|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  |  | [Logos des établissements partenaires]  [Voir exemples logos partenaires à la fin de ce document] |

Mémoire de fin d'études

présenté pour l'obtention du [Diplôme]  
Spécialité/Mention: [à compléter]  
Option/Parcours : [à compléter]

Les pratiques de sélections paysannes de blé dur : à compléter

Propositions de méthodes adaptées aux pratiques de sélection paysanne pourl’amélioration de la valeur des grains de blé dur ??

**[image]**

par Clément BIENVENU

Année de soutenance : 2023

Organisme d'accueil : [institution et laboratoire] [Logos de(s) structure(s) d'accueil]

[Type d'écrit :] Mémoire de fin d'études ou rapport de stage

présenté pour l'obtention du [Diplôme]  
Spécialité/Mention: [à compléter]  
Option/Parcours : [à compléter]

[Titre du rapport]

**[image]**

**Confidentiel** [le cas échéant] jusqu'au [date de levée de confidentialité]

par [Prénom NOM]

Année de soutenance : [AAAA]

Mémoire préparé sous la direction de : [responsable scientifique, tuteur SupAgro]

Présenté le : [JJ/MM/AAAA]

devant le jury :

[Prénom NOM]

[Prénom NOM]

[Prénom NOM]

Organisme d'accueil : [Institution et Laboratoire]

Maître de stage : [Prénom NOM]

Résumé

[Texte du résumé en français]

Mots clés

[liste des mots clés en français]

Pour citer ce document : [Nom, Prénom, année de soutenance (AAAA). Titre du rapport ou du mémoire. Type de document, diplôme, spécialité, option, L’Institut Agro Montpellier. Nombre de pages.]

[Exemple : Schmidt, Laura, 2022. Titre du mémoire. Mémoire d’Ingénieur Agronome, option Systèmes d’élevage, L’Institut Agro Montpellier, 57 p.]

Abstract

**Title :** [Titre du mémoire en anglais, obligatoire pour les mémoires d’ingénieur et de master]

[Texte du résumé en anglais ou autre langue]

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

[peut prendre plusieurs pages]

1 Introduction 12

1.1 Le blé dur 12

1.2 Le changement climatique 12

1.3 Sélection massale et diversité génétique 13

1.4 L’importance de la morphologie du grain 14

1.5 Question posée 15

1.6 Hypothèses 19

2 Matériel et méthodes 20

2.1 Matériel végétal 20

2.2 Dispositif expérimental 20

2.3 Phénotypage 21

2.4 Analyses 23

2.4.1 Effet de la sélection sur la taille du grain 23

2.4.2 Comparaison de la sélection sur grain et de la sélection sur épi 27

3 Résultats 29

3.1 Impact de la sélection sur la taille du grain 29

3.1.1 Sélection sur grain par tamisage : résultats de l’expérience au champ 29

3.1.2 Résultats pour la sélection in silico 31

3.2 Comparaison de la sélection sur grain et sur épi 33

3.2.1 Commentaire sur l’équation 33

3.2.2 Validation du développement analytique 34

3.2.3 Exploration des paramètres 35

4 Discussion 37

4.1 Retour sur les résultats de sélection 37

4.2 Prise de recul sur l’équation 39

4.3 A qui peut servir l’équation ? 41

4.4 Vers une sélection massale phénomique des grains ? 41

Avant-Propos

[L’avant-propos contient tous les éléments qui peuvent intéresser le lecteur et qui ne concernent pas directement le thème étudié. Par exemple, toutes les informations qui concernent les contextes universitaire et institutionnel du stage.]

Glossaire

[Petit dictionnaire spécialisé pour expliquer les concepts utilisés dans le rapport.]

Sigles et acronymes

[Liste des sigles et acronymes avec au moins leur développé.]

C’est un peu scolaire, si tu rédigeais une publi tu n’aurais pas pris ce plan. Ca serait le meme texte mais placé et orienté différemment

# Introduction

## Le blé dur (change le titre , c’est plat)

Le blé dur (*Triticum turgidum*) est une céréalecultivée pour ses grains majoritairement destinés à l’alimentation humaine. Comme toutes les cultures, elle est impactée par le changement climatique et la demande d’une population croissante, notamment dans la zone MENA (Middle East and Northern Africa (à verifierà. 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). A la base de la filière 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.

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 représente aujourd’hui 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 une céréale pas en France , les semis se font à l’automne, au canada oui et on se demande si ca ne va pas changer ? adaptée à des climats plutôt chauds et secs. Il se sème principalement à l’automne (voilà), a des graines peu dormantes, des besoins de vernalisations quasiment nuls, et supporte mal le froid hivernal (GIE Blé dur, 2017).

## Le changement climatique

Le changement climatique impacte déjà l’agriculture, et ses effets vont s’accentuer dans le futur. 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 vraisembalble 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. Un des leviers mobilisables pour cela est la diversité génétique, à laquelle on accède à travers la sélection variétale. t

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. 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 intraspécifiqiue par les mélanges variétaux, et les variétés populations, au niveau interspécifiques par des cultures associées, , 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 (tu as des refsv ? ) . 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 (ref). 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 intraspécifique 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 elle est adaptée à un mode de sélection participatif ou décentralisé. Néanmoins, le progrès que l’on peut en obtenir par unité de temps est plus faible que le progrès réalisable en sélection conventionnelle (ref ? comparaison ? ) . Il est donc important de bien cibler les traits à sélectionner et de savoir comment les sélectionner. L’objectif du stage est d’étudier l’efficacité de la sélection massale pour les caractéristiques du grain.

Pourquoi le grain ?

## L’importance des caractéristiques du grain (si tu ajoutes proteine et jaune)

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). Les transformateurs apprécient aussi les grains assez gros, car ils ont le meilleur ratio volume/surface et ont donc a priori de meilleurs taux de transfrmation du grain en semoule (rendement semoulier) 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. Cependant, la taille des grains atteignable est limitée. Il existe aussi un compromis entre la taille du grain et le nombre de grains (ref ? ) . La taille du grain est en fait un trait assez peu variable chez le blé cultivé ? (tout de même !! tu exagères pas un peu là ? ), et elle a peu évolué avec la sélection moderne comparé à l’évolution du nombre de grains qui a permis d’obtenir de meilleurs rendements (Sadras, 2007). (je pense que la gamme est assez forte tout de même

C’est un peu contradictoire ici si tu dis que ca n’est pas variable et que tu dises que tu veux sélectionner dessus

De plus, dans un contexte de sélection massale, le grain est un organe de choix pour opérer la sélection. 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 est le plus facile à observer à haut débit (en triant sur la taille avec un tamis par exemple), ce qui est important si l’on doit sélectionner dans un lot important. Enfin, c’est le produit de la récolte, ce qui implique que l’on peut sélectionner après la moisson et 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.

A mon avis en première lecture, je trouve qu’il y a des éléments sympa mais que ca n’est encore assez punchy sur l’ intérêt du grain, sur le fait que mesurer un seul grain ca peut paraître pas assez précis par rapport à des mesures répétés dans la sélection moderne

Je me demande si tu pourrais essayer tout de suite (même avant de parler du blé dur) de faire ressortir cette question : ok pour le début et le fait de décentraliser la sélection classique qui est efficace mais ne permet pas de la faire facilement à la ferme et ne peut pas valoriser les effets terroirs ; reprednre aussi tes arguments sur l’amélioration des populatons pour des objectifs particuliers à chaque paysan/sélectionneur.

Dire ensuite que la sélection massale se fait visuellement soit sur des épis qui permettent de repérer les plantes qui ont bien poussé et ensuite sur de grains pour leur caractéristiques. Mais évidemment la questoipn est de savoir si une observation sur un grain ou sur un épi est informatif sur la qualité génétque des plantes et suffisamment pour produire une modification dans la génération suivante en fonction de la sélection effectuée.

Ensuite tu peux parler du blé dur comme modèle en disant que le grain est super important pour la transfo : taille, texture et teneur en prot

Je pense que c’est ce que tu fais dans le paragraphe suivant

## Question posée (ok pour moi , insère le texte dans un paragraphe introductif sans découper aussi nettement , ca sera plus fluide

***si tu commences par ces questionnements théoriques de la massale sur les espèces qui font des « épis » et qu’ensuite tu passes au blé dur, je me dis que ca peut avoir de la tenue***

***tu peux aussi introduire les principes de la sélection en disant qu’en sélection par troncation on a progres delta G u= h²u iu Sigma\_Pu***

ou u est une unité de sélection sur laquelle on dispose d’une mesure phénotypoque

dans ton cas u peut etre un grain ou un épi et que tu te poses la question de l’évolution des valeurs relative

mais tu ne rentres pas dans les détails , mais tu essaies de faire sentir au lecteur les effets contradictoires entre les i et les h

Pour sélectionner sur les traits du grain, plusieurs options sont envisageables. Il est possible d’observer les grains individuellement après avoir battu les épis et de sélectionner les grains sur leur propriétés individuelles, à travers un sassage par exemple. Il est aussi possible d’observer les grains d’une même famille issu d’épis et de retenir tous les grains d’un épi lorsque la valeur moyene de cette famille est au dessus de la valeur cible ou bien au dessus de la valeur moyenne de la population. celui-ci a assez de grains "satisfaisants". Le blé étant majoritairement autogame (il traine eds estimations de l’allof spontanée dans la littérerur) , dans une population contenant majoritairement des lignées fixées (Enjalbert et David 2000), tous les grains d’un épi ont ungénotype identique ou proche. Sélectionner sur la valeur moyenne des grains d’unépi revient donc à mieux apprécier la valeur génétique des grains indépendamment de leurs valeurs phenotypiques individuelles. Pour comprendre les différences qui existent entre ces deux façons de sélectionner (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 (une individu ou une famille) (l’héritabilité), et l’intensité de sélection appliquée en fonction du nombre d’unités de sélection observées

Pour un trait du grain, la variance observée entre grains provient de à :

* 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’unmême 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 latérales vs fleurs centrales (reference thsèarde Clermont)

Je pense que le modèle que tu présentes ci-dessous devrait figurer dans un chapitre Méthodes vu que la question est posée de manière verbales

Methode :Elaboration d’un indice de comparaison de l’efficacité d’une sélection sur grain vs sur épi

Ces considération amène à modéliser la valeur phénotypque observéer sur un grain individuel de la manière suivante peut donc poser le modèle suivant :

Où :

* est le phénotype d’un grain individuel
* l’effet du génotype i
* l’effet de l’environnement j , attention pourquoi tu notes ca GXE … il peut aussi y avoir un effet E , donc c’est E + GxE
* l’effet de l’épi k au sein du génotype i dans l’environnement j
* un effet résiduelnon expliquée par les autres effets, et se manifestre par la variance intra épi.

En sélection sur grain individuel, on écrit la variance phénotypique du trait comme :

En sélection sur la valeur moyenne d’es grains d’un épi, la variance résiduelle (variance intra-épi) se retrouve donc divisée par le nombre de grains par épi, appelé NGE pour Nombre de Grains par Epi (calculs en annexe). On obtient 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 :

Comme l’héritabilité peut être considérée comme la précision avec laquelle on estime la valeur génétique d’un individu à travers sa valeur phénotypique, on voit qu’en sélectionnant sur les épis, on estime mieux la valeur génétique de chaque grain.

Si tu as bien présenté de manière verbale dans l’intro, tu pourras dire en methode que la modélisation arrive bien à rendre cet attendu.

En prenant l’exemple de la taille du grain, on peut expliquer cela plus intuitivement : la variance intra-épi est telle que tous les génotypes donnent à la fois des gros et des petits grains. Les bons génotypes ont des très gros grains, et des grains plus petits ayant tous une bonne valeur génétique. Les mauvais génotypes ont en moyenne des petits grains mais aussi des grains gros et moyens qui transmettent tous une petite taille au grains de la génération suivante.. En sélectionnant de manière massale sur des grains individuels, les gros grains, une majorité proviendront de génotype à gros grains mais certains proviendront doncde génotypes de petite taille.. En sélection sur épi, la variabilité intra épi ne sera plus aussi importante, et les familles sélectionnées auront de plus grande chance d’avoir une valeur génotypique élevées quelle que soit la taille des grains présents dans ces familles . On est bien dans un cas où l’on estime mieux la valeur de génétique de chaque grain en sélectionnant sur l’épi.

A priori la sélection sur épi apparait comme la meilleure des deux méthodes. Cependant, en replaçant cela dans un contexte oùun 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 .

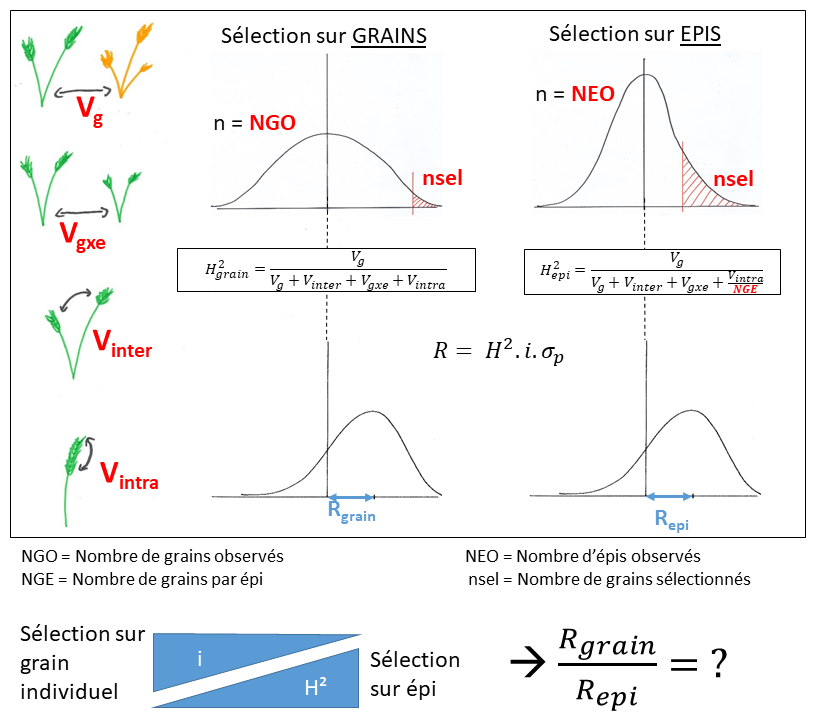
En imaginant un exemple réaliste de sélection sur la taille du grain par tamis, mettons qu’un agriculteur alloue chaque année une surface constante de 100 m² pour améliorer sa population. Avec une densité de semis de 250 grains par m², il lui faut chaque année sélectionner 25.000 grains (nsel = 25.000) pour replanter. Lors de sa récolte, moyennant deux épis par plante et 70 grains par épi (NGE = 70), il obtient 3.500.000 grains (soit 140 kg de grains pour un PMG de 40 grammes). Ces grains sont issus de 50.000 épis. En supposant qu’on puisse passer aisément 140 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 .

Plus la proportion P% est faible, plus l’intensité de sélection est forte (intensité de sélection en unité d’écart-type). l’intensité de sélection possible en sélection sur épi est plus faible que celle d’une sélection sur grain.

Or l’équation du sélectionneur stipule que :

avec R le progrès génétique, i l’intensité de sélection en unité d’écart-type, et l’écart type phénotypique du trait.

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. Ci-dessous un schéma résumant le raisonnement :



En général, la sélection massale ne s’opère pas seulement sur les traits du grain. Lors de programmes de sélection participative, d’autres traits à l’échelle de la plante ont été pris en compte (hauteur, précocité, résistance aux maladies etc…) et la sélection s’opère sur la plante et les épis plutôt que sur les grains (Dawson et al., 2011; Mailhe et al., 2013), ce qui équivaut à une 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 ?

## Hypothèses

est ce que tu gardes cette partie pour la discussion ?

tu peux mentionner qu’il y a eu des études qui ont montré leur efficacité mais tu gardes le tableau pour discuter tes propres résultats ?

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. On y voit l’effet de la sélection sur la taille du grain sur le PMG et sur d’autres caractéristiques du blé :

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Population | Type de sélection | Nombre de cycles | PMG | Rdt | Prot | Précocité | Talles/m² | Grains/epi | hauteur | Référence |
| 3 pop biparentales | Tamisage grain | 2 | +2.4% | +30%/cycle |  |  |  |  |  | (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 |  | +0.5 jour/cycle | +8.4 /cycle | -0.5/cycle | 0 | (Wiersma et al., 2001) |
| 1 pop à 10 parents | Récurrente sur poids du grain | 4 | +7% / cycle | 0 | +1% / cycle | +2% /cycle |  | 0 | 0 | (Busch and Kofoid, 1982) |
| 1 pop à 10 parents | Tamisage grain | 3 | + | + |  |  |  | 0 | + | (Sharma et al., 1995) |

Tableau : Résultats d'études sur la sélection massale pour le PMG dans des populations de blé

Rdt = rendement, Prot = taux de protéines. Un "+" indique une augmentation de la valeur du trait après sélection sur le PMG, et un "-" indique une diminution. 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.

Il semble donc que sélectionner sur la taille individuelle du grain permet de faire varier le PMG, et a tendance à aussi faire varier le rendement. Cependant l’effet de cette sélection sur la morphologie des grains n’a pas été mesuré dans ces études. On s’attend donc à ce que la sélection sur la taille du grain fasse varier le PMG et la taille du grain (car ces traits sont corrélés) mais il est difficile de faire des hypothèses pour d’autres traits.

L’étude menée par Nass (1987) a comparé la sélection sur grain et la sélection sur épi. Leur conclusion a été que la sélection sur grain est plus efficace dans de grandes populations, mais que la sélection sur épi peut être avantageuse dans des populations réduites. Mais il n’existe pas à notre connaissance de cadre théorique permettant de discuter rationnellement de l’efficacité relative de ces deux stratégies

Et du coup tu gardes la partie methodo pour après, tu modifies un peu la figure (tu ne mets pas les formules de H² )

Nous allons voir si cela se vérifie dans nos résultats.

# Matériel et méthodes

deux dispositifs ont été utilisés dans ce travail.Dans le premier, des parcelles ont eté implantées avec des grains soumis à différentes valeurs de taille de grains pour regarder l’efficacité de cette sélection sur la génération suivante. dans le second, 888 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 sélection sur grain et la sélection sur épi, une approche analytique a été menée La formule théorique obtenue a été enfin été utilisée pour explorer les domaines de supériorité des deux types de sélection.

**Conclusion de mes commentaires sur cette partie**

Je pense que tu as tous les éléments, si tu veux donner un aspect plus direct tu peux réflechir à réorganiser l’ordre de présentation des éléments, réflchier à ce que tu gardes de général pour exploquer les idées sans entrer dans les détails de calcul pour les reprendre dans une partie plus methodo ou plus de discussion.

Si tu pars de cette manière tu peux aussi réfléchir à mettre le blé dur à la fin en disant que tu vas explorer la question sur cette espèce dont les traits de grains sont supers importants

## 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 ségrège 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 (donne des references ? il y en a plusieurs Ballini la première, montazeaud , colombo. La population ainsi que les lignées qui en sont extraites sont le matériel végétal de ce stage.

## Dispositifs expérimentaux

1. Dispositf dédié à l’estimation des paramètres de variance

Cent quatre vingt lignées EPO fixées ont été utilisées. Pour chacune, 12 grainsont été retenus pour participer au semis, non cassés et non échaudés. Pour chaque grain, deux spectres NIRS ont été acquis par ASD (acronyme de ? )

Teneur en prot ?

, et ses traits morphologiques ont été mesurés par analyse automatique d’image à l’Optomachine (reference) Une centaine d’indicateurs sont disponibles, notamment sa surface (en mm²). Cette surface est appelée "taille du grain" dans la suite du rapport.

Et le poids ?

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. Les grains ont été collés à sur une bande de papier facilement dégradable avec un empois d’amidon fabriqué à partir de farine pour respecter les distances de semis (les photos sont disponibles si tu veux)

Un semis de rattrapage était prévu au cas 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). La position de chaque génotype dans le bac est connue. Le semis a été fait le 6 janvier 2023. Certains grains n’ont pas germé ou se sont fait manger par des oiseaux. Un deuxième semis a donc eu lieu le 17 février. 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 voisins (comme ce serait le cas si on avait semé les génotypes en lignes). Tu pourras redire ca après : tu t’approcheras de la valeur moyenne en mélange des plantes. 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), Les traitements phyto ont été reduits au minimum (un seul traitement contre l’oidoum, ont-ils été arrosés ?

A reprendre en discusision ce qui place le blé dur dans une situation de stress azoté., ca dépend des reliquat , il faudra qu’on voit avec les données de nirs si les feuilles étaient tres en dessous des valeirs de plantes bien nourrire

2 . Dispositif d’évaluation a posteriori de l’effet de la sélection

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 et non les 180 lignées présentées précédemment. Le semis s’est fait en plein champ dans des micro parcelles de 1.5 m² (quand ? voir Aline, dans un dispositif en bio). 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. Il y a au total 12 micro parcelles dans lesquelles 3 répétitions de chaque traitement ont été placées au hasard.

Du coup on ne retrouve pas cette histoire de passage dont tu parles ensuite dans les modèles

## Phénotypage

Dans les bacs, chaque plante a été mesurée individuellement. Comme la taille de chaque grain planté est connue, en ayant des données individuelles sur la production de chaque grain, on peut voir ce qu’on aurait obtenu en plantant seulement certains grains choisis. Après la récolte, seul le brin maître et son épi ont été gardés pour faire les mesures. Les mesures effectuées sont les suivantes.

* Date d’épiaison en °J ?
* Taux de protéine de la feuille drapeau à la floraison (par NIRS des feuilles)
* Longueur du brin maître, cm entre la base de la tige et la pointede l’épi
* Nombre d’épis par plante
* Nombre de grains par épi
* PMG
* Taux de protéines des grains (par NIRS de tous les grains de l’épi simultanément)
* Taille individuelle de chaque grain
* Taille du plus petit grain
* Taille du plus gros grain
* Taille moyenne des grains
* Variance de la taille des grains (GSV)

Les spectres NIRS des grains ont été acquis avec un spectromètre Perkin-Elmer et les spectres des feuilles par ASD.

Composantes de la variance

Les données acquises dans les bacs permettent d’estimer les composantes de la variance nécessaire à la comparaison des efficacités relatives de la sélegtion grain vs. epi. Afin d’estimer la variance iner-épis intra plante, 35 plantes de chaque bac issues du premier semis (06/01), ont été mesurés pour deux épis pour leur nombre de grain par épi, le PMG, la teneur de protéines et la taille des grains. Ces plantes ont été choisies afin 103 génotypes soient représentés pour couvrir la variance génétique, et que chaque génotype soit présent dans deux bacs différents pour estimer la variance inter-bac). La variance intra-épi a pu être estimée par la mesure individuelle de chaque grain. Toutes ces mesures ont été faite par analyse d’image.

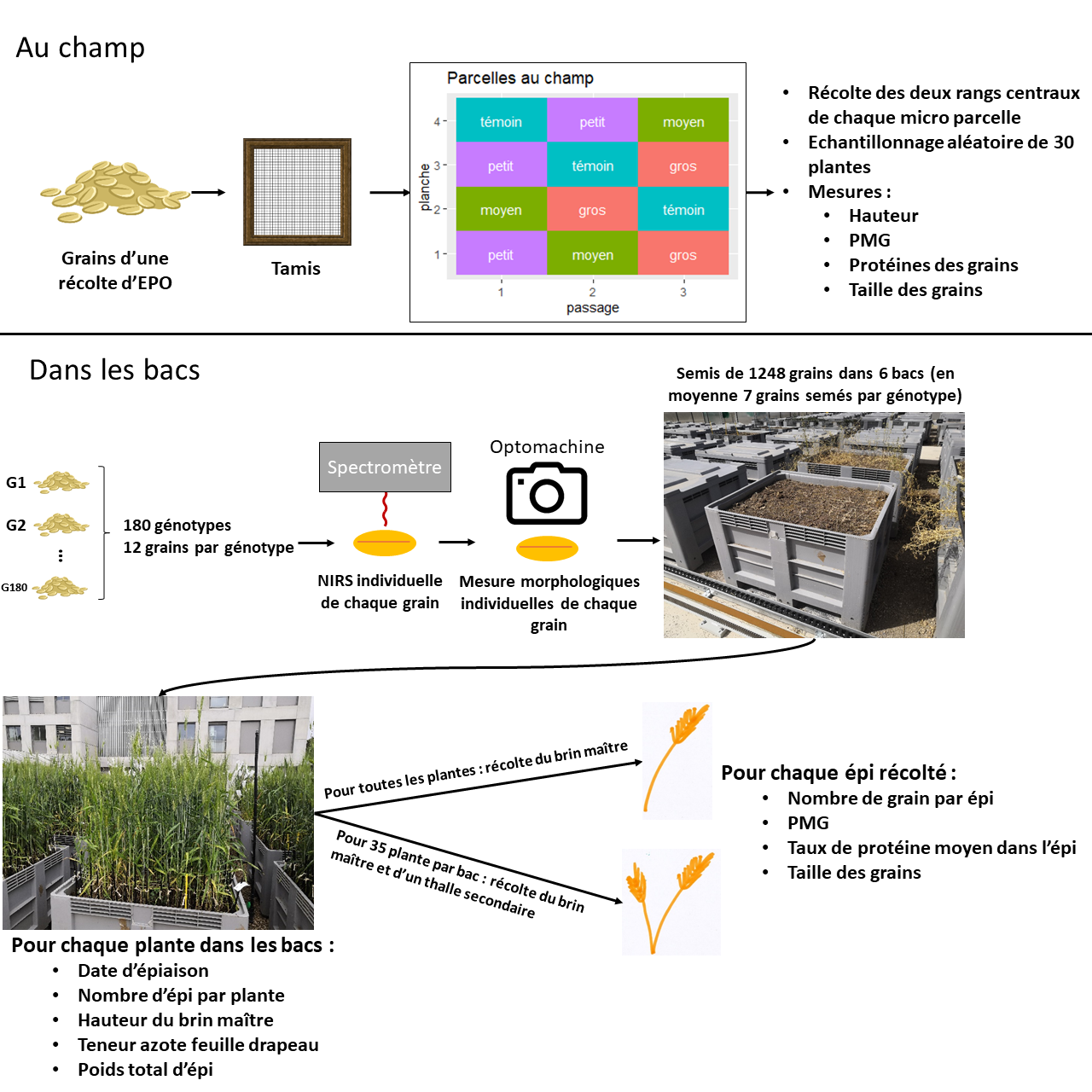
Effet *a posteriori* de la seléction

**Tu devrais regrouper par manip**

Pour les parcelles au champ, les deux rangs centraux de chaque parcelle de 6 rangs ont été récoltés. et 30 tiges avec épi ont été échantillonnées au hasard etmesurées pour

* Hauteur du brin épi compris, , mets les phenotypes en liste et donne leur un acronyme de 3 lettres en majscule , fais le dès le paragraphe précédent
* Taux de protéine des grains (par NIRS des grains épi par épi)
* PMG
* Taille individuelle de chaque grain
* Taille du plus petit grain
* Taille du plus gros grain
* Taille moyenne des grains
* Variance de la taille des grains

Ci-dessous un schéma récapitulant le dispositif expérimental et les données récoltées :



## Analyses

### Effet de la sélection sur la taille du grain

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

la résiduelle tel que

L’hsitoire des passages n’est pas mentionnée dans les méthodes

(les micro parcelles étaient réparties en planches et passages, équivalents à des coordonnées pour repérer leur position. L’effet passage dénote donc un effet spatial. Le modèle a été choisi par sélection de modèle à partir d’un modèle complet contenant aussi l’effet planche. Cela a été fait avec la fonction step disponible dans R, et pour toutes les variables mesurées (PMG, hauteur, taille des grains etc…), l’effet passage était significatif tandis que l’effet planche ne l’était pas). Tu donneras les résultats

L’efficacité de la sélection sera estimee avecles coefficients en choisissant la modalité "témoin" comme référence. Pour tous les traits,, les progrès estimés seront exprimés en pourcentage de la variance calculée dans la population non sélectionnée. (pourquoi pas en ecart type ? R i = (Ti – Tref ) / σ (Tref ? )

Tous non ? les grains semés ont été scannés avant le semis pour chaque modalité. On a donc accès à la moyenne et à la ariance de la taille individuelles des grains semés selon toutes les modalités de sélection. La différentielle de sélection dans la génération initiale (Go) est donc facilement obtenue par la différence standardisée de chaque lot à la référence non triée. Si = (T Go, i – T Go,ref ) / σ (TGo, ref ? )

L’héritabilité réalisée de la taille des grains individuels a été calculée pour ce dispositif en divisant le progrès mesuré Ri par le différentiel de sélection Si. H² =

Pour plus de précisoin on a RGros - RPetit = H² (SGros – Spetit) ???

Pour accéder au différentiel de sélection, les données Optomachine des grains semés ont été utilisées. Ces données donnent accès à la taille moyenne des grains pour chaque modalité et le différentiel se calcul comme la différence entre la taille moyenne des grains tamisés et la taille moyenne des grains non tamisés. On a donc pu calculer un différentiel de sélection pour chaque modalité de sélection.

Simulations de sélection *a priori*

Avec les données des bacs, la sélection a été simulée en ne prenant en compte que les données issues des grains du premier semis, pour éviter des possibles interactions Genotype x date de semisCes données ont donc consitué une population non sélectionnée de 859 individus issus de 177 génotypes. Nous avons simulé la sélection sur grain et la sélection sur la valeur mpyenne par épi, pour tester l’efficacité de ces méhodes sélection, et d’autre part pour les comparer. Pour simuler la sélection sur grain, un nombre nsel de grain à sélectionner a été déterminé et un nouveau tableau de données a été créé, ne contenant que les mesures pour les nsel plus gros grains plantés (on connait la taille de chaque grain planté dans les bacs). Ce nouveau tableau de donnée contenait donc l’équivalent de ce qu’aurait été les données récoltées sur une population ayant subi la sélection sur la taille du grain.

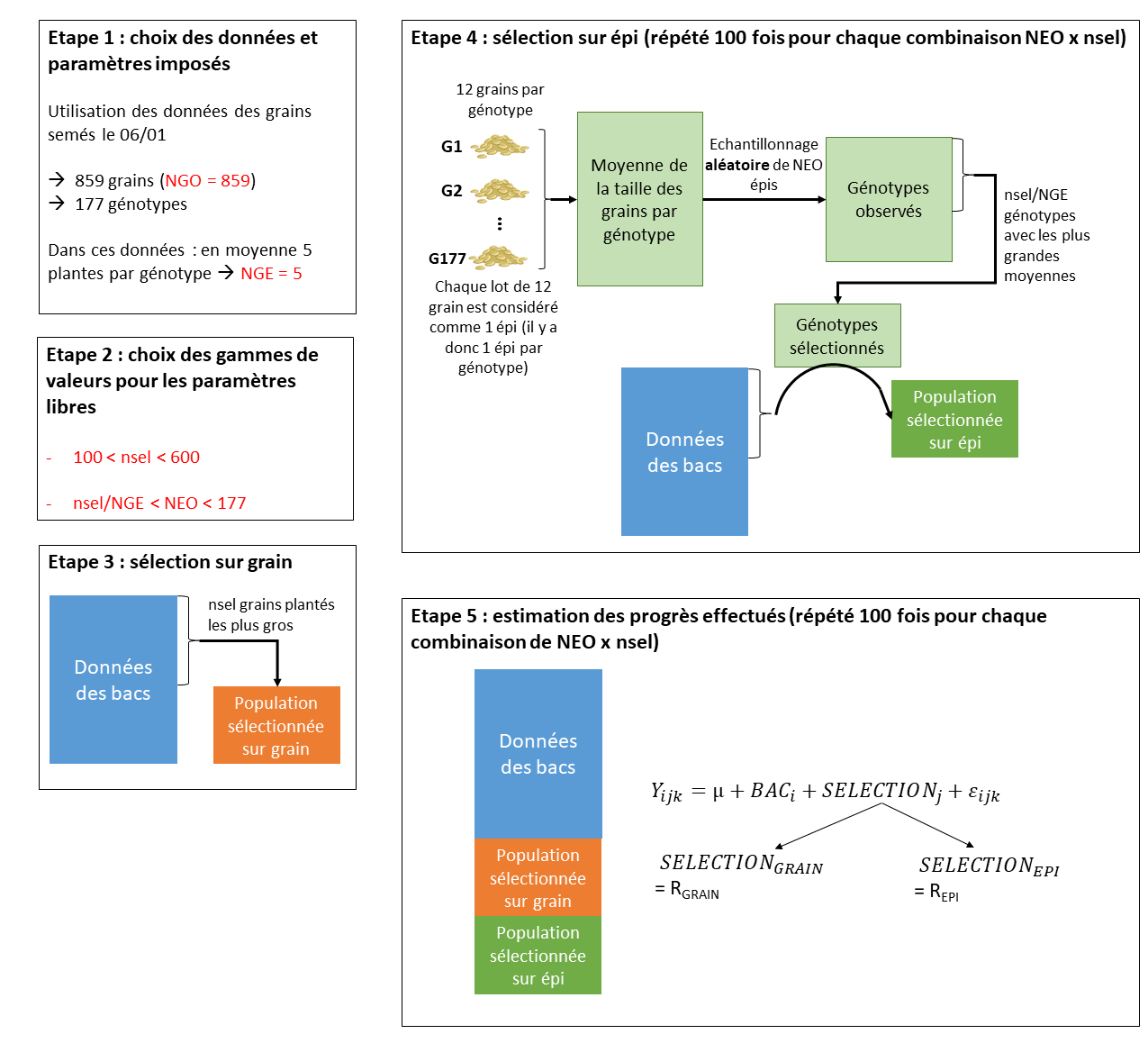
Pour simuler la sélection sur épi, les moyennes ont été calculées par génotype. Nous avons considéré qu’un tel lot de 12 graines s’approchait à la descendance d’un épi bien que ces lots soient issus d’une récolte de ligne complète de plusieurs plantes. Puis, un nombre NEO de ces génotypes a été choisi aléatoirement pour constituer l’équivalent de la population d’épi observée dans laquelle s’opère la sélection (cela permet de simuler le fait qu’on ne peut pas observer tous les épis d’une parcelle en conditions réelles, cf partie question posée). Un nouveau tableau de données a été constitué, ne contenant que les données des génotypes ayant les plus gros grains en moyenne parmi les lots observés, de sorte à ce qu’il y ait assez de génotypes pour avoir nsel grains. Ce tableau correspondait donc aux données qui auraient été récoltées dans une population ayant subie une sélection sur épi.

Ensuite, les 3 jeux de données (données brutes, données sélectionnées sur grain, et données sélectionnées sur lot) ont été concaténés et le modèle suivant a été utilisé pour estimer les progrès effectués :

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

Les progrès effectués sont les coefficients estimés pour la variable SELECTION, et leur significativité a été testée par des tests de Student(après vérification des hypothèses de validité du test. Ces simulations ont été réalisée pour plusieurs valeurs de nsel allant de 100 à 600 grains sélectionnés, et pour des valeurs de NEO allant du minimum de lots à observer pour obtenir nsel grains à 177, qui est le nombre de genotypes total utilisé dans la population non sélectionnée. Comme le hasard intervient dans le choix de la population d’épis observés, 100 tirages ont été effectué pour chaque modalité nsel x NEO de sorte à obtenir une valeur moyenne du progrès effectué. L’effet de la sélection a été estimé de cette façon pour tous les traits mesurés sauf la taille individuelle des grains (une autre méthode légèrement différente a été utilisée pour ce trait). Ci-dessous un schéma explicatif :

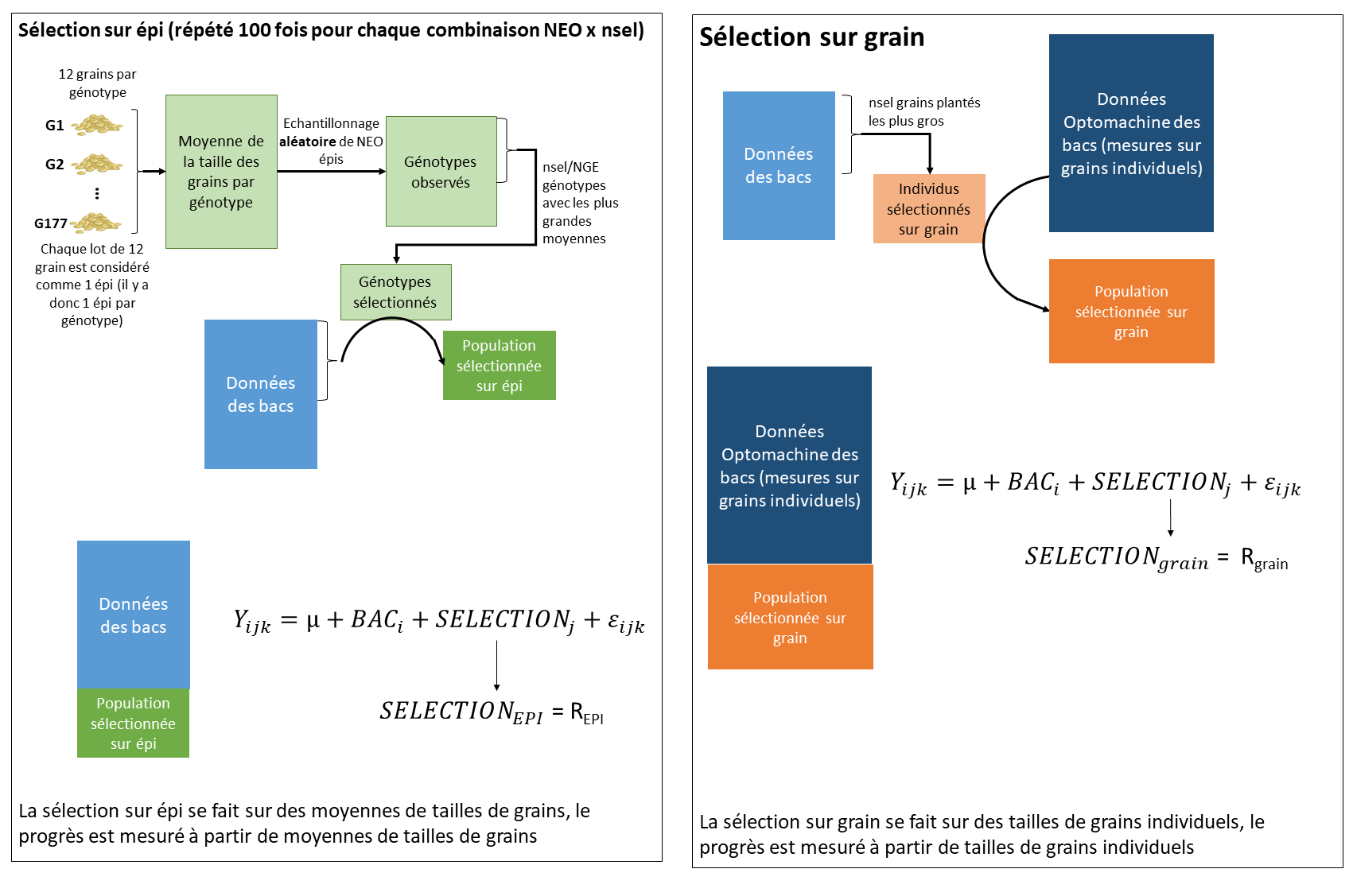


Pour la taille individuelle des grains, le progrès ne peut pas être estimé de la même manière car les données des bacs ne contiennent que des moyennes de taille de grain par épi et pas des données sur les grains individuels. Les mesures de taille des grains individuels étaient tout de même disponibles car les grains de chaque épi ont été mesurés individuellement par Optomachine. Pour être le plus proche possible de la situation décrite dans la partie question posée, le progrès sur grain individuel doit être calculé par rapport aux mesures de grains individuels dans la population non sélectionnée, et le progrès sur épi doit être mesuré par rapport aux mesures de moyenne des épis dans la population non sélectionnée. Pour ce faire, une démarche similaire a été utilisée avec ces différences :

Est-ce qu’on peut vire tout ce paragraphe ?

Pour la taille individuelle des grains L’estimation des progrès sur grain et sur épis ont été faites de la manière suivante Pour la sélection sur grain, les données de la population non sélectionnée étaient les données acquises par Optomachine après la récolte des bacs. Les données de la population sélectionnée étaient un sous ensemble de ces données Optomachine des bacs ne contenant que les individus qui auraient été sélectionnés.

L’estimation du progrès avec la sélection sur épi s’est faite de la même manière que pour les autres traits car les données des bacs contiennent bien des moyennes de taille de grain par épi. Ci-dessous un schéma explicatif :



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

Considérons 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. Le nombre de grains observés en sélection sur grain (NGO), et le nombre d’épi observés en sélection sur épi (NEO) sont deux paramètres du modèle. On fixe un nombre de grains à sélectionner pour semer la génération suivante (nsel), le même pour la sélection sur épi et la sélection sur grain. Le modèle a comme paramètres supplémentaires le nombre de grains par épi (NGE), la variance génétique du trait ainsi que la variance environnementale liée à l’hétérogénéité de la parcelle (acronym), la variance inter épi au sein d’une même plante (idem), et la variance intra épi (idem). Pour comparer l’effet des deux sélections, on obtient le rapport entre le progrès effectué avec la sélection sur épi Repi et le progrès effectué avec la sélection sur grain Rgrain avec la formule suivante (détail des calculs en annexe x) :

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

Vgxe : 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.

Regroupe tout sans sauter de ligne, tu vas gagner de la plance

Ceq ui est important c’est la gamme de valeurs que tu vas explorer

validation

Pour vérifier la capacité prédictive de cette équation, les progrès estimés par sélection *in silico* pour la taille des grains individuels et les résultats des calculs théoriques ont été confrontés pour des valeurs de paramètres communes :

Validation sur données expérmentales

Pour valider sur nosn données réelles, NGO NGO=859). NGE NGE=5. Les valeurs de NEO et nsel utilisées dans la sélection *in silico* ont été reprises à l’identique pour les calculs.

Déplacer dans la partie de bacs

es composantes de la variance dans les bacs pour la taille des grains sont basées sur les données des plantes pour lesquelles deux épis ont été mesurées. Les variances ont été estimées avec le modèle suivant :

Avec : y a pas le bac ?

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 (un peu confusif.. )

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

la résiduelle qui contient la variance intra-épi

Pour chaque jeu de paramètres pour laquelle la sélection *in silico* a été réalisée, la corrélation de Pearson entre les résultats théoriques et empiriques a été calculée. la moyenne des 100 répétitions réalisées pour chaque sélection *in silico*, a été utilisée comme la valeur expérimentale à comparer à l’attendu théorique

Explotation de situation en condition paysannes

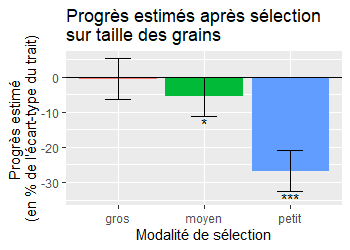
’équation a permis d’explorer les domaines d’efficacité relative des deux méthodes de sélection Nous avons fait varier NEO de 500 à 5000, nsel de 10.000 à 100.000, NGO de 10.000 à 5.000.000, et NGE de 40 à 80. Nous avons fait l’hypothèse que les valeurs variances estimées dans les bacs avait une réalité au champ et ont servi de bases aux calculs.

# Résultats

## Impact de la sélection sur la taille du grain

### Sélection sur grain par tamisage : résultats de l’expérience au champ

En regardant les différences des tailles de grains individuels entre les populations non sélectionnées et les populations sélectionnées on obtient des résultats suivants :



Nom de la figure et légence

Pourquoi il y a des barres ? c’est pour les différentes parcelles ?

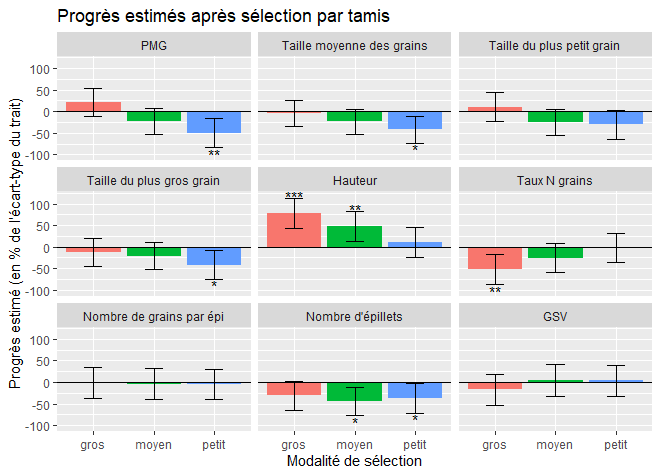
La sélection de de gros grains n’a pas significativement impacté la taille des grains par rapport à la référence, et la sélection de grains moyens a peut-être eu un impact (p-value = 0.04). La sélection de petits grains en revanche a permis de réaliser un progrès significatif estimé à -27% de l’écart type du trait dans la population non sélectionnée. Ci-dessous un tableau récapitulant les héritabilités réalisées pour ce trait et les intensités de sélection appliquées :

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

Numero et lagende du tableau

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. (tu veux dire la différentiele ? ) 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.

Pour les traits mesurés sur les plantes (et non sur les grains individuels), on obtient les résultats suivants :



Pour les traits liés à la taille des grains, on observe également un effet de la sélection des petits grains pour réduire la taille/le poids des grains (PMG = -50%, taille moyenne = -41%, taille du plus gros grain = -41%). 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 = +78%, taux N grain = -53%).

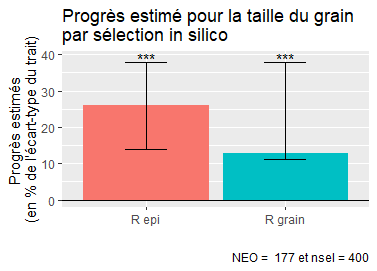
Du coup les gros grains étaient issus de plantes grandes à la génération d’avant si bcp de variance entre la taille des plnates, et donc leur descendnatq ne peuvent pas autant profiter de la compet avec les petits si il n’y a plus que des grands ?

Il faudrait regarder les variances de la taille alors ?

Donner la formle analytiuqe ?

### Résultats pour la sélection in silico

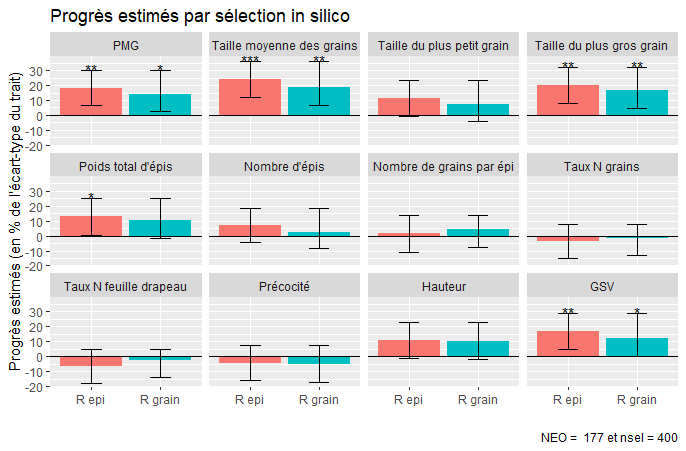
les résultats obtenus pour le nombre d’épi observé le plus grand possible (NEO = 177) permettent la plus grande intensité de sélection possible sur épi. Nous avons choisi un nombre de grains sélectionné (nsel) à 400. ce qui correspond à une faible intensité de sélection (859 grains observés au maximum), mais permet de bien estimer les progrès réalisés car il y a beaucoup d’individus. Pour l’effet de la sélection sur la taille des grains :on obtient la figure XX



Contrairement aux résultats de l’expérience au champ, la sélection *in silico* de gros grains a permis de réaliser un progrès significatif sur la taille des grains. Ben pas sur, ici tu calcules le progrès sur la valeur moyenne , pas les valeurs individuelles d’un grain dans un épi ? il faudrait que tu compares au pmg..

Dans l’exemple pris pour les résultats, la sélection sur épi a permis une augmentation de 26% de la taille moyenne des grains des épis mesuré en l’écart-type de la taille moyenne des grains des épis dans la population d’épis non sélectionnés (houla c’est compliqué , ca devrait pas etre cette variane la ), et la sélection sur grain a permis une augmentation de +13% de la taille des grains individuels (par rapport à l’écart-type de la population de grains individuels non sélectionnés, du coup ‘est pas les memes variance ? pas bon ca ,il faudrait une seule reférence). 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).

En ce qui concerne les traits mesurables à l’échelle de la plante (et non à l’échelle du grain individuel), les résultats sont les suivants :



Les traits impactés par la sélection *in silico* ont donc été le PMG, la taille moyenne des grains (donne les pval) , la taille du plus petit grain, la taille du plus gros grainLe poids total d’épis par plante est plus légèrement plus agugmenter dans la descendances des gros grains sélectionnés (pval ?) . Enfin, la variance de la taille des grains au sein d’un épi (GSV) semble également impactée par la sélection sur la taille des grains (dans que sens ? ). 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.

(et dans ce cas, ca peut difficilement seulement etre un effet de compétiton car les grains de la GO ont été obtenus dans des dispositifs avec moins de compétition (demandéer a Aline mais il se pourrait qu’ils viennent de grandes parcelles)

Pour les autres traits, aucun changemeent indirect significatif n’a été observé quelles que soient les valeurs de NEO et nsel.

L’effet d’une sélection sur épi est proportionnel à NEO, et leur efficacigté est de plus en plus nette et significatives à mesure que nsel est faible, ce qui est logique. Parmi toutes les combinaisons testées, on observe que le PMG et les tailles moyennes, maximum et minimum des grains sont toujours impactés par la sélectionsur grain et pas toujours par la sélection sur épi lorsque NEO devient trop faible.

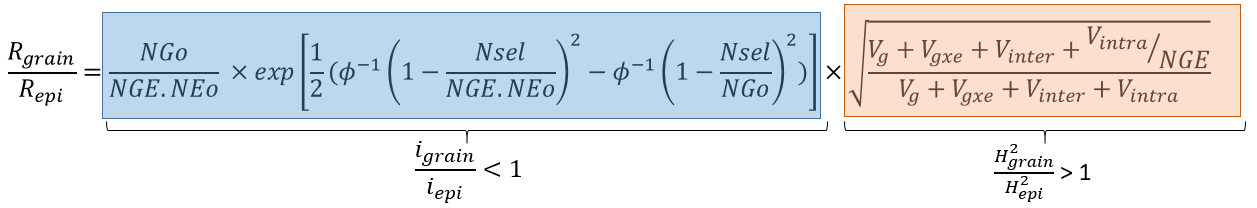
## Comparaison de la sélection sur grain et sur épi

### \*

### Tu pourrais mettre ici le résultats eds calcul et donner l’équiation ici

### Comportement dans l’espace de paramètre

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 multiplié par le rapport des héritabilités sur grain et sur épi. 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.

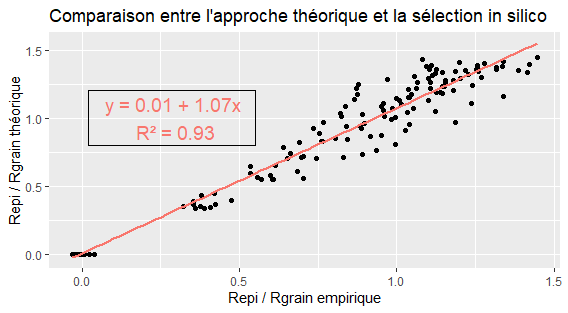
attention au signe des inégalités

De plus, il faut aussi remarquer que le terme du rapport d’héritabilité contient un rapport d’accuracy de prédiction si l’on veut utiliser une méthode de prédiction des traits du grain qui puisse être appliquée soit sur le grain individuel soit sur l’épi. On peut notamment penser à la prédiction phénomique sur le spectre d’un grain ou sur le spectre moyen de grains d’un épi. Ce sujet sera plus amplement abordé en discussion.

### Confrontation au réel

### du développement analytique

nous avons vérifié que la formule X était cohérente avec les données expérimentales (figure XY):



L’alignement est excellent (R²=0.93)et apparait non biaisé (non vérifié). Néanmoins, cette corrélation a été obtenue avec des valeurs assez irréalistes de paramètres (NGE=5, NGO=859, un épi par génotype). On ne sait donc pas si l’équation garde son pouvoir prédictif pour des valeurs de paramètres réalistes et il reste à la valider avec des experimentations identique à celle réalisée au champ qui fournisse des résultats *a posteriori*. 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 Vgxe). Nous avons tout de même considéré que ce résultat justifie qu’il est possible d’explorer les combinaisons de paramètres pour savoir dans quelle situation utiliser quel type de sélection.

### Exploration des pratiques de sélection

Pour se représenter différentes situations possibles en sélection, la valeur du rapport R\_grain/R\_epi a été calculée et représentée (fig ZZZ) 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 des bacs (rappelle les ici et les commenter, tu n’as pas dit quelle était la source la plus importante de variance , je ne crois pas que tu en aies déjà parlé

.

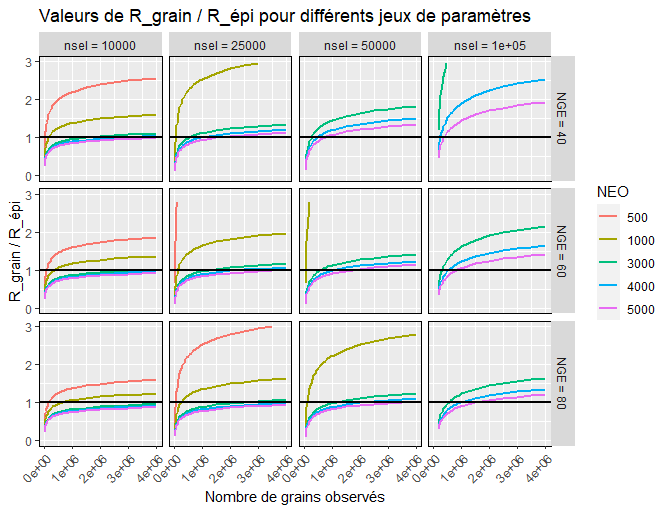


Fig ZZZ

C’est quand meme bizarre que le classement en fonction des valeurs de NEO ne soit pas comme attendu pour moi

Je me serai attendu que plus NEO est grand plus la sélection sur épi est efficace et ca n’est pas le cas dans tes grahes..

Est-ce que mettre une échelle log en x serait intéressant ?

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 egal) et que l’intensité de sélection approche des des valeurs les plus extrêmes que l’on peut obtenir (4 et quelques). 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. 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 pourcentageDe 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 et passe par une phase de multiplication de sa population améliorée chaque année pour le semis de l’année suivante (avec un taux de multiplication de 60, une année de multiplication nécessite à peu près 0.2 ha permet de replanter une quinzaine d’hectares). Dans ce cas, le nombre de grains observé (trié) serait de l’ordre de 600.000 grains pour un NGE de 60. 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 pour sélectionner directement dans sa récolte de l’année. Ce changement de surface lors de la sélection permet 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. (un schéma stp ) 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 entre 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 réelletandis que la sélection de gros grain a également fonctionné en sélection *in silico*. On pourrait peut-être attribuer cela au fait qu’en sélection *in silico*, les phénotypes des plantes sont mesurés dans une population non 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.

La relation avec la taille des grains et la compétition dans la pop EPO

Tu peux dire aussi que l’expérimetntation en sélecton reele n’était pas d’une très grande qualité, beaucoup d’effets de microparcelles se sont manifestée (invasion de lapins, infestation de mauvaise herbe etc) Elle n’était peut etre pas d’une grande puissance et il serait intéressant de continuer cette expérimentation durant quelques années pour chacune des populations fondées et en les sélectionant de la meme manière , rejoigant en cela l’experimetnation fondatrice de Johannsen sur les haricots

Tu peux aussi discuter cette histoire de grandes plantes

Cependant, les résultats de sélection *in silico* concordent plus avec les résultats trouvés dans la littérature que les résultats de sélection réelle. Etant donné que la taille des plus petits grains des épis n’a pas été affectée par la sélection de petits grains, on peut donc peut-être attribuer les résultats de la sélection réelle à des conditions de culture stressantes. (ou alors les grains de taille extreme , petit ou grand , sont surtout du a des variation intra epi. Ces métrques ont des comportements pas facile a comprendre, il y a tout une théorie sur la comparaison de min et de max que tu n’as pas regardé ici, encore une fois veux tu garder ces deux caractères ? As-tu appris qq chose d’important avec eux ?

Les stress auraient empêché les génotypes capables de produire de gros grains d’atteindre leur potentiel maximal tandis que les génotypes produisant de plus petits grains auraient moins souffert. (peux tu t’appuyer sur une littérature , la thèse de CF ? ) Il aurait fallu mesurer le nombre et le poids total de grains des plantes pour pouvoir creuser dans cette direction.

Cela étant dit, la sélection massale paysanne est plutôt à même d’être utilisée dans des systèmes où les conditions de culture sont justement stressantes. Ces résultats reflètent donc peut-être une certaine réalité de terrain et sont intéressants de ce point de vue. Je ne sais pas ce que tu as conclu en fait…

On peut aussi imaginer que l’intensité de sélection sur grain n’ait en fait pas été assez forte sur l’expérience de sélection réelle. En effet, la variance intra-épi de la taille des grains (tu n’en as pas parlé ) 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. (c’est peu probable quand meme , les différentielles de sélection sont importante)

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 (tu n’en as pas parlé exlicitment dans les résultats) . Aucune étude précédente à notre connaissance n’a mesuré l’effet de la sélection sur la taille du grain individuel et 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 Béral, (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 des grains sur l’exterieur de l’épillet). Il en découle mécaniquement que les épis portant des grains individuels de grande taille 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 (Beral et al., 2020). (et toi ? quelle valeur ? ) 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).

Tu pourrais proposer de regarder la corrélation génétique entre la taille des grains et la GSV , d’apres ce que tu dis c’est physio.. Mais tu peux mentionner qu’il y a des archicteture d’épi et d’épillets notamment compactum qui pourrait jouer génétiquement sur cette relation

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. Et ?

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.

Utiliser le grain pour sélectionner d’autres traits ?

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 chez les agriculteurs d’après nos connaissances..

Même si dans certaines situations la sélection sur épi devient meilleure 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.

En fait tu as laissé de coté l’autre trait pour lequel ca aurait valu le coup de faire une sélection , ce sont les protéines…

As-tu des résultats de sélection in silico ?

DE tels investissemt pourraient toutefois intéreresser les sélectionneurs dans les premières génération 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 construite une équation qui prenne en comte le compromis que l’on veut prendre en compte.

Une autre amélioration possible est que l’équation suppose que l’on a le moyen de mesurer précisément des traits de grains individuellement et de faire la moyenne de ces mesures épis par épis. (non on pourrait avoir une estimation de la valeur miyenne directement, coimme avec le spectre nirs)

Il n’existe pas de machine ou de méthode permettant de faire cela à haut débit à notre connaissance. Mais cette démarche va etre entreprise dans le projet Bbsocoul de mon laboratoire d’accueil ( ;-) Cela implique qu’une sélection des meilleurs épis se ferait par une estimation visuelle de la moyenne de l’épi si l’on veut observer assez d’épis pour la sélection, ce qui est imprécis. Cela pourrait être pris en compte dans l’équation en rajoutant une composante de variance liée à cette erreur de mesure (dans le terme de rapport es héritabilités). Dans le cas de la sélection sur la taille du grain, on peut supposer que cela désavantagerait grandement la sélection sur épi car le tamisage des grains offre normalement une sélection assez précise. En revanche, pour une sélection sur d’autres 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. Dans ce cas, l’erreur de mesure deviendrait un facteur négligeable face aux différences d’intensités de sélections liées au différences entre le débit de mesure que l’on peut avoir sur grain ou sur épi (NGO élevé et NEO faible). Enfin, la prise en compte des imprécisions de mesures dans la variance des traits observés implique de pouvoir estimer cette composante de la variance ce qui n’est pas trivial *a priori*. Tu peux dire que ton equation peut facilement explorer de telles situations , la clefs est que l’h² des grains ne soit pas trop faible

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 pour la phénomique 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.

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 aiguiller 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.

Cette page est un exemple de page au format paysage.

La pagination est mise automatiquement et surtout elle est bien orientée.

N’abusez pas de cette présentation.

Quel que soit le style de page, il faut toujours essayer d’adapter la forme du message au format utilisé pour l’édition. Prévoir des tableaux et des figures qui restent lisibles sans empiéter sur les marges qui sont réservées au lecteur.

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].

Beral, 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

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

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

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.

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

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

Annexes

[Si le nombre des annexes est trop important, on peut faire un sommaire des annexes.]

1. [titre de la première annexe]

[Les annexes peuvent être numérotées différemment du corps du mémoire.]

[Modèle de quatrième de couverture pour l'impression papier]

Résumé

[Texte du résumé en français]

Mots clés

[liste des mots clés en français]

Pour citer ce document : [Nom, Prénom, année de soutenance (AAAA). Titre du rapport ou du mémoire. Type de document, diplôme, spécialité, option, Institut Agro | Montpellier SupAgro. Nombre de pages.]

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

Exemples de logos des établissements partenaires ou des structures d’accueil à rajouter le cas échéant sur la page de couverture

Logos partenaires









