|  |
| --- |
|  |

Mémoire de fin d'études

présenté pour l'obtention du diplôme d’ingénieur agronome   
Option : Amélioration des plantes et ingénierie végétale méditerranéennes et tropicales (APIMET)

Les pratiques de sélections paysannes de blé dur :

Quel regard porter sur les grains ?



par Clément BIENVENU

Année de soutenance : 2023

Mémoire préparé sous la direction de : Jean-François MARTIN

Présenté le : 21/09/2023

devant le jury :

Vincent RANWEZ

Anne LAPERCHE

**Timothée FLUTRE**

Organisme d'accueil : L’Institut national d’enseignement supérieur pour l’agriculture, l’alimentation et l’environnement (l'Institut Agro) – Chaire partenariale "Semences pour Demain"

Maître de stage : Jacques DAVID

Résumé

Comme toutes les cultures, le blé dur va être impacté par le changement climatique et la demande d’une population croissante. Une transition vers un modèle agricole plus résilient et durable du point de vue environnemental, social et économique est donc nécessaire. Parmi toutes les étapes de la production, la sélection variétale est la plus en amont, et se doit de proposer des innovations pour participer à cette transition. Dans ce contexte, l’utilisation de variétés populations et la pratique de la sélection massale sont intéressantes car elles offrent justement une certaine résilience face aux conditions climatiques rudes, et ont aussi des implications sociales et économiques pour les agriculteurs.

Durant le stage, deux questions ont été abordées. La première est celle de l’efficacité sélection massale sur la taille du grain, un trait important la qualité chez le blé dur. La deuxième question concerne tout trait mesurable sur le grain et est de savoir s’il est préférable de mesurer ces traits sur des grains individuels ou sur des moyennes de grains du même épi.

Nous avons pu montrer que la sélection massale sur la taille du grain peut être efficace pour améliorer ce trait. Nous avons aussi développé une équation permettant de comparer la sélection sur grain individuel et sur épi. Cette équation nous a permis de montrer que la sélection sur grain semble avantageuse dans la plupart des situations mais que la sélection sur épi peut devenir plus efficace lorsque les effectifs impliqués sont faibles.

Mots clés

Sélection massale, blé dur,

Pour citer ce document : Bienvenu, Clément, 2023. Les pratiques de sélections paysannes de blé dur : Quel regard porter sur les grains ?. Mémoire d’Ingénieur Agronome, diplôme, Amélioration des plantes et ingénierie végétale méditerranéennes et tropicales, L’Institut Agro Montpellier. 53 pages.

Abstract

**Title :** Farmer’s mass selection of durum wheat : how to look at grains ?

As for many other crops, durum wheat production will have to face climate change and the growing demand of an increasing world population. Thus, a transition toward a more environmentaly, socialy and economicaly sustainable agriculture is needed. Breeding is at the beginning of the production line and must provide innovations enabling the transition. In this context, the use of wheat populations and mass selection are interesting because they can be part of a more resilient system and have social and economical implications for farmers.

Two questions were adressed during yhis internship. First, the efficiency of mass selection on grain size (which is important for grain quality) was investigated. Then, the scope was broadened to any trait of the grain, and it was adressed wether it is better to measure these traits on individual grains or on means of spikes.

It was showed that mass selection on wheat grain size can be efficient. An equation to compare selection on individual grains and on spikes was developped. This equation led us to the conclusion that selecting on individual grains is better in most of the situations but selection on spikes can be more efficient when only a few plants can be grown, measured and selected.

Key words

[liste des mots clés en anglais ou autre langue]

Remerciements

Je voudrais en premier lieu remercier mes encadrants Jacques David et Martin Ecarnot qui ont fait de ce stage une aventure intellectuelle stimulante pleine de questionnements. Je remercie particulièrement Jacques pour m’avoir préparé au concours de l’école doctorale, je n’aurais sûrement pas eu ma place sans ses conseils avisés. Je le remercie également pour avoir été flexible et compréhensif dans une période assez éprouvante sur le plan personnel.

Je remercie chaudement ma famille et mes amis qui m’ont soutenu durant cette tranche de vie pétrie de stress et d’incertitudes (concours, orientation, rendez-vous médicaux, maladie, douleurs…). Merci d’avoir été présents lorsque, me trouvant dans un piteux état, tant mentalement que physiquement, je remportais au logis un œil triste et mouillé. J’y ai laissé quelques plumes mais grâce à vous je ne suis pas tombé du nid, merci du fond du cœur. Petite dédicace également à mon kiné, mon chirurgien et ma rhumato pour leur prise en charge de qualité.

Enfin, merci aux techniciens, ingénieurs, chercheurs et thésards du bâtiment ARCAD pour leurs conseils, leur aide, et le partage de leur expérience.

Table des matières

1 Introduction 10

1.1 Le changement climatique 10

1.2 Sélection massale et diversité génétique 10

1.3 L’importance de la qualité des grains chez le blé dur 12

1.4 Les pratiques de sélection massale chez le blé dur 13

2 Matériel et méthodes 15

2.1 Matériel végétal 15

2.2 Dispositifs expérimentaux 15

2.2.1 Dispositif de sélection réelle 15

2.2.2 Dispositif de sélection in silico 16

2.3 Phénotypage 17

2.4 Mesure de l’effet de la sélection dans le dispositif de sélection réelle 17

2.5 Mesure de l’effet de la sélection dans le dispositif de sélection in silico 18

2.5.1 Simulation de la sélection 18

2.5.2 Estimation de l’effet de la sélection 19

2.6 Développement analytique pour comparer la sélection sur grain et la sélection sur épi 20

2.6.1 Point de départ des calculs 20

2.6.2 Validation de l’équation 22

2.6.3 Estimation des paramètres de la variance 23

2.6.4 Comparaison de la sélection sur grain et de la sélection sur épi 23

3 Résultats 24

3.1 Impact de la sélection sur la taille du grain 24

3.1.1 Dans le dispositif de sélection réelle 24

3.1.2 Résultats pour la sélection in silico 26

3.2 Comparaison de la sélection sur grain et sur épi 28

3.2.1 Résultat des calculs 28

3.2.2 Validation du développement analytique 29

3.2.3 Exploration des paramètres 30

4 Discussion 33

4.1 Retour sur les résultats de sélection 33

4.2 Prise de recul sur l’équation 35

4.3 A qui peut servir l’équation ? 38

4.4 Vers une sélection massale phénomique des grains ? 38

4.5 Prise de recul sur le dispositif expérimental 40

Avant-Propos

Ce mémoire se place dans le cadre de l’obtention de diplôme d’ingénieur agronome de L’institut Agro – Montpellier, option Amélioration des plantes et ingénierie végétale méditerranéennes et tropicales. Il est le fruit d’un stage de recherche de 6 mois au sein de l’équipe GE2POP de l’INRAe. Il porte sur les pratiques paysannes de sélection massale de blé dur. Ce stage a été financé par la chaire partenariale "Semences pour Demain" qui regroupe l’institut agro et L'interprofession des semences et plants (SEMAE).

Ce thème de recherche a été motivé par la volonté de faire face aux changements climatiques et d’accompagner l’agriculture dans une transition agro-écologique prenant aussi en compte des aspects économiques et sociaux. La sélection massale s’inscrit dans ces objectifs et mérite d’être étudiée pour pouvoir être mise en place.

Cette étude a deux objectifs. D’une part, mesurer les effets et l’efficacité de la sélection massale sur la taille des grains chez le blé dur. D’autre part, pouvoir comparer de façon plus théorique différentes méthodes de sélection massale chez les céréales de sorte à aiguiller les agriculteurs (ou autres personnes souhaitant faire de la sélection massale) dans leurs pratiques de sélection.

Glossaire

**Espèce autogame :** Espèce se reproduisant majoritairement par autogamie, un mode de reproduction sexuée dans lequel les deux gamètes sont issus du même individu.

**Valeur génétique :** Pour un trait donné, cela correspond à la somme des effets des gènes que porte un individu, qui est transmise à ses descendants.

**Héritabilité :** Grandeur se calculant comme la part de variance génétique dans la variance phénotypique. On peut interpréter cette grandeur comme la probabilité pour qu'une caractéristique apparente, manifeste d'un individu soit transmise héréditairement par les facteurs génétiques. On peut aussi interpréter cette grandeur comme la corrélation entre la valeur phénotypique et la valeur génétique d’un individu.

**Variété :** Population de plantes d’une espèce données qui a été sélectionnée pour la production agricole et cultivée. Au sens juridique, une variété est considérée comme telle si elle est distincte (on peut la différencier des autres variétés), homogène (tous les individus de la variété sont identiques), stable (il est possible de reproduire la variété à l’identique de génération en génération). Ces conditions sont généralement résumées sous de terme de critère DHS.

**Population / Variété population :** Une variété population, ou variété de pays ou variété de ferme, est une variété cultivée traditionnelle, hétérogène, constitué d'un ensemble d'individus aux génotypes variés, sélectionnés principalement par les agriculteurs eux-mêmes, dans leurs champs. Ces variétés sont multipliées en pollinisation libre et sélectionnées par sélection massale. Ce ne sont pas des variétés au sens juridique du terme car elles ne répondent pas aux critères DHS (distinction, homogénéité et stabilité).

**Sélection variétale :** Processus par lequel une variété est créée. La sélection, encore appelée amélioration des plantes, consiste à créer et choisir des plantes qui présentent les caractéristiques souhaitées et répondent à des besoins ciblés (agricoles, alimentaires, médicaux, industriels, technologiques…). La sélection a pour objectif de trouver des variétés combinant plusieurs caractères favorables. Pour cela un grand nombre de plantes sont étudiées et les plus intéressantes sont croisées entre elles. La descendance des croisements est testée dans un grand nombre d’environnements et un grand nombre de caractères sont étudiés afin de sélectionner les meilleurs pour en faire des nouvelles variétés.

**Sélection massale :** Méthode de sélection variétale qui consiste à améliorer une population en sélectionnant dans celle-ci les meilleurs individus. Ce processus abouti donc à la création de variétés populations.

Sigles et acronymes

**Vg** = Variance génétique

**Vinter** = Variance inter-épi

**Ve** = Variance environnementale

**Vintra** = Variance intra-épi

**NGO** = Nombre de grains observés

**NGE** = Nombre de grains par épi

**NEO** = Nombre d’épis observés

**nsel** = nombre de grains sélectionnés

**GSV** = Variance intra épi lorsqu’on la considère comme un trait mesurable (GSV pour Grain Size variance)

**PMG** = Poids de mille grains

**NIRS** : Near InfraRed Spectroscopy (spesctroscopie proche infrarouge)

# Introduction

## Le changement climatique

Le changement climatique impacte déjà l’agriculture, et ses effets vont s’accentuer dans le futur. Une transition vers un modèle agricole plus résilient et durable du point de vue environnemental, social et économique est donc nécessaire (Horlings and Marsden, 2011). Par exemple, pour le blé, certaines simulations prédisent une baisse de rendement de 3 à 10% par degré d’augmentation de la température (Asseng et al., 2015; Wang et al., 2018). Il se peut qu’au cours du siècle, les rendement en France baissent de 14 à 17% (Wang et al., 2018), et les rendements en zone non irriguée pourraient baisser de 9 à 30% (Ishaque et al., 2023). D’autres prédisent des diminutions ou des augmentations du rendement en fonction de la zone de production en insistant sur le caractère incertain et variable des rendements futurs (Wilcox and Makowski, 2014). Des simulations sur l’impact des maladies du le blé montrent aussi des effets bénéfiques ou néfastes du changement climatique selon le pathogène et la zone géographique (Juroszek and von Tiedemann, 2013), et il semble également que la qualité des grains et leur valeur nutritionnelle puissent être détériorée (Wang et al., 2018; Zahra et al., 2023). En couplant tout cela à la croissance de la population, il est vraisemblable que le blé devienne une denrée de plus en plus chère et rare menaçant en priorité la sécurité et la sureté alimentaire des plus pauvres (Wang et al., 2018).

De plus, pour s’assurer un revenu dans des conditions de productions qui se dégradent à cause du changement climatique, les agriculteurs sont souvent contraints de recourir à des pratiques qui les sauvent à court terme, mais qui empirent le phénomène. Par exemple des événements de forte pluies fréquents qui lessivent l’azote du sol peuvent contraindre les agriculteurs à utiliser plus d’engrais pour s’assurer un revenu dans un marché compétitif qui force à prioriser de forts rendements (Houser and Stuart, 2020). Cela va en contradiction avec les attentes sociétales d’une partie de la population, souhaitant une agriculture plus respectueuse de l’environnement et de la santé (Andrée et al., 2019).

## Sélection massale et diversité génétique

Face à ce constat, il est nécessaire d’adapter l’agriculture et de trouver des moyens pour continuer à produire dans un climat difficile et incertain, tout en réduisant l’impact de nos productions sur l’environnement et en rémunérant les agriculteurs. A la base des filières de production se trouve la création variétale qui fournit aux agriculteurs les semences devant répondre aux objectifs et contraintes de production (rendement à atteindre, résistance aux maladies, aux stress environnementaux, conformité pour la transformation, etc…). La création variétale a donc un rôle primordial à jouer dans les transitions précédemment évoquées et se doit de proposer des innovations pour les rendre possible, tout en intégrant les innovations, les besoins et les pratiques en aval dans la filière. Aujourd’hui, la sélection variétale est encore dominée par le paradigme qui s’est imposé durant la révolution verte dans les années 1960. Il s’agit de créer des variétés très performantes dans des conditions de cultures très artificialisées (utilisation d’engrais et de pesticides), et vouées à être utilisées en monoculture pure. Les objectifs de sélection sont souvent orientés vers le rendement et la résistance aux maladies. Cette méthode de sélection, bien qu’efficace, n’est pas réalisable par les agriculteurs car elle nécessite trop d’investissement. Il est souvent déploré que cette façon de produire des variétés rend les agriculteurs dépendants à l’industrie semencière et n’est pas adaptée aux enjeux du changement climatique ou aux enjeux sociaux et aux attentes des agriculteurs soucieux de préserver l’environnement. Certains auteurs et agriculteurs parlent par exemple d’un "vide variétal" pour le blé en agriculture biologique (Chable and Berthellot, 2006). Ce paradigme est donc de plus en plus remis en question, en lien avec des réflexions plus globales sur les changements de pratiques nécessaires en agriculture (Dawson and Goldringer, 2012; Pingali, 2012). Notamment, la monoculture est critiquée, et les avantages de l’utilisation de la biodiversité intra et inter spécifique est mise en avant par certains chercheurs (Dawson and Goldringer, 2012).

La biodiversité végétale peut être mobilisée de différentes façon par les agriculteurs : au niveau intra-spécifique par les mélanges variétaux, et les variétés populations, au niveau interspécifiques par des cultures associées, variétés populations, ou des plantes compagnes par exemple. Son utilisation offre de nombreux avantages : prolongation de l’efficacité de gènes de résistance, effet tampon contre les stress biotiques et abiotiques, et maintien de la diversité dans l’écosystème et des services écosystémiques associés (Dawson and Goldringer, 2012). L’utilisation de variétés populations permet également la facilitation de l’accès aux ressources génétique, leur conservation in situ, et leur évolution en fonction de l’environnement (Dawson and Goldringer, 2012). De plus, au-delà des considérations écologiques, ce type de matériel végétal est aussi adapté à une sélection participative, plus locale et maîtrisée par les agriculteurs, qui prend en compte la notion de terroir (environnement, pratiques agricoles spécifiques), des aspects sociaux économiques locaux, l’utilisation finale des grains, et s’inscrit dans un changement plus global des modèles agricoles (Dawson and Goldringer, 2012; Desclaux et al., 2012). Néanmoins, l’utilisation de la diversité intra-spécifique n’est pas encore une solution viable pour les agriculteurs car des blocages techniques, économiques et réglementaires existent. Parmi les blocages techniques, la méthodologie et les critères de sélection pour l’utilisation de la biodiversité sont encore à étudier.

La sélection massale est une technique de sélection qui s’inscrit dans la démarche de diversification au niveau intra spécifique. Elle peut permettre de maintenir et gérer une population, et est adaptée à un mode de sélection participatif ou décentralisé. Ce type de sélection est marginal et mené par des associations la promouvant (comme le Réseau Semences Paysannes) et soutenu par certaines équipes de recherche à travers des programmes de sélection participative (Dawson et al., 2011; Mailhe et al., 2013). L’objectif de ce stage est d’étudier l’efficacité de la sélection massale en prenant comme espèce modèle le blé dur (*Triticum turgidum*).

## L’importance de la qualité des grains chez le blé dur

L’alimentation humaine est le seul débouché de cette espèce qui sert principalement à la fabrication de pâtes et de couscous, mais aussi de pain dans certaines régions du monde. Sa culture en France remonte aux années 1950 dans le Sud-Est et représentait en 2017 300 000 ha répartis sur 24 000 exploitations, ce qui représente 4% de la surface céréalière. Chaque année, 1.8 Mt sont produites ce qui représente 3% de la production céréalière française, faisant du blé dur la quatrième céréale de France. Les principaux bassins de production sont le Sud-Est où il représente 80% des surfaces de céréales, le Sud-Ouest, l’Ouest et le Centre. A l’échelle mondiale, la production Française représente 5% de la production totale, les principaux producteurs étant le Canada et l’Italie. Le blé dur est adapté à des climats plutôt chauds et secs. Il se sème principalement à l’automne, a des graines peu dormantes, des besoins de vernalisations quasiment nuls, et supporte mal le froid hivernal (GIE Blé dur, 2017). Le blé dur est donc une culture qui permet de produire des aliments de base en Europe et dans bassin méditerranéen et des grains de bonne qualité sont nécessaires pour produire ces aliments.

La taille des grains individuels et le poids de mille grains (PMG) sont des traits importants de la qualité. En effet, il sont liés au rendement semoulier, à la texture et la couleur de la semoule et des pâtes (Wang and Fu, 2020). La masse individuelle des grains a aussi une importance sur l’établissement du rendement en conditions de stress thermique post floraison (Sharma et al., 2008), et sur la vigueur germinative, ce qui peut impacter indirectement le rendement (Finch-Savage and Bassel, 2016). Il a même été montré qu’à génotype constant, un semis constitué de gros grains avait un meilleur rendement qu’un semis constitué de petits grains (Donald, 1981 cité dans Sadras, 2007). C’est donc un trait intéressant à sélectionner dans un contexte d’agriculture à bas intrants et de sélection massale car c’est une sélection indirecte sur le rendement, la résistance à un stress et directe sur l’utilisation finale des grains. Il serait donc intéressant de pouvoir sélectionner des populations avec des grains de grande taille pour la qualité, et qui soient plutôt homogènes pour une bonne germination et de bonnes performances technologiques. Sélectionner sur la taille des grains est *a priori* possible car la taille des grains a doublé entre les premières variétés de blé et les variétés modernes (Donald, 1981 cité dans Sadras, 2007).

## Les pratiques de sélection massale chez le blé dur

Pour le blé, la sélection massale s’opère en conservant les plus beaux épis, ou les épis des plus belles plantes et en semant leurs grains (Dawson et al., 2011; Mailhe et al., 2013). L’observation des épis n’est à notre connaissance pas réalisable à haut débit. C’est donc une méthode coûteuse en temps et qui ne permet pas d’observer beaucoup de plantes, ce qui limite les possibilités de sélection. Etant donné que les caractéristiques des grains sont importantes, on pourrait proposer de faire la sélection en observant les grains plutôt que les épis. En effet, l’observation du grain permet de prédire (avec plus ou moins de précision) sa qualité germinative et sa valeur génétique pour les traits liés à sa morphologie. C’est aussi l’organe de la plante qui paraît est le plus facile à observer à haut débit (en triant sur la taille avec un tamis ou sur le taux de protéine avec un trieur optique par exemple), ce qui est important si l’on veut observer un grand nombre de génotypes. Enfin, c’est le produit de la récolte, ce qui implique que l’on peut sélectionner après la moisson et que cela ne nécessite pas nécessairement une observation des plantes aux champ. Cela implique également qu’on ne peut *a priori* pas sélectionner directement sur des traits extérieurs au grain comme par exemple la hauteur de la plante ou la résistance aux maladies. Cependant la morphologie du grain est liée à l’histoire de vie de la plante et il existe des corrélations avec ces traits extérieurs aux grains ce qui peut mener à une sélection indirecte.

On peut alors se demander si la sélection sur grains peut être efficace pour améliorer les caractéristiques du grain et il serait utile de pouvoir comparer cette efficacité à celle de la sélection sur épi pour savoir comment opérer une sélection massale. En reprenant l’exemple de la taille des grains, ou pourrait intuitivement penser que la sélection sur épi est toujours meilleure que la sélection sur grain. En effet, même si les il existe toujours une variabilité de la taille des grains au sein d’un épi (Beral, 2020). Les génotypes à gros grains font des épis contenant de très gros grains, des grains moyens et des grains plus petits transmettant tous une grosse taille aux grains de la génération suivante (c’est-à-dire ayant tous une bonne valeur génétique). Les génotypes à plus petits grains font des épis avec des grains moyens/gros et des grains petits qui transmettent tous une petite taille au grains de la génération suivante. Ainsi, en faisant une sélection massale sur les grains pour en augmenter la taille, la majorité des gros grains proviendront de génotype à gros grains mais certains proviendront aussi de génotypes à petits grains. En faisant une sélection sur épi, on sélectionnerait des familles de grains ayant tous de bonnes valeurs génétiques quelles que soient leurs tailles individuelles. On est donc dans un cas où l’on estime mieux la valeur génétique de chaque grain en sélectionnant sur l’épi. Cette intuition se vérifie par une modélisation des composantes de la variance pour un trait du grain. Les calculs sont disponibles en annexe 1.

A priori la sélection sur épi apparait comme la meilleure des deux méthodes. Cependant, en replaçant cela dans un contexte où un nombre de grain fixé doit être sélectionné (lorsqu’un un agriculteur ou un sélectionneur alloue une partie de sa surface à sa sélection massale), on peut faire le raisonnement suivant :

En sélection sur grain individuel, il est aisé de traiter un très grand nombre de grains, par exemple avec un tamis pour sélectionner sur la taille du grain, ou bien en utilisant un trieur optique. A l’extrême, une récolte entière pourrait passer au tamis pour ne récupérer que les des grains souhaités. Appelons nsel le nombre de grains sélectionnés et NGO le nombre de grains observés, la proportion de grains sélectionnés dans la population totale de grains est .

En revanche, observer les grains à l’échelle de l’épi est beaucoup plus fastidieux. Il n’existe pas à notre connaissance d’équipement permettant d’automatiser le battage puis la mesure des grains épi par épi sur de très grands effectifs. Sans équipement, la sélection sur épi se ferait plutôt de façon visuelle, et même de cette façon, il paraît infaisable d’observer tous les épis d’un champ pour sélectionner. Il faut donc échantillonner un certain nombre d’épis dans la population, et la sélection ne s’opérera que sur cet effectif. Appelons NEO le nombre d’épis observés. Pour sélectionner nsel grains, il faut sélectionner épis (en supposant que chaque épi donne NGE grains). Ainsi, la proportion d’épis sélectionnés dans la population d’épis observés est .

En imaginant un exemple réaliste de sélection sur la taille du grain par tamis, mettons qu’un agriculteur alloue chaque année une surface constante de 100 m² pour améliorer sa population. Avec une densité de semis de 250 grains par m², il lui faut chaque année sélectionner 25.000 grains (nsel = 25.000) pour replanter. Lors de sa récolte, moyennant 1.5 épis par plante et 60 grains par épi (NGE = 60), il obtient 2.250.000 grains (soit à peu près 80 kg de grains pour un PMG de 35 grammes). Ces grains sont issus de 50.000 épis. En supposant qu’on puisse passer aisément 80 kg de grains au tamis, et que l’on puisse observer 1.000 épis en tout (NEO = 1000, ce qui est déjà un travail conséquent). On obtient alors que et que .

Replaçons maintenant ces deux parties de raisonnement dans l’équation du sélectionneur : avec R le progrès génétique, i l’intensité de sélection en unité d’écart-type, et l’écart type phénotypique du trait.

Bien estimer la valeur génétique des grains revient à avoir une forte héritabilité et sélectionner une faible proportion des grains parmi les grains observés (avoir une P% faible) revient à avoir une forte intensité de sélection. On arrive donc au constat suivant : en sélection sur épi, H² est élevé mais i est faible tandis qu’en sélection sur grain H² est faible tandis que i est élevée. L’équation du sélectionneur fait apparaître un compromis entre l’héritabilité et l’intensité de sélection lorsque l’on compare la sélection sur grain et la sélection sur épi.

Durant le stage, nous avons donc tenté de répondre aux questions suivantes :

* Quel est l’effet d’une sélection massale sur la taille du grain ?
* Dans quelles conditions est-il préférable de sélectionner sur grain ou sur épi ?

# Matériel et méthodes

Deux dispositifs ont été utilisés dans ce travail. Dans le premier, des parcelles ont été implantées avec des grains soumis une sélection pour différentes valeurs de taille de grains pour regarder l’efficacité de cette sélection sur la génération suivante. Dans le second, 1248 plantes issues de grains décrits pour de nombreux traits mais non sélectionnées ont été implantées dans des bacs et leurs performances mesurées. A partir de ces données, des simulations *in silico* de sélection sur les grains semés ont été effectuées.

Enfin, pour intégrer ces données dans une approche comparative de l’efficacité des sélections sur grain et sur épi, une approche analytique a été menée. La formule théorique obtenue a été utilisée pour explorer les domaines de supériorité des deux types de sélection. Toutes les analyses statistiques ont été réalisées avec le logiciel R (R Core Team, 2022).

## Matériel végétal

Le matériel végétal utilisé durant ce stage est une population de blé dur à base génétique large EPO. Cette population a été constituée en 1997 en croisant des accessions de *T. turgidum* contemporaines avec des accessions sauvages et primitives de sorte à avoir une base génétique large. Un gène de stérilité mâle ségrége dans la population pour assurer des allofécondations. Chaque année la population est ressemée pour être maintenue. En 2009, 180 lignées ont été extraites de la population alors à sa 17ième génération et ont été fixées par la méthode single seed descent pendant 2 générations (David et al., 2014). La population ainsi que les lignées qui en sont extraites sont le matériel végétal de ce stage.

## Dispositifs expérimentaux

### Dispositif de sélection réelle

A Mauguio, le blé semé est directement issu de la population composite EPO, en mélange, non fixée et comportant à une fréquence non négligeable l’allèle provoquant la stérilité mâle. Le semis s’est fait en plein champ dans des micro parcelles de 1.5 m² (quand ? voir Aline, dans un dispositif en bio) chaque parcelle contenant 6 rangs. Avant le semis, les grains ont été tamisés sur des mailles de 34 et 35 mm. Ils ont été séparés entre "gros" (>35 mm), "moyens" (34< <35), et "petits" (< 34 mm). Une partie des grains n’a pas été tamisée et constitue le groupe témoin. Les traits morphologiques des grains semés ont été mesurés par analyse automatique d’image à l’Optomachine (ref). Une centaine d’indicateurs sont disponibles, notamment sa surface (en mm²) et le PMG. Cette surface est appelée "taille du grain" dans la suite du rapport.

Il y a au total 12 micro parcelles dans lesquelles 3 répétitions de chaque traitement ont été placées au hasard. Les micro-parcelles étaient organisées en passages et en planches (qui correspondaient à des coordonnées spatiales). Chaque modalité de sélection était donc repérée par son numéro de passage et de planche.

### Dispositif de sélection in silico

Un autre dispositif a été mis en place au bâtiment ARCAD (10 rue Arthur Young, 34000, Montpellier, France). Pour ce dispositif, 6 bacs de 1 mètre carré ont été semés avec les 180 lignées EPO. Pour chacune de ces lignées, des lots de 12 grains ont été choisis pour participer au semis. Sur chaque grain, deux spectres NIRS ont été acquis par ASD (Spectromètre Fieldspec 2500© (Analytical Spectral Devices, Inc. (ASD), Boulder, CO, USA) utilisé en réflexion avec une fibre bifurquée de 3 mm de diamètre), et ses traits morphologiques ont été mesurés par analyse automatique d’image à l’Optomachine. Une centaine d’indicateurs sont disponibles, notamment sa surface (en mm²) et le PMG. Cette surface est appelée "taille du grain" dans la suite du rapport.

Dans chaque bac, 208 grains ont été semées (13 lignes et 16 colonnes) en répartissant au hasard les génotypes. Il s’agit d’un plan complet équilibré, chaque génotype est semé au moins une fois dans chaque bac et la position de chaque génotype dans le bac est connue. Pour respecter les distances de semis les grains ont été collés à sur une bande de papier facilement dégradable avec un empois d’amidon fabriqué à partir de farine. Le semis a été fait le 6 janvier 2023. Un autre semis de rattrapage a été réalisé le 17 février 2023 pour remplacer les défauts de germination. En moyenne, 7 grains par lot ont été semés (il y avait plus de grains dans les lots que de place disponible dans les bacs). Semer aléatoirement les génotypes complique l’acquisition des données mais permet d’obtenir les valeurs des génotypes en population, et non en monoculture ou avec un nombre restreint de voisin (comme ce serait le cas si on avait semé les génotypes en lignes). Cela permet également d’observer l’ensemble des génotypes au moins une fois dans chaque bac. Enfin, pour simuler un environnement limité en ressources chaque bac n’a reçu que 30 unités d’azote (à quel moment, voir Aline), et les traitements ont été réduits au minimum (un seul traitement contre l’oïdium).

## Phénotypage

Dans le dispositif de sélection réelle, les deux rangs centraux de chaque micro-parcelle ont été récoltés. Dans cette récolte, 30 plantes ont été choisies aléatoirement et les traits suivants ont été mesurés :

* Hauteur du brin entre la base de la tige et la pointe de l’épi en cm (H)
* Taux de protéine des grains en % de la masse (par NIRS des grains épi par épi) (TPG)
* PMG
* Nombre d’épillets (NbE)
* Nombre de grains par épi (NGE)
* Taille individuelle de chaque grain en mm² (TIG) par mesure Optomachine
* Taille moyenne des grains par épi en mm² (TMG)
* Variance de la taille des grains (GSV)

Pour le dispositif de sélection *in silico*, chaque plante a été mesurée individuellement. Les mesures réalisées sont les suivantes :

* Hauteur du brin maître entre la base de la tige et la pointe de l’épi en cm (H)
* Taux de protéines dans la feuille drapeau à floraison en % de la masse (par NIRS des feuilles) (TPF)
* Date d’épiaison en degrés jours depuis le semis PRE)
* Nombre d’épis par plante (NbEP)
* Poids total des épis (PTE)
* Nombre de grains par épi (NGE)
* Taux de protéine des grains en % de la masse (par NIRS des grains épi par épi) (TPG)
* PMG
* Taille individuelle de chaque grain en mm² (TIG) par mesure Optomachine
* Taille moyenne des grains par épi en mm² (TMG)
* Variance de la taille des grains (GSV)

Les spectres NIRS des grains ont été acquis avec un spectromètre (Perkin-Elmer Spectromètre FTIR Frontier © (PerkinElmer), utilisé en réflexion avec le module autosampler, dans des vials de 5 mL) et les spectres des feuilles par ASD.

## Mesure de l’effet de la sélection dans le dispositif de sélection réelle

Avec les données du champ, les caractéristiques des différentes populations sélectionnées ont été mesurées directement et ont été comparées avec la population non sélectionnée. Le progrès a donc directement été estimé par le modèle suivant :

Avec :

le phénotype de la plante k dans le groupe sélectionné i dans le passage j

µ la moyenne pour les plantes non sélectionnées du passage 1

l’effet de la sélection, effet qualitatif prenant 4 valeurs : "témoin", "gros", "moyen", "petit"

l’effet du passage j

l’effet de la planche k

la résiduelle tel que

L’efficacité de la sélection a été estimée avec les coefficients en choisissant la modalité "témoin" comme référence et la significativité de chaque coefficient a été testée par test de Student. L’effet direct de sa sélection sur la taille du grain et les effets indirects sur les autres traits mesurés ont été estimés. Avec les données morphologiques des grains semés, la différentielle de sélection a été calculée pour chaque modalité de sélection (moyenne des grains tamisés - moyenne des grains non triés). Cela a permis de calculer l’héritabilité réalisée pour la taille des grains en divisant les progrès estimés par les différentielles de sélection.

## Mesure de l’effet de la sélection dans le dispositif de sélection in silico

### Simulation de la sélection

Dans ce dispositif, la sélection sur grain et la sélection sur épi ont été simulées avec les données acquises. Seule les données des grains issues du premier semis (06/01) ont été utilisées pour éviter de possibles interaction génotype x date de semis. Ces données brutes ont été utilisées comme le témoin non sélectionné dans les différentes simulations. Les simulations ont été réalisées en suivant le cadre développé analytiquement, et donc en utilisant les paramètres nsel, et NEO pour réaliser la sélection sous différentes intensités. Les composantes de la variance et les paramètres NGO (nombre de grains observés) et NGE (nombre de grains par épi) étant imposés par les données, les simulations ont été réalisées pour différentes valeurs de nsel et NEO.

La sélection sur épi a été simulée en prenant un sous ensemble des données brutes ne contenant que les nsel plantes issues des grains semés les plus gros (la taille de chaque grain semé est connue).

La sélection sur épi a été simulée en assimilant les lots utilisés lors du semis à des épis bien que ces lots soient issus d’une récolte de ligne complète de plusieurs plantes de même génotypes. La taille moyenne des grains de chaque lot a été calculée (ces valeurs correspondent donc aux observations moyennes par épis). Puis, un nombre NEO de lot a été échantillonné aléatoirement pour constituer la population d’épis observés. Cela permet de simuler l’impossibilité d’observer tous les épis d’une parcelle en sélection sur épi (on pourrait aussi dire que cela simule l’effort de phénotypage réalisé en sélection sur épi). Parmi ces NEO lots échantillonnés aléatoirement, les nsel/NGE lots ayant les plus grandes moyennes ont été sélectionnés de sorte à sélectionner nsel grains. Un sous ensemble des données brutes a ensuite été extrait, ne contenant que les données pour les plantes issues des lots sélectionnés. Comme un échantillonnage aléatoire intervient lors de cette simulation, 100 répétitions ont été effectuées pour chaque combinaison nsel x NEO.

### Estimation de l’effet de la sélection

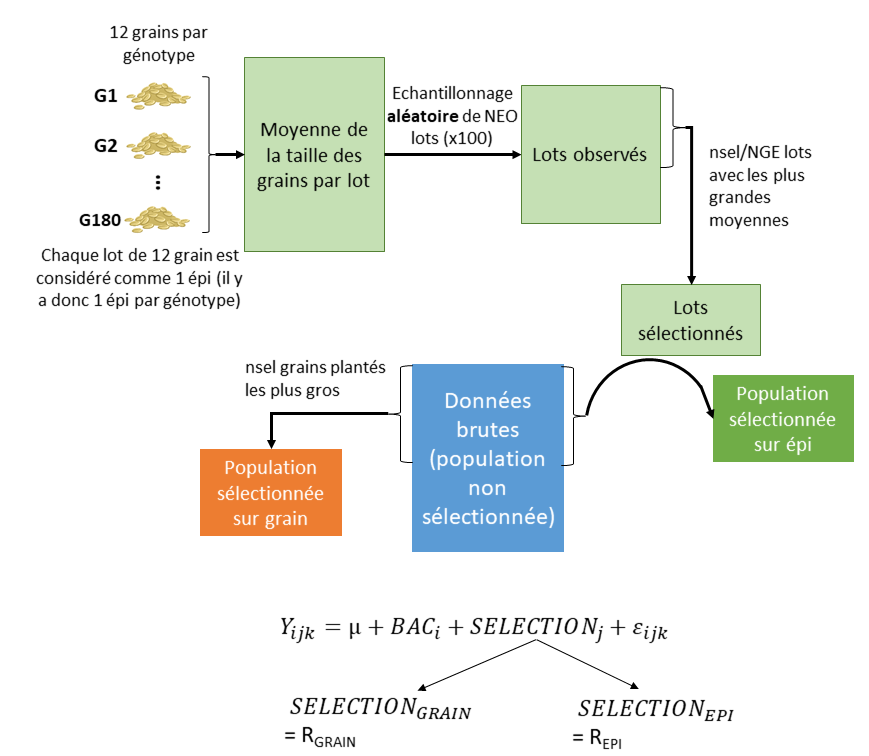
Pour chaque simulation réalisée, les données brutes, le sous ensemble sélection sur grain et le sous ensemble sélection sur épi ont été concaténé dans un unique tableau. Puis l’effet de la sélection a été estimé avec le modèle suivant :

Avec :

* le phénotype de l’individu k dans le bac i avec la modalité de sélection j
* la moyenne pour le bac 1 de la population non sélectionnée
* l’effet fixe du bac i sur le phénotype
* l’effet fixe de la sélection (soit sélection sur grain, soit sélection sur lot)
* la résiduelle

Le progrès réalisé est estimé par les coefficients de la variable SELECTION. Des progrès ont donc été estimé pour chaque combinaison nsel x NEO. Pour chaque combinaison, le progrès estimé en sélection sur grain correspond à une estimation dont la significativité a été testée par test de Student. Le progrès estimé pour la sélection sur épi est la moyenne des progrès estimés pour les 100 répétitions, et la significativité a été testée pour chaque estimation par test de Student.

Ci-dessous un schéma récapitulant le processus de sélection *in silico*.



***Figure 1 : Schéma récapitulatif de la méthode de sélection in silico***

*Les composantes de la variance, le nombre de grains observés (NGO), et le nombre de grain par épi (NGE) sont imposés par les données. Les paramètres nsel et NEO peuvent être choisis et différentes combinaisons de ces paramètres seront utilisés pour avoir différents scénarii de sélection. La sélection sur grain se fait en regardant directement la taille des grains plantés à l’échelle individuelle. La sélection sur épi se fait en prenant les grains issus des lots ayant la meilleure moyenne. Les données brutes sont considérées comme le témoin non sélectionné. On utilise un modèle prenant en compte l’effet des bacs et de la sélection pour estimer le progrès obtenu par la sélection.*

## Développement analytique pour comparer la sélection sur grain et la sélection sur épi

### Point de départ des calculs

On considère le grain ou l’épi comme deux unités de sélections différentes. Pour comprendre les différences qui existent entre ces deux unités de sélection (grain individuel vs. Moyenne des grains d’un épi), il faut s’intéresser aux paramètres importants en sélection : la variance phénotypique totale du trait sélectionné, la précision avec laquelle une mesure phénotypique permet d’estimer la valeur génétique d’une unité de sélection (l’héritabilité), et l’intensité de sélection appliquée en fonction du nombre d’unités de sélection observées. Commençons par détailler les composantes de la variance phénotypique d’un trait du grain. Pour un trait du grain, la variance observée entre grains provient de :

* Vg la variance génétique qui existe entre génotypes différents (toute chose égale par ailleurs)
* Ve la variance environnementale qui existe entre grains issus de plantes différentes d’un même génotype ayant poussé dans des conditions différentes (comme des parcelles différentes dans le même lieu ou des lieux différents la même année, etc.)
* Vinter la variance inter-épi qui existe entre épis d’une même plante pour des raisons physiologiques, (par exemple entre brin maître et brin secondaire)
* Vintra la variance intra-épi qui existe entre des grains d’un même épi de la même plante pour des raisons physiologiques également (par exemple grains des fleurs proximales vs fleurs distales (Beral, 2020))

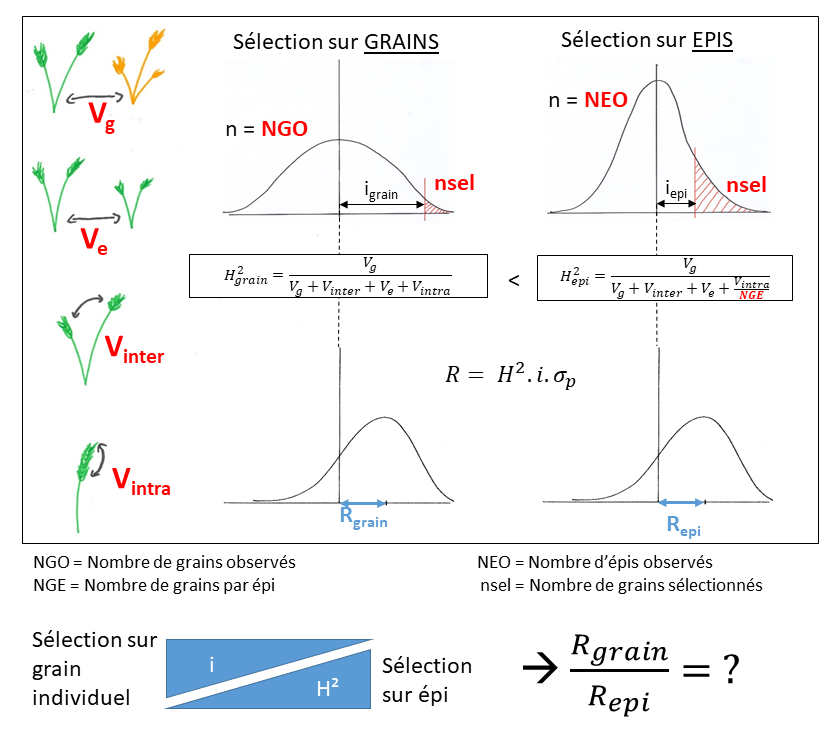
Considérons maintenant une parcelle où la sélection sur grain est appliquée et une parcelle identique où la sélection sur épi est appliquée pour un même trait mesurable sur le grain. Les différences d’intensités de sélections entre les deux types de sélections seront dues à :

* NGO Le nombre de grains observés en sélection sur grain
* NEO le nombre d’épi observés en sélection sur épi
* nsel le nombre de grains à sélectionner pour semer la génération suivante (nsel), le même pour la sélection sur épi et la sélection sur grain.
* NGE le nombre de grains par épi

Le point de départ des calculs est le suivant :

Avec l’écart-type phénotypique de la distribution du trait observé sur les grains et l’écart-type phénotypique de la distribution du trait observé en moyenne par épi. Les calculs effectués ont consisté à exprimer les écart-types phénotypiques et les héritabilités en fonction des composantes de la variance, et les intensités de sélection en fonction des paramètres NEO, NGO, NGE, nsel. Tous les calculs ont été vérifiés avec le logiciel Mathematica (Wolfram Research inc). Le calcul complet est disponible en annexe 2.

Ci-dessous un schéma reprenant le raisonnement à la base des calculs :



***Figure 2 : Schéma récapitulant le raisonnement pour comparer la sélection sur grain et sur épi.***

*On retrouve les composantes de la variance des traits du grain à gauche. La sélection sur grain se fait en sélectionnant nsel grains parmi une population de NGO grains observés. Selon la valeur de l’héritabilité H²grain et l’intensité de sélection igrain, on obtient un progrès Rgrain. La sélection sur épi se fait en sélectionnant un nombre d’épis tel qu’on obtienne nsel grains à la fin, en observant une population de NEO épis observés. Selon la valeur de l’héritabilité H²epi et l’intensité de sélection iepi, on réalise un progrès Repi. On rappelle en bas le compromis entre l’intensité de sélection et l’héritabilité qui amène à se demander quelle méthode de sélection est la plus efficace.*

### Validation de l’équation

Pour valider cette équation, les résultats de sélection *in silico* sur la taille des grains ont été utilisés. Pour chaque simulation effectuée, le rapport des progrès obtenus en sélection sur grain et sur épi a été calculés. Puis pour chacune de ces valeurs, un calcul a été fait avec l’équation pour les mêmes paramètres. Les valeurs expérimentales et théoriques ont été confronté avec un modèle linéaire simple où . Les significativités de la pente et de l’ordonnée à l’origine ont été testés par test de Student.

Pour faire les calculs, des estimations des paramètres de la variance ont été faites grâce au dispositif de sélection *in silico* pour avoir des valeurs théoriques correspondant aux valeurs expérimentales.

### Estimation des paramètres de la variance

Dans le dispositif de sélection *in silico* un échantillonnage supplémentaire a été réalisé pour estimer les paramètres de la variance. Pour 35 plantes par bac, deux épis ont été récoltés pour lesquels la taille des grains a été mesurée par Optomachine. L’échantillonnage de deux épis par plante permet d’estimer la variance inter-épi intra-plante. L’échantillonnage a été fait de sorte que 103 génotypes soient représentés (pour couvrir la variance génétique), et que chaque génotype soit présent dans deux bacs différents (pour estimer la variance environnementale inter-bac). La variance intra-épi a aussi pu être estimée car par la mesure individuelle de chaque grain. L’estimation des variances s’est faite avec le modèle suivant :

Avec :

la taille du grain l de l’épi k de l’individu j de génotype i

µ la moyenne des observations

l’effet de génotype i

l’effet de l’individu j pour un génotype i (donc l’effet de l’environnement car les individus de même génotype se trouvent dans des bacs différents

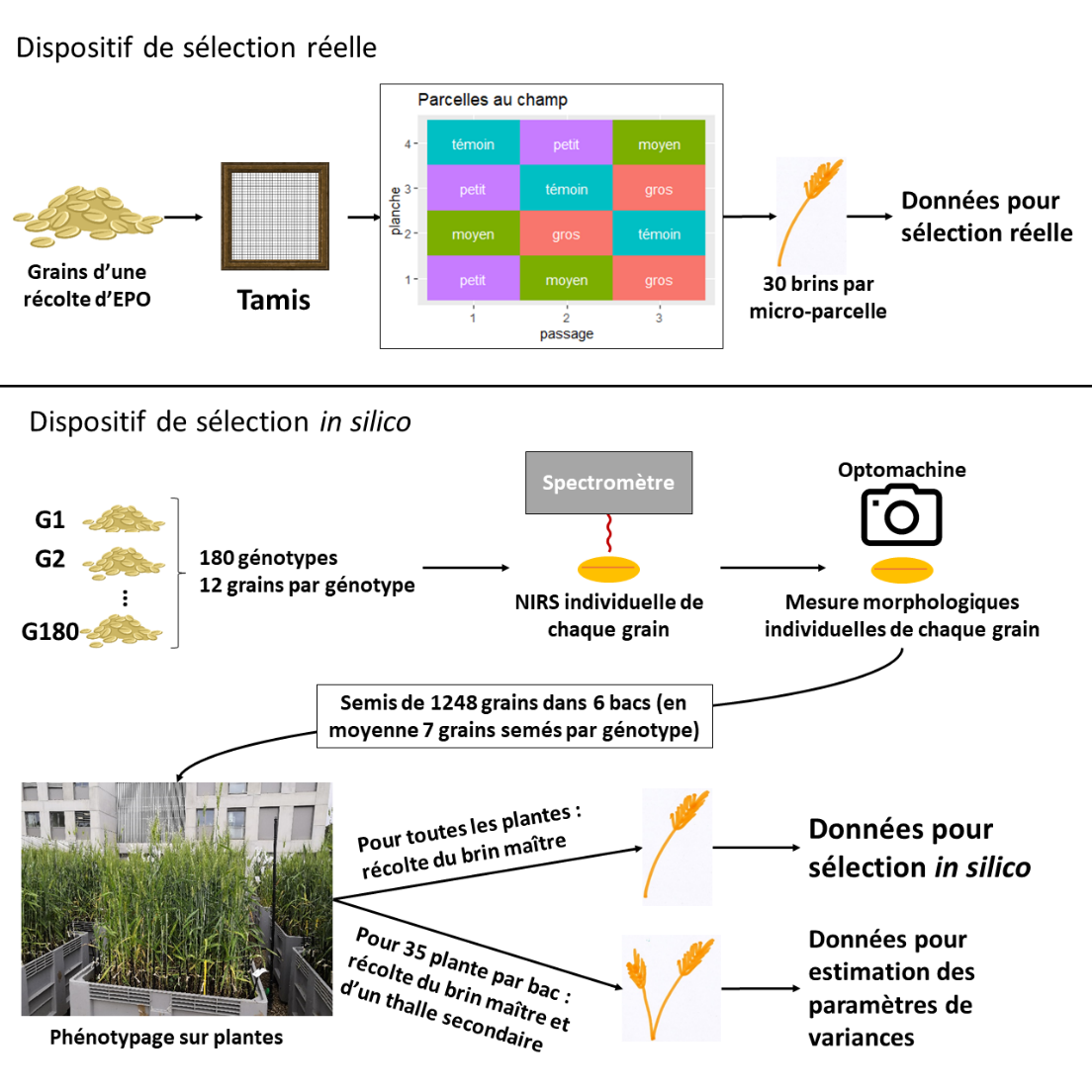
l’effet de l’épi k pour l’individu j de génotype i

la résiduelle qui contient la variance intra-épi

### Comparaison de la sélection sur grain et de la sélection sur épi

L’équation obtenue a permis d’explorer les domaines d’efficacité relative des deux méthodes de sélection Nous avons fait varier NEO de 500 à 5000, nsel de 10.000 à 100.000, NGO de 10.000 à 5.000.000, et NGE de 40 à 80. Pour ces calculs, nous avons aussi utilisé les variances estimées avec le dispositif de sélection *in silico* en faisant l’hypothèse que ces valeurs pouvaient correspondre à une réalité au champ.

Ci-dessous un schéma récapitulant les dispositifs expérimentaux :



***Figure 3 : Schéma récapitulatif des dispositifs expérimentaux.***

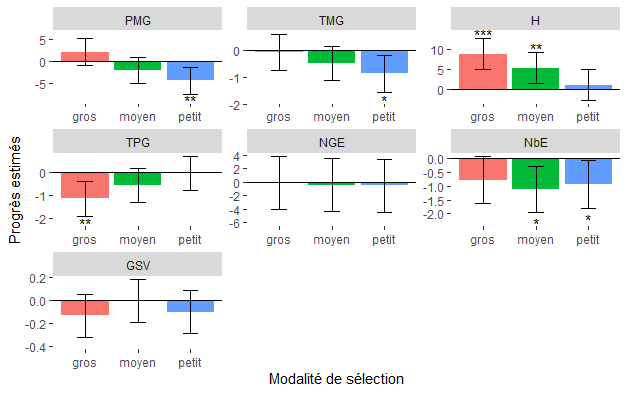
*En haut, le dispositif de sélection réelle. Des grains issus d’une récolte d’EPO ont été tamisés en 3 classes différentes (petits, moyens, gros) puis semés au champ dans 12 micro parcelles. Les deux rangs centraux de chaque parcelle ont été récoltés pour faire les mesures. En bas, le dispositif de sélection in silico. 12 grains des 180 lignées issues de la population EPO ont été passés à la NIRS et à l’Optomachine puis en moyenne 7 grains par génotypes ont été semés dans 6 bacs. Les mesures ont été réalisées sur chaque plante individuellement. Le brin maître de chaque plante et son épi ont été récoltés pour les mesures. Pour 35 plantes par bac, un thalle secondaire et son épi ont également été récolté pour estimer les composantes de la variance.*

# Résultats

## Impact de la sélection sur la taille du grain

### Dans le dispositif de sélection réelle

Ci-dessous les progrès estimés pour les traits mesurés dans le dispositif de sélection réelle :



***Figure 4 : Effets de la sélection sur la taille des grains dans le dispositif de sélection réelle.***

*Les progrès sont estimés en prenant la population non sélectionnée comme référence. Les barres verticales représentent les intervalles de confiance à 95% des estimations. Les progrès ont été estimé pour les trois modalités de sélection : "gros", "moyen", et "petit". Les axes verticaux sont chacun dans l’unité du trait mesuré et ont leurs propres limites. PMG = poids de mille grains, TMG = taille moyenne des grains en mm², H = hauteur entre la base de la tige et le bout de l’épi en cm, TPG = taux de protéines des grains en % de la masse, NGE = nombre de grains par épis, NbE = nombre d’épillets, GSV = variance intra-épi de la taille des grains en (mm²)². Les étoiles indiquent si l’estimation est significativement différente de 0. \* = p-value < 0.05, \*\* = p-value < 0.01, \*\*\* = p-value < 0.001.*

On voit que la sélection de de gros grains n’a pas significativement impacté la taille des grains, et la sélection de grains moyens a peut-être eu un impact (p-value = 0.04). La sélection de petits grains en revanche a permis de réaliser un progrès significatif estimé à -0.9 mm². On constate un effet similaire sur le PMG qui a été diminué de -4.4 par la sélection de petits grains.

En revanche, pour la hauteur des plantes et le taux de protéine des grains, on voit que la sélection des gros grains a eu un effet mais pas la sélection des petits (hauteur = + 8.7 cm, taux de protéines des grains = -1.14).

Les effets estimés pour le nombre de grain par épi et la variance intra-épi de la taille des grains ne sont pas significativement différents de 0. Les effets estimés pour le nombre d’épillets sont significatifs pour la sélection des moyens et des petits, mais l’effet de la sélection des gros est presque significatif (p-value = 0.07). Les effets estimés ont le même signe pour toutes les modalités de sélection, donc la sélection n’a pas eu d’effet.

Ci-dessous un tableau récapitulant les héritabilités réalisées et les intensités de sélection appliquées pour la taille des grains :

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|  | PETIT | MOYEN | GROS |
| Intensité de sélection | -1.16 | -0.11 | 1.03 |
| H² | 0.17 | 0.36 | -0.004 |

***Tableau 1 : Héritabilités réalisées et intensités de sélection appliquées lors de la sélection sur la taille des grains par tamisage.***

*Les valeurs sont calculées pour la taille des grains individuels. Pour chaque modalité de sélection et pour les grains non sélectionnés, les grains ont été mesurés à l’Optomachine pour avoir les tailles des grains individuels. Cela a permis de calculer les différentiels de sélection pour chaque modalité (moyenne de la taille des grains dans la modalité – moyenne de la taille des grains non sélectionnés). Les intensités de sélection ont été calculées en divisant le différentiel de sélection par l’écart-type de la taille des grains de la population non sélectionnée. Les héritabilités ont été calculées en divisant le progrès estimé par le différentiel de sélection calculé pour chaque modalité.*

On voit que les intensités de sélection ne permettent pas vraiment d’expliquer les différences de progrès effectués car les intensités de sélection sur petits et gros grains sont similaires (en valeur absolue) tandis que l’intensité de sélection sur grains moyens est plus faible. On voit en revanche que l’héritabilité réalisée pour la sélection sur gros grains est nulle. Il semble donc que la sélection fonctionne pour réduire la taille du grain mais pas pour l’augmenter.

### Résultats pour la sélection in silico

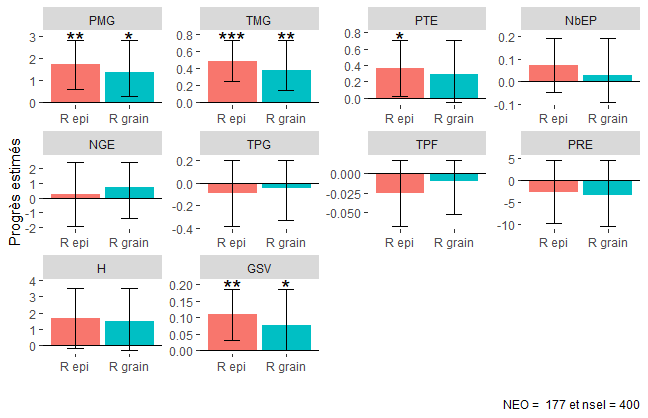
Pour chaque trait, l’héritabilité du dispositif a été calculée pour voir s’il était possible de les sélectionner. Les héritabilités ont été calculées avec le package SpATS (Rodríguez-Álvarez et al., 2017) qui permet de prendre en compte les hétérogénéités spatiales des dispositifs expérimentaux :

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| PMG | TMG | PTE | NbEP | NGE | TPG | TPF | PRE | H | GSV |
| 0.44 | 0.53 | 0.23 | 0.23 | 0.17 | 0.21 | 0.35 | 0.67 | 0.74 | 0.35 |

***Tableau 2 : Héritabilités du dispositif pour les traits mesurés dans le dispositif de sélection in silico.***

*Ces héritabilités sont les héritabilités du dispositif et non les héritabilités individuelles. Elles ont été calculées avec la fonction SpATS du package SpATS sous R en prenant le génotype en effet aléatoire et la date de semis en effet fixe. Les effets liés aux différents bacs sont pris en compte car SpATS implémente des modèles qui corrigent l’hétérogénéité spatial dans les dispositifs. PMG = poids de mille grains, TMG = taille moyenne des grains en mm², PTE = poids total d’épis en g, NbEP = nombre d’épis par plante, NGE = nombre de grains par épis, TPG = taux de protéines des grains en % de la masse, TPF = taux de protéine des feuilles drapeaux à floraison en % de la masse, PRE = precocité en degré jour depuis le semis, H = hauteur entre la base de la tige et le bout de l’épi en cm, GSV = variance intra-épi de la taille des grains en (mm²)².*

Nous avons choisi de représenter les résultats obtenus pour le nombre d’épi observé le plus grand possible (NEO = 177) permettent la plus grande intensité de sélection possible sur épi. Nous avons choisi un nombre de grains sélectionné (nsel) à 400 ce qui correspond à une faible intensité de sélection (859 grains observés au maximum), mais permet de bien estimer les progrès réalisés car il y a beaucoup d’individus. Ci-dessous un graph récapitulant les résultats de cette sélection :



***Figure 5 : Résultats de la sélection sur la taille du grain dans le dispositif de sélection in silico.***

*Les progrès sont estimés en prenant les données brutes du dispositif comme référence. Les barres verticales représentent les intervalles de confiance à 95% des estimations. Les progrès ont été estimé pour les deux méthodes de sélection : sélection sur épi (R epi), et sélection sur grain (R grain). Les axes verticaux sont chacun dans l’unité du trait mesuré et ont leurs propres limites. PMG = poids de mille grains, TMG = taille moyenne des grains en mm², PTE = poids total d’épis en g, NbEP = nombre d’épis par plante, NGE = nombre de grains par épis, TPG = taux de protéines des grains en % de la masse, TPF = taux de protéine des feuilles drapeaux à floraison en % de la masse, PRE = precocité en degré jour depuis le semis, H = hauteur entre la base de la tige et le bout de l’épi en cm, GSV = variance intra-épi de la taille des grains en (mm²)². Les étoiles indiquent si l’estimation est significativement différente de 0. \* = p-value < 0.05, \*\* = p-value < 0.01, \*\*\* = p-value < 0.001.*

Contrairement aux résultats de l’expérience de sélection réelle, la sélection *in silico* de gros grains a permis de réaliser un progrès significatif sur la taille des grains. Dans l’exemple pris pour les résultats, la sélection sur épi a permis une augmentation de 0.49 mm² de la taille moyenne des grains, et la sélection sur grain a permis une augmentation de 0.38 mm² de la taille moyenne des grains. Ces valeurs varient évidemment en fonction des combinaisons NEO x nsel testée et dans certains cas, aucun progrès n’est réalisé par à cause d’intensités de sélection trop faibles (par exemple lorsque le nombre d’épi observé est proche du nombre d’épi sélectionné, l’intensité de sélection sur épi est très faible). Le PMG a aussi augmenté avec la sélection de gros grains que ce soit sur grain ou sur épi. Le poids total d’épi par plante semble augmenter légèrement avec la sélection de gros grains car la sélection sur épi a permis un progrès significatif. Cependant quels que soient les paramètres le progrès estimé par sélection sur grain n’est jamais significatif. Enfin, la variance de la taille des grains au sein d’un épi (GSV) a augmenté avec la sélection. Pour la hauteur des plantes, les résultats deviennent significatifs pour des valeurs plus basses de nsel. Il semble donc qu’une sélection sur gros grains peut faire augmenter la taille de la population. Pour les autres traits, aucun changement indirect significatif n’a été estimé quelles que soient les valeurs de NEO et nsel.

La sélection sur épis perd en significativité lorsque NEO baisse, et les deux méthodes de sélections sont de plus en plus significatives à mesure que nsel est faible, ce qui est logique. Parmi toutes les combinaisons testées, on a pu observer que le PMG et la taille moyenne des grains augmente toujours avec la sélections sur grain mais pas avec la sélection sur épi lorsque NEO devient trop faible.

## Comparaison de la sélection sur grain et sur épi

### Résultat des calculs

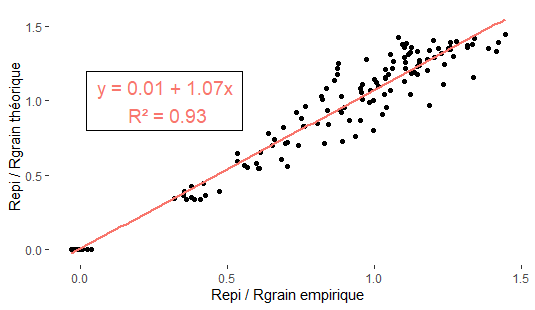
Les calculs (disponibles en annexe 2) ont abouti à l’équation suivante :

Avec : Repi : le progrès effectué avec la sélection sur épi, Rgrain : le progrès effectué avec la sélection sur grain, NGE : Nombre de grains par épi, NEO : Nombre d’épis observés, NGO : Nombre de grains observés, nsel : Nombre de grains sélectionnés, Vg : variance génétique du trait, Ve : variance environnementale liée à l’hétérogénéité de la parcelle, Vinter : variance inter épi au sein d’une plante liée aux différences physiologiques entre les thalles, Vintra : variance intra épi, φ-1(0,1 ; x) : complémentaire de la fonction de répartition de la loi normale centrée réduite en x. C’est en fait la fonction de quantile qui associe un seuil de troncation à la proportion d’individus sélectionnés. Cette fonction est disponible sous R et il n’existe pas de forme analytique simple.

Il est important de voir que l’équation développée est une multiplication de deux termes qui varient de manière opposée : le rapport des intensités de sélection appliquées sur grain et sur épi (premier terme à gauche de la multiplication) multiplié par le rapport des héritabilités sur grain et sur épi (à droite de la multiplication). Comme de façon générale et que on retrouve bien le compromis entre l’intensité de sélection réalisable et la précision de l’estimation de la valeur génétique des grains.

### Validation du développement analytique

Ci-dessous un graph permettant de vérifier la cohérence entre les calculs théoriques et les données expérimentales :



***Figure 6 : Validation du développement analytique grâce aux données du dispositif de sélection in silico.***

*Les rapports entre les progrès effectués par sélection sur épi et sur grain ont été estimés par sélection in silico, puis calculés avec l’équation pour des valeurs de paramètres communes. Chaque point correspond à une valeur calculée théoriquement mise en rapport avec la moyenne des 100 valeurs estimées par sélection in silico (car 100 simulations in silico ont été réalisées pour chaque combinaison de paramètre). R² est le carré du coefficient de corrélation de Pearson entre les deux séries de valeurs. L’ordonnée à l’origine vaut 0.01 mais n’est pas significativement différente de 0. La pente vaut 1.07 et est significativement différente de 0.*

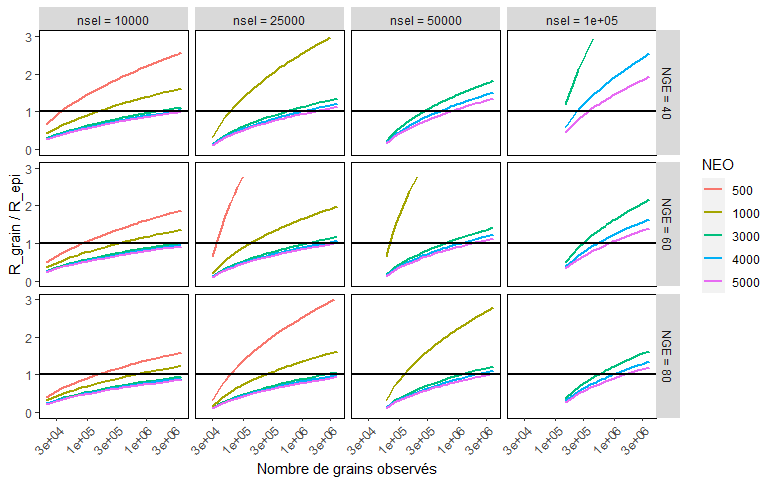
L’alignement est excellent (R²=0.93) et apparait non biaisé (non vérifié). Nous pouvons donc considérer que l’équation peut donner des résultats réalistes, et l’utiliser pour explorer les domaines de supériorité des deux types de sélection selon les paramètres pris en compte.

### Exploration des paramètres

Pour se représenter différentes situations possibles en sélection, la valeur du rapport R\_grain/R\_epi a été calculée et représenté (figure 7) et représentée pour différentes combinaisons de paramètres qui paraissent réalistes :

* nsel allant de 10.000 à 100.000
* NGO allant de 10.000 à 5.000.000
* NEO allant de 500 à 5.000
* NGE allant de 40 à 80

Les paramètres de variances ont été laissés fixes et égaux aux estimations réalisées avec les données du dispositif de sélection *in silico*. Les valeurs estimées étaient : Vg = 1.68, Vinter = 2.02, Ve = 1.51, Vintra = 7.17. La variance intra-épi est clairement celle qui contribue le plus à la variance de la taille des grains et l’héritabilité de la taille des grains individuelle vaut 0.14. Ci-dessous, un graphique représentant le rapport R\_grain/R\_epi en fonction du nombre de grains observés pour les différentes valeurs de nsel, NEO et NGE.



***Figure 7 : Résultats de calculs à parti de l’équation pour différentes combinaisons de paramètres.***

Les résultats de calculs à partir de l’équation (et non de simulations). Les combinaisons de paramètres testées sont : nombre de grains sélectionnés (nsel) allant de 10.000 à 100.000, nombre de grains par épi (NGE) allant de 40 à 80, nombre de grains observés allant de 10.000 à 5.000.000, nombre d’épis observés allant de 500 à 5.000. Les composantes de la variance utilisées sont celles estimées dans le dispositif de sélection in silico. Chaque graph représente le rapport R\_grain/R\_epi en fonction de NGO (nombre de grain observé) pour une combinaison de nsel x NGE (nombre de grains par épi). Chaque courbe représentée correspond à une valeur de NEO (nombre d’épis observé). Les axes horizontaux sont en échelle logarithmique. Sur chaque graph est représenté par une ligne noire la courbe R\_grain/R\_epi=1.

On peut en premier lieu vérifier que les résultats correspondent bien aux attendus théoriques. On voit que plus le nombre de grain observé est grand, plus la sélection sur grain dépasse celle des épis car d’une part, l’héritabilité sur 1 grain n’est pas négligeable (H² = 0.13) et d’autre part l’intensité de sélection sur grain s’approche des valeurs les plus extrêmes que l’on peut obtenir (autour de 3 quand nsel vaut 10.000, autour de 2.3 quand nsel vaut 100.000). On voit que plus NGE est grand, plus le rapport baisse. C’est logique car un plus grand nombre de grain par épi augmente l’héritabilité lorsqu’on sélectionne sur épi ce qui fait augmenter R\_epi si la variance intra épi est importante (ce qui est le cas dans les calculs). Et comme moins d’épis sont nécessaire, il est possible d’augmenter la pression de sélection sur les épis et en retenir un plus faible pourcentage. De même plus NEO est grand, plus le rapport est bas, car plus on peut observer d’épis, plus on peut aller loin dans l’intensité de sélection sur épi, plus R\_epi augmente.

Pour bien utiliser ces résultats, il faut comprendre et imaginer à quelle situation réelle peut correspondre chaque jeu de paramètres. Prenons par exemple la colonne nsel = 10000. Ce nombre de grain sélectionné correspond à une surface à replanter, de l’ordre de 30 à 40 m² pour une densité autour de 300 grains/m². On peut imaginer deux situations. La première serait un agriculteur qui améliore sa/ses populations sur une surface constante d’année en année. Il récolte chaque année les grains issus de ces 40 m², sélectionne dans sa récolte et replante 40 m² avec les grains sélectionnés. Les grains non sélectionnés constituent la population améliorée pour l’année de la récolte et pourrait passer par une phase de multiplication pour pouvoir la replanter sur de plus grandes surfaces (avec un taux de multiplication de 60, une année de multiplication nécessiterait à peu près 0.2 ha permettrait de replanter une quinzaine d’hectares). Dans ce cas, le nombre de grains observé serait de l’ordre de 600.000 grains pour un NGE de 60. Avec ces paramètres l’équation montre que si l’agriculteur ne peut pas observer plus de 1000 épis, alors il aura plutôt intérêt à sélectionner sur grain individuel. A l’inverse, s’il est possible d’observer plus de 1000 épis alors la sélection sur épi permettra un meilleur progrès. Quoi qu’il arrive, le progrès sera ralenti par la phase de multiplication nécessaire pour replanter ce qui amène à un cycle de sélection de 2 ans.

Pour accélérer le progrès, on peut imaginer la deuxième situation où un agriculteur conserverait chaque année une partie de sa surface (quelques dizaines de m²) pour sélectionner directement dans sa récolte de l’année (issue de quelques hectares). Ce changement de surface lors de la sélection permet d’observer un grand nombre de grains mais d’en sélectionner peu. Cela permettrait d’aller vers de plus grandes intensités de sélection et donc de progresser plus vite même s’il faudrait là aussi chaque année passer par une phase de multiplication avant de pouvoir replanter la population améliorée. Dans ce cas, on peut imaginer que dans sa récolte, l’agriculteur échantillonne plusieurs millions de grains pour faire sa sélection. On se retrouve alors dans un cas où il faudrait observer au minimum 3000 épis pour que la sélection sur épi soit avantageuse. On voit aussi dans ce cas qu’augmenter grandement le nombre d’épis observés ne rend pas la sélection sur épi beaucoup plus avantageuse (les courbes NEO = 3000 et NEO = 5000 sont proches). On voit aussi que le rapport entre le progrès sur épi et le progrès sur grain est proche de 1 dans ce type de situation. Etant donné la complexité de la sélection sur épi il est surement plus judicieux de quand même faire de la sélection sur grain ce qui ferait gagner du temps et réduirait probablement les coûts.

Dès lors que l’on se place dans des situations ou plus de 50.000 grains doivent être sélectionnés (ce qui correspond par exemple à sélectionner sur une surface constante de 200 m²), on voit que la sélection sur épi ne reste avantageuse que si le nombre d’épi observable est grand (> 3000) et que le nombre de grain observable est relativement faible (< 800.000). Se retrouver dans une telle situation ne paraît pas très réaliste car observer 800.000 grains est déjà réalisable aujourd’hui alors qu’observer 3000 épis est un travail colossal. De plus, la comparaison ente sélection sur épi et sélection sur grain perd de son sens en imaginant une situation où un agriculteur sélectionnerait directement dans sa récolte pour faire le semis de l’année suivante. En effet, en considérant par exemple une surface cultivée de 20 ha, il faudrait observer des milliards de grains et des millions d’épis pour pouvoir sélectionner assez de grains pour replanter la surface. Une telle sélection sur épi paraît assez infaisable, et la question se pose également pour la sélection sur grain.

Il semble donc d’après ces résultats que la sélection sur épi ne serait avantageuse que lorsque de très petites surfaces sont allouées à la sélection. En effet, cela implique qu’il est possible d’observer une grande partie des épis récoltés ce qui permet d’aller vers de fortes intensités en sélection sur épi.

# Discussion

## Retour sur les résultats de sélection

Mis à part pour la hauteur des plantes, les résultats de la sélection réelle par tamis et de la sélection *in silico* ne concordent pas complètement. Seule la sélection des petits grains a permis de modifier la valeur du caractère en sélection réelle tandis que la sélection de gros grain a fonctionné en sélection *in silico*. On pourrait attribuer cette différence au fait que l’expérimentation de sélection réelle n’était pas d’une grande qualité. Des effets importants liés aux micro-parcelles étaient présents et ce dispositif ne permettait une grande puissance statistique. Il serait néanmoins intéressant de continuer cette expérimentation et de continuer à sélectionner à partir des populations fondées pour avoir des résultats de meilleure qualité. De plus, en sélection *in silico* nous avons fait l’hypothèse que les plantes se comportaient de la même manière dans une population non sélectionnée et dans une population sélectionnée. Il y a peut-être des mécanismes d’interaction entre les plantes qui font que les blés se comporteraient différemment dans une population composée en espérance de génotypes donnant de plus gros grains et dans une population plus diverse. On peut aussi imaginer que l’intensité de sélection sur grain en sélection réelle n’ait en fait pas été assez forte. En effet, la variance intra-épi de la taille des grains implique que tous les génotypes font à la fois des petits grains, des grains plus moyens, et certains font de gros grains. Si l’intensité de sélection des gros grains a permis de garder les gros grains de génotypes produisant des gros grains, elle n’a peut-être pas permis d’éliminer des grains plus moyens des génotypes produisant des plus petits grains. Il se peut donc que la pression de sélection exercée ait en fait été trop faible.

Les résultats de sélection *in silico* concordent plus avec les résultats trouvés dans la littérature que les résultats de sélection réelle. La littérature sur la sélection massale sur la taille des grains n’est pas très étendue. Ci-dessous un tableau récapitulant les résultats d’études menées sur le sujet :

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Population** | **Type de sélection** | **Nb cycles** | **PMG** | **Prot** | **Preco** | **Grains/epi** | **Hauteur** | **Référence** |
| 3 pop biparentales | Tamisage grain | 2 | +2.4% |  |  |  |  | (Derera and Bhatt, 1972) |
| 90 pop biparentales | Visuelle sur épi | 3 | + | - | - | + | + | (Rivière et al., 2015) |
| 3 pop biparentales | Visuelle sur épi | 2 | + |  |  |  |  | (Nass, 1987) |
| 3 pop biparentales | Tamisage grain | 2 | + |  |  |  |  | (Nass, 1987) |
|  | Tamisage grain | 2 | + |  |  |  |  | (Lang et al., 1989) |
| 6 pop composites | Tamisage grain | 3 | 0 |  |  |  |  | (Blum et al., 1991) |
| 1 pop à 10 parents | Récurrente sur poids du grain | 8 | +4.5 % /cycle |  | +0.5 jour/cycle | -0.5/cycle | 0 | (Wiersma et al., 2001) |
| 1 pop à 10 parents | Récurrente sur poids du grain | 4 | +7% / cycle | +1% / cycle | +2% /cycle | 0 | 0 | (Busch and Kofoid, 1982) |
| 1 pop à 10 parents | Tamisage grain | 3 | + |  |  | 0 | + | (Sharma et al., 1995) |

***Tableau 3 : Résultats d'études sur la sélection massale pour la taille du grain dans des populations de blé.***

*Population = type de population sur laquelle la sélection a été menée, Nb cycles = nombres de cycles de sélection effectués, Rdt = rendement, Prot = taux de protéines des grains, PMG = poids de mille grains, preco = précocité, Grains/epi = nombre de grains par épi. Un "+" indique une augmentation de la valeur du trait après sélection sur la taille du grain, un "-" indique une diminution, et un "0" indique l’absence de changement significatif. Pour la précocité "+" = plus précoce et "-" = plus tardif. Lorsque les changements étaient quantifiés en pourcentage, les chiffres apparaissent après le "+" ou le "-". Une case grisée indique l’absence d’information.*

On constate dans la majorité des études que la sélection sur grain a eu un effet positif sur le PMG et le rendement en quelques cycles de sélection. Il semble que la taille des plants soit peu affectée, et les effets ne sont pas clairs sur la précocité, le nombre de grains par épi ou le taux de protéines. De plus, les études menées par Wiersma et al. (2001) et Busch and Kofoid (1982) portent sur la sélection du PMG et non de la taille du grain, mais nous les avons prises en compte car ce sont des traits corrélés. Ces études semblent montrer que la sélection est plus efficace pendant les premiers cycles de sélection. Wiersma et al. (2001) précisent également que la variance génétique pour le PMG a été fortement réduite par la sélection.

De plus, nos résultats montrent que la sélection de gros grains pourrait faire augmenter la variance de la taille des grains au sein des épis. Aucune étude précédente à notre connaissance n’a mesuré l’effet de la sélection sur la GSV. Les résultats obtenus pour ces traits ne peuvent donc pas être comparés à de précédentes expériences de sélection. On peut tout de même citer les travaux de Beral (2020) qui a montré que les différences génotypiques de masses de grains individuels existaient uniquement pour les grains proximaux (les grains issus des fleurs les plus proches de la tige qui donnent les grains à l’extérieur de l’épillet). Il en découle mécaniquement que les épis portant des grains individuels de taille importante ont également une plus grande variance de la taille des grains. En effet les grains distaux (issus des fleurs éloignées de la tige) d’épis portant de gros grains sont aussi petits les grains distaux d’épis ne portant pas de gros grains. Il a aussi été montré que la GSV avait un déterminisme génétique spécifique et que ce trait pouvait avoir une héritabilité de l’ordre de 0.52 à 0.85 (Béral et al., 2020) ce qui est plus élevé que ce que nous avons trouvé dans notre dispositif (H²=0.35). Tout cela est donc cohérent avec une augmentation de la GSV lors de la sélection de gros grains.

Cependant, cette augmentation de la GSV peut être désavantageuse. Premièrement du point de vue de la transformation des grains car cela montre que sélectionner pour des grains de bonne qualité ne permet que d’améliorer la qualité d’une partie des grains (même s’il est *a priori* possible de sélectionner pour une faible GSV indépendamment du reste du fait du déterminisme génétique spécifique de ce trait). Deuxièmement, Beral, (2020) a aussi montré que plus la GSV est élevée, plus la perte de PMG liée à un stress thermique post-floraison sera importante. Il serait intéressant de voir si une augmentation de la GSV liée à une sélection sur la taille du grain rend le blé plus sensible à ce stress, ce qui serait contre-productif dans un contexte de sélection pour l’adaptation aux changements climatiques.

Enfin, un défaut dans nos résultats est l’absence de mesure de rendement. Ce trait a été indirectement mesuré par le poids total d’épi dans les bacs, mais les conditions des bacs sont surement trop différentes des conditions au champ pour considérer cette mesure comme valable. Il manque donc dans l’analyse une information importante. Même si, dans le cadre de sélection massale ou de sélection sur la morphologie du grain, les objectifs de sélection peuvent être différents de ceux travaillés en sélection conventionnelle et ne pas prioriser le rendement, il reste important de savoir comment il est impacté par cette sélection.

## Prise de recul sur l’équation

Dans le cadre du stage, l’équation a seulement été utilisée pour la taille du grain car c’est le seul trait pour lequel nous avons pu estimer les composantes de la variance nécessaires pour les calculs. Cependant, cette équation peut en théorie être utilisée pour n’importe quel trait qui peut être mesuré à l’échelle du grain individuel, et pour n’importe quelle céréale autogame. De plus, elle pourrait être améliorée. Une des améliorations les plus évidentes est la prise en compte du temps et du coût nécessaire dans chaque méthode pour pondérer les progrès. Cela permettrait surtout de prendre en compte la faisabilité d’une sélection sur épi qui n’est aujourd’hui pas possible à grande échelle d’après nos connaissances. Même si dans certaines situations la sélection sur épi devient meilleure à grande échelle que la sélection sur grain, il se peut que les moyens à investir pour faire ce progrès ne puissent être envisagés que dans le cas d’un groupe d’agriculteur ou d’un réseau animé par une association de semences de fermes et qu’une sélection sur grain soit au final plus efficace relativement à l’investissement nécessaire. De tels investissements pourraient toutefois intéresser les sélectionneurs dans les premières générations de fixation sur bulk ou d’introgression en population de ressources génétiques.

Il serait aussi judicieux de prendre en compte des compromis qui existes entre les traits du grain, par exemple le compromis entre la taille et le nombre de grains. Ce compromis ferait changer la valeur de NGE en fonction de l’intensité de sélection appliquée car plus l’intensité de sélection serait forte, plus les grains sélectionnés seraient gros, et plus ils viendraient d’épis avec un faible nombre de grain. Au final, la prise en compte de ce compromis changerait le rapport entre les intensités de sélection, et le rapport entre les héritabilités sur grain et sur épi. En revanche, la prise en compte de compromis implique surement de perdre la généralité de l’équation et de devoir construire une équation pour chaque compromis que l’on veut prendre en compte.

Un autre élément important de discussion est justement la nécessité d’estimer les paramètres de la variance pour utiliser l’équation. Etant donné que ces paramètres sont contraints (on ne peut pas les adapter ou les choisir comme NEO, NGO ou nsel), il est nécessaire de les estimer au préalable. L’estimation de ces paramètres requiert un travail conséquent et/ou l’utilisation de technologie avancée (Optomachine ou NIRS) du fait de la nécessité de mesurer des grains individuellement. Dans le cadre d’une sélection massale menée par un groupement d’agriculteur, il est raisonnable de penser que ni le temps ni la technologie ne sont disponibles actuellement. De plus, comme ces paramètres changent en fonction du lieu, de l’année et du trait observé, il faudrait surement "recalibrer" régulièrement l’équation, c’est-à-dire ré-estimer régulièrement les paramètres de variance pour s’en servir.

La validation de l’équation a été faite sur des données peu réalistes. En effet, les données du dispositif de sélection *in silico* ont contraints le nombre de grains observés à 859 (nombre de grains du premier semis ayant été récoltés) et le nombre de grain par épi à 5 car parmi les 859 grains utilisés, en moyenne 5 grains de chaque lot était présent. Cela correspond donc bien à une sélection sur épi où les épis n’auraient donné que 5 grains. De plus, les variances estimées ne correspondent peut-être pas à des variances en conditions réelles au champ. On ne sait donc pas si l’équation a le même pouvoir prédictif pour des valeurs de paramètres réalistes et il faudrait la valider totalement en sélectionnant réellement sur grain et sur épi au champ. Une telle expérience serait assez lourde à mener étant donné l’effort à faire pour sélectionner sur épi et pour récolter les données permettant d’estimer les paramètres de la variance phénotypique (Vg, Vinter, Vintra Ve).

L’exploration des domaines de supériorité de la sélection sur grain et sur épi s’est faite en utilisant les variances estimées dans le dispositif de sélection *in silico*. Ces résultats sont donc valables pour ces valeurs de variances mais ne sont pas universels. Nous avons tout de même trouvé une étude qui a comparé la sélection sur grain et la sélection sur épi (Nass, 1987) et nos résultats corroborent sa conclusion (la sélection sur grain est plus efficace dans de grandes populations, mais la sélection sur épi peut être avantageuse dans des populations réduites). Il est intéressant de voir que ces résultats ont été obtenus avec une héritabilité de 0,14 pour les mesures sur grains individuels et de l’ordre de 0.3 pour les mesures sur épi. Il n’était pas trivial que sélectionner avec une faible héritabilité serait avantageux dans un grand nombre de situations grâce à la compensation des fortes intensités de sélection.

De plus, les valeurs de variances utilisées supposent que l’on a un moyen de mesurer précisément des traits de grains individuellement et de faire la moyenne de ces mesures épis par épis. Il n’existe pas de machine ou de méthode permettant de faire cela à haut débit à notre connaissance mais cette démarche va être entreprise dans le projet Bbsocoul de mon laboratoire d’accueil. On peut donc imaginer en prenant l’exemple de la sélection sur la taille du grain que des tamis permettent une mesure précise du trait à l’échelle du grain individuel mais qu’une sélection sur épi doive se faire de façon visuelle et soit imprécise (seule une observation visuelle des épis permettrait d’observer assez d’épis pour opérer la sélection). L’imprécision d’une sélection visuelle ferait baisser l’héritabilité des observations sur épi et le rapport des héritabilités entre mesures sur grain et mesures sur épi est déterminant pour l’efficacité relative entre les deux méthodes. Dans ce cas, la sélection sur épi serait plus désavantagée par rapport à la sélection sur grain que ce que nos résultats montrent. Toutefois, l’équation pourrait quand même permettre d’explorer ce type de situation en faisant varier les valeurs de tout en gardant une valeur de non négligeable. De plus, ce raisonnement ne s’applique pas pour tous les traits. Par exemple sur le taux de protéine, qui se mesure par NIRS, il se peut que les précisions de mesure sur grain individuel ou sur lot de grain soient similaires.

Enfin, cette équation fonctionne lorsqu’il s’agit de faire de la sélection par troncation. Or, ce n’est pas la seule façon de sélectionner qui existe. L’équation ne s’applique pas par exemple si l’on veut utiliser un gradient de sélection ou faire de la sélection sur index. En sélection massale particulièrement, un des enjeux de la sélection peut être de conserver de la diversité génétique dans la population. Par exemple, Gorjanc et al., (2018) ont testé par une approche de simulation une méthode de sélection où les grains sélectionnés sont obtenus en choisissant dans la population les parents à croiser selon leurs caractéristiques et leur niveau de parenté de sorte à conserver un certain niveau de diversité génétique de génération en génération tout en réalisant un progrès. Ils ont montré qu’une telle approche pourrait permettre d’obtenir de meilleurs gains génétiques sur le long terme par rapport à des générations de sélection par troncation ou de sélection sur index. L’équation n’est donc évidemment pas adaptable à toute situation de sélection massale sur les traits du grain.

## A qui peut servir l’équation ?

*A priori* l’équation peut être utile aux agriculteurs qui souhaitent faire de la sélection massale sur grain et qui se demandent comment gérer l’effort de sélection et dans quel type de mesure et de matériel investir selon les conditions de l’exploitation et la façon dont ils veulent mener la sélection. Cela pourrait aussi servir aux sélectionneurs qui veulent améliorer une population dans un cadre de pré-breeding ou d’utilisation de la méthode bulk dans un schéma de sélection.

Les résultats obtenus peuvent aussi apporter des éléments de discussion dans la pratique et le dimensionnement de programmes de sélection participative. Par exemple, un des objectifs de la mise en place d’une méthodologie de sélection participative par Mailhe et al., (2013), était de "développer des méthodes et des outils opérationnels pour la gestion / sélection de la biodiversité cultivée à la ferme". Dans cette méthodologie, des caractéristiques globales de la plante étaient mesurés, et les meilleurs épis étaient sélectionnés. Certains agriculteurs étaient inclus dans une filière large ou étaient paysans-boulanger / paysan-meunier et devaient sélectionner des populations avec des grains de bonne qualité pour la transformation. On pourrait donc imaginer que l’équation serve à dimensionner et aguiller la méthode de sélection pour ces caractéristiques du grain selon les contraintes et besoins de chaque agriculteur.

## Vers une sélection massale phénomique des grains ?

La prédiction phénomique est un développement récent en génétique quantitative, dont le but est de pouvoir prédire certains traits d’une plante à partir de spectres infrarouges collectés sur une autre partie de la plante. De premiers résultats encourageants montrent que la sélection phénomique a une efficacité souvent comparable à l’efficacité de la prédiction génomique, et parfois même meilleure pour le rendement chez le blé (Rincent et al., 2018). C’est une méthode non destructive, peu coûteuse et qui pourrait permettre de traiter les grains à haut débit. Des trieurs optiques sont déjà utilisés de façon routinière dans certaines entreprises semencières, qui possèdent donc déjà au moins une partie des outils nécessaires à l’implémentation de cette méthode. Pour ces raisons, la sélection phénomique semble être pertinente dans un cadre de sélection massale, et certains auteurs pensent que cette méthode sera à l’avenir un élément essentiel des programmes de sélection classique (Zhu et al., 2021).

Etant donné que l’équation peut être utilisée pour n’importe quel trait mesurable sur grain individuel, elle peut apporter des éléments de discussion intéressants pour la sélection phénomique. En effet, si l’on peut mesurer des spectres de grains individuels (ce qui est possible avec un trieur optique) dans le but de prédire un trait, on s’attend à ce que la prédiction soit toujours meilleure en moyennant des spectres acquis sur des grains d’un même épi ou d’un même génotype pour prédire le trait. Cela fonctionne de la même façon que lorsqu’on veut estimer la valeur génétique du grain en le regardant soit individuellement, soit pris dans son épi. On pourrait donc comparer le progrès atteignable en faisant des modèles prédictifs basés sur le grain individuel ou sur la moyenne de grains de même génotype/épi en utilisant l’équation et en remplaçant de rapport des héritabilités par le rapport des accuracy de prédiction des deux méthodes.

La plupart des travaux réalisés en prédiction phénomique sur des céréales utilisent des spectres et des phénotypes mesurés sur de lots de grains ou sur de la farine de lots de grains (Cuevas et al., 2019; Lane et al., 2020; Rincent et al., 2018; Robert et al., 2022; Weiß et al., 2022; Zhu et al., 2022). On peut considérer le spectre ou le phénotype d’un lot de grain comme une moyenne des spectres/phénotypes individuels des grains du lot. Cette façon de calibrer les modèles prédictifs correspond donc plutôt à une sélection sur épi. Or les trieurs optiques utilisés en sélection prennent des mesures sur des grains individuels et une méthode de prédiction basée sur des moyennes de lots de grains ne serait peut-être pas adaptée à ce type de tri. Il serait donc intéressant de comparer de progrès atteignable à partir de prédiction sur grains individuels et sur moyennes de lots de grains. En effet, si l’on peut montrer qu’une prédiction à partir de grains individuels permet un meilleur progrès malgré la plus faible accuracy de prédiction, cela ouvre des perspectives pour la sélection sur grain. Cela permettrait de faire de la sélection sur grain en sélectionnant sur des traits qui ne sont pas mesurables sur le grain. On aurait donc accès à une estimation de la valeur du grain pour un ensemble de traits de la plante ce qui faciliterait énormément le travail de sélection. Il serait aussi intéressant de savoir si dans l’absolu (sans comparer des prédictions sur grains individuels et sur lots de grains) une prédiction sur grain individuel serait déjà suffisante pour réaliser un progrès satisfaisant.

Enfin, Gaynor et al. (2017) ont imaginé un schéma de sélection pouvant s’appliquer au blé. Ce schéma comprenant une partie dédiée à l’amélioration récurrente d’une population pour l’améliorer et entretenir et créer de la diversité génétique, et une deuxième partie utilisant les individus de cette population comme parents dans un schéma de sélection classique pour transformer la diversité génétique entretenue en progrès. Ils ont montré par des simulations qu’un tel schéma permettrait d’obtenir de meilleurs gains génétique sur le long terme que les schémas de sélection actuellement en place sur le blé. Dans leur approche, la meilleure efficacité de ce schéma de sélection découle de l’utilisation de prédiction génomique pour l’amélioration de la population. On peut donc imaginer remplacer dans ce schéma la prédiction génomique par la prédiction phénomique, et la question de la prédiction sur grain ou sur lots de grains se pose alors encore. Tout cela suppose que l’on puisse prédire des traits d’une plante à partir du spectre du grain dont cette plante est issue, ce qui n’est aujourd’hui pas bien démontré.

## Le potentiel du dispositif de sélection in silico

L’expérimentation au champ avait le mérite d’être une réelle mise en situation de sélection sur la taille du grain. Cependant, il a manqué à ce dispositif certaines mesures (notamment de rendement). Cette partie de l’expérimentation a reçu mois d’attention que les bacs, justement car ceux-ci ont nécessité un investissement de temps et d’effort conséquent.

En effet, dans les bacs, chaque plante a été mesurée individuellement en gardant trace de sa position dans le bac et de son génotype, puis chaque grain de chaque plante a été mesuré individuellement. Cela nécessite beaucoup d’effort pour ne pas faire d’erreur pendant les mesures, car il ne faut pas se tromper sur la position de la plante, réussir à isoler la bonne plante pour la bonne mesure etc… Cependant, ces efforts permettent d’acquérir une très grande quantité d’informations exploitables et ouvrent des perspectives pour un grand nombre d’analyses. En effet, ce dispositif permet d’accéder aux valeurs phénotypiques en population et non en culture pure. La position et le génotype de chaque plante étant connu, il est possible d’étudier en détail les interactions entre les plantes (effets de certains allèles sur les phénotypes voisins, tendance de chaque génotype à collaborer ou à rentrer en compétition par exemple, allèles à favoriser dans la population pour améliorer un trait…). Le dispositif permet également d’explorer les questions liées à la phénomique car des spectres de feuilles et des grains de chaque plante ont été acquis. On pourrait par exemple apporter des éléments de réponse aux questionnements évoqués plus haut, ou regarder s’il est possible de prédire l’effet d’un génotype sur ses voisins à partir de son spectre.

Au final, les analyses réalisées dans ce stage n’ont permis d’extraire qu’une partie de toute l’information collectée, et il y a sûrement encore assez de matière pour un stage d’analyses de données.

Conclusion

Références bibliographiques

Andrée, P., Clark, J.K., Levkoe, C.Z., Lowitt, K. (Eds.), 2019. Civil Society and Social Movements in Food System Governance. Taylor & Francis.

Asseng, S., Ewert, F., Martre, P., Rötter, R.P., Lobell, D.B., Cammarano, D., Kimball, B.A., Ottman, M.J., Wall, G.W., White, J.W., Reynolds, M.P., Alderman, P.D., Prasad, P.V.V., Aggarwal, P.K., Anothai, J., Basso, B., Biernath, C., Challinor, A.J., De Sanctis, G., Doltra, J., Fereres, E., Garcia-Vila, M., Gayler, S., Hoogenboom, G., Hunt, L.A., Izaurralde, R.C., Jabloun, M., Jones, C.D., Kersebaum, K.C., Koehler, A.-K., Müller, C., Naresh Kumar, S., Nendel, C., O’Leary, G., Olesen, J.E., Palosuo, T., Priesack, E., Eyshi Rezaei, E., Ruane, A.C., Semenov, M.A., Shcherbak, I., Stöckle, C., Stratonovitch, P., Streck, T., Supit, I., Tao, F., Thorburn, P.J., Waha, K., Wang, E., Wallach, D., Wolf, J., Zhao, Z., Zhu, Y., 2015. Rising temperatures reduce global wheat production. Nat. Clim. Change 5, 143–147. https://doi.org/10.1038/nclimate2470

Beral, A., 2020. Déterminisme génétique et écophysiologique de la variabilité des masses de grains individuels chez le blé tendre (Triticum aestivum). (phdthesis). Université Clermont Auvergne [2017-2020].

Béral, A., 2020. Déterminisme génétique et écophysiologique de la variabilité des masses de grains individuels chez le blé tendre (Triticum aestivum). (phdthesis). Université Clermont Auvergne [2017-2020].

Béral, A., Rincent, R., Gouis, J.L., Girousse, C., Allard, V., 2020. Wheat individual grain-size variance originates from crop development and from specific genetic determinism. PLOS ONE 15, e0230689. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0230689

Blum, A., Shpiler, L., Golan, G., Mayer, J., Sinmena, B., 1991. Mass selection of wheat for grain filling without transient photosynthesis. Euphytica 54, 111–116. https://doi.org/10.1007/BF00145637

Busch, R.H., Kofoid, K., 1982. Recurrent Selection for Kernel Weight in Spring Wheat. Crop Sci. 22. https://doi.org/10.2135/cropsci1982.0011183X002200030032x

Chable, V., Berthellot, J.-F., 2006. La sélection participative en France: présentation des expériences en cours pour les agricultures biologiques et paysannes. Courr. L’environnement L’INRA 30, 129–138.

Cuevas, J., Montesinos-López, O., Juliana, P., Guzmán, C., Pérez-Rodríguez, P., González-Bucio, J., Burgueño, J., Montesinos-López, A., Crossa, J., 2019. Deep Kernel for Genomic and Near Infrared Predictions in Multi-environment Breeding Trials. G3 GenesGenomesGenetics 9, 2913–2924. https://doi.org/10.1534/g3.119.400493

David, J., Holtz, Y., Ranwez, V., Santoni, S., Sarah, G., Ardisson, M., Poux, G., Choulet, F., Genthon, C., Roumet, P., Tavaud-Pirra, M., 2014. Genotyping by sequencing transcriptomes in an evolutionary pre-breeding durum wheat population. Mol. Breed. 34, 1531–1548. https://doi.org/10.1007/s11032-014-0179-z

Dawson, J.C., Goldringer, I., 2012. Breeding for Genetically Diverse Populations: Variety Mixtures and Evolutionary Populations, in: Organic Crop Breeding. John Wiley & Sons, Ltd, pp. 77–98. https://doi.org/10.1002/9781119945932.ch5

Dawson, J.C., Rivière, P., Berthellot, J.-F., Mercier, F., De Kochko, P., Galic, N., Pin, S., Serpolay, E., Thomas, M., Giuliano, S., others, 2011. Collaborative plant breeding for organic agricultural systems in developed countries. Sustainability 3, 1206–1223.

Derera, N.F., Bhatt, G.M., 1972. Effectiveness of mechanical mass selection in wheat (Triticum aestivum L.). Aust. J. Agric. Res. 23, 761–768. https://doi.org/10.1071/ar9720761

Desclaux, D., Ceccarelli, S., Navazio, J., Coley, M., Trouche, G., Aguirre, S., Weltzien, E., Lançon, J., 2012. Centralized or Decentralized Breeding: The Potentials of Participatory Approaches for Low-Input and Organic Agriculture, in: Organic Crop Breeding. John Wiley & Sons, Ltd, pp. 99–123. https://doi.org/10.1002/9781119945932.ch6

Donald, C., 1981. 14 COMPETITIVE PLANTS, COMMUNAL PLANTS, AND YIELD IN WHEAT CROPS. Wheat Sci.-Today Tomorrow 223.

Finch-Savage, W.E., Bassel, G.W., 2016. Seed vigour and crop establishment: extending performance beyond adaptation. J. Exp. Bot. 67, 567–591. https://doi.org/10.1093/jxb/erv490

Gaynor, R.C., Gorjanc, G., Bentley, A.R., Ober, E.S., Howell, P., Jackson, R., Mackay, I.J., Hickey, J.M., 2017. A Two-Part Strategy for Using Genomic Selection to Develop Inbred Lines. Crop Sci. 57, 2372–2386. https://doi.org/10.2135/cropsci2016.09.0742

GIE Blé dur, 2017. Description et spécificités - GIE Blé dur Description, spécificités du blé dur. GIE Blé Dur. URL https://www.gie-bledur.fr/la-filiere-ble-dur/description-du-ble-dur/ (accessed 6.7.23).

Gorjanc, G., Gaynor, R.C., Hickey, J.M., 2018. Optimal cross selection for long-term genetic gain in two-part programs with rapid recurrent genomic selection. Theor. Appl. Genet. 131, 1953–1966. https://doi.org/10.1007/s00122-018-3125-3

Horlings, L.G., Marsden, T.K., 2011. Towards the real green revolution? Exploring the conceptual dimensions of a new ecological modernisation of agriculture that could ‘feed the world.’ Glob. Environ. Change, Special Issue on The Politics and Policy of Carbon Capture and Storage 21, 441–452. https://doi.org/10.1016/j.gloenvcha.2011.01.004

Houser, M., Stuart, D., 2020. An accelerating treadmill and an overlooked contradiction in industrial agriculture: Climate change and nitrogen fertilizer. J. Agrar. Change 20, 215–237. https://doi.org/10.1111/joac.12341

Ishaque, W., Osman, R., Hafiza, B.S., Malghani, S., Zhao, B., Xu, M., Ata-Ul-Karim, S.T., 2023. Quantifying the impacts of climate change on wheat phenology, yield, and evapotranspiration under irrigated and rainfed conditions. Agric. Water Manag. 275, 108017. https://doi.org/10.1016/j.agwat.2022.108017

Juroszek, P., von Tiedemann, A., 2013. Climate change and potential future risks through wheat diseases: a review. Eur. J. Plant Pathol. 136, 21–33. https://doi.org/10.1007/s10658-012-0144-9

Lane, H.M., Murray, S.C., Montesinos‑López, O.A., Montesinos‑López, A., Crossa, J., Rooney, D.K., Barrero-Farfan, I.D., De La Fuente, G.N., Morgan, C.L.S., 2020. Phenomic selection and prediction of maize grain yield from near-infrared reflectance spectroscopy of kernels. Plant Phenome J. 3, e20002. https://doi.org/10.1002/ppj2.20002

Lang, L., Balla, L., Bedo, Z., 1989. Machine mass selection of winter wheat hybrid populations. Novenytermeles Hung.

Mailhe, G., Cazeirgue, F., Gascuel, J., Gasnier, R., Berthelot, J., Baboulène, J., Poilly, C., Lavoyer, R., Hernandez, M., Coulbeaut, J., others, 2013. Mise en place d’une méthodologie de sélection participative sur le blé tendre en France.

Nass, H.G., 1987. Selection for grain yield of spring wheat utilizing seed size and other selection criteria. Can. J. Plant Sci. 67, 605–610. https://doi.org/10.4141/cjps87-086

Pingali, P.L., 2012. Green Revolution: Impacts, limits, and the path ahead. Proc. Natl. Acad. Sci. 109, 12302–12308. https://doi.org/10.1073/pnas.0912953109

R Core Team, 2022. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Rincent, R., Charpentier, J.-P., Faivre-Rampant, P., Paux, E., Le Gouis, J., Bastien, C., Segura, V., 2018. Phenomic Selection Is a Low-Cost and High-Throughput Method Based on Indirect Predictions: Proof of Concept on Wheat and Poplar. G3 GenesGenomesGenetics 8, 3961–3972. https://doi.org/10.1534/g3.118.200760

Rivière, P., Goldringer, I., Berthellot, J.-F., Galic, N., Pin, S., Kochko, P.D., Dawson, J.C., 2015. Response to farmer mass selection in early generation progeny of bread wheat landrace crosses. Renew. Agric. Food Syst. 30, 190–201. https://doi.org/10.1017/S1742170513000343

Robert, P., Auzanneau, J., Goudemand, E., Oury, F.-X., Rolland, B., Heumez, E., Bouchet, S., Le Gouis, J., Rincent, R., 2022. Phenomic selection in wheat breeding: identification and optimisation of factors influencing prediction accuracy and comparison to genomic selection. Theor. Appl. Genet. 135, 895–914. https://doi.org/10.1007/s00122-021-04005-8

Rodríguez-Álvarez, M.X., Boer, M.P., Eeuwijk, F.A. van, Eilers, P.H.C., 2017. Correcting for spatial heterogeneity in plant breeding experiments with P-splines. Spat. Stat. 23, 52–71.

Sadras, V.O., 2007. Evolutionary aspects of the trade-off between seed size and number in crops. Field Crops Res. 100, 125–138. https://doi.org/10.1016/j.fcr.2006.07.004

Sharma, R.C., Tiwary, A.K., Ortiz-Ferrara, G., 2008. Reduction in kernel weight as a potential indirect selection criterion for wheat grain yield under terminal heat stress. Plant Breed. 127, 241–248. https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2007.01460.x

Sharma, S.K., Singh, K.P., Singh, I., 1995. SELECTION RESPONSES FOR GRAIN WEIGHT IN SOME MASS SELECTED AND INTERMATED POPULATIONS OF WHEAT (TRITICUM AESTIVUM L.). INDIAN J. Genet. PLANT Breed. 55, 365–373.

Truncated normal distribution [WWW Document], 2023. . Wikipedia. URL https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=Truncated\_normal\_distribution&oldid=1152823526#cite\_note-5 (accessed 6.9.23).

Wang, J., Vanga, S.K., Saxena, R., Orsat, V., Raghavan, V., 2018. Effect of Climate Change on the Yield of Cereal Crops: A Review. Climate 6, 41. https://doi.org/10.3390/cli6020041

Wang, K., Fu, B.X., 2020. Inter-Relationships between Test Weight, Thousand Kernel Weight, Kernel Size Distribution and Their Effects on Durum Wheat Milling, Semolina Composition and Pasta Processing Quality. Foods 9, 1308. https://doi.org/10.3390/foods9091308

Weiß, T.M., Zhu, X., Leiser, W.L., Li, D., Liu, W., Schipprack, W., Melchinger, A.E., Hahn, V., Würschum, T., 2022. Unraveling the potential of phenomic selection within and among diverse breeding material of maize (Zea mays L.). G3 12, jkab445.

Wiersma, J.J., Busch, R.H., Fulcher, G.G., Hareland, G.A., 2001. Recurrent Selection for Kernel Weight in Spring Wheat. Crop Sci. 41, 999–1005. https://doi.org/10.2135/cropsci2001.414999x

Wilcox, J., Makowski, D., 2014. A meta-analysis of the predicted effects of climate change on wheat yields using simulation studies. Field Crops Res. 156, 180–190. https://doi.org/10.1016/j.fcr.2013.11.008

Wolfram Research inc, n.d. Mathematica, Version 13.3.

Zahra, N., Hafeez, M.B., Wahid, A., Al Masruri, M.H., Ullah, A., Siddique, K.H.M., Farooq, M., 2023. Impact of climate change on wheat grain composition and quality. J. Sci. Food Agric. 103, 2745–2751. https://doi.org/10.1002/jsfa.12289

Zhu, X., Leiser, W.L., Hahn, V., Würschum, T., 2021. Phenomic selection is competitive with genomic selection for breeding of complex traits. Plant Phenome J. 4, e20027. https://doi.org/10.1002/ppj2.20027

Zhu, X., Maurer, H.P., Jenz, M., Hahn, V., Ruckelshausen, A., Leiser, W.L., Würschum, T., 2022. The performance of phenomic selection depends on the genetic architecture of the target trait. Theor. Appl. Genet. 135, 653–665. https://doi.org/10.1007/s00122-021-03997-7

Annexe 1 : Variance des traits du grain en mesurant les grains individuels et en mesurant la moyenne par épi

On considère le grain ou l’épi comme deux unités de sélections différentes. Pour comprendre les différences qui existent entre ces deux unités de sélection (grain individuel vs. Moyenne des grains d’un épi), il faut s’intéresser aux facteurs paramètres importants en sélection : la variance phénotypique totale du trait sélectionné, la précision avec laquelle une mesure phénotypique permet d’estimer la valeur génétique d’une unité de sélection (l’héritabilité), et l’intensité de sélection appliquée en fonction du nombre d’unités de sélection observées. Commençons par détailler les composantes de la variance phénotypique d’un trait du grain. Pour un trait du grain, la variance observée entre grains provient de :

* La variance génétique qui existe entre génotypes différents (toute chose égale par ailleurs)
* La variance environnementale qui existe entre grains issus de plantes différentes d’un même génotype ayant poussé dans des conditions différentes (comme des parcelles différentes dans le même lieu ou des lieux différents la même année, etc.)
* La variance inter-épi qui existe entre épis d’une même plante pour des raisons physiologiques, (par exemple entre brin maître et brin secondaire)
* La variance intra-épi qui existe entre des grains d’un même épi de la même plante pour des raisons physiologiques également (par exemple grains des fleurs proximales vs fleurs distales (Beral, 2020))

Ces considération amène à modéliser la valeur phénotypique observée sur un grain individuel de la manière suivante :

Où :

* est le phénotype d’un grain individuel
* l’effet du génotype i
* l’effet de l’environnement j
* l’effet de l’épi k au sein du génotype i dans l’environnement j
* un effet résiduel non expliquée par les autres effets, et qui correspond à la variance intra-épi.

Donc la variance du trait à l’échelle du grain vaut :

On suppose que les effets sont indépendants et donc que toutes les covariances sont nulles, et on sait que V(µ) = 0. On a donc :

Et donc :

La moyenne des grains d’un épi est :

Avec NGE le nombre de grains par épi.

Les variances concernant µ sont toutes nulles. Toujours en supposant que les effets sont indépendants et donc que les covariances sont nulles :

Comme G, n’est pas indexés sur l, alors :

Il en est de même pour Env et Epi. En revanche, est indexé sur l donc :

On a donc :

Nécessairement car NGE > 1.

L’héritabilité d’un trait étant le rapport entre sa variance génétique et sa variance phénotypique, il en découle que :

et

Donc nécessairement :

Cette modélisation reflète bien un des attendus exposé en introduction.

Annexe 2 : Calculs pour aboutir à l’équation

On cherche à calculer le rapport où Rgrain est le progrès effectué en sélectionnant sur un trait du grain individuel et Repi est le progrès effectué en sélectionnant sur un trait moyen des grains d’un épi. On cherche à calculer ce rapport en fonction des paramètres suivants :

NGE : Nombre de grains par épi

NEO : Nombre d’épis observés

NGO : Nombre de grains observés

nsel : Nombre de grains sélectionnés

Vg : variance génétique du trait

Ve : variance environnementale liée à l’hétérogénéité de la parcelle

Vinter : variance inter épi au sein d’une plante liée aux différences physiologiques entre les thalles

Vintra : variance intra épi

On pose donc :

Avec :

H² l’héritabilité sur grain ou sur épi, i l’intensité de sélection en unité d’écart type sur grain ou sur épi, et l’écart type de la distribution du trait des grains individuels (pour la sélection sur grain) ou de la distribution du trait moyen des grains par épi (pour la sélection sur épi).

On sait que

On obtient donc :

Les variances génétiques se simplifient et donc :

On cherche donc maintenant à exprimer les intensités de sélection en fonction des paramètres voulus. On sait que l’intensité de sélection en unité d’écart-type est liée à la proportion d’individus conservés lors de la sélection par troncation. On appelle cette proportion P%. On a :

Car nsel est le nombre de grains sélectionné parmi la population de grain dans laquelle la sélection s’opère, qui contient NGO grains, et est le nombre d’épis à sélectionner pour obtenir nsel grain à la fin, ce nombre d’épi étant sélectionné parmi la population d’épis observés contenant NEO épis. Il est donc intéressant d’exprimer i en fonction de P% pour relier l’intensité de sélection aux paramètres voulus. On l’obtient de cette façon :

Soit une variable aléatoire suivant une loi normale de moyenne µ et d’écart-type .

Soit la fonction de densité de la loi normale de moyenne µ et d’écart-type en x.

Soit la fonction de répartition de la loi normale de moyenne µ et d’écart-type en x.

De plus, d’après “Truncated normal distribution,” (2023) que :

En posant :

Alors :

C’est l’espérance de X sachant que X se trouve entre a et b.

Opérer une sélection par troncation dans un trait suivant une loi normale revient à dire que et a est égal au seuil de troncation appliqué. En posant S le différentiel de sélection pour un trait suivant une loi normale de moyenne µ et d’écart-type , on obtient :

Si , alors . Or :

On obtient donc :

Or, pour un trait suivant une loi normale de moyenne µ et d’écart-type , la proportion P% d’individus conservés après une sélection par troncation vaut :

Comme , alors :

On obtient donc que :

Donc :

Comme la fonction de répartition d’une loi normale a une fonction réciproque (la fonction de quantiles de cette loi normale qui associe un seuil de troncation à la proportion d’individus sélectionnés) :

Donc :

Ainsi :

Et donc :

Les et les nsel se simplifient, et comme , alors :

Et on obtient finalement :

Résumé

Comme toutes les cultures, le blé dur va être impacté par le changement climatique et la demande d’une population croissante. Une transition vers un modèle agricole plus résilient et durable du point de vue environnemental, social et économique est donc nécessaire. Parmi toutes les étapes de la production, la sélection variétale est la plus en amont, et se doit de proposer des innovations pour participer à cette transition. Dans ce contexte, l’utilisation de variétés populations et pratique de la sélection massale sont intéressantes car elles offrent justement une certaine résilience face aux conditions climatiques rudes, et ont aussi des implications sociales et économiques pour les agriculteurs.

Durant le stage, deux questions ont été abordées. La première est celle de l’efficacité sélection massale sur la taille du grain, un trait important la qualité chez le blé dur. La deuxième question concerne n’importe quel trait mesurable sur le grain et est de savoir s’il est préférable de mesurer ces traits sur des grains individuels ou sur des moyennes d’épis.

Nous avons pu montrer que la sélection massale sur la taille du grain peut être efficace mais que les conditions de culture impactent cette efficacité. Nous avons aussi développé une équation permettant de comparer la sélection sur grain individuel et sur épi. Cette équation nous a permis de montrer que la sélection sur grain semble avantageuse dans la plupart des situations mais que la sélection sur épi peut devenir meilleure lorsque les effectifs impliqués sont faibles.

Mots clés

Sélection massale, blé dur,

Pour citer ce document : Bienvenu, Clément, 2023. Les pratiques de sélections paysannes de blé dur : Quel regard porter sur les grains ?. Mémoire d’Ingénieur Agronome, diplôme, Amélioration des plantes et ingénierie végétale méditerranéennes et tropicales, L’Institut Agro Montpellier. 53 pages.

Institut Agro | Montpellier SupAgro, 2 place Pierre Viala, 34060 Montpellier cedex 02. https://www.institut-agro-montpellier.fr/