). Ces essais permettent de déterminer les plantes individuelles de A et de B qui donnent les meilleurs hybrides.

Année 3 : Semis séparés des lignées S_1 (issus de l'année 1) dont les F_1 AxB et BxA ont donné les meilleurs résultats. Croisements selon plusieurs combinaisons entre ces lignées.

Les graines issues des croisements combinés dans chaque population sont semées en quatrième année et deviennent les populations A' et B' sur lesquelles on démarre le second cycle de sélection.

B. Test des Lignées Autofécondées

En ce qui concerne la production de semences hubrides, les lignées autofécondées doivent avoir les caractéristiques suivantes:

- plantes vigoureuses, saines ; homogénéité et haut degré d'homozygotie des lignées;
- bonne production de pollen;
- bonne capacité de combinaison;

On distingue deux types de capacité de combinaison: capacité générale et capacité spécifique de combinaison.

Supposons, par exemple, que l'on ait développé cinq lignées S répondant aux deux premières catégories de caractéristiques énumérées plus haut, et soient : A, B, C, D et E ces cinq lignées. Pour trouver les 2 lignées dont la F_1 donne les meilleurs rendements, il est nécessaire d'effectuer tous les croisements diallèles suivants:

A x B,	A x C,	A x D,	A x E
B x C	B x D,	B x E	
C x D	C x E		
D x E			

Soit, au total 10 croisements. Cependant, quand le nombre n de lignées autofécondées est assez grand - 200 par exemple - le nombre de croisements diallèles, devient très grand, soit : n (n - 1)/2.

Dans la pratique, on réalise, en lieu et place de ces n (n - 1)/2 croisements diallèles, ce que l'on appelle un "topcross" c'est-à-dire que l'on croise chacune des n lignées par une variété que l'on appelle "tester. Celui-ci doit avoir une origine différente des lignées S; plus ou moins hétérogène pour éviter les interactions des lignées S par tester. On appelle capacité générale de combinaison d'une lignée S, le rendement moyen des progénitures issues des croisements de cette lignée par le tester.

Soient, par exemple, les 3 lignées S: A, B et C et le tester T. On aura les croisements suivants : A x T, BxT et C x T. Avec un dispositif de blocs randomizés, on peut comparer les rendements des $3F_1$ de la manière suivante:

BxT	CxT	AxT
AxT	CxT	BxT
CxT	AxT	BxT
BxT	AxT	CxT

Une simple analyse de variance permet de discriminer les lignées S qui ont significativement les meilleures capacités générales de combinaison.

Dès que les lignées autofécondées S avec les plus fortes capacités générales de combinaison ont été trouvées, il suffit de réaliser entre elles tous les croisements diallèles $n(n - 1)/2$ pour trouver les lignées qui ont la meilleure capacité spécifique de combinaison. On appelle capacité spécifique de combinaison de 2 lignées, la différence entre le rendement de la progéniture de ces lignées et la moyenne des rendements obtenus pour la capacité générale de combinaison de ces lignées.

Exemple :

Les 2 lignées sont A et B, pour lesquelles on a trouvé respectivement 3 et 4 tonnes/ha comme capacité générale de combinaison. On effectue le croisement A x B et la F_1 donne en moyenne 5 tonnes par hectare. La capacité spécifique de combinsiaon des lignées A et B sera :

$$5 - \frac{3 + 4}{2} = 1{,}5 \text{ t/ha}$$

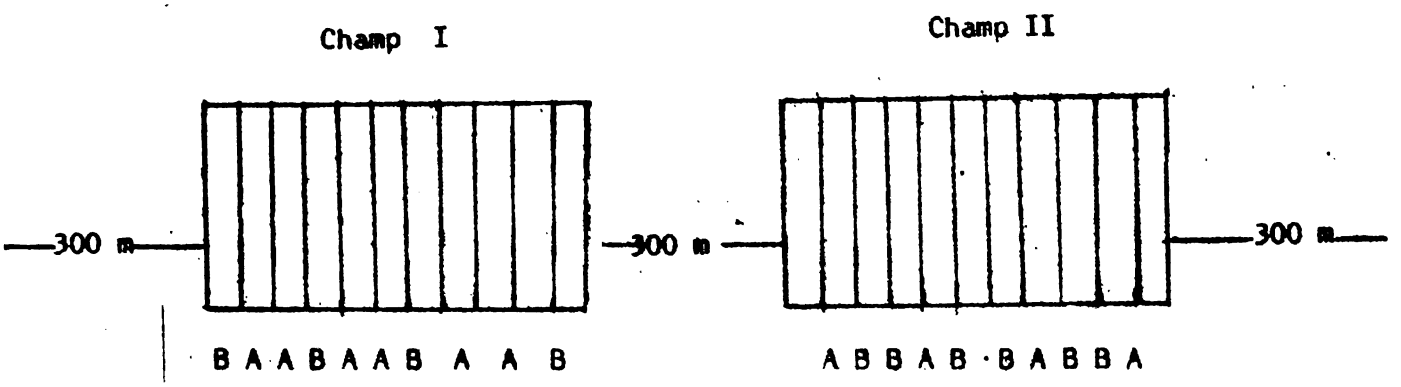
C. Production des Hybrides

On distingue 3 types de variétés hybrides : les hybrides simples, les hybrides à trois voies et les hybrides doubles.

a. Hybrides simples

On croise deux lignées S : A♀ x B♂. La semence hybride est récoltée sur la lignée A. Comme A est une lignée autofécondée, la quantité de semences produite est faible; cependant, le degré d'hétérosis est le plus élevé.

Schéma de production



Champ I : les rangées A sont émasculées; la semence hybride est produite et récoltée sur A; la lignée B se conserve par autofécondation et croisement entre frères;

Champ II : les rangées B sont autofécondées; la semence hybride est produite et récoltée sur B; la lignée se conserve par autofécondation et croisement entre frères.

b. Hybrides à trois voies

On croise deux lignées S : A x B. Leur F_1 est ensuite croisée avec une troisième lignée C. La semence hybride est récoltée sur les plantes F_1. Comme cette F_1 est déjà un hybride, la quantité de semences produites est élevée; cependant, le degré d'hétérosis est plus faible que chez les hybrides simples.

Schéma simplifié de production

Champ I	Champ II	Champ III
A x B Production de A x B et conservation de B	B x A Production de B x A et conservation de A	(A x B) x C Production de F_1 (A x B) x C et conservation de C

c. Hybrides doubles

On croise A x B et C x D. L'année suivante, on effectue les croisements (A x B) x (C x D). Puisque (A x B) et (C x D) sont des hybrides, il y a une bonne production de pollen et un bon rendement en semences hybrides. Le degré d'hétérosis est cependant plus faible que pour les croisements simples ou à 3 voies.

Schéma simplifié de production

Champ I	Champ II	Champ III	Champ IV	Champ V
(A x B)	(B x A)	C x D	D x C	(A x B) x(C x D)

De la même façon qu'il faut tester les lignées S quant à leur capacité spécifique de combinaison, il faut aussi tester les croisements simples qui donnent les meilleurs hybrides doubles. Or, pour n lignées S, nous avons n (n - 1)/2 croisements simples et n(n - 1) (n - 2) (n - 3)/8 croisements doubles. Il existe néanmoins un moyen qui permet au sélectionneur de prévoir les rendements des croisements doubles, sans que ceux-ci soient effectués.

Soient donc 4 lignées S: A, B, C et D. On effectue tous les croisements simples : A x B, A x C, A x D, B x C, B x D et C x D. On réalise ensuite sur le papier les différentes combinaisons doubles, en face desquelles on écrit toutes les combinaisons simples non comprises dans le croisement double, soit :

Croisements doubles	Croisements simples non compris
A x B) x (C x D)	(AxC), (AxD), (B xC), (B x D)
A x C) x (B x D)	(AxB), (AxD), (B xC), (C x D)
A x D) x (B x C)	(AxB), (AxC), (BxD), (CxD)

Pour calculer, par exemple, le rendement espéré du croisement double: (AxD) x (BxC), on calcule simplement la moyenne des rendements des croisements (AxB), (AxC), (BxD) et (CxD)

Exemple :

(A x B) = 41,7 q/ha
(A x C) = 62,6 q/ha
(A x D) = 70,8 q/ha
(B x C) = 65,6 q/ha
(B x D) = 65,6 q/ha
(C x D) = 64,2 q/ha

Pour (A x B) x (C x D), on aura : $\frac{62,6 + 70,8 + 65,6 + 72,1}{4}$

qui est égal à 67,8 q/ha.

10.4 Les variétés synthétiques

Il est connu que le degré d'hétérosis d'une combinaison hybride diminue dans les générations subséquentes, d'où la nécessité de renouveler chaque année la semence hybride. Il y a des espèces chez lesquelles le développement de variétés hybrides n'est pas rentable économiquement, malgré le degré relativement élevé d'hétérosis que l'on y rencontre. Chez de telles espèces, les avantages de l'hétérosis peuvent être obtenus, jusqu'à un certain degré, par le développement des variétés dites synthétiques. La création de telles variétés diffère de celle des variétés hybrides simplement par le fait que les lignées autofécondées S testées pour leur capacité spécifique de combinaison, au lieu d'être émasculées pour la production de la semence hybride, s'interfécondent pour produire la semence synthétique.

Le degré d'hétérosis d'une variété synthétique dépend de trois facteurs :

- du nombre de lignées S qui participent à la synthèse;
- de la capacité de rendement de chacune des lignées;
- de la capacité de combinaison des lignées.

Dans une variété synthétique, la première génération d'interfécondation est désignée par Syn 1, la seconde Syn 2 et ainsi de suite.

Tout comme pour les variétés hybrides, le rendement des variétés synthétiques diminue à partir de Syn 1, jusqu'à ce que la variété ait atteint son équilibre de population (voir paragraphe 3.3), où le rendement devient stable. Le rendement de la Syn 2 peut

être calculé par la formule :

$$\text{Syn } 2 = \frac{\overline{F}_1 - \overline{P}}{n} \qquad (10.4.1)$$

dans laquelle $\overline{F}_1$ désigne le rendement moyen des combinaisons F_1; $\overline{P}$ le rendement moyen des lignées autofécondées S et n le nombre de lignées qui participent à la synthèse.

11

APRES MUTATION

éralités

variation observée au sein des populations locales peut, comme ne nous l'avons vu aux chapitres 9 et 10, être enrichie par croisements intra ou interspécifiques. Mais elle peut aussi e enrichie par mutagénèse expérimentale. En fait, la muta- n est l'unique moyen de création originelle de variation.

existe trois catégories de mutations :

les mutations qui concernent le nombre des chromosomes des individus. Pour chaque espèce végétale, il existe un nombre basique de chromosomes, symbolisé par n. Le tableau suivant ndique le degré de ploidie quand on multiplie n par des nom- bres entiers.

le base	entier de multiplication	terminologie
	1	haploide
	2	diploide
	3	triploide
	k	polyploide

exemple le haricot commun est diploide : 2 n = 22. Mais un n de pollen de haricot est haploide : n = 11. De même, le est diploide : 2n = 20; un grain de pollen de mais est haploide,

n = 10; l'endosperme d'une graine de mais est triploide: 3n = 30.

Il peut arriver, à partir de la diploidie, qu'un individu ait 1 ou 2 chromosomes en plus ou en moins. Les individus à 2n - 1 chromosomes sont dits monosomiques, tandis que ceux à 2 n + 1 chromosomes soit dits trisomiques.

Les individus polyploides peuvent être autoploides ou alloploides. Désignons par A par exemple l'ensemble formé par les n chromosomes haploides d'une espèce. Les individus diploides auront comme formule chromosomique AA; les autotriploides seront AAA et les autotétraploides AAAA.

Considérons maintenant une espèce telle que le blé Triticum vulgare. Trois espèces diploides AA, BB et DD ont contribué à la formation du blé tendre dont la formule est par conséquent : AABBDD. Le blé tendre est allohexaploide.

- les mutations qui concernent la structure des chromosomes. On distingue, par exemple : les délétions, les inversions, les translocations et autres.
- Les mutations ponctuelles ou géniques qui interviennent au niveau du gène lui-même. C'est, par exemple pour un gène T, un allèle T qui mute vers t. Un individu homozygote dominant TT peut ainsi devenir hétérozygote Tt.

Les 3 catégories de mutations peuvent apparaître naturellement, bien entendu avec des fréquences faibles. On peut, cependant, provoquer des mutations artificielles par l'emploi de certaines substances comme la colchicine, l'acénaphtène, le sulfonate d'éthyle-méthyle ou des particules telles que les rayons X, Y et autres.

Il n'est pas dans notre intention de développer davantage ce paragraphe sur les mutations, non plus de considérer toutes les catégories de mutations. Pour donner au lecteur une idée de la sélection après mutation, nous reproduisons, avec la permission de l'auteur, un passage du travail original de l'Agronome Emmanuel Prophète sur "Le Haricot et l'Amélioration Génétique de la Couleur des Graines".

A. Matériel et Méthodes

1) Matériel

lignée de haricot rouge foncé : Kenscoff I

2) Traitement mutagène

700 graines M_o (= génération avant la mutation)

- 200 graines traitées à 15000 rad (=dose équivalente de radium);
- 300 graines traitées à 20000 rad;
- 200 graines traitées à 25000 rad;

Les semences traitées ont subi une période de repos de 52 jours avant le semis;

- témoin 110 graines non traitées

B. Résultats

1) Caractère des plants M_1

L'évolution des plants Kenscoff I irradiés a été semblable, qu'ils soient semés ou repiqués. On a particulièrement noté:

- un retard à la germination, retard variable selon les doses reçues;
- les deux premières feuilles sont panachées de points ou de réseaux jaunes. La couleur verte est moins prononcée et leur texture est assez rèche et elles sont moins souples que celles du témoin. On observe également des points jaunes sur l'hypocotyle.
- les feuilles suivantes présentent, comme observé en serre sur CNREY, des variations au point de vue forme et

assez souvent des plages plus claires sans présenter cependant le type mosaique.

- d'une manière générale, les plants irradiés sont moins vigoureux que les témoins et produisent moins de grains.
- de nombreuses fleurs avortent et beaucoup de gousses en apparence normales renferment des graines petites, mal conformées et non viables.
- les gousses à maturité sont moins souples et beaucoup plus difficiles à mûrir. Dans quelques cas, cependant, elles sont déhiscentes à maturité. Cet effet serait peut être dû à une régression vers un état primitif.

Les dégâts constatés, dûs à Acanthoscelides obtectus Say coléoptère bruchidé et aux punaises hétéroptères, n'ont pas été diminués sensiblement par la rigidité acquise des gousses. On peut se l'expliquer car les bruches pondent dans les gousses avant leur seccité, au moment où celles-ci commencent à changer de couleur et passent du vert au jaune. Le taux d'humidité étant alors voisin de 40%, l'insecte n'a aucun problème a introduire sa pseudotarière entre les valves de la cosse. Les punaises également piquent assez tôt lorsque la gousse est encore tendre et riche en eau.

L'aspect des feuilles peut s'expliquer par la structure de l'embryon. Les premières feuilles sont déjà différenciées et les traces jaunes indiquant sans doute les points d'impact des photons gamma. Le reste de la plante se trouvant sous forme d'un méristème les lésions et modifications éventuelles seront révélées lors de la différenciation de ces cellules. Cela expliquerait les plages claires et les changements de forme observés.

Le manque de souplesse des feuilles est également une conséquence de l'irradiation. Si on considère les lésions comme des brûlure microscopiques, la rigidité des feuilles serait dûe à une cicatrisation.

Les mutations induites par les rayons ionisants sont en général d dues à des délétions et à des translocations (POEHLMAN, 1959). Or, des gènes utiles aussi bien que des gènes indésirables peuvent être perdus. Cela expliquerait notamment la vigueur moyenne plus faible, les fleurs et les gousses stériles, les mutations létales.

Le fait qu'aucun hangement important n'ait été décelé sur les plants M_1 est dû au fait que la majorité des mutations sont récessives. Il faut donc attendre la M_2 ou la M_3 pour les voir se manifester.

2) Obtention d'une génération M_2 aux champs

A cause de l'importance de la M_2 pour l'expression des mutations il nous a paru nécessaire de l'obtenir au courant de cette année. Vu le nombre des semences il n'était pas possible de les planter en serre. Aussi, dès le 26 juillet, une partie des semences recueillies sur les plantes M_1 15000 rad et 20000 rad ainsi que des témoins non irradiés ont été plantées directement. Compte tenu de la douceur du climat méditerranéen, nous espérions otenir une production même réduite de grains M_3. Les vagues de froid enregistrées vers le début de septembre au moment où se produisait la floraison nous ont fait redouter l'échec . La température nocturne à certains moments était inférieure à 15° C. C'est alors que nous avons observé que les fleurs s'autofécondaient sans s'épanouir. Un autre facteur heureux pour nous a été le retard des pluies. Nos plantes M_2 ont donc pu former des gousses. Cinq traitements ont été comparés:

1) témoin grains rouges non irradiés : 34 plantes;
2) 78 plantes M_2 15000 rad grains rouges;
3) 45 plantes M_2 20000 rad grains rouges;
4) 242 plantes M_2 20000 rad grains roses panachés;
5) 193 plantes M_2 15000 rad grains roses panachés.

Leur comportement peut être résumé par le Tableau no. 19.

Le nombre de mutations intéressantes portant sur la couleur s'éleverait à cinq; toutes repérées dans le traitement 20000 M_2 grains roses. Elles ont consisté en :

- apparition d'une lignée panachée en mosaique de type II rouge à fond blanc rappelant Constanza 1;
- obtention d'une lignée panachée en type II rouge sur un fond violet;
- quelques plantes dont les graines étaient uniformément rouges. Cependant, dans chaque cas le nombre de graines produites a été réduit, ce qui entraîne l'obligation de les resemer afin de vérifier si ce caractère a été fixé.

En se basant sur les travaux de SARAFI, on peut estimer qu'il existe des différences entre les teneurs en protéines des graines M_2 obtenues.

De telles mutations ne seraient évidemment pas visibles à l'oeil nu et nous n'avons pu procéder à de telles analyses.

Une transmormation des panachures en bandes et en pointillé à également été observée. Compte tenu du caractère non désiré de ce changement, ces semences ne seront pas conservées.

Nous avons également relevé des variations dans les formes et les tailles des grains. A partir du type uniforme de Kenscoff I, sont apparus des grains oblongs ainsi que des petits grains. La mutation gros grains oblongs semble cependant entraîner une réduction du nombre de semences.

Tableau No. 19 : Comportement en Champ des Haricots Kenscoff I

	Témoin non irradié grains rouges	M_2 15000R grains rouges	$M_2$20000 R grains rouges	M_2 15000R grains rouges	$M_2$20000 R grains rouges
1. Nombre de plantes observées	34	78	46	193	252
2. % des grains foncés en poids	8,52	5,04	8,4	5,47	4,15
3. Récolte par plant en grammes	2,6	2,9	3,17	3,18	2,81
4. % de l'effectif en grains foncés	7,64	4,94	6,67	5,93	3,01
5. Grains récoltés par plant	8,47	9,07	10,43	8,3	10,53
6. Poids moyen d'un grain en gramme	0,30	0,32	0,30	0,38	0,26
7. Nombre de mutants observés portant sur la coloration	-	4	-	1	5

CHAPITRE 12

PRODUCTION ET DISTRIBUTION DE SEMENCES AMELIOREES

12.1 Introduction

L'une des fonctions officielles du Service National de Semences Améliorées (SENASA) est d'appuyer l'utilisation de semences améliorées par la clientèle agricole. Comme l'utilisation dépend de la disponibilité, il est normal que cet atelier, dans sa partie technique, débute par la considération du processus organisé de production et de distribution de semences améliorées.

Cependant, vu le caractère expéditif de cette session, nous ne pourrons que souligner les aspects principaux et prioritaires du processus, en ce qui concerne les buts de l'atelier. Un traitement plus détaillé du sujet peut se trouver dans les comptes rendus de l'Atelier de Travail sur la Production et la Distribution de Semences" et de la "Rencontre Nationale sur la Production et la Distribution de Semences Améliorées, organisés par le SENESA au cours du l'année 1978.

12.2 Semences

Dans le sens botanique, la semence est la structure qui provient de la fertilisation d'un ovule. Au point de vue agricole, la définition de la semence peut s'élargir pour inclure tout matériel qui sert à la reproduction à une vraie semence comme celle du mais (*Zea mays*) qu'à une tubercule, comme celle de la pomme de terre (*Solanum tuberosum*) . Par conséquent, les principes généraux qui guident la production et la distribution de semences sont valables tant pour les cultures à reproduction sexuée que pour celles à reproduction asexuée.

Précisément, ces deux groupes de cultures font partie du programme de travail du SENASA. On pourrait faire remarquer que la semence de quelques types de cultures se distribue mais normalement ne se produit pas dans le pays . C'est le cas, par exemple, de certaines variétés de pomme de terre et de plantes horticoles telles que la tomate (Lycopersicum esculentum), l'aubergine (Solanum melongena), l'oignon (Allium cepa), le radis (Raphanus sativus), le chou (Brassica olerecea), et autres. Néanmoins, leur valeur comme semence et leur distribution doivent recevoir l'attention du SENASA pour le bénéfice et la protection de sa clientèle agricole.

12.3 Semences Améliorées

Le rôle central d'un programme de semences améliorées comme celui du SENASA est de s'assurer que le producteur ait à sa portée une semence de qualité supérieure. Essentiellement, nous considérons comme semence améliorée celle qui réunit les traits suivants:

- Provenir d'une variété adaptée aux conditions agro-socio-économiques de systèmes de production déterminés;
- Etre génétiquement pure et identifiée;
- Avoir un pourcentage élevé de germination;
- Etre libre de maladies et d'impuretés mécaniques;
- Etre capable de produire une plante vigoureuse.

12.4 Production et Distribution de Semences Améliorées

Le processus de production et de distribution de semences améliorées s'organise de sorte que, à travers l'application et le contrôle des normes de qualité et de commercialisation, la semence offerte au producteur atteigne et maintienne la plus haute valeur agricole. Schématiquement, il peut être représenté comme indiqué à la Figure 1. (Voir page 132).

A. Recherche et Développement de Variétés Adaptées

Basé sur le diagnostic des systèmes de production, objet du plan national de développement agricole, le système de recherche correspondant doit identifier, sélectionner et développer des variétés de cultures qui répondent aux besoins et capacités du producteur-client.

La nouvelle variété doit être supérieure à celle qu'elle prétend remplacer, que ce soit en rendement, en résistance ou en tolérance aux pestes (maladies, insectes et autres), en qualité nutritive ou industrielle, en adaptation aux pratiques de cultures définies ou autres traits d'intérêt pour le producteur et le consommateur.

La recommandation pour l'enregistrement ou le remplacement de variétés améliorées implique l'analyse objective de leurs avantages non seulement agronomiques mais aussi économiques et sociaux, dans le contexte de systèmes de production donnés.

B. Multiplication de Semences Améliorées

La quantité de semences originelles dont dispose l'agence de recherche et de développement de la variété est normalement limitée et doit être multipliée en plusieurs étapes pour satisfaire les besoins de distribution sur le plan pratique. La nomenclature des classes de semences améliorées suivant l'étape de multiplication peut être la suivante:

- Semence du Sélectionneur : Elle se multiplie sous la supervision directe du phytotechnicien-généticien et est à l'origine de la semence de fondation;
- Semence de Fondation* : Elle se multiplie sous la supervision du phytotechnicien ou de son agent autorisé et est à l'origine de la semence certifiée.

---

* Les 2 classes de semences : sélectionneur et fondation sont parfois désignées par le terme général de semences de base.

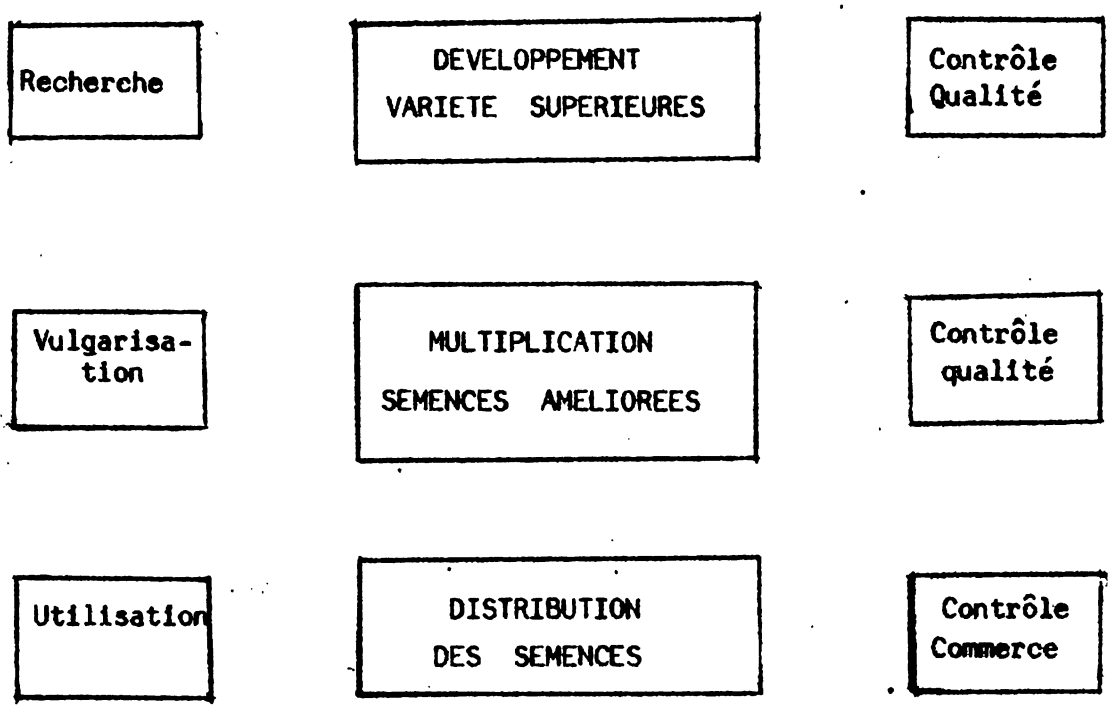


Fig. 1 : Schéma de la Production et de la Distribution de Semences Améliorées

- Semence Certifiée : Elle est multipliée par des producteurs certifiés, sous la supervision d'une agence de certification; elle est à l'origine d'une génération postérieure de semences certifiées ou est plantée pour obtenir d'autres produits.

  Dans certains pays, comme les Etats-Unis d'Amérique (USA), on reconnaît aussi la classe de Semence Enregistrée. Elle est le produit immédiat de la multiplication de la semence de base et constitue une étape antérieure à celle de semence certifiée. toute agence qui se propose de multiplier la semence améliorée doit disposer des ressources nécessaires, en capital, personnel, infrastructure et environnement.

C. Distribution de Semences Améliorées

Une fois que la semence d'une étape se trouve disponible, on procède à sa distribution pour la production à l'étape suivante. La promotion de l'utilisation se réalise par les voies et moyens qui correspondent au type de clientèle envisagé. Comme le nombre et la variabilité propres de la clientèle peuvent augmenter d'une étape à l'autre, il va sans dire que la complexité du système de promotion augmente dans le même sens. Au niveau de la semence certifiée, le concours du Service de Vulgarisation peut être critique. Dans le cas de semences améliorées qui sont distribuées à travers le libre commerce, il est davantage nécessaire d'assurer l'éducation, la coopération et la supervision des agents de commerce. A toutes les étapes, il convient d'implanter les structures qui peuvent faciliter une prompte communication et un Service de livraison effectif et efficient. La structure des prix doit être attrayante tant pour le producteur que pour le commerçant, sans léser les intérêts du consommateur.

12.5 Contrôle de la Production et Distribution de Semences Améliorées

Pour s'assurer que le producteur aura à sa disposition une semence améliorée à un prix raisonable, le Service de Semences Améliorées, dans ce cas le SENASA, doit pouvoir exercer un contrôle réel au niveau de la production et de la distribution.

A. Contrôle de Qualité de Variétés

Pour faire l'objet d'enregistrement, la variété recommandée c comme améliorée, doit passer certains tests officiels établis par l'autorité compétente. Le SENASA pourrait faire partie d'un Comité de Variétés qui aurait pour mission de recommander ou d'annuler l'enregistrement de variétés comme améliorées. La responsabilité du SENASA serait d'agir comme Sec Secrétaire Exécutif du Comité et comme Gardien du Registre de Variétés Améliorées. Outre le SENASA, le Comité pourrait inclure des représentants du Service National de Vulgarisation Agricole (SEPROVA) du Secteur Public de Production de Semences et du Secteur Privé de Production et de Commercialisation de Semences Améliorées et des Associations de Planteurs, le cas échéant. Celui qui voudrait faire enreigstrer une variété améliorée ou en annuler l'enregistrement devrait fournir, à la satisfaction du Comité, les données nécessaires qui justifient objectivement la recommandation.

B. Contrôle de Qualité de Semences Améliorées

La certification de Semences est un système légalement établi pour le contrôle de la qualité dans la multiplication et la distribution de semences. Elle est une phase avancée de la loi ce semences. Elle a pour objet de faire observer les normes de qualité adoptées officiellement pour les différentes classes de semences améliorées. Elle utilise comme instrument

l'inspection des cultures en champ et des semences aux points de distribution. L'Inspection au niveau de semence est complétée et quantifiée par les tests de laboratoire de la semence offerte à la distribution. L'Inspection en champ détermine le degré de pureté de la variété, le respect des distances entre les parcelles de production, le pourcentage d'infection des plantes par les maladies jugées importantes, le niveau d'infestation de mauvaises herbes, et la propreté et l'esthétique générale du champ. L'inspection de la semence aux points de distribution évalue les conditions générales, surtout physiques et hygiéniques du milieu pour garantir le maintien de la qualité de la semence. Les tests de laboratoire mesurent au moins la pureté de la variété, la pureté physique, l'état phytosanitaire, le pouvoir germinatif et le contenu d'humidité. Ils se répètent quand c'est nécessaire, mais tout au moins chaque neuf mois pour la semence emmagasinée.

C. Contrôle du Commerce de Semences

Le commerce de semences doit être régi par la loi y relative pour définir, contrôler et faire respecter les normes d'étiquetage, de prix, d'offre, de propagande et de transport des différents types de semences. L'agent responsable d'appliquer la loi et les règlements est désigné par l'Etat. Chez nous il pourrait être le SENASA, appuyé par les services intéressés (Commercialisation, Conseil Juridique, Autorité Judiciaire et autres).

Toute personne jugée coupable d'enfreindre la loi et les normes est passible des sanctions prévues. Celles-ci peuvent être à la fois économiques (amendes) et morales (publication du nom du

coupable et résultat du jugement).

12.6 Conclusion

Le processus organisé de la production et de la distribution de semences améliorées doit pouvoir raisonnablement garantir que le client ait à sa portée une semence de variété supérieure, génétiquement et physiquement pure. Il est soutenu par la loi et les règlements qui établissent les normes de qualité et de commercialisation de semences.

Pour contrôler et assurer le respect de ces normes, l'agent responsable effectue l'inspection des champs et des magasins ou points de commercialisation et des tests de laboratoire, au cours des différentes étapes de la multiplication et de la distribution de la semence. Sa stratégie de fond doit être de promouvoir la production, la distribution et l'utilisation de semences de haute qualité, capable d'augmenter l'efficience de la production agricole. Plus que punitif, il doit être éducatif et prévenir.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- ALLARD, R.W. — Principles of Plant Breeding. Ed. John Wiley and Sons, Inc., New-York- London, 1960
- EAST, E.M. — Heterosis. Genetic 21, 375-397, 1936.
- IICA — Plan Quinquennal pour la promotion de la Production du Haricot Commun. Port-au-Prince, 1973.
- JONES, D.F. — Dominance of Linked Factors as a Means of Accounting for Heterosis. Genetics 2, 466 - 479, 1917.
- POEHLMAN, J.M. — Mejoramiento Genètico de las cosechas. Editorial Limusa, Mexico, 1976.
- PROPHETE, E. — Le Haricot et l'Amélioration Génétique de la couleur des graines. Mémoire de fin de stage. 1978.
- SENASA — Programme National de Production et de Distribution de semences améliorées. Port-au-Prince, 1978.
- WAICKE, G. — Zur Berechnung der Ökova-Lenz bei Sommerweizen und Hafer. Z. Pflanzenzuechtg. 52, 127-138, 1964.