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

[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 obligatoire]

par [Prénom NOM]

Année de soutenance : [AAAA]

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 11

1.1 Le blé dur 11

1.2 Le changement climatique 11

1.3 Sélection massale et diversité génétique 12

1.4 L’importance de la morphologie du grain 13

1.5 Question posée 14

2 Matériel et méthodes 18

2.1 Matériel végétal 18

2.2 Dispositif expérimental 18

2.3 Phénotypage 19

2.4 Analyses 20

2.4.1 Effet de la sélection sur la taille du grain 20

2.4.2 Comparaison de la sélection sur grain et de la sélection sur épi 22

3 Résultats 24

3.1 Morpho du grain 24

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.]

# Introduction

## Le blé dur

Le blé dur (*Triticum turgidum*) est une céréale de la famille des poacées. 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 de printemps adaptée à des climats plutôt chauds et secs. Il se sème principalement à l’automne, a des graines peu dormantes, des besoins de vernalisations quasiment nuls, et supporte mal le froid hivernal (GIE Blé dur, 2017).

Le blé dur serait le résultat de la sélection à partir de *Triticum dicoccum*, lui-même issu de la domestication de *Triticum dicoccoides*, une espèce apparue suite à un événement d’allopolyploïdisation entre *Triticum uratu* et une espèce inconnue probablement proche de *Aegilops speltoides*. Cet événement d’allopolyploïdisation entre deux espèces diploïdes se serait produit entre -500 000 et -150 000 ans. Le génome du blé dur est donc tétraploïde et comporte 7 tétrades, soit 28 chromosomes en tout. La forme non sélectionnée du blé dur (*T. dicoccum*) aurait donné naissance au blé tendre par un deuxième événement d’allopolyploïdisation avec *T. tauschii* il y a à peu près 10 000 ans. Le blé serait une des premières céréales cultivée dans le croissant fertile au moment de la révolution néolithique (Charmet, 2011).

## 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 se peut 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.

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. Ce paradigme est 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 plébiscitée par certains chercheurs (Dawson and Goldringer, 2012).

La biodiversité végétale peut être mobilisée de différentes façon par les agriculteurs : mélanges variétaux, cultures associées, variétés populations, ou 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. 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. 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, 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 n’est pas encore une solution viable pour les agriculteurs car des blocages techniques, économiques et réglementaires existent. Parmi les blocages techniques, la méthodologie et les critères de sélection pour l’utilisation de la biodiversité sont encore à étudier.

La sélection massale est une technique de sélection qui s’inscrit dans la démarche de diversification au niveau intra spécifique. Elle peut permettre de maintenir et gérer une population, et est adaptée à un mode de sélection participatif ou décentralisé. Néanmoins, le progrès que l’on peut en obtenir par unité de temps est plus faible que le progrès réalisable en sélection conventionnelle. Il est donc important de bien cibler les traits à sélectionner et de savoir comment les sélectionner. L’objectif du stage est d’étudier plusieurs aspects de la sélection massale dans une population de blé dur.

## L’importance de la morphologie du grain

La taille des grains individuels et le poids de mille grains (PMG) sont des traits importants de la qualité. En effet, il sont liés au rendement semoulier, à la texture et la couleur de la semoule et des pâtes (Wang and Fu, 2020). La masse individuelle des grains a aussi une importance sur l’établissement du rendement en conditions de stress thermique post floraison (Sharma et al., 2008), et sur la vigueur germinative, ce qui peut impacter indirectement le rendement (Finch-Savage and Bassel, 2016). Il a même été montré qu’à génotype constant, un semis constitué de gros grains avait un meilleur rendement qu’un semis constitué de petits grains (Donald, 1981 cité dans Sadras, 2007). C’est donc un trait intéressant à sélectionner dans un contexte d’agriculture à bas intrants et de sélection massale car c’est une sélection sur le rendement, la résistance à un stress et 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. Cependant, la taille des grains atteignable est limitée. Il existe aussi un compromis entre la taille du grain et le nombre de grains. La taille du grain est en fait un trait assez peu variable chez le blé, 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).

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.

## Question posée

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 aspect individuel. Il est aussi possible d’observer les grains par famille en observant les épis et en sélectionnant tous les grains d’un épi lorsque celui-ci a assez de grains "satisfaisants". Le blé étant majoritairement autogame, dans une population contenant des lignées fixées sans gènes de stérilité mâle, tous les grains d’un épi ont le même génotype. Sélectionner sur l’épi revient donc à sélectionner les grains sur la valeur moyenne de leur génotype indépendamment de leurs valeurs individuelles. Pour comprendre les différences qui existent entre ces deux façons de sélectionner, il faut s’intéresser aux facteurs importants en sélection : la variance du trait sélectionné, la précision avec laquelle une mesure phénotypique permet d’estimer la valeur génétique de l’individu mesuré (l’héritabilité), et l’intensité de sélection appliquée.

Pour un trait du grain, la variance que l’on peut mesurer entre différents grains est liée à :

* La variance génétique qui existe entre deux grains de génotypes différents (toute chose égale par ailleurs)
* La variance environnementale qui existe entre deux grains de même génotype ayant poussé dans des conditions différentes
* La variance inter-épi qui existe entre deux épis d’une même plante pour des raisons physiologiques
* La variance intra-épi qui existe entre des grains d’un même épi pour des raisons physiologiques également.

On 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
* l’effet de l’épi k au sein du génotype i dans l’environnement j
* la résiduelle qui contient la variance non expliquée par les autres effets, donc la variance intra épi.

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

Mais en sélection sur épi, on observe les moyennes des grains par 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. 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 des petits grains et des grains gros et moyens qui ont tous une mauvaise valeur génétique. Les gros grains des mauvais génotypes peuvent être plus gros que les petits grains des bons génotypes. Ainsi, en sélectionnant sur grains individuels, on risque de sélectionner à la fois de très gros grains de bonne valeur génétique et des gros grains de mauvaise valeur génétique. En revanche en sélection sur épi, on aura plus tendance à sélectionner des très gros grains et des petits grains de bonne valeur génétique (car on garde tout l’épi) et à éliminer des grains gros et moyens de mauvaise valeur génétique. On est bien dans un cas où l’on estime mieux la valeur de génétique de chaque grain en sélectionnant sur l’épi.

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

En sélection sur grain individuel, il est aisé de traiter un très grand nombre de grains, par exemple avec un tamis pour sélectionner sur la taille du grain, où un trieur optique. On peut donc imaginer passer toute une récolte au tamis et ne récupérer que les 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. Sans équipements, 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 .

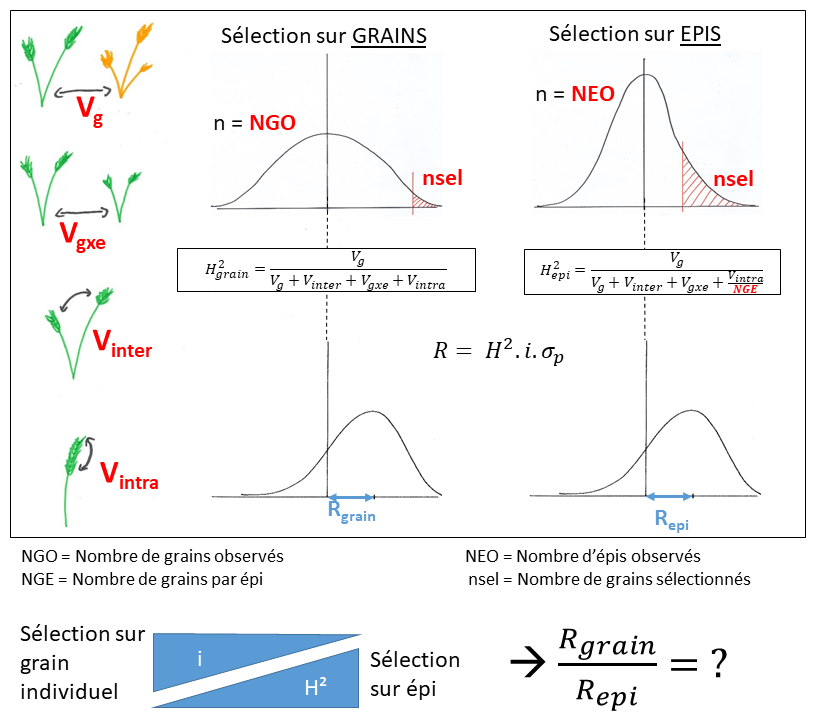
En imaginant un exemple réaliste de sélection sur la taille du grain par tamis, mettons qu’un agriculteur alloue chaque année une surface constante de 100 m² pour améliorer sa population. Avec une densité de semis de 250 grains par m², il lui faut chaque année sélectionner 25.000 grains (nsel = 25.000) 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). On voit donc qu’il semble que l’intensité de sélection possible en sélection sur épi soit bien plus faible que l’intensité de sélection possible en 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 :

* Comment la sélection massale sur la taille du grain impacte la population ? Est-ce possible de sélectionner uniquement sur le grain ?
* Dans quelles conditions est-il préférable de sélectionner sur grain ou sur épi ?

Recherche selec massale : sur tamis mais selection participative le plus souvent sur épi.

# Matériel et méthodes

Pour savoir si la sélection massale sur la taille du grain fonctionne, deux méthodes seront utilisées. En premier lieu, des parcelles où une sélection a été effectuée avant le semis permettrons de mesurer l’effet de la sélection. Puis, des simulations *in silico* de sélections ont été effectuées en utilisant des données acquises sur des blés ayant poussés dans des bacs.

Pour comparer la sélection sur grain et la sélection sur épi, une approche analytique a été menée pour trouver une formule permettant de faire la comparaison. Les résultats donnés par cette formule ont été comparés aux résultats trouvés en sélection *in silico* et la formule a été utilisée pour explorer les conditions pour lesquelles la sélection sur grain ou la sélection sur épi est plus efficace.

## Matériel végétal

Le matériel végétal utilisé durant ce stage est la population de blé dur 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. La population ainsi que les lignées qui en sont extraites sont le matériel végétal de ce stage.

## Dispositif expérimental

Le dispositif expérimental est en deux partie, une au bâtiment ARCAD (10 rue Arthur Young, 34000, Montpellier, France), et l’autre à Mauguio (coordonnees gps). A ARCAD, 6 bacs de 1 mètre carré ont été semés avec les 180 lignées EPO. Pour chacune de ces lignées, des lots de 12 grains ont été choisis pour participer au semis. Sur chaque grain, deux spectres NIRS ont été acquis par ASD, et chaque grain a été mesuré à l’Optomachine pour avoir ses caractéristiques morphologiques. L’Optomachine est un appareil qui prend des photos de grain et calcule par analyse d’image un centaine d’indicateur pour chaque grain présent sur la photo. La caractéristique morphologique utilisée pendant le stage est la surface que le grain occupe sur l’image, que l’Optomachine mesure en mm². Cette surface est ce qui sera appelé "taille du grain" dans la suite du rapport.

Dans chaque bac, 208 grains ont été semées (13 lignes et 16 colonnes) en répartissant au hasard les génotypes. Tous les grains semés sont issus des lots précédemment évoqués. 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 pour combler les trous avec les grains qui restaient dans les lots de départ. Le fait de semer les génotypes de façon "mélangée" complique énormément l’acquisition des données mais permet d’obtenir les valeurs des génotypes en population, et non en monoculture ou avec un nombre restreint de voisin (comme ce serait le cas si on avait semé les génotypes en lignes). Cela permet également d’observer l’ensemble des génotypes au moins une fois dans chaque bac. Enfin, chaque bac a reçu 30 unités d’azote (à quel moment), ce qui place le blé dur dans une situation de stress azoté.

A Mauguio, le blé planté est directement issu de la population EPO et non des 180 lignées extraites. Le semis s’est fait en plein champ dans des micro parcelles de 1.5 m² (quand ?). Avant le semis, les grains ont été tamisés avec des mailles de 34 et 35 mm. Ils ont été séparés entre les "gros" (>35 mm), les "moyens" (34< <35), et les "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.

## Phénotypage

Dans les bacs, chaque plante a été mesurée individuellement de sorte à pouvoir simuler la sélection sur la taille du grain. 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. Pour chaque plante, 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
* Taux de protéine de la feuille drapeau à la floraison (par NIRS des feuilles)
* Longueur du brin maître entre la base de la tige et la pointe de l’épi
* Nombre d’épi par plante
* Nombre de grains par épi
* PMG
* Taux de protéines des grains (par NIRS de tous les grains de l’épi simultanément)
* Taille du plus petit grain
* Taille du plus gros grain
* Taille moyenne des grains
* Variance de la taille des grains

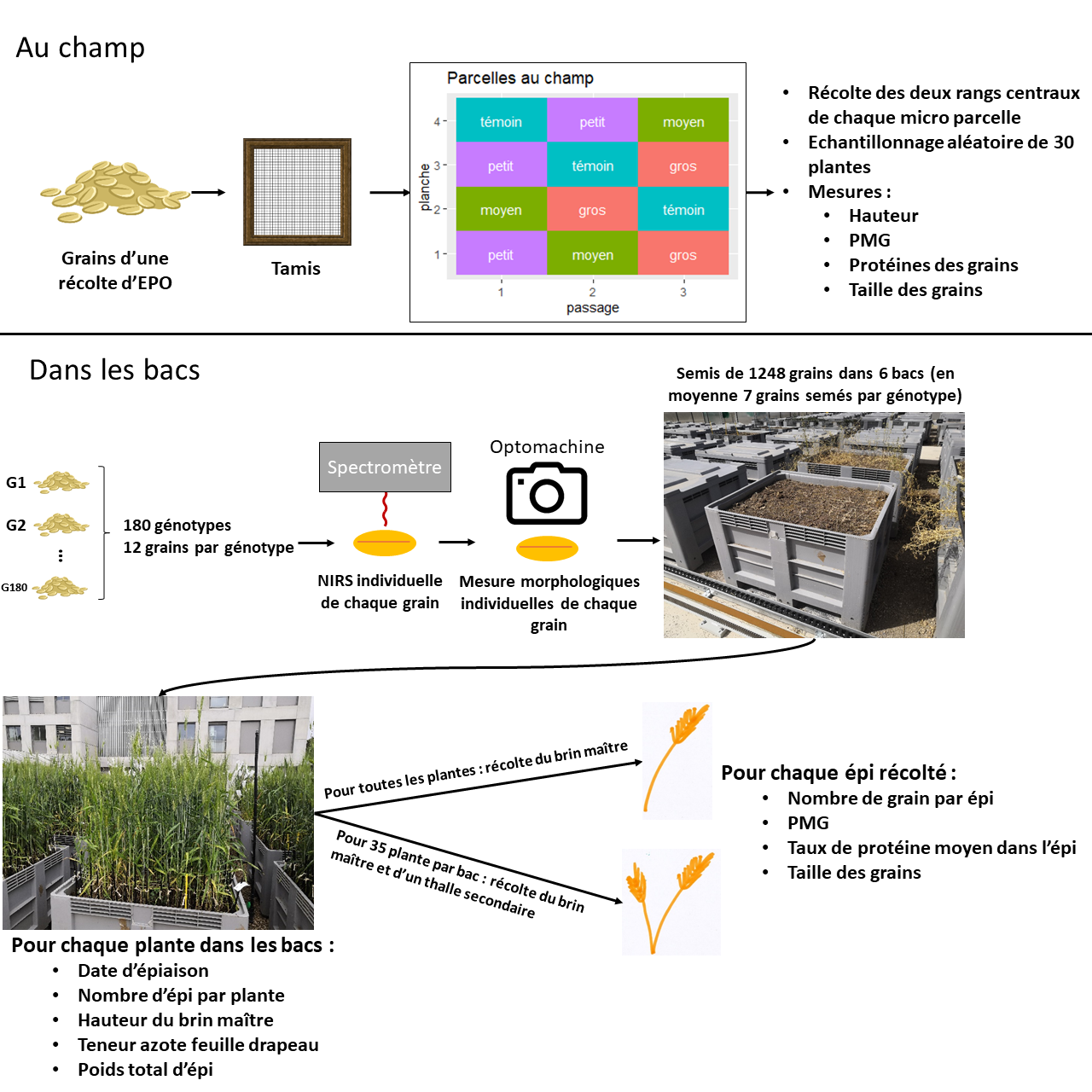
Les spectres des grains ont été acquis avec un spectromètre Perkin-Elmer et les spectres des feuilles par ASD.

Les bacs ont aussi permis d’estimer les différentes composantes de la variance évoquées plus tôt. Dans chaque bac, pour 35 plantes par bac issues du premier semis (06/01), le nombre de grain par épi, le PMG, le taux de protéines et la taille des grains ont été mesurés pour deux épis par plante au lieu d’être seulement mesurés sur le brin maître (pour estimer la variance inter-épi). Les 35 plantes par bac ont été échantillonnées de manière à ce que 103 génotypes soient représentés (pour estimer la variance génétique), et que chaque génotype soit présent dans deux bacs différents (pour estimer la variance environnementale). La variance intra-épi a aussi pu être estimée car chaque grain a été mesuré individuellement au sein d’un épi.

Pour les parcelles au champ, les deux rangs centraux de chaque parcelle ont été récoltés. Pour chaque parcelle, parmi ces rangs centraux, 30 brins ont été choisies au hasard et les mesures suivantes ont été effectuées :

* Hauteur du brin
* Taux de protéine des grains (par NIRS des grains épi par épi)
* PMG
* Nombre d’épillets
* 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

(les micro parcelles étaient réparties en planches et passages, équivalents à des coordonnées pour repérer leur position. L’effet passage dénote un gradient 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).

Dans ce modèle, on estime le progrès grâce aux coefficients des en choisissant la modalité "témoin" comme référence. Après avoir estimé les progrès effectués et leur significativité, des tests de Tuckey ont été effectué pour comparer les modalités de sélection deux à deux.

L’héritabilité réalisée a été calculée pour ce dispositif en divisant le progrès mesuré par le différentiel de sélection. Pour accéder au différentiel de sélection, une partie des grains tamisés et non tamisés ont été mesurés à l’Optomachine pour chaque modalité. On a alors accès à la taille moyenne des grains pour chaque modalité et le différentiel se calcul comme la différence entre la taille moyenne des grains sélectionnés et la taille moyenne des grains non sélectionnés. On a donc pu calculer un différentiel de sélection pour chaque modalité de sélection.

Avec les données des bacs, la sélection a été simulée en ne prenant en compte que les données issues des grains du premier semis, car la date semis a eu un effet très fort sur les phénotypes des plantes. Nous avions donc une population non sélectionnée de 859 individus issus de 177 génotypes. Nous avons simulé la sélection sur grain et la sélection sur épi, pour voir d’une part si la sélection a un effet, et d’autre part pour comparer les deux méthodes de sélection. Pour simuler la sélection sur grain, un nombre nsel de grain à sélectionner a été déterminé et un nouveau tableau de donnée 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.

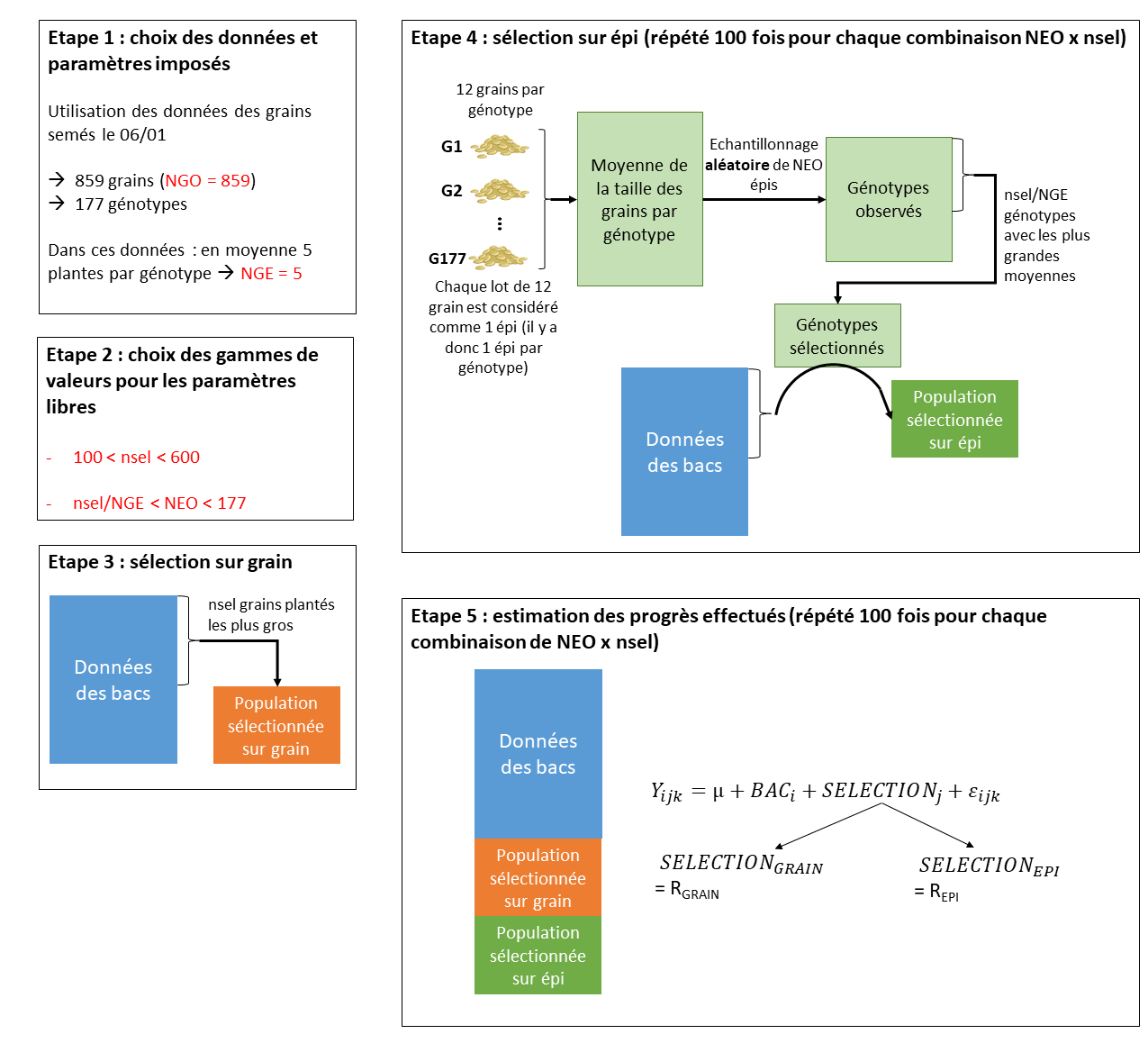
Pour simuler la sélection sur épi, les moyennes des lots constitués avant le semis (cf partie dispositif expérimental) ont été calculées génotype par génotype. Nous avons considéré qu’un lot correspondait à un épi, et que l’on avait un épi par génotype. Puis, un nombre NEO de ces génotypes a été choisi 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 et 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 a 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 lots total utilisé dans la population non sélectionnée. Comme le hasard intervient dans le choix de la population d’épi observé, 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 sur la taille du grain a été estimé pour tous les traits mesurés (taille du grain, PMG, hauteur, taux de protéines etc…) en sélection sur grain et en sélection sur épi. Dans cette démarche, une hypothèse a été faite : les plantes se comportent de la même façon dans une population non sélectionnée et dans une population où une sélection a eu lieu malgré les différences de diversité génétiques. Ci-dessous un schéma explicatif de la sélection *in silico*.



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

Pour répondre à cette question, une approche analytique a été utilisée. Cette approche suit la logique du raisonnement effectué dans la partie "Question posée".

On considère une parcelle où la sélection sur grain est appliquée et une parcelle 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 planter la génération suivante (nsel), le même pour la sélection sur épi et la sélection sur grain. Le modèle prend aussi en compte le nombre de grains par épi (NGE), la variance génétique du trait ainsi que la variance environnementale liée à l’hétérogénéité de la parcelle, la variance inter épi au sein d’une même plante, et la variance intra épi. Pour comparer l’effet des différentes sélections, on calcule le rapport entre le progrès effectué avec la sélection sur épi et le progrès effectué avec la sélection sur grain avec la formule suivante (détail des calculs en annexe) :

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.

Pour vérifier la capacité prédictive de cette équation, les des simulations sur les données des bacs concernant la taille des grains et ceux des calculs théoriques ont été confrontés pour des valeurs de paramètres communes :

NGO est le nombre de grains présent dans la population soumise à la sélection *in silico* (NGO=859). NGE correspond au taux de multiplication d’un épi. Dans la population utilisée pour la sélection *in silico*, le nombre moyen de grains de chaque génotype planté est de 5. Nous avons donc pris NGE=5 dans les calculs. Les valeurs de NEO et nsel utilisées dans la sélection *in silico* ont été reprises à l’identique pour les calculs.

Il a ensuite fallu estimer les composantes de la variance dans les bacs pour la taille des grains. En utilisant les données des plantes pour lesquelles deux épis ont été mesurées, les variances ont été estimées avec le modèle suivant :

Avec :

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

µ la moyenne des observations

l’effet de génotype i

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

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

la résiduelle qui contient la variance intra-épi

Pour chaque jeu de paramètres pour laquelle la sélection *in silico* a été réalisée, un calcul analytique correspondant a donc été fait, et la corrélation entre les résultats théoriques et empiriques a été calculée (corrélation de Pearson). Comme 100 simulations de sélection ont été réalisées pour chaque combinaison de paramètres, la moyenne des 100 répétitions a été utilisée comme valeur pour comparer les résultats des simulations aux calculs théoriques.

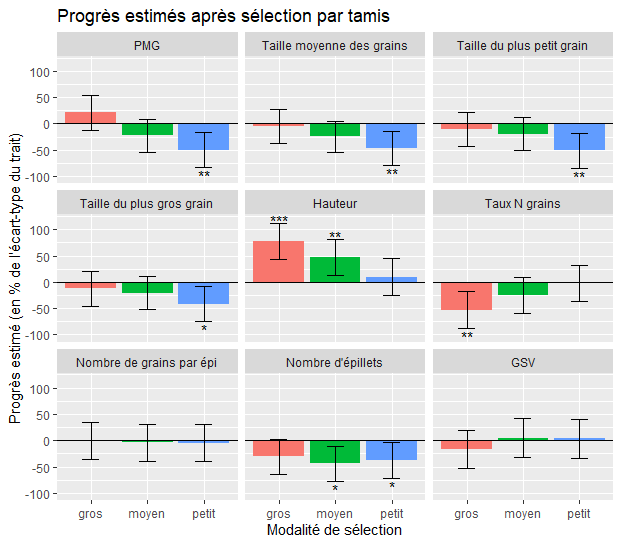
Après cela, l’équation a été utilisée avec des combinaisons de paramètres plus réalistes pour pouvoir savoir sous quelles conditions un type de sélection serait meilleure que l’autre. Pour cette exploration, nous avons fait varier NEO de 10 à 3000, nsel de 100 à 100.000, NGO de 10.000 à 1.000.000, et NGE de 20 à 100. Nous avons fait l’hypothèse que les variances estimées dans les bacs pouvaient correspondre à une réalité au champ et avons utilisé ces valeurs de variance dans les calculs.

# Résultats

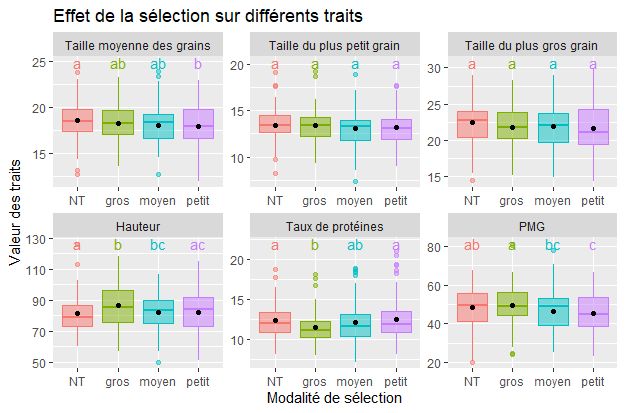
## Impact de la sélection sur la taille du grain

### Sélection sur grain par tamisage

Au champ, les traits impactés par la sélection sur la taille du grain ont été le PMG, le taux de protéine, et la hauteur des plantes. La taille des grains elle-même ne semble pas avoir été impactée. Ci-dessous un graphique récapitulant le progrès effectué sur 6 traits :



On voit que pour le PMG et la taille des grains, la sélection des petits grains semble avoir eu un impact tandis que la sélection des gros grains non. A l’inverse pour la hauteur des plantes et le taux de protéines des grains, la sélection des gros grains semble avoir eu un impact mais pas la sélection des petits. Enfin, on voit que la sélection n’a pas eu d’impact sur le nombre de grains par épi, la variance de la taille des grains dans l’épi ou le nombre d’épillets (les trois modalités ont des progrès proches). Pour comparer entre elles les modalités de sélection, des tests de Tuckey ont été réalisés :



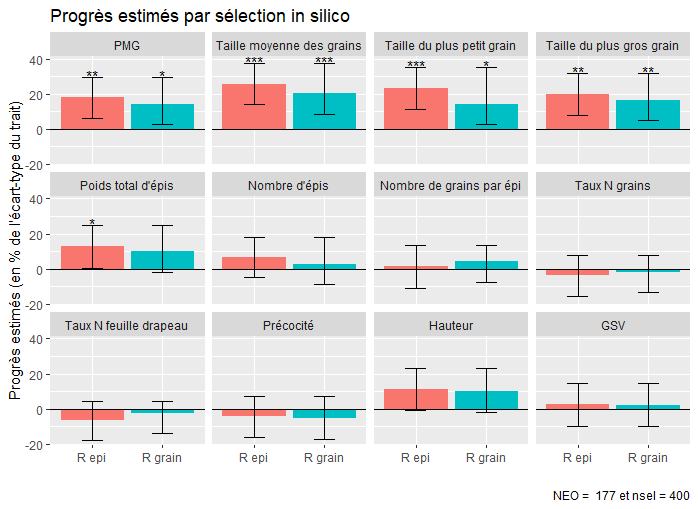
On constate que l’effet de la sélection sur la taille des grains n’est pas marqué car il n’y a pas de différences significatives entre les modalités de sélection à part la différence entre le grains petits et non triés pour la taille moyenne des grains. Pour le PMG, la hauteur et le taux de protéines, on voit que les différences significatives se trouvent entre les plantes issues de gros grains et les plantes issues de petits grains. Cela montre bien un effet de la sélection. De plus, on constate des résultats plutôt attendus : Les gros grains ont donné un PMG et une hauteur plus élevés, un taux de protéines plus faible que les grains non triés. Les petits grains ont donné un PMG plus faible que les grains non triés, une hauteur plus basse que les gros grains, et un taux de protéine supérieur aux gros grains.

Pour confirmer qu’un progrès a bien été effectué, les héritabilités réalisées ont été calculées. Ci-dessous un tableau récapitulant les valeurs calculées :

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|  | gros | moyen | petit |
| Taille moyenne des grains | -0.023 | 1.095 | 0.207 \*\* |
| Taille du plus petit grain | -0.064 | -0.109 | -0.419 \*\* |
| Taille du plus gros grain | -1.744 | 0.287 | 0.12 \* |
| PMG | 0.11 | 0.761 | 0.233 \*\* |

### Sélection in silico

La sélection sur grain et la sélection sur épi ont été simulée par *in silico*. On regarde donc l’effet de la sélection selon les deux méthodes. Différentes simulations ont été faites pour différentes combinaisons de paramètres (nombre d’épi observés x nombre de grains sélectionnés). Pour voir s’il y a bien un effet nous avons choisi de regarder les résultats pour le nombre d’épi observé le plus grand possible (NEO = 177) car c’est ce qui permet d’avoir la plus grande intensité de sélection possible en sélection sur épi. Nous avons choisi un nombre de grains sélectionné à 400. Comme la population non sélectionnées compte 859 grains, sélectionner 400 grains n’amène pas à une forte intensité de sélection, mais permet de bien estimer les progrès réalisés car il y a beaucoup d’individus pour faire l’estimation. Les traits impactés par la sélection ont donc été le PMG, la taille moyenne des grains, la taille du plus petit grain et la taille du plus gros grain. Ci-dessous, un graphique représentant le progrès effectué en sélection sur grain ou en sélection sur épi pour tous les traits mesurés.



Des résultats similaires sont obtenus en regardant le progrès effectué avec d’autres paramètres. La sélection sur épis perd en significativité lorsque NEO baisse, et les deux méthodes de sélections sont de plus en plus significatives à mesure que nsel est faible, ce qui est logique. Ainsi, le PMG et les tailles moyennes, maximum et minimum des grains sont toujours impactés par la sélections sur grain par pas toujours par la sélection sur épi lorsque NEO devient trop faible.

### Conclusion partielle sur l’effet de la sélection sur la taille du grain

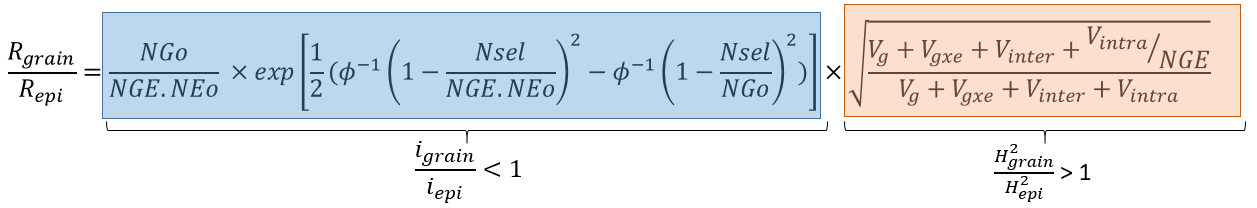
L’effet de la sélection est ambigu sur le PMG et la taille du grain en elle-même. Il y a un effet clair en sélection *in silico*, mais en sélection réelle par tamis, il semble que seule la sélection des petits grains permette de réduire le PMG et les tailles moyenne, minimum et maximum des grains d’un épi. Cela n’est pas très intéressant dans l’optique de sélectionner pour obtenir de plus gros grains. De plus, la sélection sur la taille du grain ne semble pas impacter la variance intra-épi pour la taille du grain. Enfin, il y a aussi un effet ambigu sur la hauteur des plantes et le taux de protéines de leurs grains. La sélection de gros grains par tamis a permis d’augmenter la hauteur des plantes et de diminuer le taux de protéine des grains de la génération suivante mais pas la sélection *in silico*. Pour la précocité, le poids total d’épis, le nombre d’épis et le taux d’azote dans la feuille drapeau, seule la sélection *in silico* a été réalisée, et ces traits ne semblent pas impactés par la sélection.

## Comparaison de la sélection sur grain et sur épi

Pour comparer la sélection sur grain et la sélection sur épi, le développement analytique a été utilisé. Mais en premier lieu nous avons vérifié que ce développement analytique donnait des résultats cohérents avec les données récoltées.

### Commentaire sur l’équation

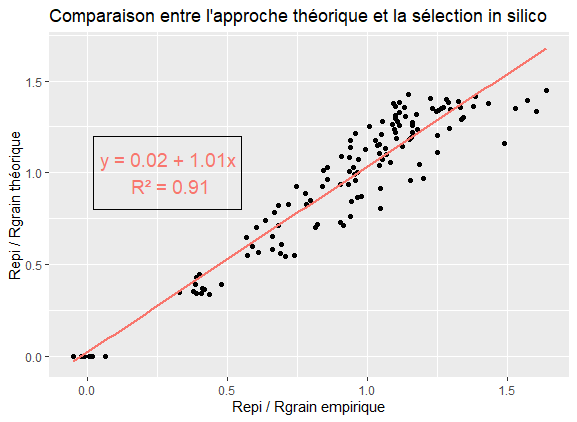
Il est important de voir que l’équation développée reste une multiplication de de membres : le rapport des intensités de sélection appliquées sur grain et sur épi multiplié par le rapport des héritabilités sur grain et sur épi. Comme de façon générale et que on retrouve bien le compromis entre l’intensité de sélection réalisable et la précision de l’estimation de la valeur des grains.



De plus, il faut aussi remarquer que le terme du rapport d’héritabilité peut aussi contenir 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.

### Validation du développement analytique

Le résultat de la comparaison entre les résultats des simulations et les résultats des calculs est le suivant :



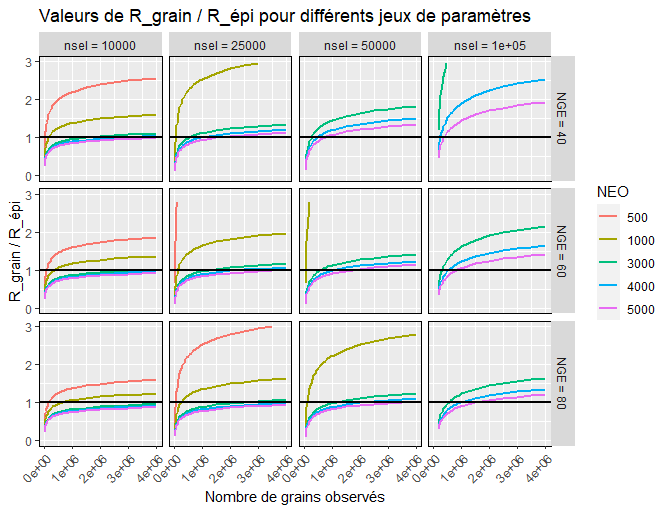
Le carré du coefficient de corrélation entre les résultats théoriques et empiriques est de 0.91 et les points s’alignent globalement sur la droite y=x (l’intercepte n’est pas significativement différent de 0). Il semble donc que le développement analytique permet de prédire assez correctement et sans biais le rapport entre le progrès effectué en sélection sur grain et le progrès effectué en sélection sur épi. 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 a le même pouvoir prédictif pour des valeurs de paramètres réalistes et il faudrait la valider totalement en sélectionnant réellement sur grain et sur épi au champ. Une telle expérience serait assez lourde à mener étant donné l’effort à faire pour sélectionner sur épi et pour récolter les données permettant d’estimer les paramètres de la variance phénotypique (Vg, Vinter, Vintra 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 paramètres

Pour se représenter différentes situations possibles en sélection, la valeur du rapport R\_grain/R\_epi a été calculée et représentée pour différentes combinaisons de paramètres :

* nsel allant de 400 à 1.000.000
* NGO allant de 10.000 à 5.000.000
* NEO allant de 100 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. Ci-dessous, un graphique représentant le rapport R\_grain/R\_epi en fonction du nombre de grains observés pour les différentes valeurs de nsel, NEO et NGE.



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 le rapport et grand. Cela est logique car plus on observe de grains, plus on peut aller loin dans l’intensité de sélection sur grain, plus R\_grain augmente. 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. De même plus NEO est grand, plus le rapport est bas, car plus on peut observer d’épis, plus on peut aller loin dans l’intensité de sélection sur épi, plus R\_epi augmente.

Pour bien utiliser ces résultats, il faut comprendre et imaginer à quelle situation réelle peut correspondre chaque jeu de paramètres. Prenons par exemple la colonne nsel = 10000. Ce nombre de grain sélectionné correspond à une faible 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 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. 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).

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

Le meilleur rapport en faveur des grains est de … et en faveur des épis est de …

# Discussion

## Retour sur les résultats de sélection

Parler du GSV de l’attendu tout ça

## Prise de recul sur l’équation

Dans le cadre du stage, l’équation a seulement été utilisée pour la taille du grain car c’est le seul trait pour lequel nous avons pu estimer les composantes de la variance nécessaires pour les calculs. Cependant, cette équation peut 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, cette équation pourrait être améliorée. Une des améliorations les plus évidentes est la prise 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 avoir une équation spécifique pour chaque 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. Il n’existe pas de machine ou de méthode permettant de faire cela à haut débit à notre connaissance. 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 et que l’erreur de mesure devienne 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*.

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 pour utiliser l’équation. L’estimation de ces paramètres requiert un travail conséquent et/ou l’utilisation de technologie avancée (Optomachine) 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. 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.

+ comparaison avec breeding normal

La sélection sur épi est en un sens un début de modernisation de sélection massale. En effet c’est un premier pas vers la sélection moderne où l’on observe des traits moyens de génotypes dans plein d’environnements.

+ traits quali ?

+ marche pour sélection par troncation mais montré que conserver diversité avec optimal cross marche mieux que troncation (selection sur index)

## A qui ça sert ?

Est-ce que c’est possible de passer 3 milliard de grains au tamis ?

Dans quels situations, quels cas réalistes ?

Pour agri selection sur grain ok et choix de methode de selec

Pour selectionneurs : nouveau tru en deux parties

Pour programmes de selection massael participative (+ difficultés liées goldringer et tout le 4.3 là) et en plus on peut rajouter phenomique là dedans

## Phénomique

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 de grandes perspectives pour la sélection sur grain. En effet, 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.

(à mettre dans à qui ça sert, et mettre partie à qui ça sert après la phénomique ?)

Ouais c’est bien de parler de ça après les bulks ou quoi ça justifie bien l’usage pour les sélectionneurs.

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.

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

Charmet, G., 2011. Wheat domestication: Lessons for the future. C. R. Biol., On the trail of domestications, migrations and invasions in agriculture 334, 212–220. https://doi.org/10.1016/j.crvi.2010.12.013

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.

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).

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

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.

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

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

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.

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









