



HAL
open science

Modèles de sélection des aptitudes au mélange

Emma Forst, Timothée Flutre

► **To cite this version:**

Emma Forst, Timothée Flutre. Modèles de sélection des aptitudes au mélange. Master. Sélection pour la diversification intra-parcelle, France. 2020. hal-03172130

HAL Id: hal-03172130

<https://hal.science/hal-03172130v1>

Submitted on 22 Mar 2021

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - ShareAlike 4.0 International License



Modèles de sélection des aptitudes au mélange



Emma Forst, UNIVPM
Timothée Flutre, GQE - Le Moulon
avec l'aide de Benedikt Haug, FIBL

Journée de formation à la sélection pour la diversification
intra-parcelle, 11/12/2020



- Variétés actuellement au catalogue

- sélectionnées à partir de leur rendement dans des micro-parcelles en pur
 - complexité pyramidage vs. assemblage
- pas forcément de corrélation avec rendement en mélange
- peu de connaissances sur les caractères et processus expliquant le rendement en mélange

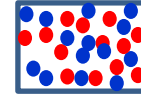
→ **sélectionner pour augmenter l'aptitude au mélange**

- implique variabilité génétique et effet de la sélection



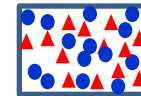
PLAN

I. Prédiction des valeurs génétiques à partir de données de rendement total



Y_{ij}

II. Prédiction des valeurs génétiques à partir de données de rendement par composante



$Y_{i(j)} + Y_{j(i)}$

III. Applications en sélection et perspectives

- en intra-spécifique
- en inter-spécifique



Aptitude au mélange

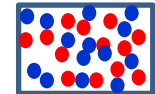
Analogie avec l'aptitude à la combinaison pour hybrides (Griffing 1956)

Objectifs : estimer les effets i) des génotypes et ii) des combinaisons de génotypes

| | 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} |

→ GMA_1

Évaluer un ensemble de génotypes en mélanges binaires



$$E[Y_{12}] = \mu + \frac{1}{2} (GMA_1 + GMA_2) + SMA_{12}$$

- **General Mixing Ability** : performance moyenne d'un génotype

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

- **Specific Mixing Ability** : interaction entre les deux génotypes

$$SMA_{12} = Y_{12} - \mu - \frac{1}{2} (GMA_1 + GMA_2)$$



Problèmes méthodologiques pour la sélection

- **Casse-tête combinatoire :**

- Nombre de mélanges possibles = $2^n - (n+1) \rightarrow 1013$ mélanges pour $n=10$

- Uniquement mélanges à 2 composants = $n(n-1)/2 \rightarrow 45$ mélanges binaires pour $n=10$

- **Études souvent limitées à moins de 8 génotypes**

- Objectif : évaluer plus de génotypes

- ⇒ Ne pas tester toutes les combinaisons

- ⇒ Adapter les modèles



- Généralisation des modèles d'aptitude au mélange :

① Plans incomplets

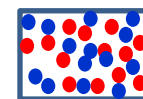
| | Var1 | Var2 | Var3 | Var4 | Var5 |
|------|------|------|------|------|------|
| Var1 | ■ | ■ | ■ | ■ | ■ |
| Var2 | | ■ | ■ | ■ | ■ |
| Var3 | | | ■ | ■ | ■ |
| Var4 | | | | ■ | ■ |
| Var5 | | | | | ■ |

Plan complet



| | Var1 | Var2 | Var3 | Var4 | Var5 |
|------|------|------|------|------|------|
| Var1 | ■ | ■ | | ■ | |
| Var2 | | ■ | ■ | | ■ |
| Var3 | | | ■ | | |
| Var4 | | | | ■ | |
| Var5 | | | | | ■ |

Plan incomplet



→ **Modèles mixtes, composantes de la variance (ReML, BLUP)**

avec $GMA_i \sim N(0, \sigma_{GMA}^2)$ et $SMA_{ij} \sim N(0, \sigma_{SMA}^2)$



- Généralisation des modèles d'aptitude au mélange :

① Plans incomplets

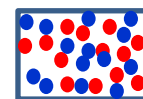
| | Var1 | Var2 | Var3 | Var4 | Var5 |
|------|------|------|------|------|------|
| Var1 | ■ | ■ | ■ | ■ | ■ |
| Var2 | | ■ | ■ | ■ | ■ |
| Var3 | | | ■ | ■ | ■ |
| Var4 | | | | ■ | ■ |
| Var5 | | | | | ■ |

Plan complet



| | Var1 | Var2 | Var3 | Var4 | Var5 |
|------|------|------|------|------|------|
| Var1 | ■ | ■ | | ■ | |
| Var2 | | ■ | ■ | | ■ |
| Var3 | | | ■ | | |
| Var4 | | | | ■ | |
| Var5 | | | | | ■ |

Plan incomplet



→ Modèles mixtes, composantes de la variance (ReML, BLUP)

② Pures incluses dans l'analyse au même titre que les mélanges :

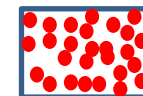
| | Var1 | Var2 | Var3 | Var4 | Var5 |
|------|------|------|------|------|------|
| Var1 | ■ | ■ | | ■ | |
| Var2 | | ■ | ■ | | ■ |
| Var3 | | | ■ | | |
| Var4 | | | | ■ | |
| Var5 | | | | | ■ |

Plan incomplet



| | Var1 | Var2 | Var3 | Var4 | Var5 |
|------|------|------|------|------|------|
| Var1 | ■ | ■ | | ■ | |
| Var2 | ■ | ■ | ■ | | ■ |
| Var3 | | | ■ | | |
| Var4 | | | | ■ | |
| Var5 | | | | | ■ |

Pures incluses





• Généralisation des modèles d'aptitude au mélange :

- ① Plans incomplets
- ② Pures incluses

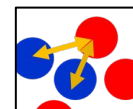
③ Modélisation des interactions :

Modèle 1 : pas de SMA

$$Y_{ij,br} = \mu + \alpha_b + \frac{1}{2}(GMA_i + GMA_j) + e_{ij,br}$$

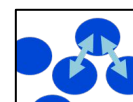
Modèle 2 : en mélange → SMA inter-génotypique

$$Y_{ij,br} = \mu + \alpha_b + \frac{1}{2}(GMA_i + GMA_j) + SMA_{ij} + e_{ij,br}$$



en pur → SMA intra-génotypique

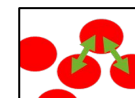
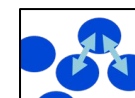
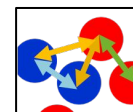
$$Y_{ii,br} = \mu + \alpha_b + GMA_i + SMA_{ii} + e_{ii,br}$$



Modèle 3 : en mélange → SMA inter- et intra-génotypique

en pur → SMA intra-génotypique

$$Y_{ij,br} = \mu + \alpha_b + \frac{1}{2}(GMA_i + GMA_j) + \frac{1}{4}SMA_{ii} + \frac{1}{2}SMA_{ij} + \frac{1}{4}SMA_{jj} + e_{ij,br}$$

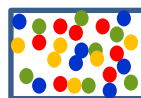




- Généralisation des modèles d'aptitude au mélange :

- ① Plans incomplets
- ② Pures incluses dans l'analyse
- ③ Modélisation des interactions

- ④ Mélanges binaires ou d'ordre supérieur (> 2 composantes)



$$Y_{nbr} = \mu + \alpha_b + \frac{1}{K(n)} \sum_{k(n)=1}^{K(n)} GMA_{k(n)} + \frac{1}{(K(n))^2} \sum_{k(n)=1}^{K(n)} \sum_{k'(n)=1}^{K(n)} SMA_{k(n)k'(n)} + e_{nbr}$$



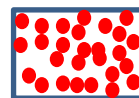
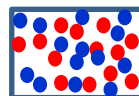
Objectifs : comparer modèles GMA-SMA, prédire des mélanges

- Panel : 25 génotypes (diff. types variétaux)

- Mélanges : 75 mélanges binaires

1 génotype observé dans 6 mélanges

+ 25 pures



| Genotype | A208 | A22 | A243 | A398 | Alauda | Aligo | Apache | Arezzo | Blé autrichien | Boréga | F236 | F426 | Grapel | Hermes | Maid | Midas | Renan | Ritter | Rouge de Bordeaux | Rouge du Roc | Saint Pries | Skerzo | Sogood | Soissons | Trémic | | |
|-------------------|------|-----|------|------|--------|-------|--------|--------|----------------|--------|------|------|--------|--------|------|-------|-------|--------|-------------------|--------------|-------------|--------|--------|----------|--------|--|--|
| A208 | ■ | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| A22 | | ■ | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| A243 | | | ■ | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| A398 | | | | ■ | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Alauda | | | | | ■ | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Aligo | | | | | | ■ | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Apache | | | | | | | ■ | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Arezzo | | | | | | | | ■ | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Blé autrichien | | | | | | | | | ■ | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Boréga | | | | | | | | | | ■ | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| F236 | | | | | | | | | | | ■ | | | | | | | | | | | | | | | | |
| F426 | | | | | | | | | | | | ■ | | | | | | | | | | | | | | | |
| Grapel | | | | | | | | | | | | | ■ | | | | | | | | | | | | | | |
| Hermes | | | | | | | | | | | | | | ■ | | | | | | | | | | | | | |
| Maid | | | | | | | | | | | | | | | ■ | | | | | | | | | | | | |
| Midas | | | | | | | | | | | | | | | | ■ | | | | | | | | | | | |
| Renan | | | | | | | | | | | | | | | | | ■ | | | | | | | | | | |
| Ritter | | | | | | | | | | | | | | | | | | ■ | | | | | | | | | |
| Rouge de Bordeaux | | | | | | | | | | | | | | | | | | | ■ | | | | | | | | |
| Rouge du Roc | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | ■ | | | | | | | |
| Saint Pries | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | ■ | | | | | | |
| Skerzo | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | ■ | | | | | |
| Sogood | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | ■ | | | | |
| Soissons | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | ■ | | | |
| Trémic | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | ■ | | |



- Dispositif expérimental :

- micro-parcelles au Moulon (7m²)
- 2 répétitions, 1 année (2014-2015)

- VARIABLES MESURÉES : rendement et ses composantes



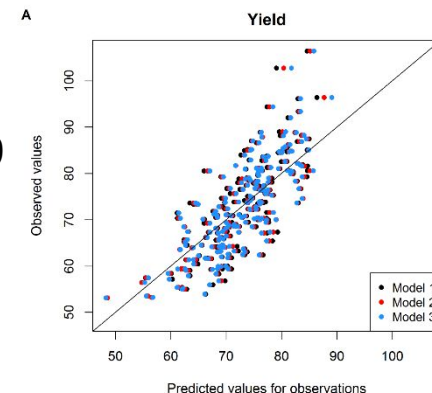
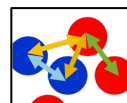
Résultats mélanges binaires blé tendre

- Ajustement du modèle aux données ?

Corrélation mélanges observés et mélanges prédits **Modèle 3 : 0.79**

(corrélation mélanges et moyenne des pures : 0,51)

→ **ajustement élevé pour le rendement**



- Importance relative des interactions ? (SMA vs GMA)

Modèle 3 : $\sigma_{SMA}^2 / \sigma_{GMA}^2$

Rendement **0.27**

Densité épis **0.61**

Nb grains /épi 0.00

PMG 0.07

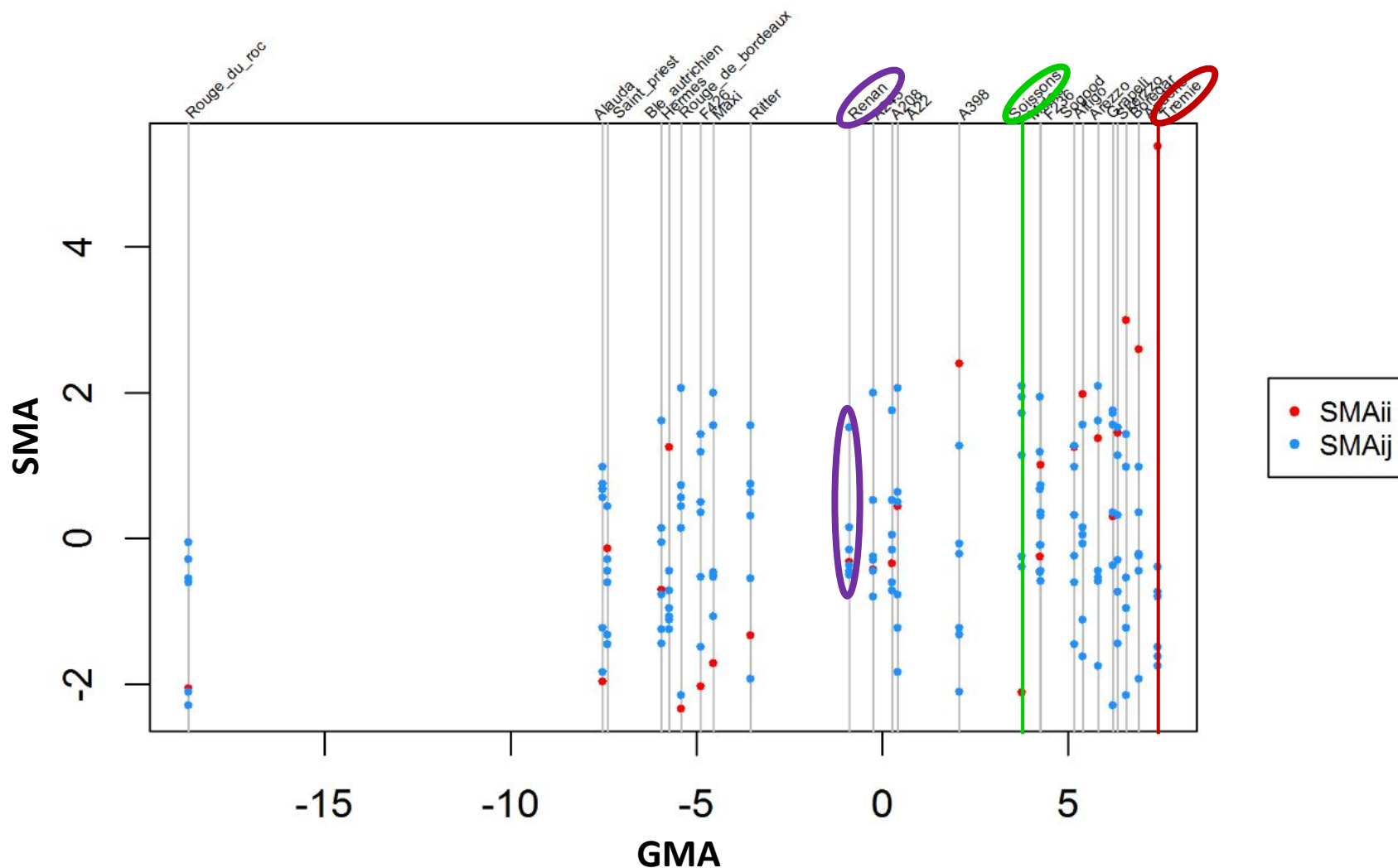
→ **Forte plasticité pour le tallage**

→ **SMA selon variables (composantes du rendement)**



Résultats : relations entre GMA et SMA

Rendement Le Moulon Modèle 3



→ variétés avec différents profils de GMA et SMA



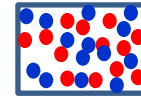
Questions ?





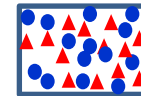
PLAN

I. Prédiction des valeurs génétiques à partir de données de rendement total



Y_{ij}

II. Prédiction des valeurs génétiques à partir de données de rendement par composante



$Y_{i(j)} + Y_{j(i)}$

III. Applications en sélection et perspectives

- en intra-spécifique
- en inter-spécifique



Rendement par composante du mélange

- Si seul le rendement total est disponible :

| | rdt total | rdt comp. 1 | rdt comp. 2 |
|--------|-----------|-------------|-------------|
| cas 1a | 100 | 50 | 50 |
| cas 1b | 100 | 60 | 40 |
| cas 2 | 120 | 40 | 80 |

- cas 1 : la *capacité compétitive* de chaque génotype n'est pas accessible
- cas 2 : on ne peut pas sélectionner pour une certaine quantité (ou ratio) d'une certaine composante

⇒ modèles/dispositifs avec rendement par composante



- rendements du génotype r de l'espèce 1 et du génotype s de l'espèce 2 dans le mélange m :
 - Pr_{1r} effet **Producteur** du génotype r de l'espèce 1 : effet moyen du génotype r en présence de voisins
 - As_{1r} effet **Associé** du génotype r de l'espèce 1 : effet moyen du génotype r en tant que voisin

$$x_{1rm} = \mu_1 + Pr_{1r} + As_{2s} + (PrAs)_{1r2s} + e_{1rm}$$
$$x_{2sm} = \mu_2 + Pr_{2s} + As_{1r} + (PrAs)_{2s1r} + e_{2sm}$$

- rendement total : $y_{1r2sm} = x_{1rm} + x_{2sm}$
 - $GMA_{1r} = Pr_{1r} + As_{1r}$; idem pour GMA_{2s}
 - $SMA_{1r2s} = (PrAs)_{1r2s} + (PrAs)_{2s1r}$
 - $\varepsilon_{1r2s} = e_{1rm} + e_{2sm}$



- plan incomplet équilibré puis modèle mixte avec inférence par ReML
 - calcul de BLUP

- bivarié pour gérer les erreurs corrélées

$$\mathbf{e}_m \sim \text{Normal}_2(\mathbf{0}, \Sigma) \rightarrow \Sigma = \text{VarCov} \left(\begin{bmatrix} e_{1rm} \\ e_{2sm} \end{bmatrix} \right) = \begin{bmatrix} \sigma_1 & \rho_{12} \\ \rho_{12} & \sigma_2 \end{bmatrix}$$

- estimation de la corrélation entre Pr et As

$$\mathbf{g}_{1r} \sim \text{Normal}_2(\mathbf{0}, \Sigma_{g1}) \rightarrow \Sigma_{g1} = \text{VarCov} \left(\begin{bmatrix} \text{Pr}_{1r} \\ \text{As}_{1r} \end{bmatrix} \right) = \begin{bmatrix} \sigma_{\text{Pr}1} & \rho_{g1} \\ \rho_{g1} & \sigma_{\text{As}1} \end{bmatrix}$$

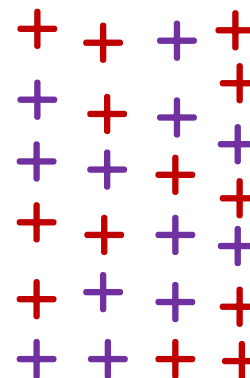


Dispositifs expérimentaux

Photos GQE-Le Moulon

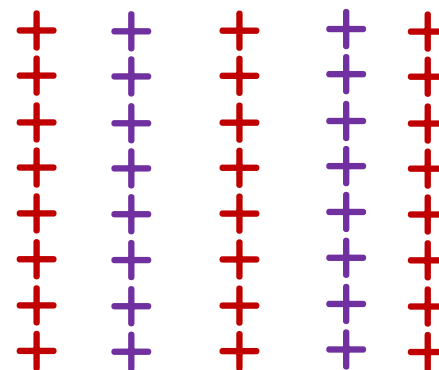
- micro-parcelle (7-12 m²) :

- Évaluer la réponse à la culture en présence d'autres génotypes
- ex. orge-pois : *Haug et al, in prep.*



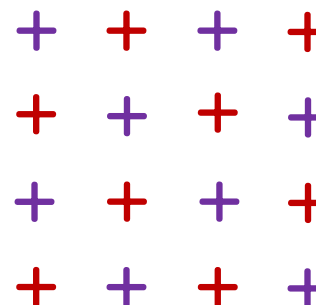
- pépinière (rangs alternés) :

- Estimer l'effet de la présence du génotype sur ses voisins
- ex. blé tendre : *Goldringer et al, 1994*



- nano-parcelle (plantes alternées) :

- Estimer les interactions entre plantes individuelles
- ex. blé tendre : *Gawinowski, Flutre et al*





- thèse de B. Haug au FiBL et projet ReMix
- Dispositif expérimental :
 - 32 génotypes de pois et 8 génotypes d'orge
 - 2 sites et 2 ans

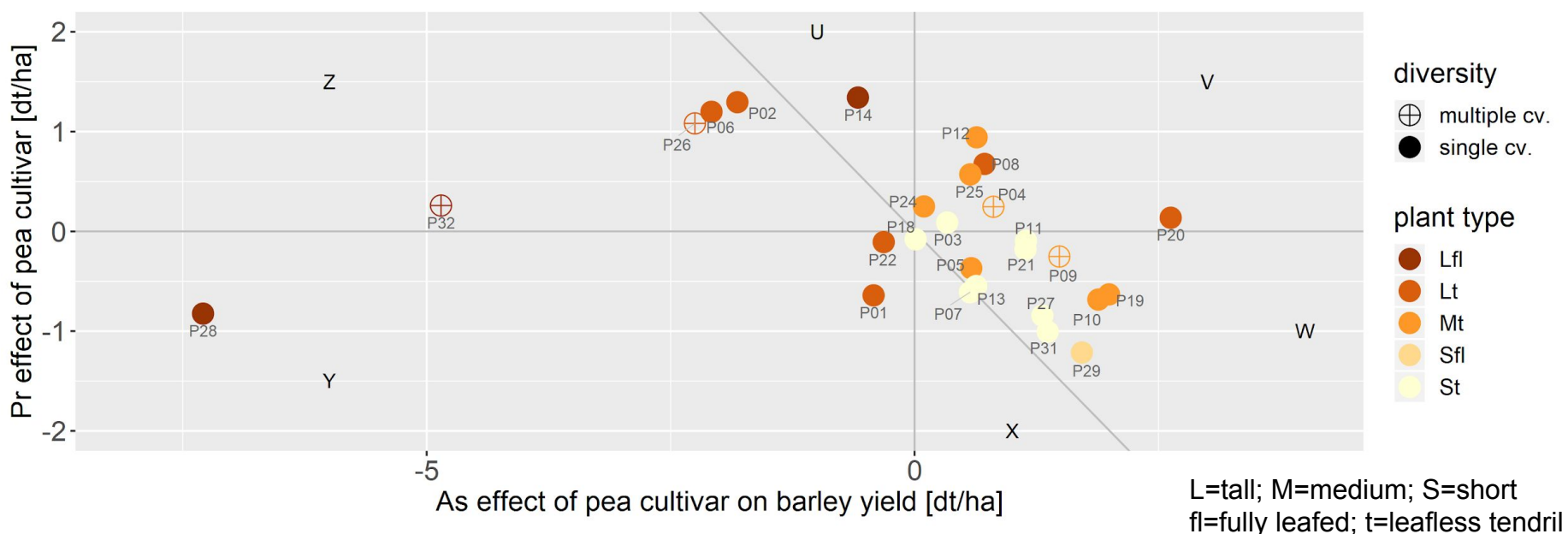
Micro-parcelles de
mélanges orge-pois
(B. Haug, FiBL)





• Résultats préliminaires

– moyenne des effets Pr et As pour 27 géotypes de pois

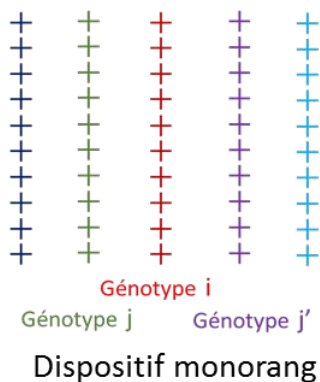
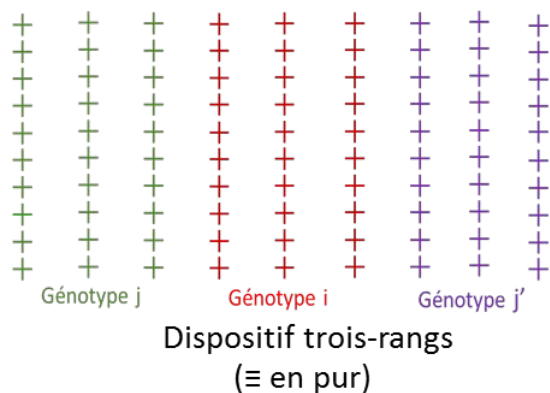


Géotypes dans les quadrants U, V et W :

⇒ $GMA > 0$ mais différentes relations Pr vs As



- thèse d'E. Forst à GQE-Le Moulon et projet Wheatamix
- Dispositif expérimental :
 - dispositif "trois-rangs" (répété)
 - dispositif "monorang" (8 voisinages/génotype)



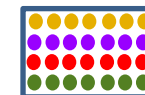
Pépinière GQE-Le Moulon



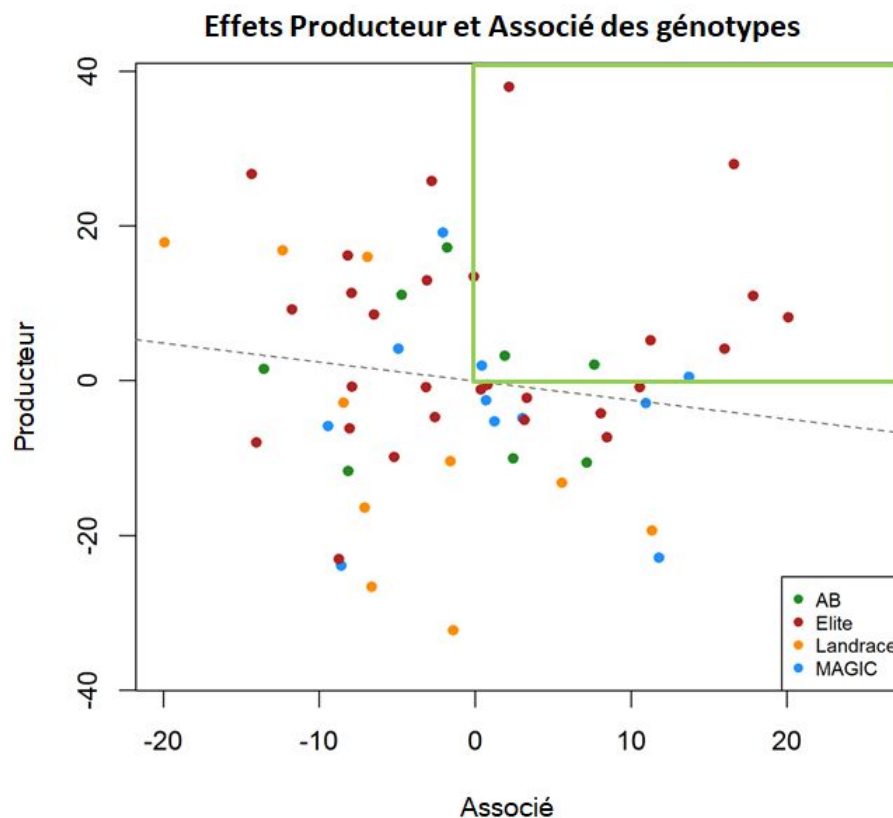
Essais "blé tendre" en pépinière (2/2)

- Modèle Producteur-Associés :

$$Y_{bi(jj')} = \mu + \alpha_b + Pr_i + As_j + As_{j'} + e_{bi(jj')}$$



- Résultats :



Corrélations :

- 0,16 pour le panel
des 58 géotypes

- 0,29 pour le panel
des 25 géotypes

Données 2015



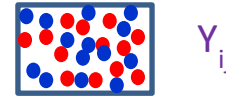
Questions ?





PLAN

I. Prédiction des valeurs génétiques à partir de données de rendement total



II. Prédiction des valeurs génétiques à partir de données de rendement par composante



III. Applications en sélection et perspectives

- en intra-spécifique
- en inter-spécifique



Programmes de sélection pour les mélanges intra

Forst, 2018

| | Var1 | Var2 | Var3 | Var4 | Var5 |
|------|------|------|------|------|------|
| Var1 | ■ | | | | |
| Var2 | | ■ | | | |
| Var3 | | | ■ | | |
| Var4 | | | | ■ | |
| Var5 | | | | | ■ |

① GMA corrélée perf en pur

Dév variétés « polyvalentes » culture en pur et en mélange

Peu d'adaptations d'un programme classique :

- Evaluation **monorang**
- Complément **quelques**

mélanges/génotype candidat : avec testeur

② GMA peu corrélée perf pur

Dév pool variétés à associer ou mélanges d'ordre élevé

Focus sur les composants indiv :

- Eval **monorang**
- Eval **mélanges** avec **testeurs** ou en diallèle
- Eval en mélange avec **composants séparés**

(- Essai avec mélanges d'ordre supérieur)

③ SMA importante

Dév mélanges à 3-4 composants

- Structurer le panel

- Eval monorang structuré
- Eval diallèle structuré -> déterminer **meilleures combinaisons de groupes** et identifier testeurs
- Eval avec testeurs puis diallèle -> identifier **meilleures combinaisons de génotypes**
- **valider répétabilité SMA**

Conception mélanges :

- idéotypage
- SMA, essai avec mélanges d'ordre supérieur

| | Var1 | Var2 | Var3 | Var4 | Var5 | Var6 |
|------|------|------|------|------|------|------|
| Var1 | ■ | | | | | |
| Var2 | | ■ | | | | |
| Var3 | | | ■ | | | |
| Var4 | | | | ■ | | |
| Var5 | | | | | ■ | |
| Var6 | | | | | | ■ |

+ screening décentralisé, évaluation à la ferme



Relations entre caractères et GMA/Pr&As

Haug et al, submit.

- Quels processus éco-physiologiques sous-tendent les différences de GMA/Pr&As entre génotypes ? Quels caractères y contribuent ?
 - caractériser la relation entre un caractère donné et les GMA/Pr&As du rendement

| GMA_{pea} | Pr_{pea} | AS_{pea} | Biologic interaction-function (BIF) of pea trait | pattern |
|-------------|------------|------------|--|---------|
| | | | Commensalism | +/0 |
| | | | Commensalism | 0/+ |
| | | | Mutualism | +/+ |
| | | | Antagonism | +/- |
| | | | Antagonism | -/+ |
| | | | Neutralism | 0/0 |
| | | | Amensalism | 0/- |
| | | | Amensalism | -/0 |
| | | | Competition | -/- |

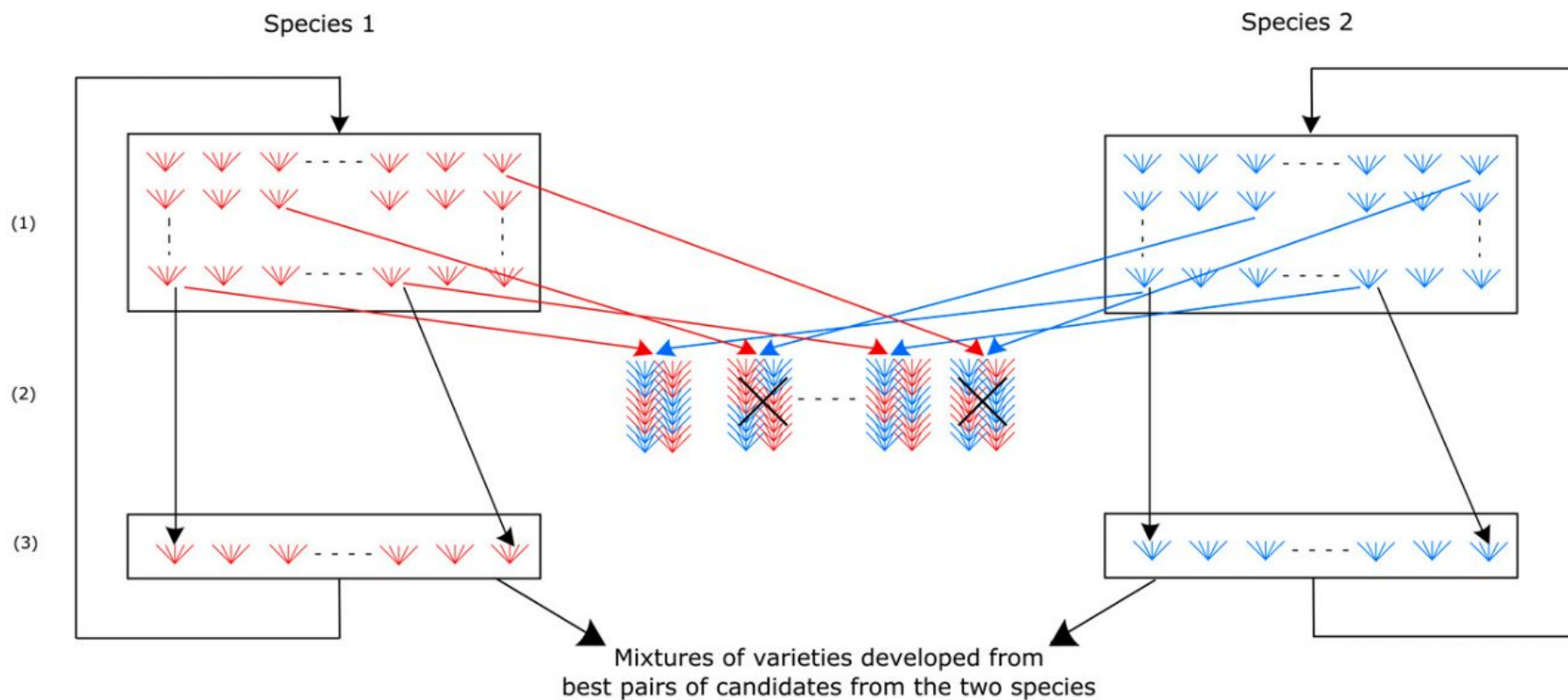
axe des X : variation du caractère explicatif



Sélection récurrente réciproque ou parallèle (1/3)

Sampoux et al, 2019

- Schéma de sélection récurrente pour l'aptitude au mélange réciproque (SRMA)

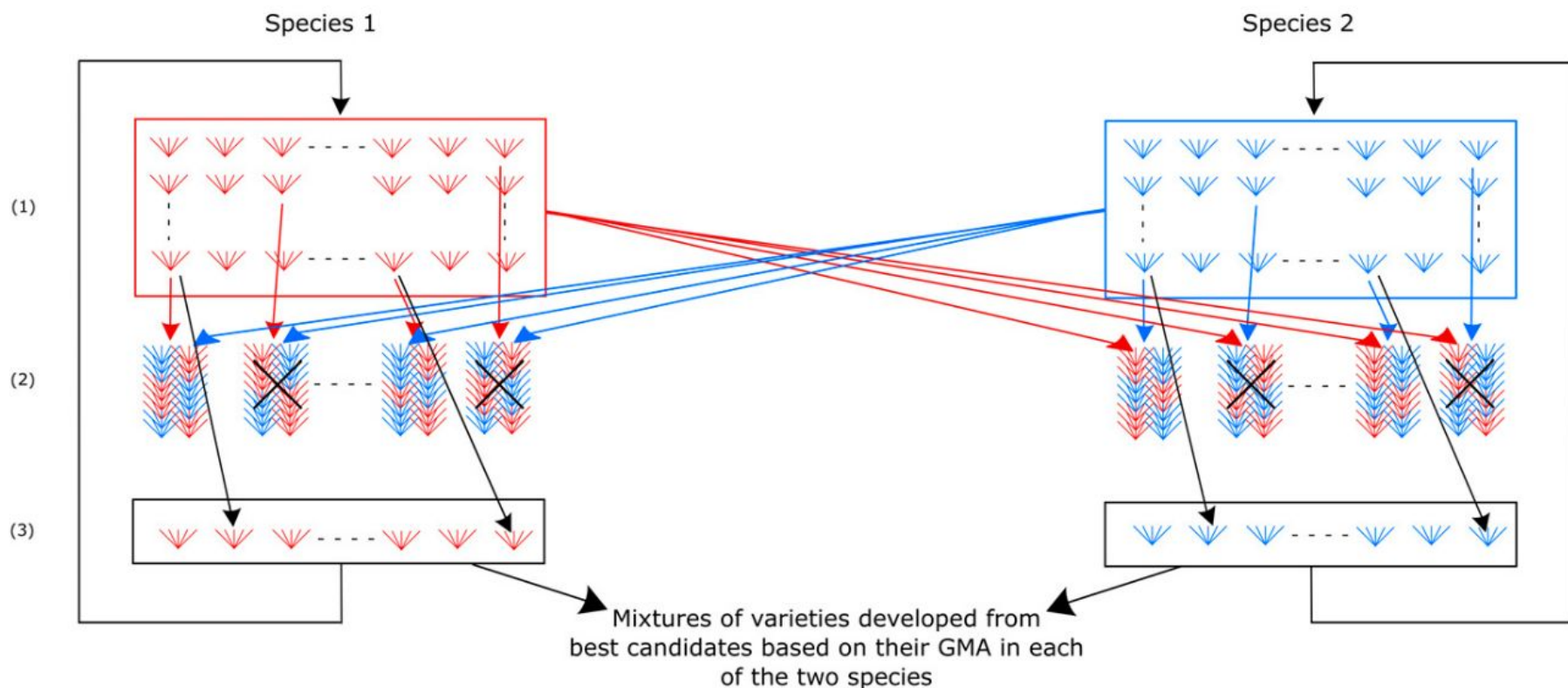




Sélection récurrente réciproque ou parallèle (2/3)

Sampoux et al, 2019

- Schéma de sélections récurrentes en parallèle pour l'aptitude général au mélange (SGMA)



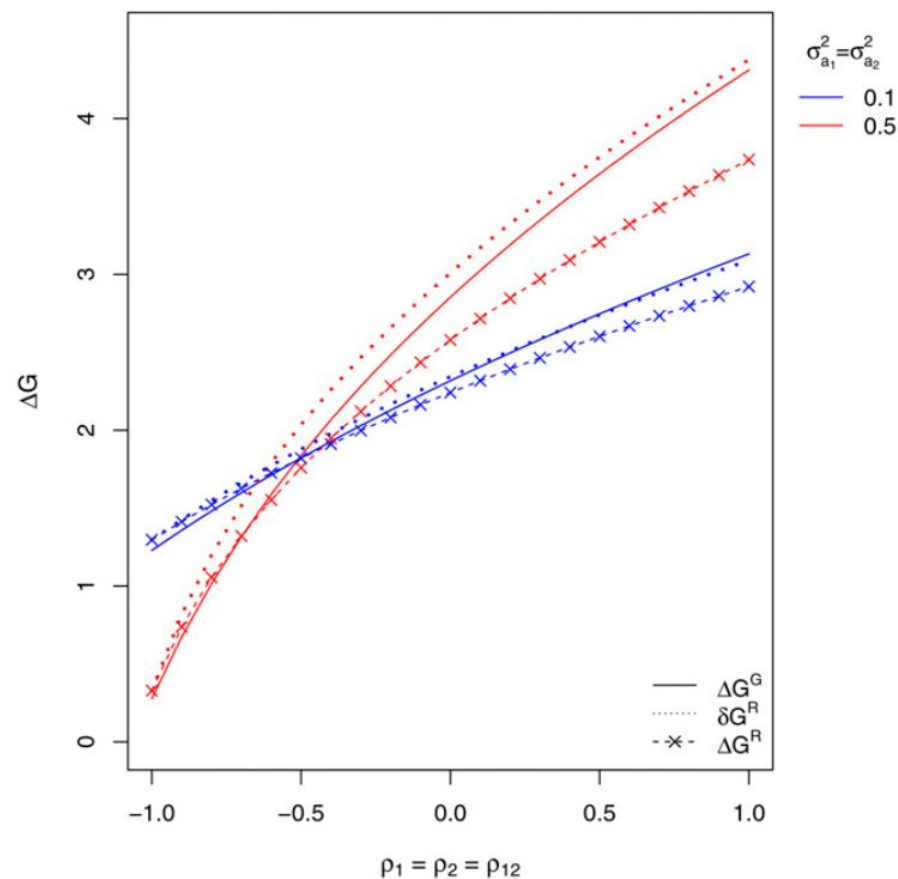


Sélection récurrente réciproque ou parallèle (3/3)

Sampoux et al, 2019

- ΔG : gain génétique de la génération n à $n+1$
- ρ_1, ρ_2 : corrélations entre les effets Pr et As
- σ_{a1}, σ_{a2} : variances des As

⇒ ΔG augmente avec ρ
⇒ influence de σ_a
⇒ les GMA en parallèle (ligne pleine) meilleur que la récurrente réciproque après recombinaison (ligne xxx)





- **Pour les mélanges intra-spécifiques**
 - étude du suivi des proportions variétales au sein de grains récoltés en mélange ; ex. en cours sur blé à GQE (Saclay) et AGAP (Montpellier)
- **Pour les mélanges inter-spécifiques**
 - étude de l'architecture génétique de l'aptitude à la co-culture ; ex. en cours de GWAS avec 200 variétés de blé et 2 variétés de pois à GQE (Saclay) et IGEPP (Rennes)



Questions ?





Merci !

