

ORIGINES DE LA VARIABILITE

Dans une population de maïs par exemple, toutes les plantes ne sont pas identiques sur le plan phénotypique. Elles peuvent être différentes par la hauteur, la date d'épiaison, le poids, le nombre d'épis, etc. On dit que la population est variable. Cette variabilité a deux origines : une environnementale et une héréditaire ou génétique.

Variabilité due à l'environnement

Deux plantules d'orge issues de deux graines de grosseurs différentes se développent différemment lors de la levée car les quantités de réserves contenues dans l'albumen ne sont pas identiques. L'embryon de la gaine la plus grosse bénéficiera d'une réserve plus riche que celui de la graine la plus petite.

Une variété de maïs ou de blé adaptée aux conditions de culture en Europe, par exemple, ne sera pas forcément adaptée en Algérie, le milieu étant différent.

Une variété d'orge, très productive dans un sol fertile, ne le sera probablement pas dans un sol très peu fertile.

Tous ces exemples montrent que l'environnement peut contribuer à la variabilité observée dans une population végétale. Tous les facteurs autres que génétiques constituent l'environnement. La température, l'eau, les insectes, les agents pathogènes, le photopériodisme, la fertilisation, la lumière, le type de sol, la direction et la vitesse du vent, etc.... font tous partie intégrante de l'environnement dont les effets peuvent être évalués sur une population génétiquement uniforme. La variation environnementale n'est pas transmise à la génération suivante et, par conséquent, ne peut être isolée par sélection.

Variabilité génétique

La variabilité génétique résulte du fait que des individus différents possèdent des génotypes différents.

Une population constituée par des génotypes AA, Aa et aa est génétiquement variable.

Le croisement entre deux parents P1 et P2 de génotype AA et aa respectivement donne une population F1 constituée de plantes ayant toutes le même génotype Aa.

Par autofécondation des F1, la population F2 sera constituée de $\frac{1}{4}$ AA, $\frac{1}{2}$ Aa et $\frac{1}{4}$ aa. Toutes les plantes P1 sont génétiquement identiques entre elles (AA) ainsi que toutes les plantes P2 (aa) et toutes les plantes F1 (Aa). Par contre, la population F2 est génétiquement variable (AA, Aa, aa). Les parents

sont homozygotes et homogènes, la population F1 est hétérozygote et homogène et la population F2 est constituée d'individus homozygotes et d'individus hétérozygotes et, par conséquent, hétérogène. Toute la variabilité observée entre les individus de p1, de P2 ou de F1 est due à l'environnement. Par contre, celle observée entre les individus de la population F2 est constituée d'une variabilité en partie d'origine génétique et en partie d'origine environnementale.

La variabilité génétique dans une population homogène peut résulter d'un mélange accidentel avec d'autres génotypes, d'une recombinaison de gènes après croisements avec une autre population, de mutations et d'instabilités chromosomiques.

La variabilité génétique est essentielle pour le sélectionneur. Sans elle, aucun progrès n'est possible par la sélection car toute la variabilité observée dans la population est d'origine environnementale et, par conséquent, aucune fraction de cette variabilité ne peut être fixée par sélection.

MESURE DE LA VARIABILITE

Paramètres statistiques d'une population

Généralement, la distribution de fréquences des caractères quantitatifs donne une courbe en forme de cloche appelée courbe normale ou courbe de Gauss. Une courbe normale est définie par sa moyenne et son écart-type. Plus l'écart-type est grand, plus la courbe est aplatie et plus la population est variable.

La valeur moyenne d'une population est la somme de valeurs de tous les individus de celle-ci divisée par le nombre total d'individus. Elle est donnée par la formule : $\bar{x} = \sum x_i / n$

Où x_i représente la valeur de l'individu i dans la population et n le nombre total d'individus.

Dans le cas où la moyenne est obtenue à partir d'une distribution de fréquences, elle est donnée par la formule : $\bar{x} = \sum n_i x_i / n$ où $n_i x_i$ représente la valeur de la catégorie multipliée par le nombre d'individus dans cette catégorie (n_i) et n le nombre total d'individus dans la population.

La fiabilité de la valeur moyenne dépend de trois facteurs :

- le nombre d'individus en cause (taille de la population) ; plus le nombre de mesure est grand, plus la moyenne est fiable ;
- Une moyenne basée sur un échantillon (cas où la population est trop large) sera plus fiable si la population est uniforme ;
- La moyenne est plus fiable si les mesures sont prises sur des individus qui représentent réellement tous les types de la population (qualité de l'échantillon)

L'écart-type (ou déviation standard) est une mesure de la variabilité présente dans une population. Plus la déviation pour la population est grande, plus la variabilité est forte dans cette population. L'écart-type est donné par la formule :

$$S = \sqrt{\sum (x_i - \bar{x})^2 / (n - 1)}$$

La variance d'une population (V) est le carré de l'écart-type, S^2

$$V = \sum (x_i - \bar{x})^2 / (n - 1)$$

Les variances sont fréquemment utilisées dans la description des populations biologiques.

Le coefficient de variation (ou coefficient de variabilité) exprime l'écart-type en pourcentage de la moyenne comme suit : $CV = 100 s/\bar{x}$

Ce coefficient est utilisé dans la comparaison des variations de différentes mesures.

L'HERITABILITE

Chaque plante individuelle issue d'une population mixte (mélangée) varie en hauteur, rendement, tolérance au froid hivernal ou en d'autres caractères de nature quantitative.

Si 2 plantes sont sélectionnées au hasard de cette même population les mesures de leur rendement montreront des différences qui seront dues en partie aux effets de l'hérédité et en partie aux effets de l'environnement même si une plante est supérieure génétiquement, son rendement sera faible en conditions de milieu défavorables.

Que doit faire un améliorateur des plantes ?

- Créer la variabilité
- Sélectionner les génotypes supérieurs

Pour cela l'améliorateur pense à l'efficacité de la sélection car elle doit être la plus adéquate possible. L'efficacité de sélection des plantes au sein d'une population dépend du fait que la variabilité est soit le résultat de facteurs génétiques, où les plantes sélectionnées transmettront leurs caractères soit due à l'environnement dans lequel les plantes sont cultivées.

La sélection pour un rendement élevé serait inefficace si la variation due à l'environnement est grande car elle masquerait la variation qui est due à l'hérédité.

L'héritabilité est le degré pour lequel la variabilité d'un caractère quantitatif est transmise à la progéniture.

L'héritabilité est la fraction de la sélection différentielle qui peut être gagnée par sélection.

La sélection différentielle est le gain maximum qu'on peut faire par sélection.

$$SD = \overline{XS} - \overline{X0}$$

Ex : $\overline{X0} = 100$ cm, $\overline{XS} = 120$ cm

Si H = 100 % -----SD = 20 cm

Si H = 50 % -----SD = 10 cm

De nombreuses méthodes d'estimation de l'héritabilité ont été développées en utilisant les moyens statistiques.

Ces méthodes sont basées sur la répartition de la variance totale observable dans une population en :

Variation contrôlée génétiquement et Variation contrôlée par l'environnement.

La mesure la plus considérée en statistique est la variance (V) qui est la moyenne de la somme des carrés des déviations des individus observées par rapport à la moyenne de la population.

$$V = \frac{d^2}{n - 1}$$

La variation observée peut être décrite statistiquement comme variance phénotypique (Vp) qui se divise à son tour en 2 composantes : variance génétique (VG) et variance non génétique ou environnementale (VE)

$$Vp = VG + VE$$

En amélioration, les expérimentations génétiques sur des caractères quantitatifs où les différences d'ordre génétique sont petites et altérées par les conditions du milieu, il est essentiel de minimiser au maximum l'effet de l'environnement (uniformité du sol, même doses, même fertilisation).

Si dans une population la variance génétique est nulle on aura :

$$VE = \frac{Vp1 + Vp2}{2} \text{ ou } VE = \frac{Vp1 + Vp2 + VF1}{3}$$

- HERITABILITE AU SENS LARGE :

Nous avons défini l'héritabilité (H) comme la proportion de la variance totale due à des facteurs génétiques ; donc

$$HB = \frac{VG}{Vp} \times 100 \text{ ou } HB = \frac{VG}{VG + VE} \times 100$$

La variance génétique additive est la variance formée par la contribution d'allèles ayant des effets quantitatifs linéaires. La ressemblance entre parents et progéniture est largement le résultat des effets génétiques additifs.

L'héritabilité au sens large n'est pas communément utilisée car elle surestime le gain que l'on peut faire après sélection et aussi parce qu'il y a des caractères qui sont facilement héritable et d'autres difficilement.

$V = V_G + V_A + V_{NA}$ <p style="text-align: center; margin: 0;"> G A NA additive Non additive </p>	$V_G = V_A + \frac{V_D + V_E}{NA}$
--	------------------------------------

- HERITABILITE AU SENS ETROIT :

Ce type d'héritabilité nous donne une meilleure estimation du gain à prévoir. La variance additive est la plus utile à l'améliorateur.

$HN = \frac{VA}{VP} \times 100$	<i>HN n'excède de jamais HB.</i>
---------------------------------	----------------------------------

- METHODES D'ESTIMATION DE L'HERITABILITE :

I/ - Méthodes des Parents et Progéniture :

Cette estimation est basée sur les relations qui existent entre les parents et leur descendance.

La meilleure estimation du gain qui peut être obtenue après sélection est donnée par le coefficient de régression (*b*).

(*b*) a pour limites : 0 - 1

$b = \frac{\text{Cov F2. F3}}{\text{Var. F2}}$	$H = b \times 100$	$b = \frac{\sum xy - \sum x \cdot \sum y / n}{\sum x^2 - (\sum x)^2 / n}$
--	--------------------	---

Ex. : Lorsque la hauteur des plantes en F2 varie de 60 à 80 cm.

- Si en F3 la hauteur est de 60 à 80 cm → H = 0 - 1
- Si en F3 " " 60 à 90 cm → H est surestimée
- Si en F3 " " 60 à 70 cm → H est sous estimée

Si dans la même année on a la F3, F4, F5 et F6 dans les mêmes conditions du milieu l'héritabilité sera surestimée car la variance due à l'environnement est nulle. Il est donc nécessaire de tester le matériel sous différents environnements.

II/ - METHODE DES COMPOSANTES DE LA VARIANCE :

Cette méthode tient compte des différentes variances et de leur comparaison ; la variance de l'interaction du génotype x environnement étant inclus.

L'utilisation de 2 à 3 localisations, de plusieurs répétitions (au moins 2 par localisation) et différentes années sont nécessaires dans cette méthode afin de minimiser au maximum les erreurs.

Pour cela on a recours au carré des moyennes attendues.

$$H = \frac{\sigma^2g}{\sigma^2g + \sigma^2gl + \sigma^2gy + \sigma^2gyl + \sigma^2e} \times 100$$

l

y

yl

rly

Héritabilité sur la base de la lignée.

σ^2g = Variance génotype au sein des différentes lignées)

σ^2gl = Variance de l'interaction génotype x localisation) Composantes d'après

σ^2gy = Variance de l'interaction génotype x années) l'analyse de la variance.

σ^2gyl = Var. de l'interaction génotype x années x localisations)

σ^2e = Erreur

III/ - ESTIMATION DE LA VARIABILITE DUE A L'ENVIRONNEMENT :

Ceci étant une comparaison de variance (génétique et environnementale) en utilisant des plantes génétiquement similaires pour estimer la variabilité due à l'environnement seulement.

$$H B = \frac{VF 2 - VE}{VF2} \times 100$$

IV/ - HERITABILITE REALISEE:

Ce type d'héritabilité est estimée après une année de sélection où on doit comparaître les déviations qui existent d'une génération à une autre.

$$H = \frac{\text{Gain de Sélection en F3}}{\text{R Sélection différentielle en F2}} \times 100$$

Calcul de l'héritabilité utilisant des résultats d'essais d'une seule localisation et la méthode des Composantes de Variance :

SOURCE	D - L	SOMME DES CARRÉS	VARIANCES ATTENDUES
Génotypes (G)	g - 1	M3	$\sigma^2GR + r\sigma^2G$
Répétition (r)	r - 1	M2	$\sigma^2GR + 1\sigma^2R$
G X R	(g - 1)(r - 1)	M1	σ^2GR

1 - Estimation des composantes de la variance :

$$\sigma^2e = \sigma^2GR = M1$$

$$\sigma^2R = \frac{M2 - M1}{1} \quad \sigma^2G = \frac{M3 - M1}{r}$$

2 - Estimation de l'héritabilité :

a) - Sur la base de la parcelle

$$H = \frac{\sigma^2G}{\sigma^2G + \sigma^2GR}$$

b) - Sur la base de la moyenne du génotype

$$H = \frac{\sigma^2G}{\sigma^2G + \frac{\sigma^2GR}{r}}$$

Variances attendues dans un essai (blocs Randomisés) où les Génotypes, localisations et Répétitions sont Inclus.

Source	D.L.	Somme des Carrés	Variances Attendues
Localisations (L)	L - 1	M 5	$\sigma^2e + r\sigma^2GL + rg\sigma^2L$
Reps./L	(r-1)L	M 4	$\sigma^2e + g\sigma^2R/L$
Génotypes (G)	g - 1	M 3	$\sigma^2e + \sigma^2GL + Lr\sigma^2G$
G X L	(g - 1)(L - 1)	M 2	$\sigma^2e + r\sigma^2GL$
G X Reps/L	(g - 1)(r - 1)	M 1	σ^2e

1 - Estimation des Composantes de la Variance :

$$\sigma^2E = M1 \quad \sigma^2G = \frac{M3 - M2}{Lr}$$

$$\sigma^2GL = \frac{M2 - M1}{r}$$

2 - Estimation de l'Héritabilité

a) - Sur la base de la parcelle

$$H = \frac{\sigma^2 G}{\sigma^2 e + \sigma^2 GL + \sigma^2 G}$$

b) - Sur la base de la moyenne du génotype

$$H = \frac{\sigma^2 G}{\sigma^2 e + \sigma^2 GL + \sigma^2 G}$$

$\frac{\text{---}}{rL} \quad \frac{\text{---}}{L}$

Somme des carrés des moyennes attendus (méthodes blocs randomisés) d'un essai impliquant les variétés ; les localisations, les années et les répétitions.

SOURCE		D - L	S.C.A. *
LOCALISATION	M9	l - 1	$\sigma^2 e + r\sigma^2 LYV + vr\sigma^2 LY + ry\sigma^2 VL + v\sigma^2 R/LY + yrv\sigma^2 L$
ANNEES	M8	y - 1	$\sigma^2 e + r\sigma^2 LYV + vr\sigma^2 LY + rl\sigma^2 VY + v\sigma^2 R/LY + lrv\sigma^2 Y$
L x Y	M7	(l-1)(y-1)	$\sigma^2 e + r\sigma^2 LYV + vr\sigma^2 LY + v\sigma^2 R/LY$
REP / LY	M6	(r - 1)l y	$\sigma^2 e + v\sigma^2 R/LY$
VARIETES	M5	v - 1	$\sigma^2 e + r\sigma^2 LYV + lr\sigma^2 YV + yr\sigma^2 LV + ylr\sigma^2 V$
L x V	M4	(l - 1) (v - 1)	$\sigma^2 e + r\sigma^2 LYV + ry\sigma^2 LV$
Y x V	M3	(y - 1) (v - 1)	$\sigma^2 e + r\sigma^2 LYV + lr\sigma^2 YV$
L x Y x V	M2	(l - 1)(y - 1)(v - 1)	$\sigma^2 e + r\sigma^2 LYV$
V x REP/ LY	M1	$\frac{(v - 1)(r - 1)Ly}{n - 1}$	$\sigma^2 e$

* Assumant que les variables (variétés, localisation, années) sont prises au hasard.

1) - Estimation pertinente des composantes de la variance

$$\sigma^2 e = M1$$

$$\sigma^2 VL = \frac{M4 - M2}{RY}$$

$$\sigma^2 VLY = \frac{M2 - M1}{R}$$

$$\sigma^2 V = \frac{M5 - (M4 + M3 - M2)}{YLR}$$

$$\sigma^2 VY = \frac{M3 - M2}{LR}$$

2) - Estimation de l'héritabilité (sur la base de la lignée).

$$H = \frac{\sigma^2 V}{\sigma^2 V + \sigma^2 VL + \sigma^2 VY + \sigma^2 VLY + \sigma^2 L} \times 100$$

$$\frac{\text{---}}{L} \quad \frac{\text{---}}{Y} \quad \frac{\text{---}}{LY} \quad \frac{\text{---}}{RLY}$$

L'INTERACTION DU GENOTYPE AVEC LE MILIEU

Le phénotype est fonction du génotype, de l'environnement et de l'interaction GxE

La révolution verte a été une réussite totale à cause de la considération de l'interaction G x E. Le Dr. BORLAUG a utilisé des génotypes à large spectre d'adaptation.

L'Interaction fait intervenir plus de 2 génotypes et réfère à un changement dans la performance.

$$\begin{matrix} \mathbf{V} \\ \mathbf{GxE} \end{matrix} = \begin{matrix} \mathbf{V} \\ \mathbf{gl} \end{matrix} + \begin{matrix} \mathbf{V} \\ \mathbf{gy} \end{matrix} + \begin{matrix} \mathbf{V} \\ \mathbf{gyl} \end{matrix}$$

- Interaction du 1er Ordre : Vgl et Vgy :

Intervient quand 2 génotypes et plus répondent différemment en différentes localisations ou différentes années.

- Interaction du 2nd Ordre : Vgyl :

Intervient quand 2 génotypes et plus répondent différemment en différents milieux (localisations + années) et que la réponse n'est ni expliquée par la localisation, ni par l'année.

Les génotypes peuvent bien se comporter d'un pays à un autre, ceci dépend évidemment de l'environnement. Les introductions sont très importantes et l'améliorateur doit en tirer les avantages.

La diversité génétique de différents génotypes aboutit souvent à une stabilité sous des conditions de milieu variables.

$$\mathbf{S X^2} = \begin{matrix} \text{-----} \\ \mathbf{Vgl} \\ \mathbf{l} \end{matrix} + \begin{matrix} \text{-----} \\ \mathbf{Vgy} \\ \mathbf{y} \end{matrix} + \begin{matrix} \text{-----} \\ \mathbf{Vgyl} \\ \mathbf{yl} \end{matrix} + \mathbf{Ve}$$

$$\mathbf{PPDS} = \mathbf{Lsd} = t \sqrt{2 \mathbf{S X^2}}$$

- ALLOCATION DE PARCELLES EN REPETITIONS, LOCALISATIONS ET ANNEES :

Le choix d'un nombre de parcelles élémentaires donné est fonction de l'ampleur des différentes composantes de la variance.

Si on peut avoir un nombre constant de parcelles (cad, rely = constant) on peut avoir des composantes optimum (r = 1). La plus petite variance est donnée par l'obtention d'une constante optimale.

Dans tous les cas la limitation dans les tests fait suite aux coûts à utiliser.

Le plus souvent on souhaite utiliser plusieurs répétitions au lieu de plusieurs années et localisations de test. $r > l > y$.

Du point de vue économique si on utilise plusieurs années le coût du test sera élevé $y > l > r$.

- DECISION SUR LES LIEUX DE TEST ET DU TYPE D'ENVIRONNEMENT :

L'améliorateur s'intéresse surtout à Vgl pour voir quel genre d'unité de test donnera la plus petite interaction $g \times l$. Une zone de test est l'endroit qui a les conditions les plus favorables.

Byth (1969) a pu dire qu'on pourrait faire le même gain dans des environnements divers (favo. et non favorables) mais l'héritabilité est grande dans un milieu favorable.

-VARIATION CHROMOSOMIQUE CHEZ LES PLANTES :

Le nombre chromosomique haploïd-diploïde est essentiellement constant pour les différentes espèces des plantes (voir tableau n°2.1).

On peut noter que 2 espèces de blés cultivées (*Triticum turgidum* et *T. aestivum*) ont un nombre chromosomique de $2n = 28$ et $2n = 42$ respectivement. Certaines espèces sauvages de *Triticum*, *T. monococcum* par exemple à un nombre chromosomique $2n = 14$. Ce qui donne donc un nombre chromosomique haploïde des espèces *T. mono.* *T. turgidum*, *T.aestivum* de 7, 14 et 21 respectivement.

- UN GROUPE D'ESPECES ETROITEMENT LIEES ET DANS LEQUEL LE NOMBRE DE CHROMOSOMIQUE S'ACCROIT DE MANIERE ARITHMETIQUE CONSTITUE CE QU'ON APPELLE UNE SERIE POLYPLOIDE :

Dans les polyploïdes, les espèces ayant un plus grand nombre de chromosomique ont généralement des cellules + grandes et seront plus rigoureuses et productives. Il est quelques fois possible de créer des plantes polyploïdes en assemblant des chromosomes ou en dédoublant de nombre de chromosomique des plantes par la colchicine (Ex. Tcl.).

- AUTO POLLINISATION ET POLLINISATION CROISEE DES PLANTES :

L'auto pollinisation est le transfert du pollen de l'anthere au stigmate de la * fleur ou au stigmate d'une autre fleur de la même plante.

La plupart des espèces de plantes qui se reproduisent sexuellement sont classées en plantes à auto pollinisation ou à pollinisation croisée. Néanmoins, il se produit toujours soit des pollinisations croisées chez les plantes auto fécondable soit une autofécondation chez les plantes à fécondation croisée.

Ceci dépend surtout de :

- a/ - La variété ou l'espèce,
- b/ - les conditions de la saison
- c/ - La vitesse et la direction du vent au moment de la pollinisation
- d/ - La présence de populations d'insectes.

Tableau 2.1. - DIPLOID CHROMOSOME NUMBER OF SOME CULTIVATED CROP SPECIES:

CROP	SPECIES	DIPLOID (En) Chromosome Number
	<u>CEREAL CROPS</u>	
- ORGE	HORDEUM VULGARE	14
- MAIS	ZEA MAYS	20
- MILLET	ELEUSINE CORACANA	36
- MILLET	PENNISETUM AMERICANUM	14
- AVOINE	AVENA SATIVA	42
- R I Z	ORYZA SATIVA	24
- SEIGLE	SECALE CEREALE	14
- SORGHO	SORGHUM BICOLOR	20
- TRITICALE	TRITICOSECALE SPP.	42, 56
- BLE DUR	TRITICUM TURGEDUM	28
- BLE TENBDRE	TRITICUM AESTIVUM	42
	<u>FIBERS CROPS</u>	
- COTON	GOSSYPIUM ARBOREUN	26
	GOSSYPIUM BARBADENSE	52
	GOSSYPIUM HIRSUTUM	52
	CANNABIS SATIVA	20
	CORCHORUS CAPSULARIS	14
	<u>FORAGE CROPS</u>	
- LUZERNE	MEDICAGO SATIVA	32
- RAY-GRASS	PASPALUM NOTATUM	40
	CYNDON DACTYLON	18, 36
	LOTUS CORNICULATUS	12, 24
	POA PRATENSIS	28, 56, 70
- BROME	BROMUS INERMIS	56
- TREFLE	TRIFOLIUM PRATENSE	14
	MELILOTUS OFFICINALIS	16
	TRIFOLIUM REPENS	32
- FETUQUE	FESTUCA ARUNDINACEA	42
- DACTYLE	DACTYLIS GLOMERATA	28
- RAY-GRASS	LOLIUM PERENNE	14
	PHLEUM PRETENSE	42
	<u>OILSEES CROPS</u>	
- LIN	LINUM USITATISSIMUM	30
- MOUTARDE	BRASSICA JUNCEA	36
- CHOUX	BRASSICA NAPIS	38
- CARTHAME	CARTHAMUS TINCTORIUS	24
- SOJA	GLYCINE MAX	40
- TOURNESOL	HELIANTHUS ANNUS	34
	<u>LEGUMES AND PULSES</u>	
- HARICOT	PHASEALUS VULGARIS	22
- POIS-CHICHE	CICER ARIETINUM	16
	VIGNA UNGUICULATA	22
- FEVE	VICIA FABIA	12
	VIGNA RADIATA	22

- ARACHIDE	ARACHIS HYPOGAEA	40
	<u>ROOT CROPS</u>	
	MANIHOT ESCULENTA	36
- POMME-DE-TERRE	SOLANUM TUBEROSUM	48
	<u>STIMULANT CROPS</u>	
- TABAC	NICOTIANA TABACUM	48
	<u>SUGAR CROPS</u>	
- BETTERAVE SUCR.	BETA VULGARIS	18
- CANNE A SUCRE	SACCHARUM OFFICINARUM	80