

# Corrélations génétiques, héritabilités et possibilités de sélection multilocale précoce sur le rendement chez le blé tendre d'hiver (*Triticum aestivum* L.)

P. Brabant<sup>1</sup>, Y. Manes<sup>1</sup>, M. Trottet<sup>2</sup> et E. Picard<sup>1</sup>

avec la collaboration technique de M.T. Marcombe<sup>2</sup> et Y. Saint-Ouen<sup>2</sup>

<sup>1</sup> CNRS, INRA, UPS, Ferme du Moulon, 91190 Gif-sur-Yvette

<sup>2</sup> INRA, Station d'Amélioration des plantes, Centre de Recherche de Rennes, BP 29, 35650 Le Rheu, France

(reçu le 29-2-1988, accepté le 29-9-1988)

**Résumé** — Au cours d'une sélection récurrente multilocale effectuée sur le blé tendre d'hiver, les capacités de rendement de 300 familles "S1" ont été évaluées dans un dispositif en deux blocs complets randomisés où la parcelle élémentaire était un rang de 2m. Le même dispositif était répété à Rennes et au Moulon. Le poids de grain récolté sur la ligne et le poids de 1 000 grains ont été mesurés dans les deux lieux. Au Moulon, les caractères secondaires suivants : poids de 5 plantes tirées au hasard, nombre d'épis par plante, poids de grain par épi, longueur et largeur de la feuille de l'épi ont été mesurés. Dans les deux lieux, les poids parcelaires ont eu des héritabilités assez élevées et les écart types génétiques estimés furent très proches. Une corrélation génétique positive de 0,67 a été trouvée entre les mesures du rendement faites à Rennes et au Moulon. Les autres variables n'ont pas permis d'augmenter significativement la précision de la prédiction des valeurs génétiques du rendement, car aucune ne présentait à la fois une forte héritabilité et une forte corrélation génétique avec le rendement. La bonne précision obtenue dans chaque lieu sur la mesure du rendement, justifie la sélection multilocale précoce pratiquée sur ce caractère.

**sélection récurrente – sélection multilocale – sélection précoce – héritabilité – corrélation génétique – prédiction**

**Summary** — Genetic correlation, heritability and possibilities of early multilocal selection for yield estimation of winter wheat. Yield of 300 "S1" families of winter wheat was evaluated in a multilocal recurrent selection program. At Rennes and Le Moulon a randomised complete block design with two replicates was sown in one row plots 2 meters long. Grain weight per plot and 1 000 seed weight were measured at both locations. At Le Moulon auxiliary traits were measured : grain weight of five random plants, number of spikes per plant, grain weight per spike, length and width of flag leaf. At Rennes and Le Moulon heritability of grain weight per plot was fairly high and estimated genetic standard deviation of traits recorded at both places were in good agreement. A high positive genetic correlation (0.67) was found between yield measured at the two places. None of the other traits gave a significant increase in precision for genetic estimation of yield value due to low heritability or low genetic correlation with yield. The yield estimation obtained at each location was precise enough to justify our practice of early multilocal selection.

**recurrent selection – multilocal selection – early selection – heritability – genetic correlation – prediction**

## Introduction

Les méthodes classiques de sélection chez le blé tendre d'hiver (*Triticum aestivum* L.) commencent par des croisements entre deux, trois ou quatre lignées, rarement davantage et se poursuivent par

une longue phase de sélection et d'accroissement de l'homozygotie. La rapidité avec laquelle l'auto-fécondation fixe des blocs chromosomiques homozygotes (Allard, 1960; Demarly, 1977), limite dans de tels programmes le nombre des recombinaisons. La sélection récurrente, basée sur l'alter-

nance de phases courtes de sélection et d'intercroisement, permet d'améliorer une population à large base génétique et d'augmenter le nombre des recombinaisons par unité de temps, ce qui favorise l'apparition de génotypes nouveaux (Allard, 1960; Gallais, 1981)

Pour être efficace, un sélectionneur engagé dans un programme de sélection récurrente doit pratiquer la sélection précoce et la sélection multilocale. En effet, il lui est nécessaire de réduire la durée d'un cycle tout en créant des populations susceptibles de fournir des variétés adaptées à différents milieux. Deux sources principales d'erreur rendent difficile la sélection précoce chez une autogame. D'une part l'hétérozygotie résiduelle ne permet pas de juger exactement de la valeur en lignée d'un génotype (Gallais, 1979). D'autre part, le grand nombre de génotypes soumis à la sélection et la faible quantité de semences disponibles par génotype, impliquent de réaliser des essais avec peu de répétitions, où les parcelles élémentaires sont de taille réduite. Dans ces conditions, la mesure de caractères fortement influencés par le milieu ne donnera qu'une mauvaise estimation de leur valeur génétique. Il est possible d'augmenter la précision de ces estimations dans un lieu donné, en effectuant plus de répétitions dans ce lieu. L'aspect multilocal du programme est alors en partie sacrifié. La régression géno-phénotypique multivariable (Henderson, 1975; Vincourt et Gallais, 1983) est un autre moyen d'augmenter la précision des estimations sans pour autant augmenter le nombre de répétitions. En général, les variables introduites dans la régression n'augmentent la précision de l'estimation de la valeur génétique d'un caractère principal que si : (i) elles ont une bonne héritabilité et (ii) elles sont corrélées génétiquement avec le caractère principal (Hänsel, 1984; Gallais, 1984).

Nous exposons, dans le présent article, les résultats obtenus lors d'une sélection effectuée dans deux lieux, sur le rendement de familles "S1". Ces familles sont issues d'une population de blé tendre d'hiver menée en sélection récurrente. Nous n'aborderons pas l'aspect prédiction de la valeur en lignée de ces familles mais nous développerons l'aspect prédiction de leurs valeurs génétiques propres.

## Matériel et Méthodes

Une sélection récurrente pour améliorer la valeur en lignée d'une population de blé tendre d'hiver est menée

depuis 1975 par les stations INRA de Clermont-Ferrand et de Rennes auxquelles le laboratoire du Moulon s'est joint en 1978. La population utilisée dans ce programme a été créée à partir de 16 géniteurs, apportant chacun une ou plusieurs caractéristiques intéressantes (productivité, résistances aux maladies, qualités technologiques). Entre 1975 et 1978, un plan de croisements pyramidal a été réalisé aboutissant à la population de premier cycle.

Un cycle de sélection récurrente dure trois ans. Deux années sont consacrées à la sélection et une à l'intercroisement. La première année de sélection est faite sur environ 1 500 plantes "S0" isolées. Elle est effectuée à Rennes et porte principalement sur la hauteur, les résistances aux maladies et quelques caractéristiques de fertilité de l'épi. La deuxième année de sélection est multilocale. Elle est pratiquée sur 300 familles "S1" issues des plantes "S0" sélectionnées l'année précédente. Les caractères observés en pépinière dans les trois lieux sont les mêmes qu'en "S0". Aux observations faites en pépinière s'ajoute, pour chaque famille, une estimation des potentialités de rendement faite dans des essais monolignes, qui reçoivent une couverture fongicide. Un index phénotypique qui tient compte de toutes les observations permet le classement des 160 meilleures familles. Celles-ci sont alors étudiées à Clermont-Ferrand pour leurs valeurs technologiques. La dernière étape à la sélection, prend en compte cette valeur technologique et aboutit au choix de 80 familles qui seront intercroisées l'année suivante. La sélection pratiquée est donc multilocale et multicaractère. Ce schéma est décrit de façon plus complète par Doussinault et Trotet (1981), Thomas (1986), Kervella (1987).

En 1985-1986, le programme en était à la deuxième année de sélection du troisième cycle. Les 300 familles "S1" ont été semées à Clermont-Ferrand, à Rennes et au Moulon dans un dispositif à deux blocs complets randomisés. La parcelle élémentaire était constituée d'une ligne de deux mètres sur laquelle 50 grains avaient été semés mécaniquement. Une grande partie des essais de Clermont-Ferrand ont été détruites par une attaque de mouches grises (*Phorbia coarctata*). En conséquence, seules les données de Rennes et du Moulon ont été utilisées dans l'étude que nous présentons.

Les deux stations sont sur des sols de limons battants. Les semis ont été réalisés le 10 novembre 1985 à Rennes et le 14 novembre 1985 au Moulon. La fumure de fond phospho-potassique fut de 120 kg/ha de P205 et 150 kg/ha de K20 à Rennes; au Moulon, 150 kg/ha de chaque ont été apportés. La fumure azotée a été apportée sous forme d'ammonitrate 50/50. Les doses utilisées à Rennes furent de 35 unités au tallage et de 65 unités à la montaison; au Moulon, elles furent de 70 et 110 unités, apportées aux mêmes stades. Ce qui correspond à deux niveaux différents d'intensification. Une couverture fongicide et insecticide complète a permis de maîtriser les attaques parasitaires. Aucun régulateur de croissance n'a été employé.

Les caractères mesurés à Rennes sur les essais de rendement furent : le poids parcellaire (PdsRE) et le poids de 1 000 grains (PmgRE).

Les caractères mesurés au Moulon furent : le poids parcellaire (PdsGM), le poids de 1 000 grains (PmgGM), le poids de grain de cinq plantes prises au hasard sur la

ligne (P5pl), le nombre moyen d'épis par plante, mesuré sur les cinq mêmes plantes (Népi), la longueur (Lof) et la largeur (Laf) de la feuille de l'épi (moyennes faites sur cinq plantes), la variable (Pépi), poids moyen de grains par épi a été calculée suivant la formule :  $P5pl/(5 \times Népi)$ .

Le modèle d'analyse de variance utilisé pour chaque lieu est un modèle à deux facteurs :  $P_{ij} = m + F_i + b_j + E_{ij}$ , où  $m$  : moyenne générale de l'essai,  $F_i$  : effet aléatoire de la famille  $i$ , de variance  $V_f$ ,  $b_j$  : effet fixe du bloc  $j$ ,  $E_{ij}$  : résiduelle, de variance  $V_r$ . Les analyses ont été faites pour chaque lieu séparément.

Les héritabilités sont calculées à partir des valeurs moyennes des familles sur les deux répétitions et correspondent au rapport suivant :  $V_f/(V_f + V_r/2)$ . Le calcul des intervalles de confiance a été réalisé suivant la méthode proposée par Knapp *et al.* (1985).

Les traitements statistiques ont tous été réalisés à partir de la programmation Amance (Bachacou *et al.*, 1981) et des programmes Pregon et Hender développés par P. Vincourt. Les estimations des héritabilités, des coefficients de corrélation génétique et des coefficients de prédiction sont fournies par le programme Hender qui réalise la régression géno-phénotypique (Vincourt et Gallais, 1983). Ce programme est basé sur l'utilisation du meilleur prédicteur linéaire (BLUP, *Best Linear Unbiased Predictor*, Henderson, 1953; 1975).

Le calcul des corrélations génétiques entre caractères mesurés dans les deux lieux a été fait sous l'hypothèse d'absence de covariance environnementale. Cette hypothèse est justifiée par le fait que l'affectation des familles aux parcelles d'expérimentation a été réalisée aléatoirement et de façon indépendante dans les deux lieux. Les covariances calculées entre les moyennes de caractères mesurés dans chaque lieu sont donc des estimations des covariances génétiques. Suivant la proposition de Falconer (1952), nous avons considéré la réalisation d'un même caractère mesuré dans les deux lieux comme deux caractères différents.

## Résultats et Discussion

Les variables retenues dans cette étude et leurs moyennes sur les deux répétitions, présentent des distributions continues et unimodales. Les coefficients d'aplatissement et d'asymétrie ne permettent pas de rejeter au seuil des 5% les hypothèses de normalité. La sélection pratiquée sur les plantes S0, ne semble donc pas avoir introduit d'asymétrie décelable dans la distribution des caractères mesurés sur les familles S1. La normalité des variables étudiées nous place dans de bonnes conditions pour utiliser la statistique linéaire.

Le Tableau I montre que les caractères auxiliaires pris en compte dans cette étude ne permettent pas d'obtenir un gain important de précision sur la prédiction du poids parcellaire. Les coefficients de prédiction multicaractère sont en effet peu différents des héritabilités qui sont les coefficients de prédiction unicaractère (Vincourt et

**Tableau I.** Coefficients de prédiction obtenus par régression géno-phénotypique (a) : Valeurs non calculées.

Variables prédictrices	Coefficients de prédiction de	
	Pds RE	Pds GM
Pds RE	0,64	0,29
PdsGM	0,25	0,56
PdsRE+PdsGM	0,69	0,63
PdsRE+PdsGM+		
Lof +PmgRE	0,69	0,64
PdsGM+Lof+P5pl	(a)	0,59
PdsGM+Lof	(a)	0,57
PdsGM+P5pl	(a)	0,57
PdsGm+PmgGM	(a)	0,57

Gallais, 1983). Nous n'avons pas fait figurer toutes les combinaisons possibles de ces caractères, mais nous les avons testées et aucune n'apporte de gain supérieur à ceux reproduits dans le tableau.

Les poids parcellaires mesurés dans les deux lieux apportent l'un par rapport à l'autre une information intéressante. Le gain de précision est surtout sensible sur PdsGM. Les coefficients de prédiction, obtenus sous l'hypothèse d'une sélection indirecte d'un lieu par rapport à l'autre, sont assez élevés. Leurs valeurs sont sensiblement égales, que la sélection indirecte soit pratiquée dans un sens ou dans l'autre.

L'observation du Tableau II permet de discuter ces résultats. On constate en effet qu'il existe une forte corrélation génétique entre PdsRE et PdsGM et que les héritabilités estimées pour le poids parcellaire sont élevées à Rennes et au Moulon. L'héritabilité de PdsRE est supérieure à celle de PdsGM. Ceci explique le gain supérieur apporté par PdsRE dans la prédiction de PdsGM. Le manque d'efficacité des autres caractères mesurés, s'explique par le fait que lorsqu'ils sont bien corrélés génétiquement aux poids parcellaires, ils ont de faibles héritabilités, et que, lorsqu'ils ont de fortes héritabilités, ils sont peu corrélés.

Les fortes héritabilités trouvées pour PdsRE et PdsGM peuvent s'expliquer soit par de fortes variances génétiques entre les familles, soit par de faibles variances résiduelles. Dans le Tableau III nous avons fait figurer les coefficients de variation génétique. Nous constatons qu'ils ne sont pas très élevés, ce qui laisse supposer que les bonnes conditions de réalisation des essais sont la cause

**Tableau II.** Corrélations génétiques entre caractères et héritabilités  $H_2 = Vf/(Vf+Vr/2)$ .

	<i>PdsRE</i>	<i>PdsGM</i>	<i>P5pl</i>	<i>Népi</i>	<i>Pépi</i>	<i>PmgRE</i>	<i>PmgGM</i>	<i>Lof</i>	<i>Laf</i>
<i>PdsRE</i>	1								
<i>PdsGM</i>	0,67	1							
<i>P5pl</i>	0,70	0,73	1						
<i>Népi</i>	0,19	0,39	0,59	1					
<i>Pépi</i>	0,52	0,38	0,46	-0,45	1				
<i>PmgRE</i>	0,37	0,26	0,41	-0,19	0,66	1			
<i>PmgGM</i>	0,21	0,13	0,16	-0,37	0,61	0,83	1		
<i>Lof</i>	0,14	0,33	0,08	-0,01	0,12	-0,03	-0,04	1	
<i>Laf</i>	0,03	0,17	0,05	-0,15	0,18	-0,09	-0,22	-0,03	1
$H_2$	0,53	0,43	0,01	0,15	0,15	0,65	0,82	0,60	0,70
estimée	<0,64<	<0,56<	<0,23<	<0,34<	<0,34<	<0,73<	<0,86<	<0,69<	<0,77<
(*)	0,72	0,65	0,40	0,48	0,48	0,79	0,89	0,76	0,82

(\*) : L'intervalle de confiance est calculé au seuil de 5%.

principale de ce résultat. Dans des conditions où le rendement serait moins héritable (variance génétique plus faible ou variance résiduelle plus forte), la prédiction multicaractère pourrait retrouver un intérêt. A la lumière de cet essai nous pouvons discuter de l'intérêt des différents caractères pris en compte.

Nous avons choisi les caractères auxiliaires sur différents critères. Le poids de cinq plantes tirées au hasard est une mesure des capacités de rendement faite sur un effectif constant pour toutes les familles. Le nombre d'épis par plante, le poids moyen d'un épi et le poids de 1 000 grains sont des composantes de rendement. La feuille de l'épi occupe dans le couvert une position privilégiée et c'est la plus proche de l'épi, on peut donc penser qu'elle a un rôle dans le remplissage de l'épi. Parmi ces caractères, le poids de 1 000 grains est le seul couramment retenu comme critère de sélection. Tous les autres ont été mesurés, avec l'objectif d'améliorer la prédiction de la valeur génétique du poids parcellaire.

En condition de peuplement dense, il est difficile d'individualiser les plantes et les prélèvements perturbent le reste de la récolte sur le rang. Les mesures de *P5pl* et de *Népi* sont donc déconseillées lorsque la ligne entière doit être récoltée. Le poids moyen d'un épi peut être estimé sans prélever de plantes entières sur la ligne. Pour que ce caractère présente un intérêt dans la prédiction multicaractère il faudra augmenter son héritabilité en prélevant un échantillon important d'épis ou en

comptant les épis présents sur la ligne avant récolte.

Le poids de 1 000 grains a une forte héritabilité mais il est peu corrélé génétiquement avec le rendement. Ceci n'est pas très surprenant étant donné que la maturation s'est faite dans de bonnes conditions et qu'il n'y a pas eu d'échaudage. Signalons que Ledent (1982), dans une étude menée pendant quatre années sur 77 génotypes de blé, ne trouve pas de corrélations significatives entre le poids moyen d'un grain et le rendement par mètre carré, sinon pour l'année 1976 qui fut particulièrement sèche. Un critère pertinent de sélection serait d'estimer la capacité d'un génotype à donner un nombre élevé de grains par mètre carré sans modification du poids de 1 000 grains. Ce caractère n'est malheureusement pas mesurable sur des familles en début de sélection. Le poids de 1 000 grains peut apporter des informations intéressantes, quand les essais ont subi un déficit hydrique en cours de maturation ou une attaque parasitaire importante.

La longueur de la feuille de l'épi est longue à mesurer, en effet, même sur des lignées pures, il existe une variation entre plantes et talles d'une plante. Il faut donc échantillonner et caractériser chaque famille par une moyenne. Cette mesure présente toutefois l'avantage d'être faite avant la récolte et peut s'étaler sur une longue période : la longueur, une fois déterminée, n'est plus modifiée. Ce caractère n'est peut-être pas à négliger mais il faudra vérifier son intérêt sur d'autres essais, car

la corrélation génétique trouvée au Moulon est faible et les résultats obtenus par Ledent (1982) ne montrent pas de corrélations significatives entre la surface de la dernière feuille et le rendement par mètre carré.

## Conclusion

Nous avons trouvé de bonnes héritabilités pour le rendement mesuré sur des parcelles monolignes dans des essais à deux répétitions et cela dans les deux lieux d'expérimentations de Rennes et du Moulon. Si ce résultat se confirme d'autres années, et pour du matériel d'origines et de structures génétiques différentes, une sélection précoce et efficace, sera envisageable sur le rendement. En particulier, il sera possible d'éliminer très vite un grand nombre de lignées peu intéressantes, issues de *single seed descent* ou d'androgénèse *in vitro*. Les caractères auxiliaires mesurés demandent beaucoup de main d'œuvre et apportent un gain de précision très faible. Si on souhaite augmenter la précision sur le poids parcellaire, il est donc préférable d'augmenter le nombre de répétitions.

Le programme de sélection récurrente dans le cadre duquel nous avons réalisé cette étude est multilocal. Les résultats que nous avons obtenus, c'est-à-dire de fortes héritabilités de PdsRE et PdsGM, une corrélation génétique élevée entre ces deux caractères et des écart types génétiques estimés identiques (Tableau III), nous permettent d'envisager une sélection sur index, assurant un progrès génétique rapide et de même amplitude sur le rendement dans les deux lieux (Gallais, 1973; Vincourt *et al.*, 1984).

En sélection multilocale précoce, les disponibilités en graines limitent le nombre de parcelles que l'on peut planter, il faut donc trouver un compro-

mis entre la précision dans chaque lieu d'expérimentation et le nombre de lieux testés. Les résultats que nous obtenons sur le poids parcellaire, montrent qu'il n'est pas nécessaire d'augmenter le nombre de répétitions dans chaque lieu. Dans des conditions moins favorables la sélection serait encore efficace, car il est possible d'augmenter la précision de la prédiction dans un lieu en utilisant l'information apportée par les autres lieux (Vincourt *et al.*, 1984).

## Références

- Allard R.W. (1960) *Principles of Plant Breeding*. John Wiley Inc., New York
- Bachacou J., Masson J.P. & Miller C. (1981) *Manuel de la Programmation Statistique Amance*. INRA
- Demarly Y. (1977) *Génétique et Amélioration des Plantes*. Masson, Paris
- Doussinault G. & Trottet M. (1981) Application de la sélection récurrente aux espèces autogames ou allogames non strictes : allogamisation des autogames. *Sel. Fr.* 53-59
- Falconer D.S. (1952) The problem of environment and selection. *Am. Nat.* 86, 293-298
- Gallais A. (1973) Sélection pour plusieurs caractères : synthèse critique et généralisation. *Ann. Amélior. Plant. (Paris)* 23, 3, 183-208
- Gallais A. (1979) Le concept de valeur en lignée d'un génotype et son utilisation possible en sélection. *Ann. Amélior. Plant. (Paris)* 29, 1, 1-22
- Gallais A. (1981) Amélioration d'une population en vue de la création de variétés. *Sel Fr.* 29, 5-23
- Gallais A. (1984) Use of indirect selection in plant Breeding. In : *Efficiency in Plant Breeding* (Lange W. Zeven A.C. & Hogenboom N.G., eds.), Proceedings of the 10th Congress of Eucarpia, Pudoc, Wageningen, pp. 45-60
- Hänsel H. (1984) Selection for a complex characteristic by a substrate (Tables of indirect selection). In : *Efficiency in Plant Breeding* (Lange W., Zeven A.C. & Hogenboom N.G., eds.), Proceedings of the 10th Congress of Eucarpia, Pudoc, Wageningen, pp. 61-68
- Henderson C.R. (1953) Estimation of variance and covariance components. *Biometrics* 9, 226-252
- Henderson C.R. (1975) Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* 31, 2, 423-447
- Kervella J. (1987) Sélection récurrente chez le blé : bilan d'un cycle. Thèse de doctorat de l'université de Paris Sud-Orsay
- Knapp S.J., Stroup W.W. & Ross W.M. (1985) Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. *Crop Sci.* 25, 192-194
- Ledent J.F. (1982) Morphology and yield in winter wheat grown in high yielding conditions. *Crop Sci.* 22, 1115-1120

**Tableau III.** Comparaison des estimations faites à Rennes et au Moulon.

	Moyenne de l'essai (1)	Ecart type génétique (2)	Coefficient de variation (2)x100/(1)
PdsRE	321 g	46 g	14,3%
PdsGM	463 g	48 g	10,4%
PmgRE	43,9 g	2,7 g	6,2%
PmgGM	45,3 g	3,6 g	7,9%

Thomas G. (1986) Etude d'une population de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) en sélection récurrente à cycle court. Thèse de doctorat de l'université de Rennes

Vincourt A. & Gallais A. (1983) Sur la recherche de critères de sélection : la régression géno-phénotypique.

*Agronomie* 3, 9, 827-830

Vincourt A., Derieux M. & Gallais A. (1984) Quelques méthodes de choix des génotypes à partir d'essais multiloaux. *Agronomie* 4, 9, 843-848