

Estimation de l'aptitude à la culture en mélange chez le blé



Contexte

- **Agroécologie → levier diversité cultivée**
- **Intérêt des mélanges variétaux :**
 - stabilisation de la production
 - régulation des maladies aériennes
 - contrôle des adventices
 - meilleure utilisation des ressources
 - effet tampon vis à vis des stress abiotiques
 - intérêt accru en bas intrants, bio (hétérogénéité intra-parcelle)
- **Comment assembler les variétés ? Quels génotypes ?**

Contexte

- **Intérêt des mélanges**
- Mais utilisation de variétés caractérisées en pur
- Or performances en mélange pas toujours corrélées à celles en pur
→ **aptitude à la culture en mélange**
- Par ailleurs, variétés **sélectionnées** en/pour culture pure
- **Objectifs :**
 - Long terme : schémas de **sélection** adaptés
 - Moyen terme : identifier les **traits** associés à l'aptitude au mélange (stage Maxime Dairon, M2)
 - Court terme : développer des méthodes et **dispositifs** pour estimer et prédire l'aptitude au mélange

Problèmes et objectifs

- **Estimer et prédire l'aptitude au mélange**
de nombreux génotypes
 - Nombre important de combinaisons à tester
 $2^n - (n+1)$ combinaisons possibles
Pour $n = 10$: *1013 mélanges !* dont $n(n-1)/2$: *45 binaires*
- **développer modèles et dispositifs**

Méthode

- **Analogie avec l'aptitude à la combinaison pour les hybrides**
- Principe :
 - plan diallèle ou factoriel,
 - Prédire l'aptitude générale au mélange des génotypes (**GMA**)
 - Prédire les « meilleures » combinaisons de génotypes (aptitude spécifique au mélange, **SMA**)
- Validation

GMA et SMA : principe

Federer et al 1982

Diallèle :

	G1	G2	G3	G4	G5
G1	Y_{11}	Y_{12}	Y_{13}	Y_{14}	Y_{15}
G2	Y_{21}	Y_{22}	Y_{23}	Y_{24}	Y_{25}
G3	Y_{31}	Y_{32}	Y_{33}	Y_{34}	Y_{35}
G4	Y_{41}	Y_{42}	Y_{43}	Y_{44}	Y_{45}
G5	Y_{51}	Y_{52}	Y_{53}	Y_{54}	Y_{55}

 GMA_1

- Exemple : 5 Génotypes cultivés en mélanges binaires → 10 mélanges
- General Mixing Ability** : Performance moyenne d'un génotype dans les mélanges binaires

$$GMA_1 = (Y_{12} + Y_{13} + Y_{14} + Y_{15}) / 4 - \mu_m$$

- Specific Mixing Ability** : Écart de la performance d'un mélange par rapport à ce qui est prédit sur la base des GMA (= écart à l'additivité)

$$SMA_{12} = Y_{12} - \mu_m - (GMA_1 + GMA_2) / 2$$

- Performance du mélange 1,2 : $Y_{12r} = \mu_m + (GMA_1 + GMA_2)/2 + SMA_{12} + E_{12r}$
- GMA** pour la part additive, et **SMA** pour modéliser les interactions

GMA et SMA : principe

Federer et al 1982

Diallèle :

	G1	G2	G3	G4	G5
G1	Y_{11}	Y_{12}	Y_{13}	Y_{14}	Y_{15}
G2		Y_{22}	Y_{23}	Y_{24}	Y_{25}
G3			Y_{33}	Y_{34}	Y_{35}
G4				Y_{44}	Y_{45}
G5					Y_{55}

 **GMA₁**

- **General Mixing Ability** : Performance moyenne d'un génotype dans les mélanges
- **Specific Mixing Ability** : Écart de la performance d'un mélange par rapport à ce qui est prédit sur la base des GMA
- Rendement du mélange 1,2 : $Y_{12} = \mu_m + (GMA_1 + GMA_2)/2 + SMA_{12} + E_{12}$
- Mélanges binaires, proportions égales. Mais application possible sur diallèle partiel et sur mélanges d'ordre supérieur (+ de 2 composants)
- Référence : moyenne en mélange \neq pur (approche « overyielding ») → prédictions
- Estimations et prédictions relatives au panel testé
- Si **culture des pures** : décomposition de la **GMA** : **GYA + TGMA** avec GYA : General Yielding Ability (en pur) et TGMA : True General Mixing Ability (réponse en mélange)

Approche

- Estimer GMA et SMA
 - dispositif : **mélanges binaires** (combinaisons structurées sur la base des clusters) (*essais Moulon 2014-2015*)



- Valider les mélanges prédits sur les GMA
 - comparer en parcelles agronomiques les « bons » et les « mauvais » mélanges prédits sur les GMA (*essais Moulon 2015-2016*)

Dispositif mélanges binaires

- Parcelles de 7m², 2 répétitions. *Essais Moulon 2014-2015, azote réduit*
- 25 génotypes en pur** (5 géno x 5 cluster, T. Pommier et al)
+ 75 mélanges binaires : 25 intra et 50 inter-clusters

	2_V1	31_V2	41_V3	33_V4	40	35	38	37	45	56	50_V10	53_V11	52_V12	44_V9	55	15_V13	28_V14	4_V15	8_V16	3	24_V5	26_V6	19_V7	49_V8	27
	Atigo	Thémie	F426	A22	A398	A208	A243	F236	Rouge_Saint_P		Hermes	Maxi	Ritter	Blé_AutRouge	Rouge_Grapeli	Solsons	Arezzo	Boregard	Apache	Renn	Sierzo	Midas	Aluda	Sogood	
	G1	G1	G1	G1	G1	G2	G2	G2	G2	G2	G3	G3	G3	G3	G3	G4	G4	G4	G4	G4	G5	G5	G5	G5	G5
2_V1	Atigo	G1																							
31_V2	Thémie	G1																							
41_V3	F426	G1																							
33_V4	A22	G1																							
40	A398	G1																							
35	A208	G2																							
38	A243	G2																							
37	F236	G2																							
45	Rouge_Sc	G2																							
56	Saint_Prie	G2																							
50_V10	Hermes	G3																							
53_V11	Maxi	G3																							
52_V12	Ritter	G3																							
44_V9	Blé_Autric	G3																							
55	Rouge_d_v	G3																							
15_V13	Grapeli	G4																							
28_V14	Solsons	G4																							
4_V15	Arezzo	G4																							
8_V16	Boregard	G4																							
3	Apache	G4																							
24_V5	Renn	G5																							
26_V6	Sierzo	G5																							
19_V7	Midas	G5																							
49_V8	Aluda	G5																							
27	Sogood	G5																							

- Variables mesurées :
date d'épiaison, hauteur, composantes du rendement

Mélanges binaires : Résultats

Modèle :

$$\bullet Y_{ijk} = \mu_m + (\text{GMA}_i + \text{GMA}_j)/2 + \text{SMA}_{ij} + E_{ijk}$$

$$\bullet \text{GMA}_i = \underset{\substack{\nearrow \\ \text{pur}}}{\text{GYA}_i} + \underset{\substack{\nearrow \\ \text{mélange}}}{\text{TGMA}_i}$$

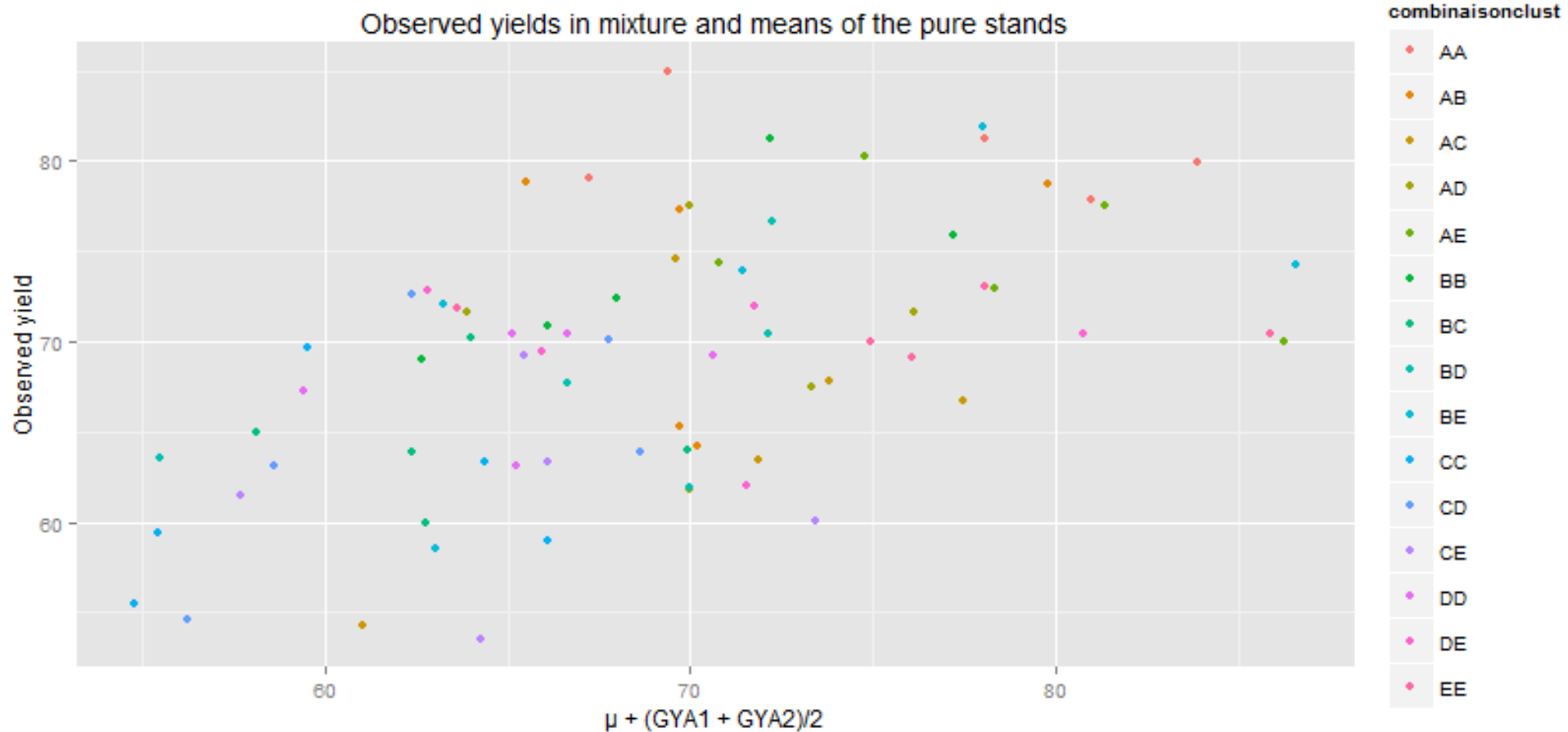
GYA : General Yielding Ability
TGMA : True General Mixing Ability

Résultats pour le rendement :

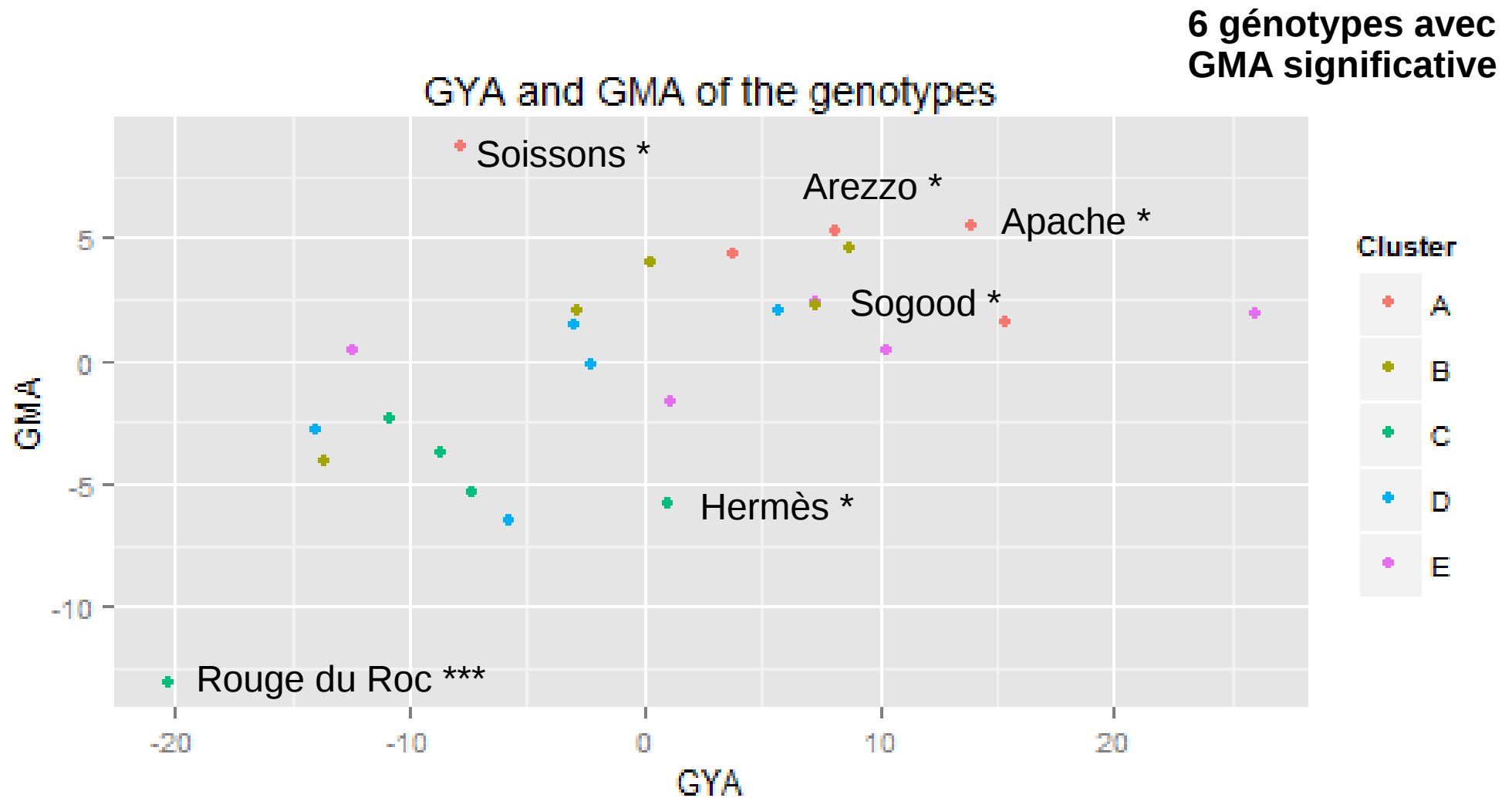
- Pur : effets génotype et cluster significatifs
- Corrélation mélanges et moyenne des pures : 0,528
- Mélanges : effet significatif des combinaisons
- GMA significative pour 6 génotypes sur 25

Mélanges binaires et moyenne des pures

Corrélation : 0,528



Mélanges binaires : GMA significatives



GMA : General Mixing Ability (mélange) 12
 GYA : General Yielding Ability (pur)

Approche

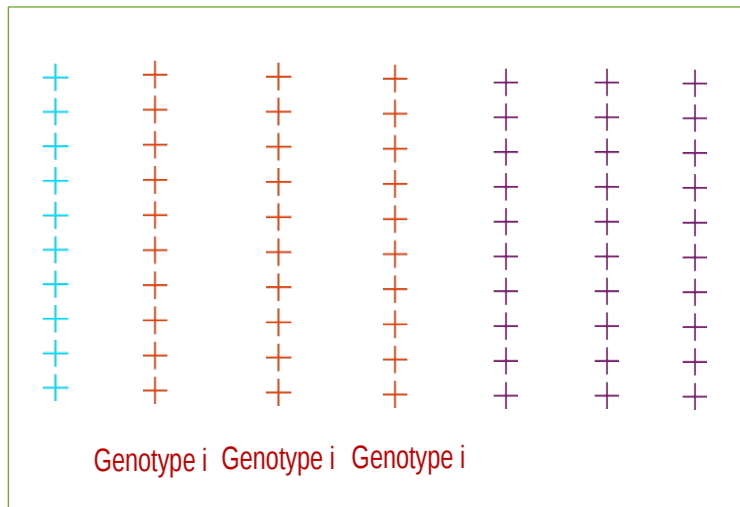
- Estimer GMA et SMA
 - dispositif : mélanges binaires (2014-2015)
 - Utiliser un dispositif plus léger pour évaluer plus de génotypes : monorang (2013-2014, 2014-2015)
 - Comparer les dispositifs (2014-2015)
- Valider les mélanges l'année suivante
 - À venir (2015-2016)



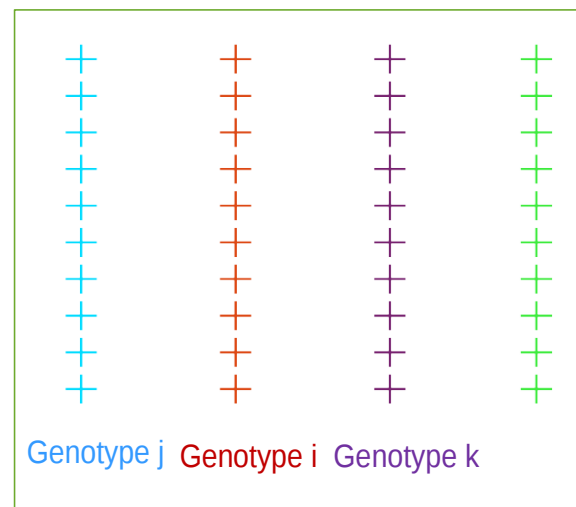
Dispositif monorang

Foucteau et al 2000

- 20 grains / rang, *données pépinière Moulon 2013-2014 et 2014-2015*
- 60 génotypes en pur (3 rangs), 2 rép
+ dispositif monorang : 4 rép = 8 effets de voisinage /génotype



Trois rangs (\approx pur)



Monorang



Monorang : Modèles

- Approche :
 - Estimer la production du génotype central en présence des génotypes des rangs voisins : effet **producteur** (**Pr**)
 - Estimer l'effet de chaque génotype sur l'ensemble de ses voisins : effet **compétiteur** (**Cp**)
 - Identifier les génotypes qui sont à la fois productifs en présence de voisins et qui ont un effet positif sur leurs voisins

- Modèle en pur :

$$Y_{abi} = \mu_p + A_a + B_b + G_i + E_{abi}$$

Année a

Bloc b

Génotype i

Voisin j

- Modèle Producteur-compétiteur :

$$Y_{abij} = \mu_c + A_a + B_b + Pr_i + \sum Cp_j + E_{abij}$$

$$\text{delta}_i = Pr_i - G_i$$

Monorang : Résultats

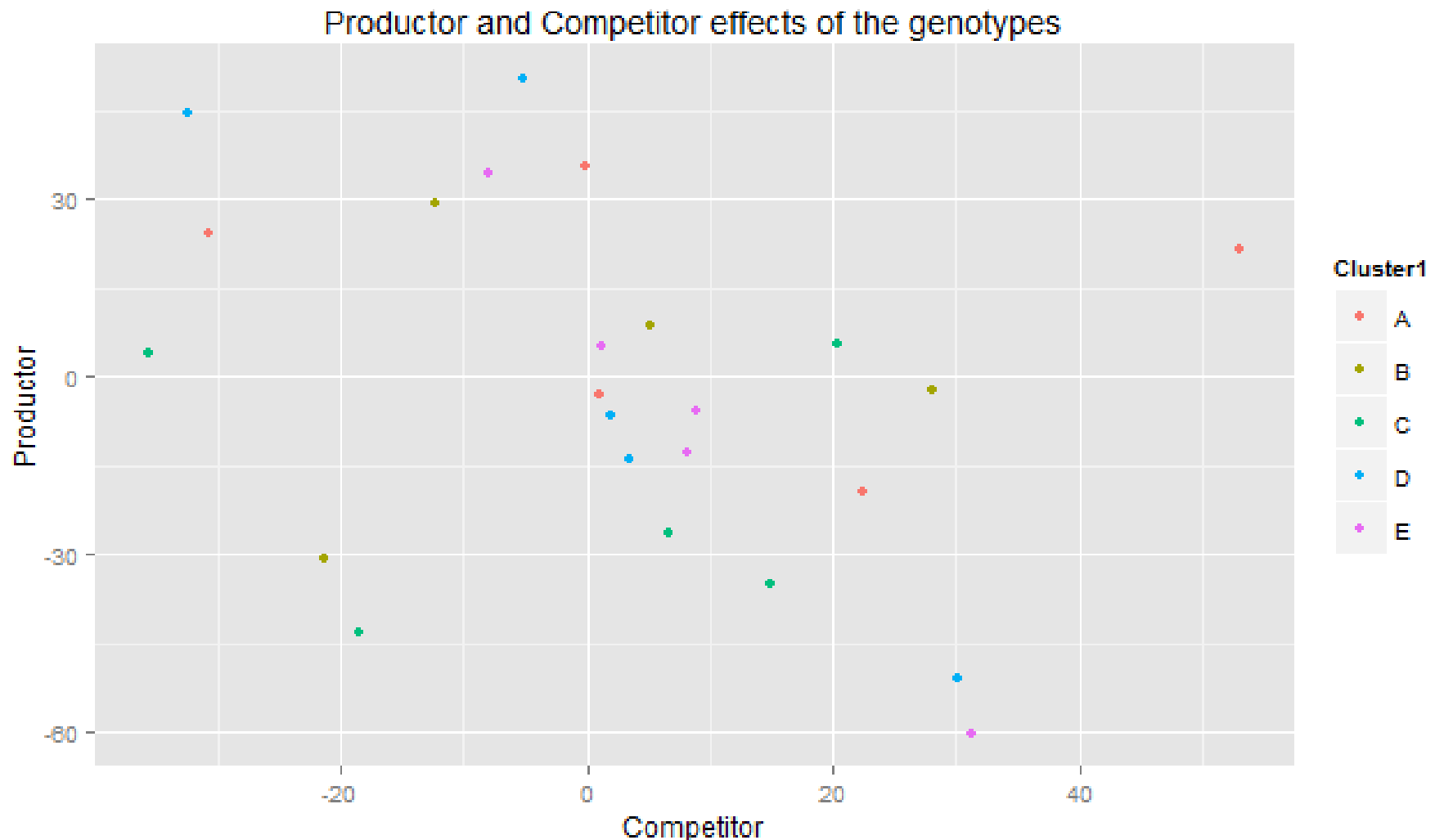
Résultats 2013-2014 et 2014-2015 :

- Effet génotype en pur et effet producteur en compétition significatifs pour toutes les variables réponses
- **Effets compétiteurs significatifs** pour : nombre d'épis, nombre d'épis par plante, nombre de grains et poids du rang
- Répétabilité d'une année sur l'autre

Monorang : effets producteur et compétiteur des génotypes

- Résultats (2014-2015) :

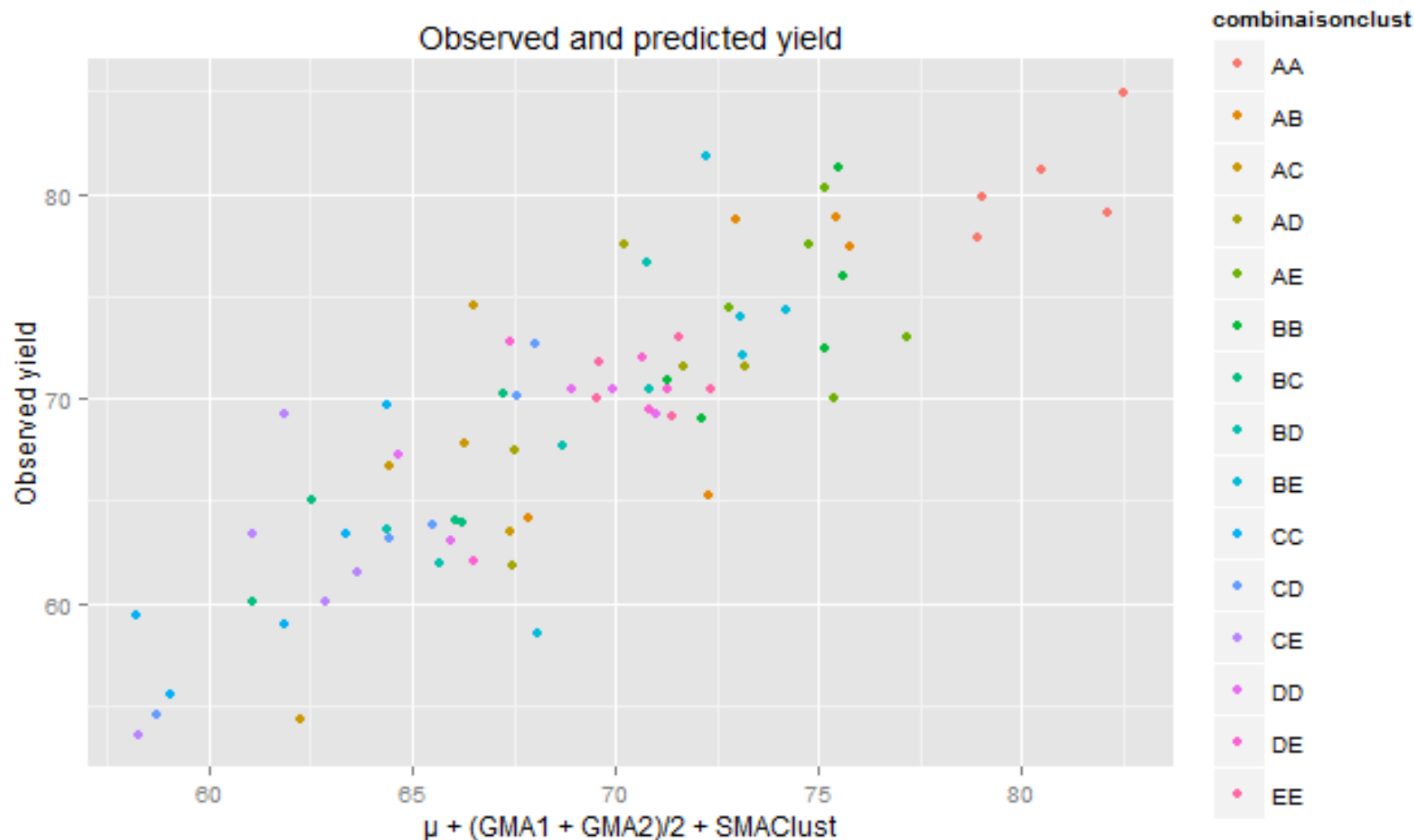
Corrélation : - 0,351



Prédiction des valeurs en mélange à partir des GMA et SMA

- Résultats (2014-2015) :

Corrélation : 0,836
(0,528 à partir des GYA)

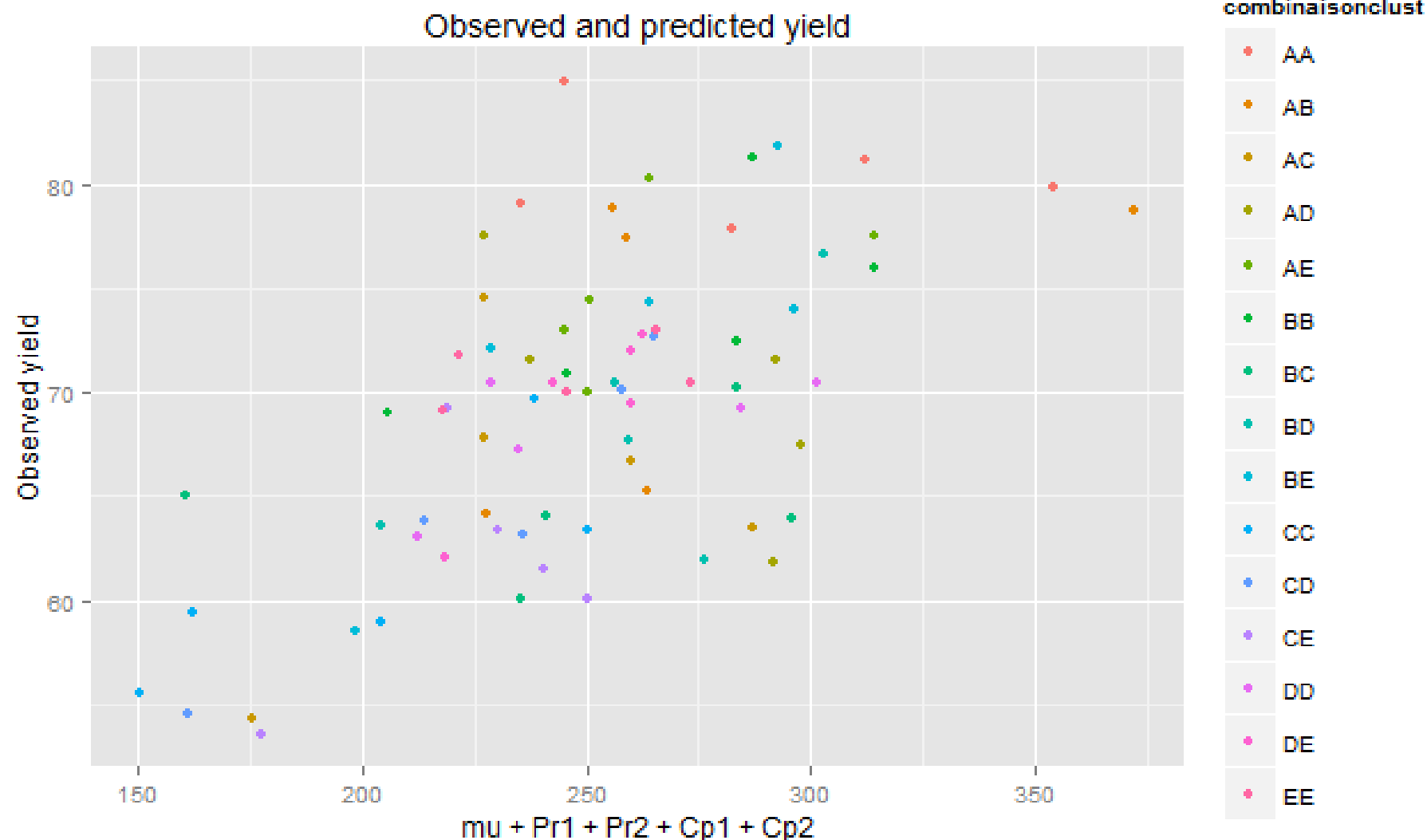


Prédiction des valeurs en mélange à partir du monorang

- Résultats (2014-2015) :

Corrélation : 0,615

(0,684 entre les dispositifs pour les pures)



Conclusion

- **Rendement des mélanges modérément corrélé à la moyenne des pures : 0,528**
 - L'estimation des GMA permet de réaliser des prédictions
→ **besoin de sélection**
 - **Le monorang peut être utilisé pour évaluer les génotypes en interaction et prédire les performances des mélanges** (corrélation mélange observé - prédit en monorang : **0,615**) → à valider
- NB : corrélation de 0,684 entre les deux dispositifs pour les pures
→ accès à l'effet compétiteur + évaluation de nombreux de génotypes

Perspectives

- Identifier les **traits** fonctionnels (en pur et en mélange) associés à l'aptitude au mélange
- Tester la capacité des **clusters** à prédire la SMA (groupes de complémentarité)
- Identifier les combinaisons de génotypes ou de traits favorables aux mélanges, effet de différence de hauteur
- **Valider** les prédictions : culture des « bons » et « mauvais » mélanges prédits sur les deux dispositifs
→ *données 2015-2016*
- Concevoir de nouveaux schémas de sélection

Merci !

Génétique Quantitative et Evolution

– Le Moulon :

Isabelle Goldringer

Jérôme Enjalbert

Didier Tropée

Nathalie Galic

Sophie Pin

Wheatamix

Financement PICRI 2015-2017 *Partenariat Institutions - Citoyens pour la Recherche et l'Innovation*



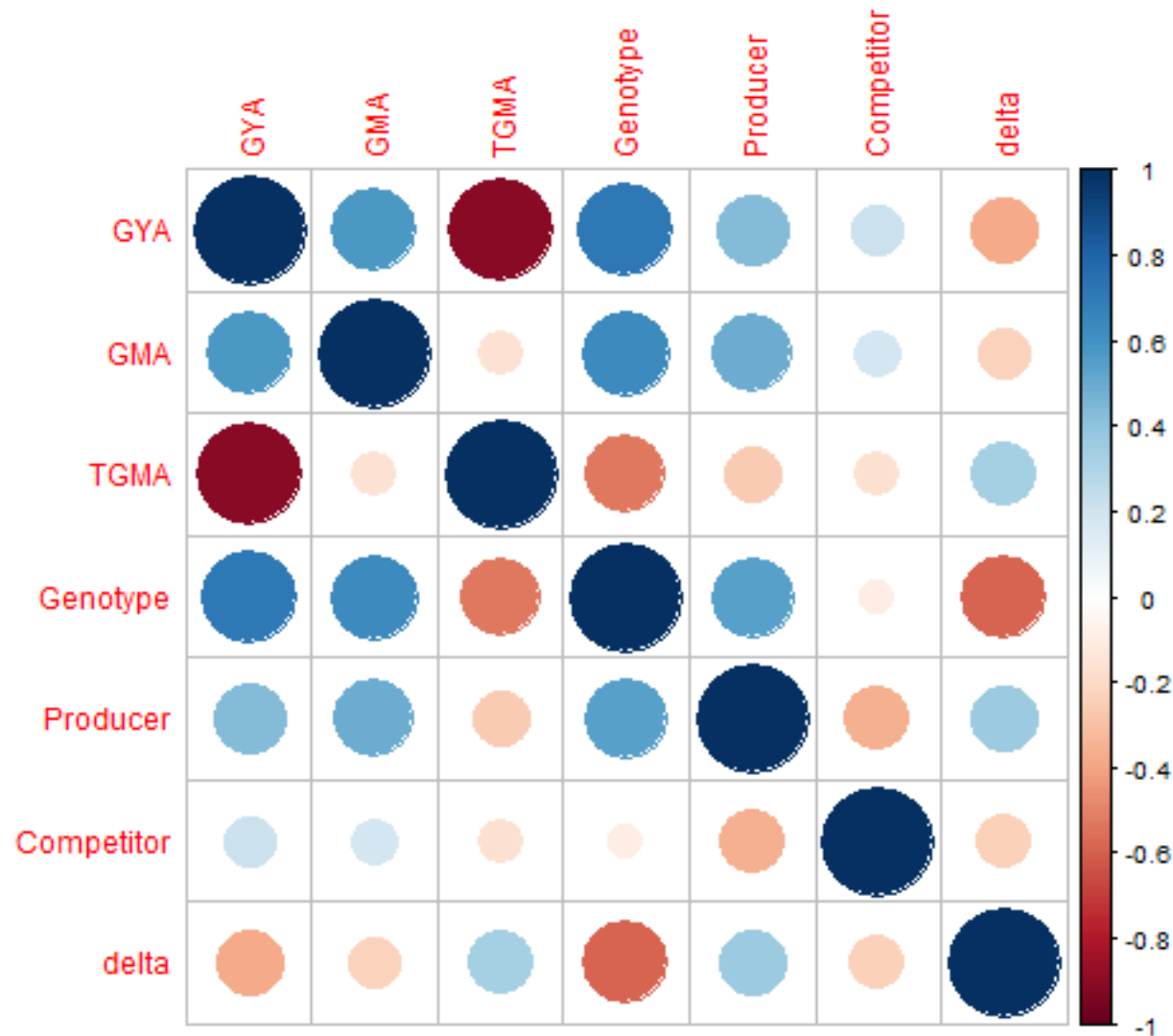
Perspectives

Mélanges de « validation » 2015-2016

Genotype	Apache	Arezzo	Boregard	Grapeli	Soissons	Alauda	Midas	Renan	Skerzzo	Sogood	Ble_autrichien	Hermes	Maxi	Ritter	RdR	A208	A243	F236	RdB	Saint_priest	A22	A398	Altigo	F426	Tremie
Apache			x		x			x		x			x	x											
Arezzo			x	x		x											x						x		x
Boregard						x						x												x	x
Grapeli					x									x		x				x				x	
Soissons							x							x			x	x							
Alauda									x								x		x		x				
Midas								x	x				x										x	x	
Renan										x	x												x		
Skerzzo										x				x			x								x
Sogood										x					x			x		x					
Ble_autrichien												x	x		x				x			x			x
Hermes														x	x		x								
Maxi																	x						x	x	
Ritter																			x						
Rouge_du_roc																					x				
A208																	x	x	x	x		x			
A243																									
F236																			x					x	
Rouge_de_bordeaux																					x				
Saint_priest																					x	x			
A22																						x	x	x	
A398																									x
Altigo																									x
F426																									
Tremie																									

Corrélations entre paramètres

Paramètres 2014-2015



Corrélations entre paramètres

Paramètres 2014-2015

Mélanges

Pépinière

Mélanges

Pépinière

	GYA	GMA	TGMA	Genotype	Producer	Competitor	delta
GYA	1	0,570	-0,902	0,711	0,432	0,217	-0,373
GMA	0,570	1	-0,159	0,633	0,500	0,182	-0,221
TGMA	-0,902	-0,159	1	-0,521	-0,256	-0,166	0,332
Genotype	0,711	0,633	-0,521	1	0,546	-0,093	-0,585
Producer	0,432	0,500	-0,256	0,546	1	-0,351	0,360
Competitor	0,217	0,182	-0,166	-0,093	-0,351	1	-0,237
delta	-0,373	-0,221	0,332	-0,585	0,360	-0,237	1

Prédiction des valeurs en pur

