

# ETUDE DE LA REPONSE A LA SELECTION MASSALE PAYSANNE SUR LES VARIETES DE MAIS POPULATION

Mars 2022, AgroBio Périgord

## Résumé

Depuis une vingtaine d'années, les paysan-ne-s de Dordogne s'intéressent et travaillent sur la sélection de variétés de maïs population. Dans le cadre du projet COVALIENCE, les paysan-ne-s ont souhaité étudier des méthodes de sélection simples, afin de déterminer si celles-ci pouvaient permettre l'augmentation du rendement grain de leurs variétés. Ainsi, il a été constaté que la création d'un différentiel de sélection était possible grâce à l'utilisation d'un protocole de sélection simple, basé sur le poids épi. Cependant, l'utilisation d'un tel protocole allonge l'intervalle de floraison mâle/femelle des variétés, augmentant par conséquent leur vulnérabilité à la sécheresse. La castration des pieds mâles tardifs uniquement ne semble pas compenser cet effet. Les méthodes de sélection sont donc à adapter à chaque situation et peuvent être agrémentées d'autres éléments afin de répondre aux objectifs de chacun. Les conclusions de cette étude orientent les futurs travaux d'AgroBio Périgord vers des sélections basées sur les floraisons et la protandrie.



# SOMMAIRE

## SOMMAIRE

SOMMAIRE	2
INTRODUCTION	4
1. Brève histoire de la sélection massale du maïs population	4
a. Travaux réalisés en France	4
b. Modèles de connaissances et techniques de sélection à AgroBio Périgord	4
c. Essais et expérimentations menés avant 2018 sur la sélection massale du maïs population	5
2. Revue bibliographique sur la sélection massale participative des espèces allogames	7
3. Présentation de la génétique quantitative	7
4. Interrogations soulevées dans le cadre du projet COVALIENGE et sujet de cette étude	9
PARTIE I : L'utilisation d'outils simples et applicables au monde paysan permet-elle de créer un différentiel de sélection ?	11
1. Matériels et méthodes mis en œuvre pour évaluer la création effective d'un différentiel de sélection	11
a. Définition d'un protocole de sélection au champ sur un critère (P1C)	11
b. Questionnaire pour évaluer la faisabilité du protocole P1C dans des conditions paysannes	13
c. Mesure du différentiel de sélection créé en suivant le protocole P1C	13
d. Dispositif expérimental mis en place en Dordogne pour mesurer les différentiels de sélection	13
2. Il est possible de créer simplement un différentiel de sélection grâce au protocole de sélection à un critère P1C	13
a. Le protocole P1C est rapide et facile à mettre en œuvre pour les paysan·ne·s	13
b. Le protocole P1C permet la création d'un différentiel de sélection sur le poids épi	15
c. L'importance du différentiel de sélection créé avec P1C dépend de l'homogénéité de la zone de sélection	16
PARTIE II : Est-il possible de mesurer et quantifier les effets obtenus avec une sélection réalisée sur le poids épi en conditions paysannes ?	17
1. Matériels et méthodes mis en œuvre pour mesurer la réponse à la sélection	17
a. Méthode utilisée pour mesurer la réponse à la sélection	17
b. Dispositif expérimental mise en place en Dordogne pour mesurer les réponses à la sélection	18
2. Résultats obtenus avec le protocole de sélection basé sur le poids épi, P1C	19
a. La réponse à la sélection avec le protocole P1C sur le poids épi n'est pas significative	19
b. D'autres caractères sont plus héréditaires et permettent de mettre en évidence une meilleure réponse à la sélection que le poids épi	20
c. La sélection sur le poids épi a des effets sur d'autres caractères	21
PARTIE III : L'augmentation de la durée de l'intervalle de floraison mâle/femelle est-elle évitable tout en utilisant ces méthodes de sélection simples ?	23
1. Matériels et méthodes mis en œuvre dans l'objectif de ne pas augmenter la durée de l'intervalle de floraison à partir du protocole testé	23
a. Définition d'un protocole de sélection au champ sur deux critères (P2C)	23

b.	Méthodes utilisées pour mesurer le différentiel de sélection et la réponse à la sélection avec le protocole P2C	23
c.	Dispositif expérimental mis en place en Dordogne pour mesurer les différentiels de sélection et les réponses à la sélection obtenus avec le protocole P2C.....	24
2.	Résultats obtenus avec le protocole de sélection basé sur le poids épi et sur la floraison mâle, P2C .....	24
a.	Le protocole P2C permet également de créer un différentiel de sélection sur le poids épi .....	24
b.	La réponse à la sélection obtenue avec le protocole P2C sur le poids épi et la floraison mâle n'est pas significative	26
c.	La sélection sur le poids épi et la floraison mâle a des effets sur d'autres caractères .....	26
PARTIE IV : Y a-t-il d'autres méthodes de sélection à explorer ?.....		28
1.	D'autres méthodes ont été testées en Dordogne dans le cadre du projet COVALIENCE .....	28
2.	L'épi-ligne.....	28
a.	Principe de l'épi-ligne .....	28
b.	Objectifs de l'épi-ligne .....	29
c.	Dispositif expérimentaux mis en place en Dordogne, dans la Loire et à l'Ecole d'ingénieurs de Purpan pour tester l'épi-ligne et résultats .....	30
d.	Résultats obtenus et discussion sur cette méthode de sélection.....	64
3.	Un exemple de sélection massale personnelle.....	64
a.	Principe des sélections massales personnelles.....	64
b.	Description de la méthode de sélection d'un agriculteur de Dordogne.....	64
c.	Résultats obtenus avec cette méthode de sélection .....	65
DISCUSSION .....		67
1.	L'étude a été réalisée dans des conditions paysannes pour répondre à des besoins paysans .....	67
2.	Il est possible de créer un différentiel de sélection de façon simple et abordable mais il peut être nécessaire d'ajouter des étapes de sélection pour mieux observer les effets de celle-ci.....	67
3.	Il n'y a pas une seule sélection massale paysanne .....	67
CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES .....		68
Annexes .....		69

## INTRODUCTION

### 1. Brève histoire de la sélection massale du maïs population

#### a. Travaux réalisés en France

Le XX<sup>ème</sup> siècle a été marqué par de profonds changements dans le monde agricole. Avec le développement de l'agriculture intensive et l'arrivée des hybrides, le travail d'autoproduction de semence à la ferme a peu à peu été séparé du travail de production. Les savoir-faire paysans se sont essouffés voire perdus, et des entreprises spécialisées ont développé de nouvelles techniques, peu applicables en conditions paysannes.

Cependant, plusieurs collectifs d'agriculteur-riche-s de France travaillent, pour certain-e-s depuis presque vingt ans, sur les questions d'autonomie semencière, de sauvegarde de biodiversité cultivée et de sélection paysanne. Ces collectifs, par leurs expériences, ressources et travail, ont développé divers savoir-faire et construit des connaissances en co-évolution permanente. Ces connaissances ont été nourries par de très nombreuses collaborations passées et présentes avec des paysan-ne-s, technicien-ne-s, animateur-riche-s, généticien-ne-s, sociologues, anthropologues, sélectionneur-euse-s indépendant-e-s, cuisinier-ère-s...

Dans ce vaste travail mené en France sur les semences paysannes, la sélection paysanne du maïs population tient une place importante. Les enjeux de la sélection paysanne sont avant tout politiques et traduisent une volonté de (ré)appropriation des connaissances et des savoir-faire sur la génétique végétale et une volonté de liberté de choisir les caractéristiques variétales qui conviennent au système de production et de valorisation du-de la paysan-ne. Cela permet aussi aux paysan-ne-s de gagner en autonomie en maîtrisant l'origine et la production de leur semence. Cette sélection paysanne peut prendre des formes variées et elle se définit surtout par la diversité des pratiques qui gravitent autour de cette notion. Certain-e-s considèrent que, dès qu'un-e paysan-ne autoproduit une variété diversifiée (appelée population) et libre de droit sur sa ferme, il exerce **une sélection paysanne**.

La plupart du temps on considère qu'il y a sélection paysanne lorsque l'agriculteur-riche exerce un choix, chaque année, sur les individus de sa population. Les grains choisis constitueront la semence de l'année suivante. C'est la **sélection massale récurrente**. Il existe d'autres formes de sélection paysanne qui sont moins répandues.

La sélection paysanne, cette **pratique du choix** de certains individus au champ, est différente pour chaque agriculteur-riche ; avec des objectifs de sélection plus ou moins formalisés, des critères de sélection plus ou moins définis et justifiés. Elle peut être très structurée et pragmatique, évolutive ou conservatrice, intellectualisée, simple ou complexe, intuitive, voire ésotérique, elle se fait seul-e ou en collectif, se construit sur des théories et/ou de l'empirisme, elle peut même être festive.

Malgré la diversité des sélections paysannes que nous venons d'évoquer, un des objectifs principaux de la sélection massale est celui d'améliorer génétiquement les propriétés agronomiques de la variété (rendement, précocité, taux de protéines, tenue de tige, résistance aux maladies, à la sécheresse...).

#### b. Modèles de connaissances et techniques de sélection à AgroBio Périgord

Les premières connaissances et les premiers modèles de sélection développés par AgroBio Périgord (24) puis diffusés, appropriés et agrémentés par de nombreux autres collectifs (ADDEAR 42, CIVAM 44, ARDEAR CENTRE, CBD Poitou-Charentes...) sont les fruits d'une compilation de nombreuses informations diverses et variées, d'observations empiriques, de données récoltées sur des plateformes d'expérimentation et de réappropriations et interprétations de différents concepts de génétique. Ces connaissances ont été également fortement alimentées par les témoignages des pratiques des anciens et les informations rapportées de voyages où les communautés sont toujours autonomes et maîtres de leur sélection comme le Brésil ou le Guatemala par exemple. Il s'est construit entre les paysan-ne-s et les animateur-riche-s un **modèle de connaissances** particulier qui se déclinait sur le terrain en une série de « bonnes pratiques » et conseils techniques de sélection. Ces conseils étaient nombreux, peu hiérarchisés entre eux, mêlant pression de sélection, liste de critères à respecter, nombre minimum d'individus à sélectionner, crainte de la perte de biodiversité mais envie de

progresser... Selon ce modèle de connaissance, le bon sélectionneur apparaissait comme celui suivant un maximum de règles (voir figure 1).

Exemples de règles de sélection massale transmises et appropriées par les collectifs paysans :

- sélectionner un épi tous les 10 pieds
- ne pas prendre un épi issu d'un pied de maïs isolé
- ne pas prendre un pied avec une mauvaise tenue de tige
- ne pas prendre les épis insérés trop haut sur la plante
- prendre les épis avec la « tête en bas » pour favoriser la dessiccation au champ
- sélectionner dans différentes zones de la parcelle de multiplication
- retirer les grains des deux extrémités de l'épi
- ne pas prendre les épis issus de pieds trop verts
- prendre un minimum d'épis (600, 300, 100 selon les époques et les collectifs)
- essayer de garder de la diversité
- ...

Figure 1 : Exemple de règles de sélection massale

### c. Essais et expérimentations menés avant 2018 sur la sélection massale du maïs population

Dès 2010, des paysans d'AgroBio Périgord (24) commencent à se questionner sur l'efficacité de ce modèle de sélection pour améliorer rapidement les potentiels de production des variétés (ou de certains points du moins). Pour lever ces doutes, un essai, mené de 2011 à 2016, a consisté à comparer une souche sélectionnée et une seconde non sélectionnée à partir d'une même population d'origine sur 6 ans (voir figure 2). Cet essai n'a pas permis de montrer de différence entre les souches, mais les biais expérimentaux étaient nombreux et les répétitions trop faibles : le doute a persisté.

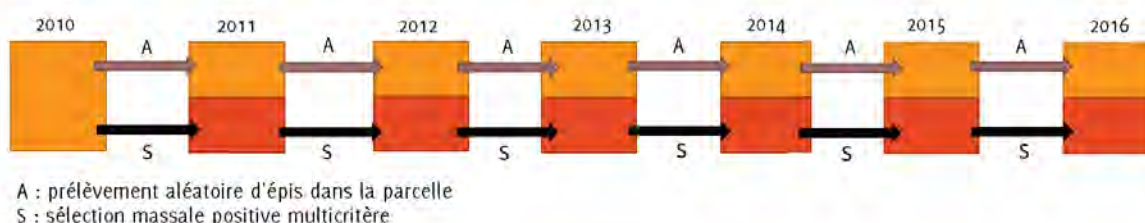


Figure 2 : Illustration schématique de l'essai mené de 2011 à 2016

Une autre expérimentation fut mise en place en 2016 et 2017 en Dordogne afin d'étudier le modèle de sélection d'un agriculteur en particulier, dont la pratique et le discours étaient **représentatifs des connaissances et pratiques** partagées par l'ensemble du collectif de Dordogne (ce n'était pas une étude exhaustive des méthodes de sélections paysannes en général). Le protocole **visait à comparer deux générations différentes**, séparées par 4 cycles de sélection, de 12 variétés de maïs population. Cette étude était couplée à **l'analyse du discours** de l'agriculteur sélectionneur et à **l'évaluation de sa pratique de sélection** par la mesure des différences entre un échantillon représentatif d'individus de la population avant sélection et les individus sélectionnés au sein de cette population (voir figure 3).

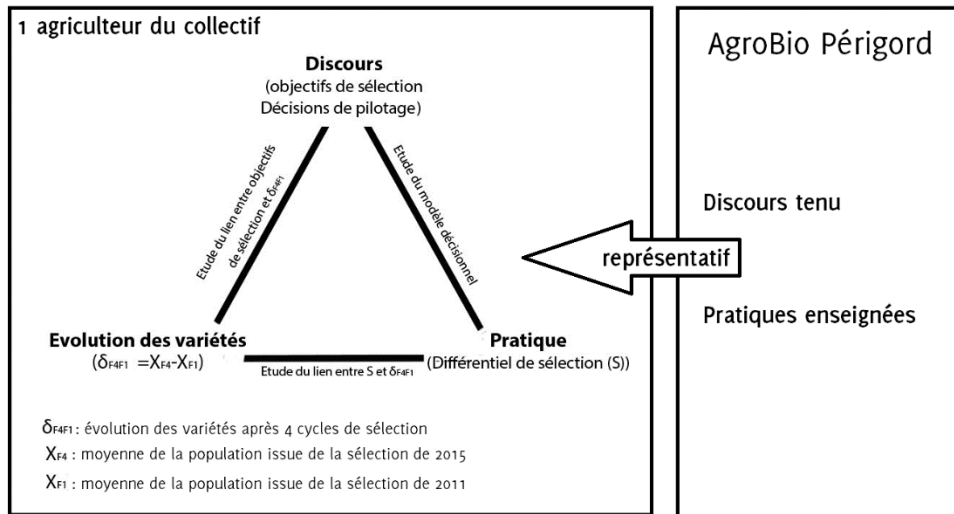


Figure 3 : Schématisation de l'étude menée en 2016 et 2017

Parmi les observations effectuées alors, celles concernant le discours de l'agriculteur sont les suivantes. Les objectifs stratégiques sont peu formalisés, mais deux furent plus précisément identifiés : la rusticité des variétés et l'esthétique des épis. Le modèle de sélection est cependant complexe et intègre de nombreux critères de sélection. De très nombreux caractères de sélection furent évoqués par l'agriculteur, principalement tournés vers l'état sanitaire des plants de maïs.

Lors de l'étude de la pratique de sélection, il a été constaté que sur 21 caractères phénotypiques mesurés, 19 présentent des différentiels de sélection nuls (les plantes sélectionnées ne diffèrent pas de la population d'origine). Les plantes sélectionnées et la population d'origine diffèrent uniquement légèrement sur les caractères suivants : la position de l'épi (plus basse chez les plantes sélectionnées) et la précocité (plus tardive chez les plantes sélectionnées).

Lorsque l'évolution des variétés après 4 cycles de sélection a été étudiée, les résultats suivants ont été obtenus. 11 des 12 variétés populations montrent des évolutions similaires, à savoir, une évolution très faible des caractères phénotypiques liés à l'épi, pas d'évolution de rendement et une augmentation de la tardivité. Cependant, cette étude comportait des biais d'expérimentation qui requièrent de la prudence dans l'exploitation des résultats. La sélection opérée par l'agriculteur ne semble pas réduire la diversité phénotypique des variétés.

Ainsi, ce travail a mis en avant que la plupart des évolutions des populations vont à l'encontre des objectifs initiaux de sélection de l'agriculteur.

Un autre modèle de connaissances, encore peu mobilisé à AgroBio Périgord à cette période, a permis d'expliquer ces observations : il s'agit de la **génétique quantitative**, une discipline scientifique qui fait son essor dans les années 20 et qui se situe à la croisée entre la génétique, les probabilités et les statistiques. Ce modèle a été plutôt utilisé par les sélectionneurs industriels ou indépendants mais que très marginalement par les collectifs français travaillant sur la sélection participative du maïs population.

Bien que peu mobilisé par les collectifs eux-mêmes, les chercheur-euse-s qui ont travaillé avec les collectifs au fil des différents programmes de recherche participative, comme Estelle Serpolay, Véronique Chable, Isabelle Goldringer ou Pierre Rivière, utilisent la génétique quantitative comme cadre théorique dans leurs publications scientifiques.

## 2. Revue bibliographique sur la sélection massale participative des espèces allogames

La sélection participative est une méthode d'amélioration des plantes, impliquant agriculteur·rice·s, technicien·ne·s et chercheur·euse·s, réalisée directement dans le milieu de production à la ferme. Elle permet de sélectionner des ressources génétiques adaptées à une diversité de milieux de culture dont des milieux pauvres (Ceccarelli, 1994). Elle palie ainsi à une des limites de la sélection en station liée à la possible inadéquation entre le milieu de sélection et le milieu de production, ou entre les orientations données par le·la sélectionneur·euse et les besoins de l'agriculteur·rice.

Certaines expériences de sélection participative s'affranchissent des critères d'homogénéité et de stabilité appliqués aux variétés commerciales (Abdourahman djama, 2013). Les variétés hétérogènes et évolutives ainsi créées ont parfois un niveau de performance supérieur aux variétés commerciales en conditions de faibles intrants et en AB (voir par exemple : Philipps et Wolfe, 2005 ; Gressier et al, 2013). Enfin la sélection participative contribue à maintenir la diversité génétique des espèces cultivées par la multiplicité et l'atomicité des acteurs qui l'exerce (Thomas et al. 2012 ; ouvrage collectif, 2015).

Bien que délaissées par les sélectionneurs industriels pour des raisons de rentabilité économique, les techniques de sélections massales ont montré leur intérêt lorsqu'il est impossible de contrôler l'hybridation ou que le retour sur investissement est trop faible. Ainsi, Jean-Paul Sompoux et col. (2011) ont clairement démontré qu'une espèce allogame comme le ray-grass anglais pouvait être améliorée par d'autres méthodes que l'hybridation. Pour Coors (1999), les variétés populations pourraient avoir des rendements équivalents aux hybrides si le même effort de recherche était appliqué. D'ailleurs, pour une espèce comme le maïs, la sélection massale est utilisée avec succès en pré-breeding pour adapter des populations à des conditions de culture sous-optimales (Genter, 1976). Toledo Machado & Fernandes (2001) ont, quant à eux, montré l'efficacité d'une sélection "mixte" en station (sélection massale puis familiale) et participative à la ferme (six années de sélection massale) pour développer une variété de maïs productive en conditions tropicales.

## 3. Présentation de la génétique quantitative

Le nouveau modèle de connaissances évoqué précédemment, la génétique quantitative, est le modèle utilisé dans cette étude. Il est présenté dans cette partie.

La théorie de la génétique quantitative s'applique uniquement aux caractères quantitatifs du vivant, c'est-à-dire tout ce qui peut se mesurer et se dénombrer (poids, taille, nombre de grains, surfaces foliaires, taux de protéines...) et s'articule autour d'une équation simple appelée « l'équation du sélectionneur » qui mobilise trois concepts clefs présentés ci-dessous.

### Différentiel de sélection

Le différentiel de sélection se calcule pour un caractère quantitatif quelconque, par exemple, le poids d'un épi de maïs. Il mesure la différence (pour le caractère en question) entre la moyenne de la sélection (Moy2) et la moyenne de la population avant sélection (Moy1) (voir figure 4). Le différentiel de sélection est noté avec la lettre « S ».

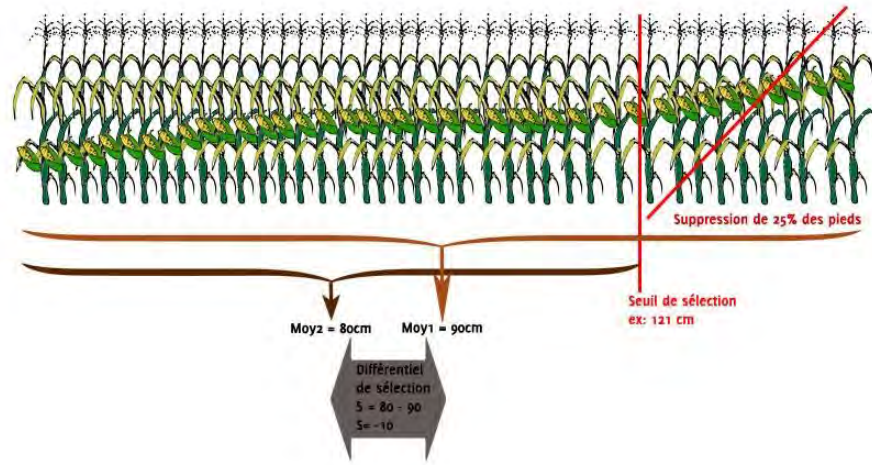


Figure 4 : Illustration de la notion de différentiel de sélection pour une sélection sur la hauteur d'insertion d'épi.

### Réponse à la sélection

La réponse à la sélection correspond à la différence (pour le caractère en question) entre la moyenne de la population fille (issue du semis de la sélection) et la population mère (avant la sélection) observées dans les mêmes conditions environnementales. Comme cette mesure est impossible à réaliser en condition paysanne (car chaque saison est différente), on peut estimer la réponse à la sélection en comparant les caractéristiques d'un lot issu d'une sélection et les caractéristiques d'un lot issu d'un prélèvement aléatoire dans la population mère. On sème ces deux lots côte à côte, la même année, dans une zone homogène. La réponse à la sélection est notée avec la lettre « R » (voir figure 5).

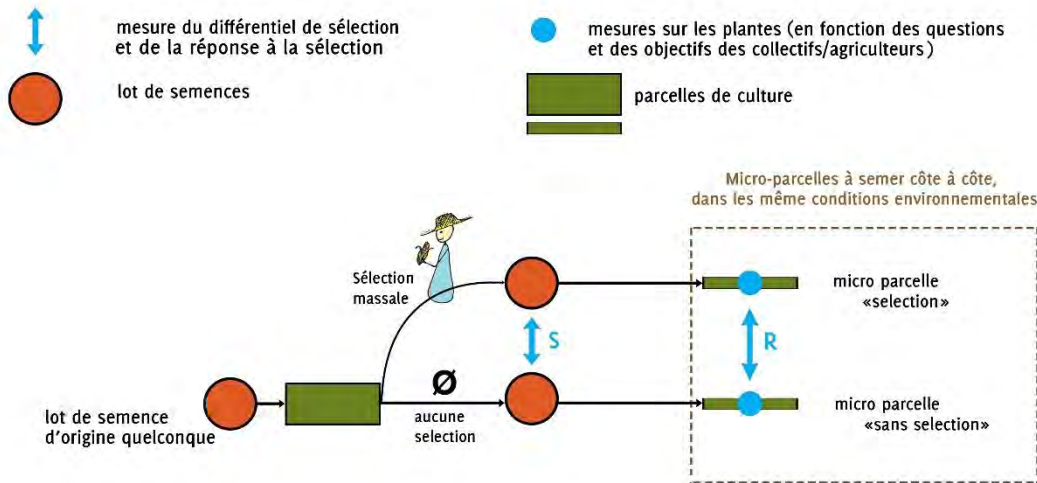


Figure 5 : Exemple de dispositif expérimental pour évaluer l'effet d'une sélection massale.

### Equation du sélectionneur

L'équation du sélectionneur vient faire le lien entre le différentiel (ce qu'on fait) et la réponse (ce qu'on attend) en introduisant un troisième concept : l'héritabilité (qui se note «  $h^2$  »). Voici comment s'écrit l'équation du sélectionneur :

$$R = h^2 * S$$

L'héritabilité est comprise entre 0 et 1. Si elle est de 0, c'est que le caractère n'est pas héritable : même si le différentiel de sélection (S) est très grand, la réponse à la sélection (R) sera de 0. Autrement dit : même si on sélectionne des individus très supérieurs à la moyenne sur ce caractère, la moyenne de leur descendance sera égale à la moyenne de la population mère.



A l'inverse, si l'héritabilité est de 1, c'est que le caractère est très héritable, la réponse à la sélection (R) aura la même valeur que le différentiel de sélection (S). Autrement dit, si on sélectionne des individus très supérieurs à la moyenne, la moyenne de leur descendance sera très supérieure à la moyenne de la population mère. Cette notion d'héritabilité est cependant très complexe, elle est différente pour chaque caractère, n'est jamais totale, dépend du fond génétique de la population, du contexte environnemental, du stade de la plante au moment de la mesure, du dispositif expérimental... de, semble-t-il, trop de facteurs pour pouvoir être contrôlée ou anticipée.

Malgré l'incertitude qui entoure l'héritabilité, l'enseignement important que nous avons tiré de cette théorie est que : Si le différentiel de sélection est très faible ou nul, alors il n'y aura pas de réponse à la sélection (voir figure 6).

Le modèle de sélection étudié en 2016 et 2017 comportait de très nombreux critères de sélection (hauteur d'insertion d'épi, verse, composantes de rendement, absence de voisin manquant, type de grain, diversité de couleur...). Dans ce modèle, aucune plante de la population ne peut respecter tous ces critères à la fois (où alors c'est comme chercher une aiguille dans une botte de foin), ainsi certaines plantes vont venir satisfaire tel objectif mais pas le suivant, et ainsi de suite. Contrairement au blé, le maïs est une plante allogame : la génétique des plantes se recombine à chaque génération par les pollinisations croisées. Ainsi, tout se mélange de nouveau, un grand maïs se croise avec un petit maïs et donne des maïs petits, moyens et grands. Quand nous avons étudié cette sélection, nous n'avons noté presque aucune différence entre la moyenne des plantes choisies par l'agriculteur et la moyenne des plantes de la population : les critères de sélection étaient tellement nombreux que les différentiels de sélection par critère étaient « dilués » au point d'être statistiquement nul. Du point de vue de la génétique quantitative, il n'y a pas de force évolutive dans cette situation.

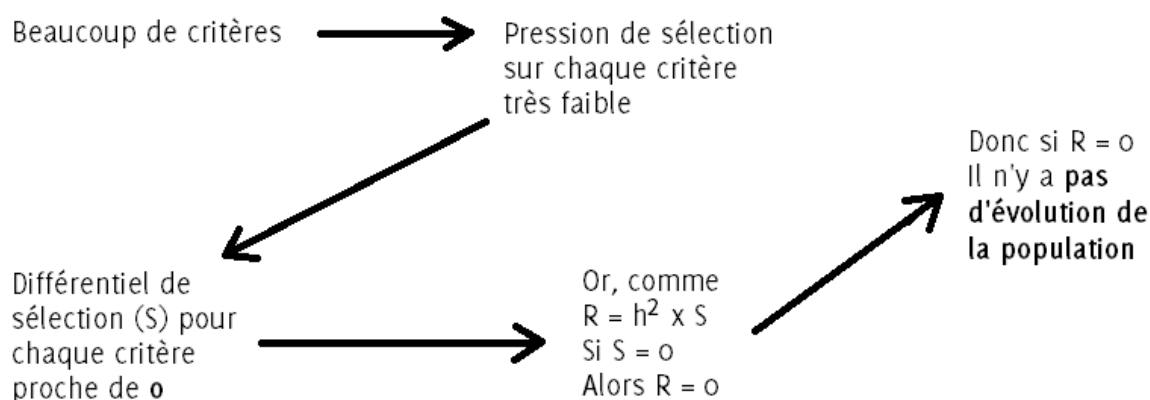


Figure 6 : Illustration des liens entre critères de sélection, différentiel de sélection et réponse de sélection.

#### 4. Interrogations soulevées dans le cadre du projet COVALIENGE et sujet de cette étude

Suite à toutes ces interrogations, constatations, apprentissages théoriques au sein du collectif de Dordogne, il a été souhaité d'approfondir cette question en vue de trouver des réponses satisfaisantes pour les pratiques des paysan-ne-s du collectif afin de gagner en efficacité sur la sélection aussi bien en termes de temps que de résultats. Ainsi, ils et elles se sont rapproché-e-s de chercheur-euse-s et partenaires pouvant les accompagner ainsi que d'autres collectifs français. L'envie de travailler ensemble cette question a permis de se rassembler lors d'une réunion de préfiguration pour faire émerger les besoins des différents groupes. Sur le plan technique, les participants ont énoncé les enjeux et attentes communs suivants :

- i) juger de l'efficacité de la sélection ;
- ii) valider scientifiquement les schémas de sélection, améliorer l'accompagnement technique, adapter les protocoles aux contraintes de production ;

- iii) affiner les objectifs de sélection selon la diversité des attentes ;
- iv) articuler production agricole et production de semences ;
- v) entamer une réflexion sur les pratiques de gestion des semences à la ferme et sur leur qualité.

Ainsi, à la lumière des résultats des expérimentations menées en Dordogne entre 2011 et 2017, qui invitaient à une remise en question des techniques de sélection paysanne du maïs population telles qu'elles étaient souvent pratiquées dans les fermes et par la mobilisation du modèle théorique de la génétique quantitative, plusieurs partenaires du projet COVALIENCE ont engagé un travail de prospection et d'expérimentation en recherche participative afin de répondre aux enjeux précités.

Les collectifs prenant partie à ce travail sont l'ADDEAR 42 (**A42**), l'ARDEAR CENTRE (**AC**), Cultivons la Biodiversité en Poitou-Charentes (**CBD**), AgroBio Périgord–Dordogne (**ABP**) ainsi que l'École de Purpan qui hébergera plusieurs plateformes expérimentales.

De nombreux travaux ont été menés dans le cadre du projet COVALIENCE, cependant, ce rapport, nous permettra de développer plus particulièrement les travaux menés en Dordogne au sein du collectif d'AgroBio Périgord. Certaines expérimentations développées en Dordogne ont également été mises en place dans d'autres collectifs et seront parfois présentées dans ce rapport. Ces travaux s'inscrivent dans le second point développé précédemment « valider scientifiquement les schémas de sélection, développer l'encadrement technique, adapter les protocoles aux contraintes de production ». En effet, les agriculteur·rice·s se sont posé les questions suivantes :

- L'utilisation d'outils simples et applicables au monde paysan permet-elle de créer un différentiel de sélection ?
- Est-il possible de mesurer et quantifier les effets obtenus avec une sélection réalisée sur le poids épi en conditions paysannes ?
- L'augmentation de la durée de l'intervalle de floraison mâle/femelle est-elle évitable tout en utilisant ces méthodes de sélection simples ?
- Y a-t-il d'autres méthodes de sélection à explorer ?

## PARTIE I : L'utilisation d'outils simples et applicables au monde paysan permet-elle de créer un différentiel de sélection ?

### 1. Matériels et méthodes mis en œuvre pour évaluer la création effective d'un différentiel de sélection

#### a. Définition d'un protocole de sélection au champ sur un critère (P1C)

Afin d'étudier les interrogations des agriculteur-riche-s de Dordogne, un schéma de sélection en particulier a été défini et mis en œuvre. Il s'agit d'un protocole de sélection basé sur un seul critère de sélection. On parle de « protocole 1 critère », régulièrement cité « P1C » dans ce rapport. Ce protocole de sélection P1C a été co-construit entre les animateur-riche-s-technicien-ne-s d'AgroBio Périgord et les agriculteur-riche-s du collectif de Dordogne.

Dans un premier temps, l'objectif de ce protocole de sélection a été défini comme suit : les agriculteur-riche-s souhaitent augmenter le rendement « grain » grâce à la sélection. Ainsi, il a été décidé de travailler dans cet objectif avec une méthode de sélection massale positive, effectuée à la récolte, facile à mettre en œuvre sur les fermes, peu chronophage pour les producteur-riche-s et permettant de maximiser le différentiel de sélection sur un unique critère : le poids de l'épi.

Le protocole de sélection P1C est construit de la façon suivante :

Dans un premier temps, il s'agit de dimensionner la sélection. Pour cela, l'agriculteur-riche identifie le besoin en semence, soit en nombre de grains, pour l'année suivante. Puis il ou elle évalue le nombre de grains par épi dans sa population de maïs afin de pouvoir calculer le nombre d'épis à sélectionner. Grâce à ce nombre d'épis, il est possible de calculer la surface de la zone de sélection selon la formule de la *figure 7*.

$$\text{Surface de la zone de sélection} = \frac{\text{Nombre d'épis à sélectionner} * 40}{\text{Densité réelle}}$$

*Figure 7 : Formule pour calculer la surface de la zone de sélection*

Dans un second temps, il s'agit de définir la zone de sélection dans le champ en s'assurant qu'elle soit la plus homogène possible.

Ensuite, l'agriculteur-riche parcourt la zone de sélection et récupère au hasard 100 épis (*voir figure 8*). Ces épis sont étalés côte-à-côte sur une table ou au sol afin de pouvoir les ordonner par ordre de taille. Les plus gros épis constituent les jauges, le nombre de jauges dépendant du nombre de participant-e-s à la sélection. Par exemple si l'agriculteur-riche fait sa sélection seul-e, le plus gros épi constituera la jauge. Si une personne l'accompagne, les deux plus gros épis constitueront les deux jauges...

Les épis qui ne servent pas en tant que jauge sont conservés dans un sac identifié « sans sélection » afin de constituer un échantillon représentatif de la population dans la zone de sélection avant que la sélection ne soit effectuée.

Une fois la jauge en main, l'agriculteur-riche peut parcourir à nouveau la zone de sélection et récupérer tous les épis du même gabarit ou plus gros que la jauge (*voir figure 9*). Lorsque cette étape est terminée, il est important d'ajouter la ou les jauges au sac « sans sélection » afin de conserver cet échantillon représentatif.

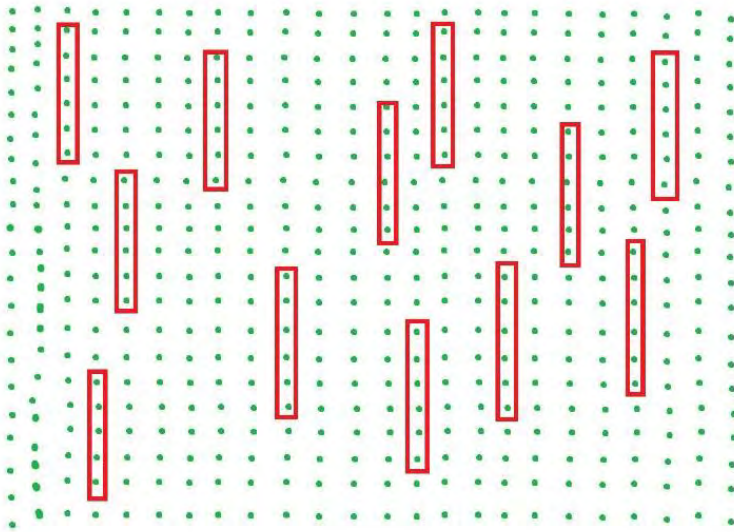


Figure 9 : Exemple d'une méthode de prélèvement aléatoire de 100 épis



Figure 8 : Exemple d'un paysan réalisant sa sélection grâce à une jauge

La *figure 10* ci-dessous montre un exemple d'échantillon « sans sélection » à gauche, représentatif de la population, car constitué d'épis prélevés de façon aléatoire dans la zone de sélection, et d'échantillon « sélection », à droite, constitué d'épis sélectionnés à l'aide d'une jauge dans la zone de sélection.

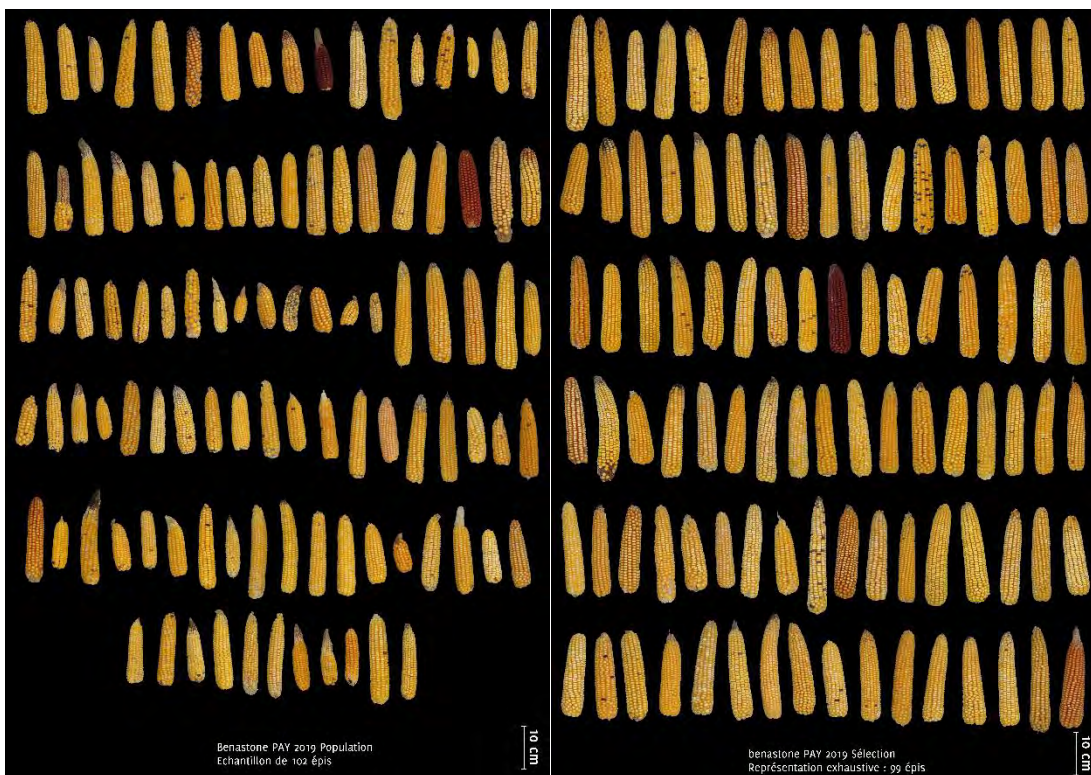


Figure 10 : Exemple d'un échantillon d'épis non sélectionnés (ns) à gauche et d'un échantillon d'épis sélectionnés (s) à droite pour la variété benastone. D'autres exemples sont à retrouver en *annexe 7*.

A l'issue de la sélection au champ, l'agriculteur-riche a généralement plus d'épis que le nombre d'épis nécessaire à sélectionner calculé précédemment, correspondant au besoin en semence pour l'année suivante. Les plus petits épis peuvent donc être écartés, et les plus gros constituent le sac « sélection ».

Enfin, l'agriculteur-riche pèse et compte le nombre d'épis dans chacun des sacs « sans sélection » et « sélection ».

La fiche protocole P1C est à retrouver en **annexe 3**.

### **b. Questionnaire pour évaluer la faisabilité du protocole P1C dans des conditions paysannes**

Afin d'étudier la faisabilité d'une telle méthode de sélection dans les fermes, les agriculteur-rice-s ont renseigné, lorsqu'ils ou elles ont suivi le protocole, le nombre de personnes présentes et le temps nécessaire pour réaliser la sélection. Egalement, un questionnaire auprès des paysan-ne-s impliqué-e-s a été réalisé (voir **annexe 4**). Ce questionnaire a permis d'évaluer la compréhension des paysan-ne-s concernant les différents éléments du protocole tels que la jauge ou la zone de sélection par exemple. Il a également permis d'évaluer la facilité de leur mise en œuvre.

Pour répondre au questionnaire, les personnes interrogées devaient positionner leur ressenti sur une échelle de 5 réponses possibles de « Très difficile à comprendre » à « Très facile à comprendre » ou de « Très difficile à mettre en œuvre » à « Très facile à mettre en œuvre » par exemple, les 3 autres options correspondant à « Plutôt difficile... », « Plutôt facile... » et une proposition moyenne neutre.

### **c. Mesure du différentiel de sélection créé en suivant le protocole P1C**

A partir des données recueillies lors de la réalisation du protocole par les paysan-ne-s, il a été possible de mesurer les différentiels de sélection. En effet, en ayant recours à la génétique quantitative comme présentée en introduction, la mesure du poids épi moyen de chacun des sacs « sélection » et « sans sélection », nous permet d'obtenir un différentiel de sélection pour le critère poids épi grâce à la formule suivante :

$$\begin{aligned} \text{Différentiel de sélection} &= \frac{\text{Poids du sac "sélection"}}{\text{Nombre d'épis sélectionnés}} - \frac{\text{Poids du sac "sans sélection"}}{\text{Nombre d'épis non sélectionnés}} \\ &= \text{Poids moyen d'un épi sélectionné} - \text{Poids moyen d'un épi non sélectionné} \end{aligned}$$

Il est également possible de calculer des différentiels de sélection relatifs, grâce à la formule suivante :

$$\text{Différentiel de sélection relatif} = \frac{\text{Différentiel de sélection}}{\text{Poids moyen d'un épi non sélectionné}}$$

### **d. Dispositif expérimental mis en place en Dordogne pour mesurer les différentiels de sélection**

Les différentiels de sélection obtenus avec le protocole P1C ont pu être mesurés sur deux années : 2018 et 2019 et pour 8 parcelles en 2018 et 11 en 2019 (dont 4 hors Dordogne).

Le dispositif prévisionnel des variétés étudiées ainsi que leur généalogie et les protocoles de sélection utilisés sont à retrouver en **annexe 1**.

Le protocole P1C a été appliqué aux variétés suivantes : *adriano, aguartzan, belet, benastone, blanc d'astarac, coussarin, grand roux basque, lavergne, maxi, porto et portuffec* (voir **annexe 2**).

## **2. Il est possible de créer simplement un différentiel de sélection grâce au protocole de sélection à un critère P1C**

### **a. Le protocole P1C est rapide et facile à mettre en œuvre pour les paysan-ne-s**

Les retours des agriculteur-rice-s ayant mis en œuvre ce protocole ont permis de calculer qu'il est nécessaire de passer 4h à 1 personne dans la zone de sélection afin de sélectionner 100 épis. Le confort de travail pour réaliser la sélection dépend principalement de l'état de verse et d'enherbement de la parcelle.

Ce temps a été jugé adéquat et nécessaire pour 3 agriculteur·rice·s interrogé·e·s sur 5 et trop important pour les 2 autres agriculteur·rice·s interrogé·e·s.

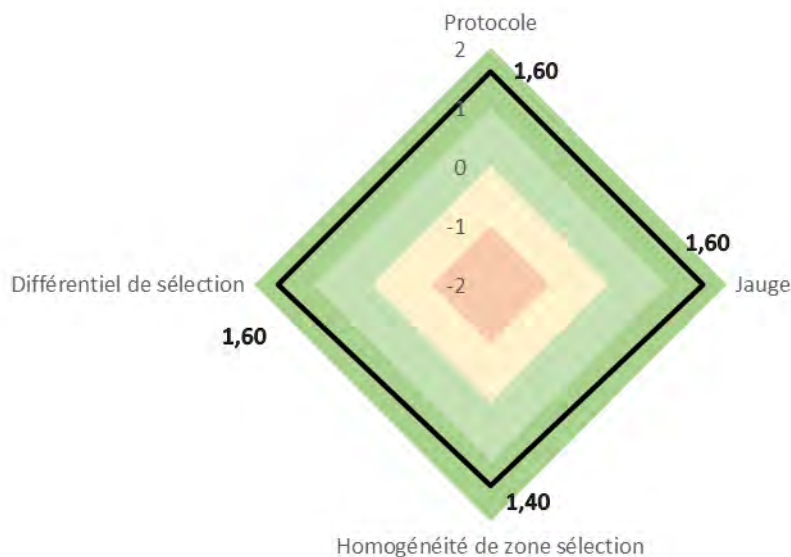


Figure 11 : Ressentis des paysan·ne·s sur la compréhension du protocole P1C (2 : très facile à comprendre / -2 : très difficile à comprendre) d'après le questionnaire en **annexe 4**

Lorsque les paysan·ne·s ont été interrogé·e·s sur la compréhension du protocole P1C, il s'est avéré que le protocole dans sa globalité et les concepts qu'il contenait, tels que l'utilisation d'une jauge, le besoin d'homogénéité de la zone de sélection et le différentiel de sélection, ont été plutôt faciles voire très faciles à comprendre pour les paysan·ne·s (voir figure 11). L'homogénéité de la zone de sélection semble être le point légèrement moins bien compris.

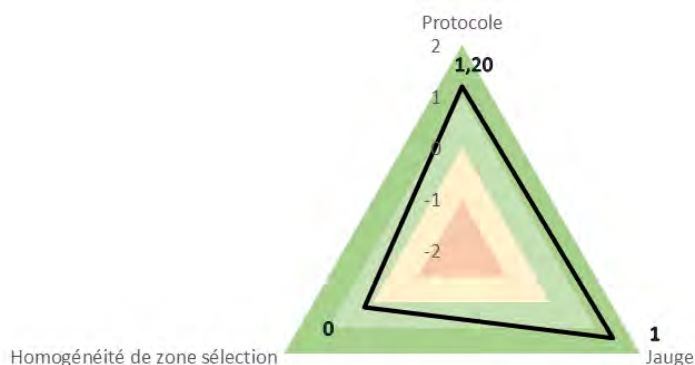


Figure 12 : Ressentis des paysan·ne·s sur la mise en oeuvre du protocole P1C (2 : très facile à mettre en oeuvre / -2 : très difficile à mettre en oeuvre) d'après le questionnaire en **annexe 4**

Lorsque l'on s'intéresse à la mise en œuvre du protocole cette fois-ci, les résultats sont plus nuancés (voir figure 12). Globalement, les paysan·ne·s ont trouvé le protocole plutôt facile voire très facile à mettre en œuvre, mais certains aspects du protocole étaient plus compliqués à appliquer sur leurs fermes. Par exemple, il a pu être difficile sur certaines fermes de trouver des épis au-dessus de la jauge sélectionnée. Ou encore, le respect d'une certaine homogénéité dans la zone de sélection n'était pas forcément possible, certain·e·s paysan·ne·s ayant des parcelles très hétérogènes en termes de profondeur du sol, d'inclinaison...

Ainsi, bien que certains éléments du protocole soient difficiles à respecter et à mettre en œuvre, il s'agit tout de même d'une méthode de sélection adaptée aux conditions paysannes et faisable directement dans les fermes.

### b. Le protocole P1C permet la création d'un différentiel de sélection sur le poids épi

Le protocole P1C a permis d'obtenir des différentiels de sélection positifs sur le poids épi humide pour l'ensemble des plateformes d'expérimentations étudiées (voir tableau 1). Ce différentiel obtenu est systématiquement significatif sauf pour les plateformes de l'ARDEAR Centre (AC) où les données n'ont pas été testables statistiquement (NT).

Tableau 1 : Présentation des différentiels de sélection sur le poids des épis en sortie de champs obtenus avec le protocole P1C. NT : « non testable »

collectif	année	variété	ferme	Différentiel de sélection sur poids épi humide (g)	Différentiel de sélection relatif sur poids épi humide (%)	p-value	significativité
ABP	2018	coussarin	PAY	49	52	2.6 e-35	***
ABP	2018	lavergne	DUR	93	80	1.1 e-33	***
ABP	2018	porto	LAS	95	132	8.5 e-44	***
ABP	2018	belet	GER	103	127	1.2 e-41	***
ABP	2018	adriano	IMB	107	106	4.0 e-41	***
ABP	2018	lavergne	LAV	115	129	3.9 e-40	***
ABP	2018	grand-roux-basque	DUR	117	176	3.3 e-54	***
ABP	2018	maxi	DUT	179	127	4.9 e-47	***
ABP	2019	coussarin	PAY	61	165	2.2 e-29	***
ABP	2019	blanc-d-astarac	LAS	77	48	6.4 e-28	***
ABP	2019	lavergne	DUR	78	105	9.6 e-18	***
ABP	2019	adriano	IMB	79	137	5.0 e-41	***
ABP	2019	benastone	PAY	89	79	1.8 e-32	***
ABP	2019	porto	LAS	94	71	7.1 e-23	***
ABP	2019	belet	GER	122	139	6.0 e-45	***
AC	2019	lavergne	PIN	29	12	NT	NT
AC	2019	portuffec	TROT	73	50	NT	NT

AC	2019	lavergne	TROT	119	74	NT	NT
AC	2019	aguartzan	GERF	195	287	NT	NT

Selon les différentes situations de sélection, le différentiel de sélection créé est variable, allant de + 29 g à + 195 g. Le différentiel de sélection peut également s'exprimer en relatif par rapport à la population avant la sélection. Ainsi, en suivant le protocole P1C, le poids épi est de + 12 % à + 287 % plus important dans les épis sélectionnés que dans les épis de la population d'origine (voir figure 13).

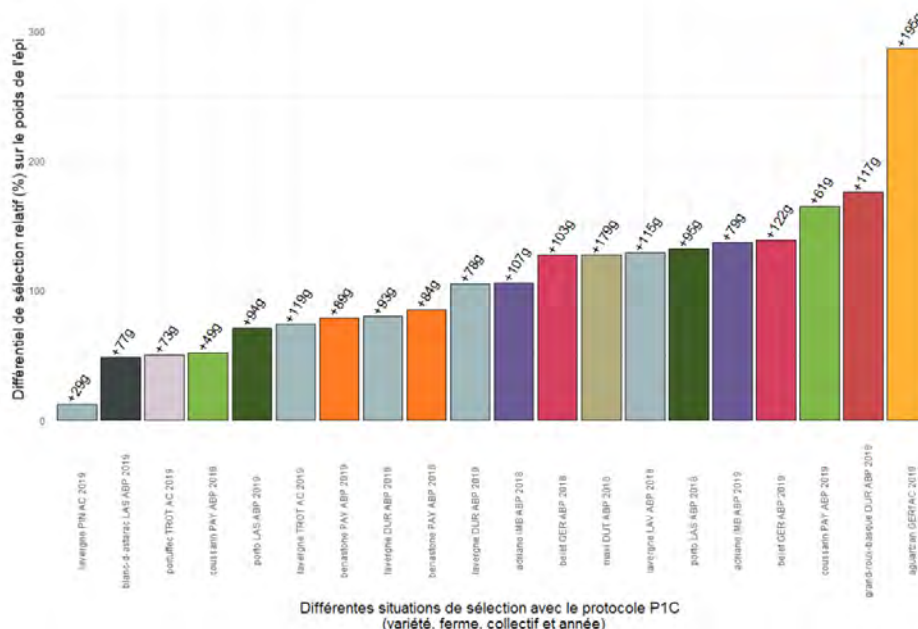


Figure 13 : Différentiels sur le poids de l'épi selon les situations de sélection avec le protocole P1C

Ces résultats montrent qu'il est possible à partir d'une méthode de sélection au champ relativement simple, de créer un différentiel de sélection. Il s'agit d'un progrès conséquent au regard des résultats des expérimentations menées en Dordogne en 2017, qui avaient montré que la sélection réalisée ne permettait pas alors de créer un différentiel de sélection.

### c. L'importance du différentiel de sélection créé avec P1C dépend de l'homogénéité de la zone de sélection

Le respect d'une certaine homogénéité dans la zone de sélection conseillé dans la mise en place du protocole P1C est important afin de s'assurer que les différences de phénotypes observées entre les plantes et les épis est davantage le fruit de l'expression génétique que d'un potentiel effet environnemental. En effet, dans une parcelle hétérogène, il sera plus difficile de déterminer si une plante est petite car elle se situe dans une zone où le sol est moins profond ou car sa génétique donne une plante plus petite.

Dans le cadre des expérimentations développées dans ce rapport, il a été constaté que le différentiel de sélection créé en suivant le protocole P1C est moins important lorsque les parcelles de sélection étaient hétérogènes que lorsqu'elles étaient homogènes.

Dans le cas de parcelles trop hétérogènes, il est possible de mettre en place une méthode de stratification de la zone de sélection. Cette méthode proposée ici consiste à délimiter différentes zones dans la zone de sélection. Par exemple, dans le cadre d'une parcelle où l'on constate que 10 rangs de maïs sont très bien développés, puis 10 rangs moyennement et 10 ne sont pas bien développés du tout, nous pouvons distinguer 3 zones.



Dans chacune des zones ainsi délimitées, nous pouvons appliquer le protocole P1C et ainsi utiliser 3 jauges différentes. Cette méthode, en appliquant une jauge par zone, permet de sélectionner les pieds de maïs ayant la meilleure génétique possible dans chacune des contraintes environnementales présentes dans la zone de sélection.

## PARTIE II : Est-il possible de mesurer et quantifier les effets obtenus avec une sélection réalisée sur le poids épi en conditions paysannes ?

### 1. Matériels et méthodes mis en œuvre pour mesurer la réponse à la sélection

#### a. Méthode utilisée pour mesurer la réponse à la sélection

La mesure de la réponse à la sélection est permise par l'étude des comparaisons entre les plantes issues d'une sélection sur une variété, sur une année et une parcelle donnée avec les plantes issues d'un prélèvement aléatoire d'épis effectués sur la même parcelle, la même année, et avec la même variété (modalité NS) (voir figure 14). La mesure de la réponse à la sélection permet d'obtenir une évaluation ponctuelle mais absolue de l'efficacité d'un cycle de sélection paysanne.

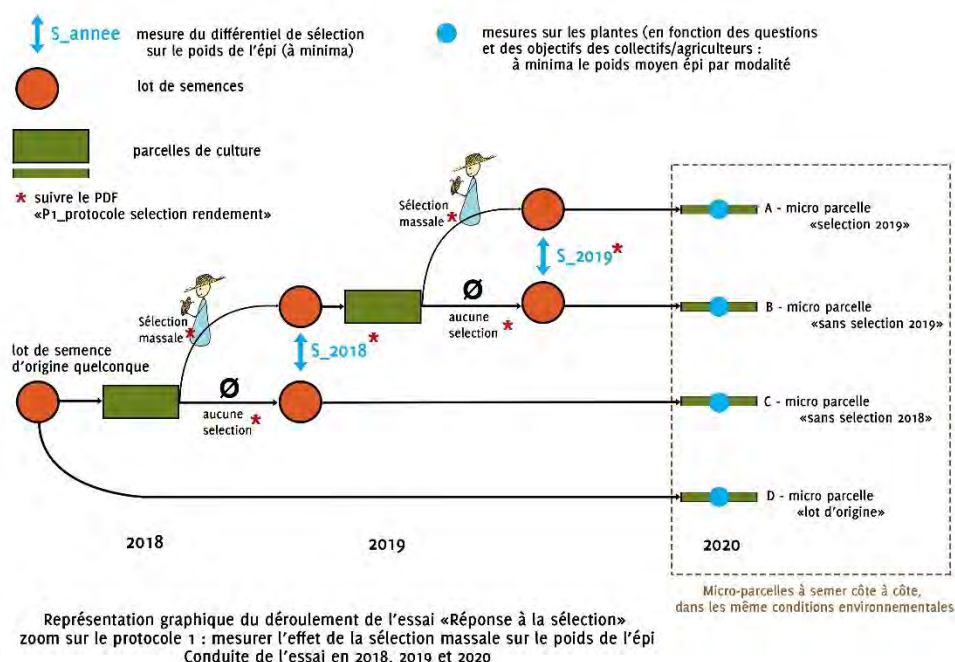


Figure 14 : Dispositif expérimental mis en œuvre pour mesurer la réponse à la sélection

Pour chaque jeu de données, le modèle statistique utilisé pour l'analyse est une ANOVA avec comme variable à expliquer une caractéristique phénotypique quelconque, et comme variable explicative le cycle de sélection et le type de lot (issu du prélèvement aléatoire, **NS**, ou issu de la sélection, **S**).

Pour chaque analyse de la réponse à la sélection nous présenterons les indicateurs suivants :

- la réponse à la sélection absolue

$$R. absolue = xP1C - xNS$$

- la réponse à la sélection relative

$$R. relative = \frac{xP1C - xNS}{xNS}$$

- la réponse à la sélection standardisée

$$R. \text{ standardisée} = \frac{xP1C - xNS}{sdNS}$$

Où xP1C est la moyenne des individus issus des plantes du lot sélectionné, xNS et sdNS sont respectivement la moyenne et l'écart-type des individus issus du lot constitué par prélèvement aléatoire d'épis.

Dans de nombreuses situations, nous sommes en mesure de comparer le résultat relatif de différentes trajectoires de sélection de quelques souches ayant une origine commune (3 ans à 10 ans). Dans cette étude, les conditions de production de semence sont les mêmes pour les lots sélectionnés (*s*) et pour les prélèvements aléatoires (*ns*), donc la qualité semencière ne constitue pas un biais pour la comparaison de ceux-ci. Cela peut cependant avoir des effets particulièrement élevés sur le rendement ; effets possiblement supérieurs aux différences génétiques entre les souches comparées, donc elle est à prendre en compte dans la comparaison de lots aussi de différentes fermes.

### b. Dispositif expérimental mise en place en Dordogne pour mesurer les réponses à la sélection

Dans le cadre de ce projet de recherche, les réponses à la sélection ont été mesurées grâce au dispositif expérimental mis en place en 2020 (voir figure 15). Cette année-là, 8 plateformes expérimentales ont été semées chez les paysan·ne·s. Sur chaque plateforme, des lots issus de 2 à 5 variétés différentes ont été semés avec, pour chacune des variétés, différentes modalités afin de pouvoir mesurer les réponses à la sélection. La figure 16 ci-dessous présente le plan d'une des plateformes expérimentales de 2020. Les modalités systématiquement étudiées étaient « sélection », noté *s*, et « non sélection », noté *ns*. Parfois, des lots prélevés « hors-zone de sélection » étaient également étudiés. Les modalités notées *nsnc* correspondent à la modalité « non sélectionné, non castré » qui concerne le protocole P2C présenté plus loin dans ce rapport (voir Partie III).

Dans la plupart des situations, cette réponse à la sélection est évaluée et mesurée « in-situ » : dans les mêmes conditions que les conditions de sélection, c'est-à-dire chez le·la même paysan·ne. Cependant, certains lots ont également été semés chez d'autres paysan·ne·s afin d'étudier leur comportement dans d'autres conditions.

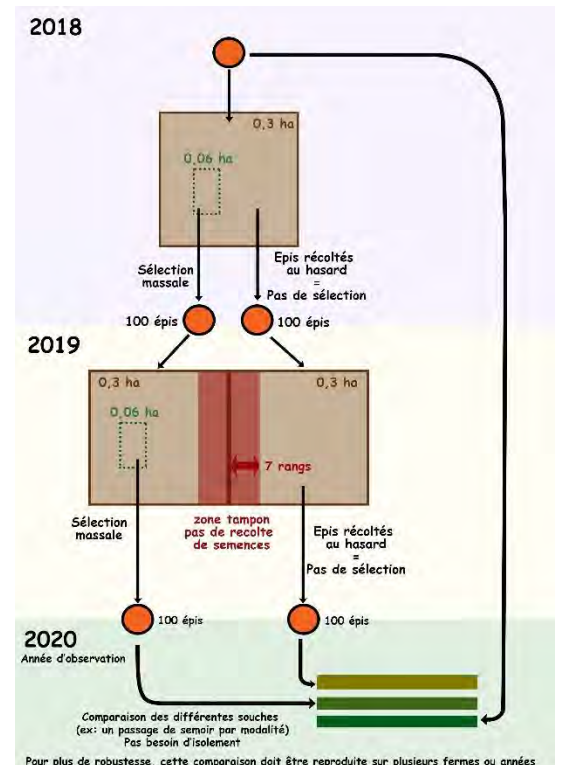


Figure 15 : Détail du dispositif expérimental au champ



Figure 16 : Plan d'une plateforme expérimentale de 2020. D'autres exemples sont à retrouver en **annexe 6**.

## 2. Résultats obtenus avec le protocole de sélection basé sur le poids épi, P1C

### a. La réponse à la sélection avec le protocole P1C sur le poids épi n'est pas significative

Lorsque le protocole P1C est suivi, on obtient une réponse à la sélection de + 5 g en moyenne, toute plateforme confondue, concernant le poids épi. En détail, la différence entre le poids par épi pour les échantillons sélectionnés et les échantillons non sélectionnés n'est pas significative sur toutes les plateformes (*voir figure 17*). En effet, pour 7 sélections sur 10, il n'y a pas de différence significative entre les épis sélectionnés et les épis non sélectionnés concernant le poids épi. Pour les 3 autres sélections, la réponse à la sélection est significative, mais on constate qu'elle est positive, c'est-à-dire qu'on obtient des épis plus lourds grâce à la sélection, uniquement pour deux situations. Pour la sélection effectuée sur la variété *coussarin* en 2019, on constate que le poids épi des individus non sélectionnés est supérieur à celui des individus sélectionnés. La parcelle sur laquelle a été cultivé le maïs *coussarin* était très hétérogène et le sol pauvre et peu profond. Nous pouvons donc supposer que lorsque la sélection a été effectuée dans la parcelle, de nombreux facteurs environnementaux influent les caractéristiques phénotypiques des épis sélectionnés, ce qui n'a pas permis de sélectionner des épis avec des caractéristiques génétiques intéressantes.

La réponse à la sélection est donc régulièrement proche de 0 mais il semble y avoir une tendance de réponse à la sélection positive car le poids épi est supérieur pour les lots sélectionnés dans 6 situations sur 10, mais elle n'est pas significative statistiquement.

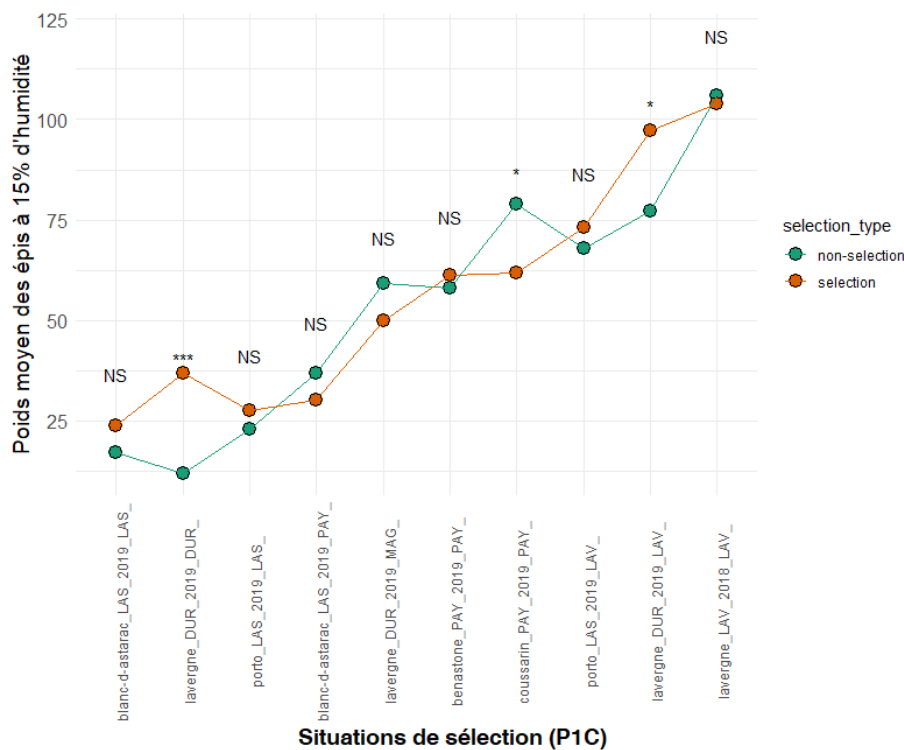


Figure 17 : Poids moyen des épis pour différentes situations de sélection pour les échantillons sélectionnés et non sélectionnés permettant de mesurer la réponse à la sélection en suivant le protocole P1C.

L'absence de réponse à la sélection significative peut sembler contre-intuitive sachant que nous avons pu mettre en avant la création de différentiels de sélection concernant le poids épi avec le protocole P1C. Comme présenté dans la partie sur la génétique quantitative, la réponse à la sélection (R) est fonction du différentiel de sélection (S) selon l'équation suivante :

$$R = h^2 * S$$

La réponse à la sélection est donc également fonction de l'héritabilité  $h^2$ . Or, le poids épi s'avère être un critère peu héritable car il s'agit d'un critère complexe incluant divers facteurs tels que : le taux de remplissage des épis, la longueur de l'épi, le nombre de rangs, le nombre de grains par rang... Caractères phénotypiques eux-mêmes dépendant, plus ou moins, de facteurs environnementaux et donc ne résultant pas uniquement de la génétique. Il était prévu que le choix d'un critère tel que le poids épi ne permettrait pas nécessairement de mettre en évidence l'effet de la sélection. Cependant, il s'agit d'un critère facile à étudier sur les fermes et qui permettait de travailler sur le rendement.

Il est également à noter que les résultats sont obtenus à partir de lots sélectionnés sur une année uniquement, l'année 2019 ou parfois l'année 2018. En mesurant les réponses à la sélection après plusieurs années de sélection, les résultats seraient plus robustes et nous permettraient de conclure plus précisément.

La mise en évidence de la création d'un différentiel de sélection grâce au protocole de sélection étudié permet de prévoir un effet de la sélection si l'on travaille avec d'autres caractères plus hértables que le poids épi.

**b. D'autres caractères sont plus hértables et permettent de mettre en évidence une meilleure réponse à la sélection que le poids épi**

Des expérimentations menées chez un agriculteur de Dordogne, hors du protocole P1C, ont permis de montrer qu'en travaillant effectivement sur des caractères plus hértables, il était possible de mettre en évidence une réponse à la sélection positive.

C'est le cas par exemple du nombre de rangs par épi qui semble être plus héritable que le poids épi. Ces expérimentations et les résultats obtenus sont à retrouver dans la **partie IV.2** de ce rapport.

### c. La sélection sur le poids épi a des effets sur d'autres caractères

Bien que le protocole P1C ne permette pas d'obtenir une réponse à la sélection significative concernant le poids épi, le rendement grain a, quant à lui, été significativement augmenté de + 2,7 quintaux en moyenne (voir figure 18). Le nombre de répétitions étant trop faible, il n'a pas été possible de tester la significativité des différences observées entre chacun des échantillons sélectionnés et non sélectionnés.

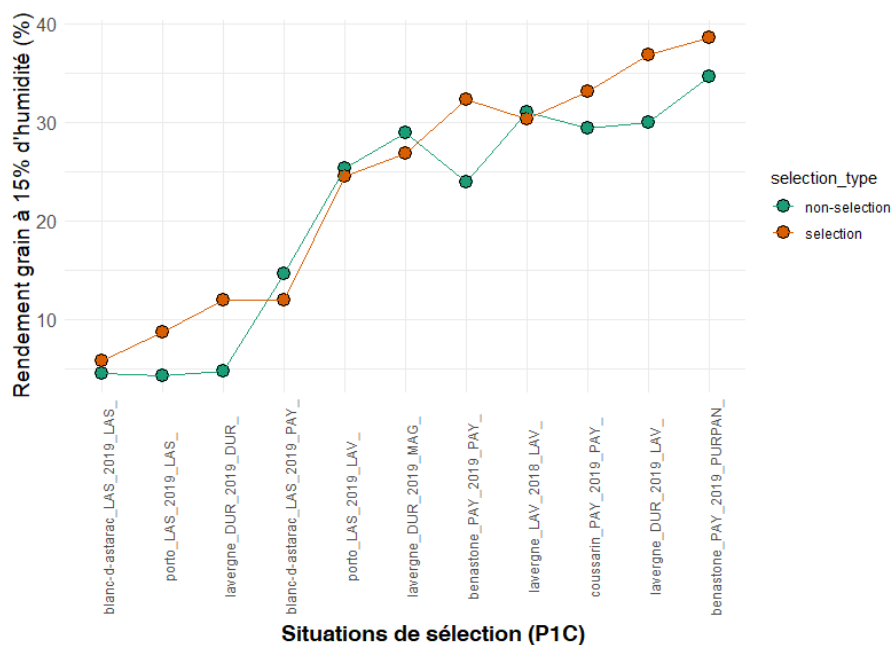


Figure 18 : Rendement grain pour différentes situations de sélection pour les échantillons sélectionnés et non sélectionnés permettant de mesurer la réponse à la sélection en suivant le protocole P1C.

Ainsi, en sélectionnant sur le poids épi, nous avons également sélectionné des épis ayant un rendement grain plus important et cela a permis d'engendrer une réponse à la sélection sur le rendement grain.

Cependant, nous constatons sur le graphique que sur certaines plateformes expérimentales, le rendement grain des placettes où ont été semés les lots non sélectionnés et le rendement grain des placettes avec les lots sélectionnés n'est pas différent. Il n'y a donc pas eu d'augmentation systématique du rendement grain grâce à la sélection, mais une tendance moyenne globale. Une étude plus poussée pourrait permettre à l'avenir de déterminer les facteurs ayant pu favoriser ou non cette augmentation de rendement grain selon les plateformes expérimentales.

Le protocole P1C a également permis une augmentation du PMG (Poids de Mille Grains) de + 4 %, de la longueur des épis de + 5 % et une diminution de la proportion de pieds sans épi de 3 %. Certaines autres caractéristiques ne semblent pas avoir particulièrement évolué comme : le nombre de rangs par épi, le nombre de grains par rang, le taux de protéine du grain, le taux d'amidon du grain...

Ces résultats montrent que de travailler à partir du poids épi peut tout de même s'avérer pertinent pour travailler sur des objectifs d'augmentation de rendement. S'agissant d'un caractère facile à étudier et à mesurer lors de la sélection (poids du sac total divisé par le nombre d'épis), cela peut permettre de progresser vers une augmentation du rendement. Ainsi, en fonction des possibilités de chacun sur les fermes, ce type de méthode de sélection, peu chronophage, facile à comprendre et à mettre en œuvre, peut correspondre aux besoins des paysan-ne-s. Certain-e-s pourront aller plus loin et ajouter des étapes de sélection ou travailler sur d'autres critères, s'ils ou elles en ont le temps et l'envie, mais cette première méthode n'est pas à exclure.

Cependant, il a été constaté que cette sélection semble également engendrer des effets potentiellement indésirables sur la floraison et donc la précocité, la floraison mâle étant avancée et la floraison femelle retardée. Il en résulte donc une augmentation de l'intervalle de floraison mâle/femelle de +17%. Cette augmentation peut engendrer des défauts de fécondation et une plus grande vulnérabilité à la sécheresse.

Ce phénomène ressenti rapidement au cours du projet Covalience a poussé le collectif de Dordogne à travailler sur une autre méthode de sélection, développée dans la partie suivante.

## PARTIE III : L'augmentation de la durée de l'intervalle de floraison mâle/femelle est-elle évitable tout en utilisant ces méthodes de sélection simples ?

### 1. Matériels et méthodes mis en œuvre dans l'objectif de ne pas augmenter la durée de l'intervalle de floraison à partir du protocole testé

#### a. Définition d'un protocole de sélection au champ sur deux critères (P2C)

Le protocole de sélection sur deux critères, abrégé P2C, est similaire au protocole de sélection sur un critère P1C. Il a été pensé pour orienter la sélection sur une maximisation du différentiel de sélection sur le poids épi et sur le contrôle de la tardivité par castration des pieds mâles tardifs en ajoutant donc une étape de sélection négative. En effet, une fois la zone de sélection positive définie, celle-ci est élargie de quelques rangs (environ 4) pour former la zone de sélection négative (voir figure 19).

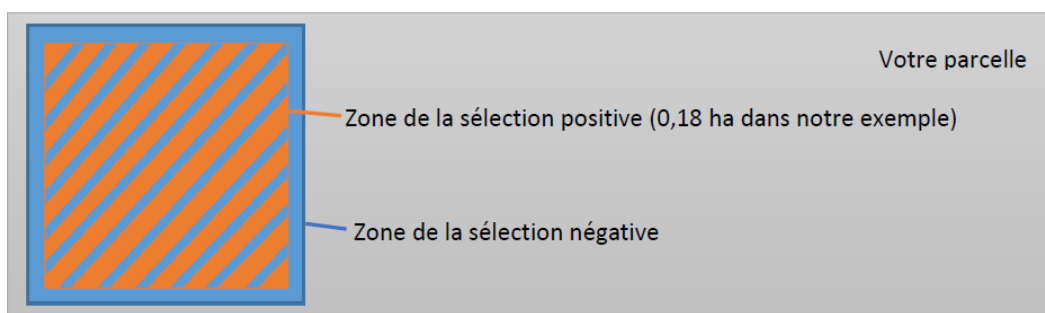


Figure 19 : Définition des zones de sélection positive et négative

Cette sélection négative est réalisée dans le but d'éliminer ou de castrer les pieds les plus tardifs, qui émettent les panicules plus tard. Un seuil de sélection est défini. S'il est de 30% par exemple, il s'agira de castrer ou détruire tous les pieds n'ayant pas émis la fleur mâle lorsqu'elle a déjà été émise pour 70% des pieds de la zone.

Toutes les autres étapes du protocole P1C de sélection à la récolte, telles que le prélèvement de 100 épis, la définition et l'utilisation d'une jauge... sont réalisées de la même façon dans ce protocole P2C, c'est-à-dire à l'automne, lors de la sélection positive.

La fiche décrivant le protocole P2C en détails est à retrouver en **annexe 5**.

#### b. Méthodes utilisées pour mesurer le différentiel de sélection et la réponse à la sélection avec le protocole P2C

De la même façon que pour le protocole P1C, les effets du protocole P2C ont pu être évalués grâce à la mesure de différentiels de sélection et de la réponse à la sélection (voir Parties I et II).

Afin de mesurer la réponse à la sélection, des micro-parcelles comparatives ont été semées en 2020 telles que représentées dans la figure 20 ci-dessous.

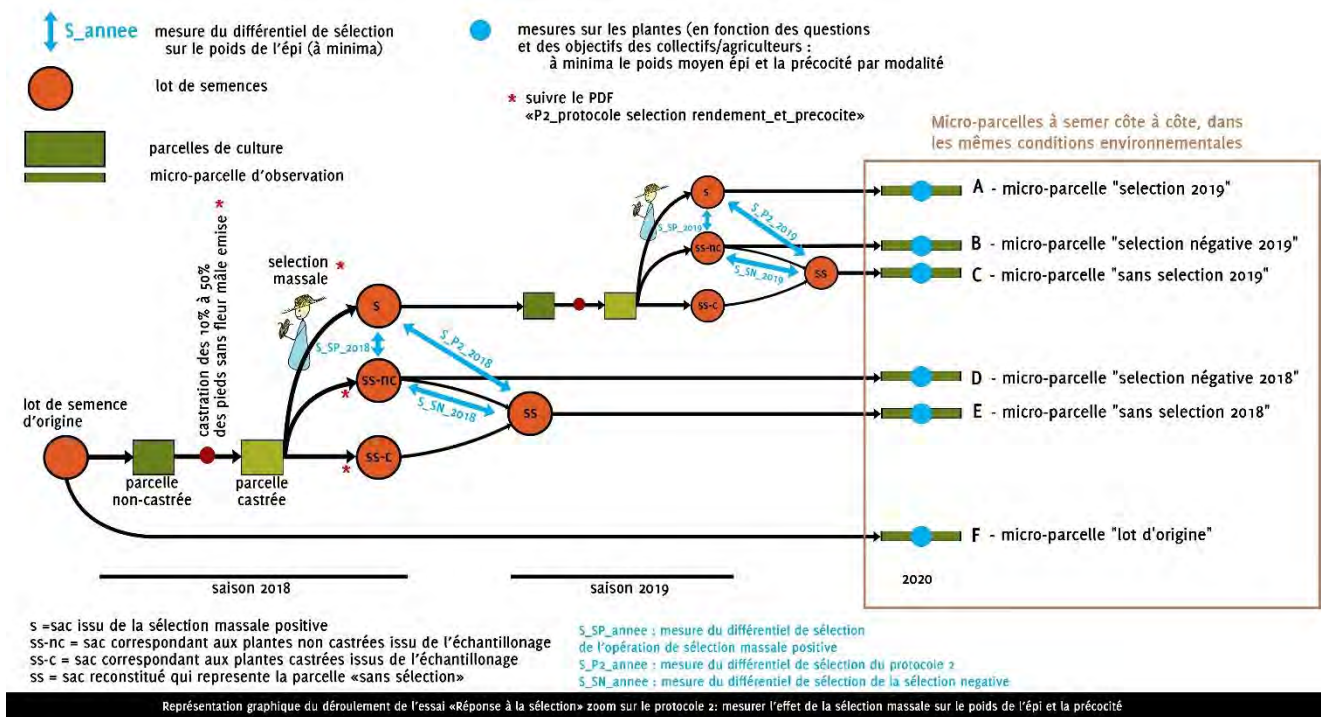


Figure 20 : Dispositif expérimental mis en place de 2018 à 2020 pour mesurer la réponse à la sélection obtenue avec le protocole P2C

### c. Dispositif expérimental mis en place en Dordogne pour mesurer les différentiels de sélection et les réponses à la sélection obtenus avec le protocole P2C

De la même façon que pour le protocole de sélection P1C, les différentiels de sélection ont été mesurés en calculant la différence entre le poids moyen épi sélectionné grâce au protocole P2C et le poids moyen épi non sélectionné (voir **Partie I.1.c**).

Les différentiels de sélection obtenus avec le protocole P2C ont pu être mesurés sur 3 parcelles en 2018 et 8 en 2019 (dont 5 hors Dordogne).

Le protocole P2C a été appliqué aux variétés suivantes : *ABR, ALP, blanc d'astarac, georgia, lavergne, maxi* et *sponcio* (voir **annexe 2**).

Les réponses à la sélection ont été mesurées grâce aux plateformes expérimentales mises en place en 2020, comme présentées dans la **Partie II.1.b**. Les lots concernés par une sélection avec le protocole P2C n'ont été semés que sur 3 des 8 plateformes.

## 2. Résultats obtenus avec le protocole de sélection basé sur le poids épi et sur la floraison mâle, P2C

### a. Le protocole P2C permet également de créer un différentiel de sélection sur le poids épi

Le protocole P2C permet également d'obtenir des différentiels de sélection positifs en ce qui concerne le poids épi (voir **tableau 2**). Ces résultats sont également statistiquement significatifs pour les expérimentations menées à AgroBio Périgord mais n'ont pas pu être testés statistiquement pour les expérimentations menées au sein du collectif CBD.



Tableau 2 : Présentation des différentiels de sélection sur le poids des épis en sortie de champs permis par le protocole P2C. NT : « non testable »

Collectif	année	variété	ferme	Différentiel de sélection sur poids épi (g)	Différentiel de sélection sur poids épi humide (%)	p-value	significativité
ABP	2018	blanc-d-astarac	LAS	71	84	9.0 e-26	***
ABP	2018	georgia	MAG	81	106	2.4 e-50	***
ABP	2018	lavergne	MAG	119	153	3.2 e-43	***
ABP	2019	lavergne	MAG	92	63	1.8 e-16	***
ABP	2019	maxi	MAG	179	97	6.7 e-30	***
ABP	2019	georgia	MAG	137	135	2.2 e-50	***
CBD	2019	lavergne	JOL	15	7	NT	NT
CBD	2019	lavergne	MICf	11	13	NT	NT
CBD	2019	ALP	BIT	79	46	NT	NT
CBD	2019	ABR	GERe	107	70	NT	NT
CBD	2019	sponcio	TER	55	117	NT	NT

Selon les différentes situations de sélection, le différentiel de sélection créé est variable, allant de + 11 g à + 179 g. En suivant le protocole P2C, le poids épi est de + 7 % à + 153 % plus important dans les épis sélectionnés que dans les épis de la population d'origine (voir figure 21).

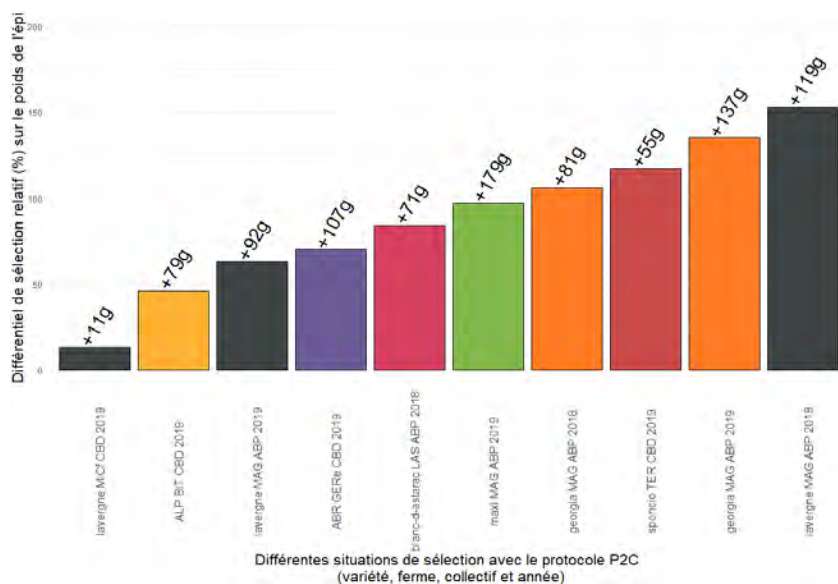


Figure 21 : Différentiels sur le poids de l'épi selon les situations de sélection avec le protocole P2C

Ainsi, ce protocole de sélection basé sur deux critères, le poids épi et la floraison mâle, permet au même titre que le protocole basé uniquement sur le poids épi de créer un différentiel de sélection. Cependant, il est à noter que l'ajout d'une étape de sélection négative augmente nécessairement le temps passé à réaliser la sélection au champ et la complexité générale du protocole pour des ordres de grandeur de différentiels créés similaires voire inférieurs à ceux créés avec le protocole basé uniquement sur le poids épi.

**b. La réponse à la sélection obtenue avec le protocole P2C sur le poids épi et la floraison mâle n'est pas significative**

Lorsque le protocole P2C est suivi, on obtient une augmentation du poids épi moyen de + 3,4 g. Cependant, de la même façon qu'avec le protocole P1C, cette différence n'est pas significative (voir figure 22). Statistiquement, la réponse à la sélection est donc proche de 0.

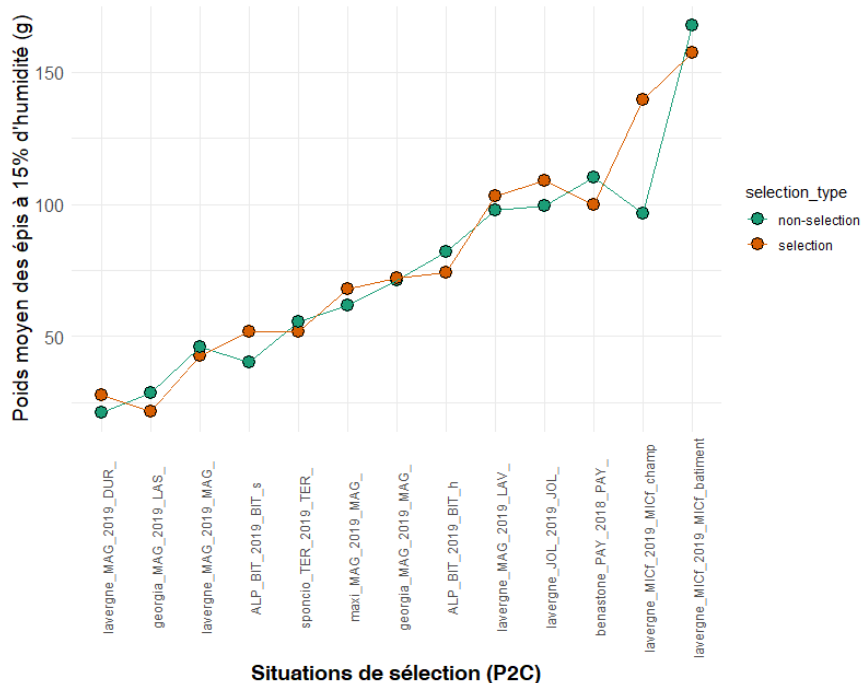


Figure 22 : Poids moyen des épis pour différentes situations de sélection pour les échantillons sélectionnés et non sélectionnés permettant de mesurer la réponse à la sélection en suivant le protocole P2C.

Ces résultats sont cohérents avec ceux obtenus précédemment car l'étude se base toujours sur le poids épi, caractère peu héritable comme développé précédemment. Le nombre de répétitions est dans ce cas plus faible et n'a pas permis de réaliser des tests statistiques.

**c. La sélection sur le poids épi et la floraison mâle a des effets sur d'autres caractères**

Comme pour le protocole P1C, le protocole P2C a permis une augmentation significative du rendement grain de + 5,2 qtx (voir figure 23), du nombre de rangs par épi de + 7 %, de la longueur des épis de + 6 % et une diminution de la proportion des pieds sans épi de 6 %.

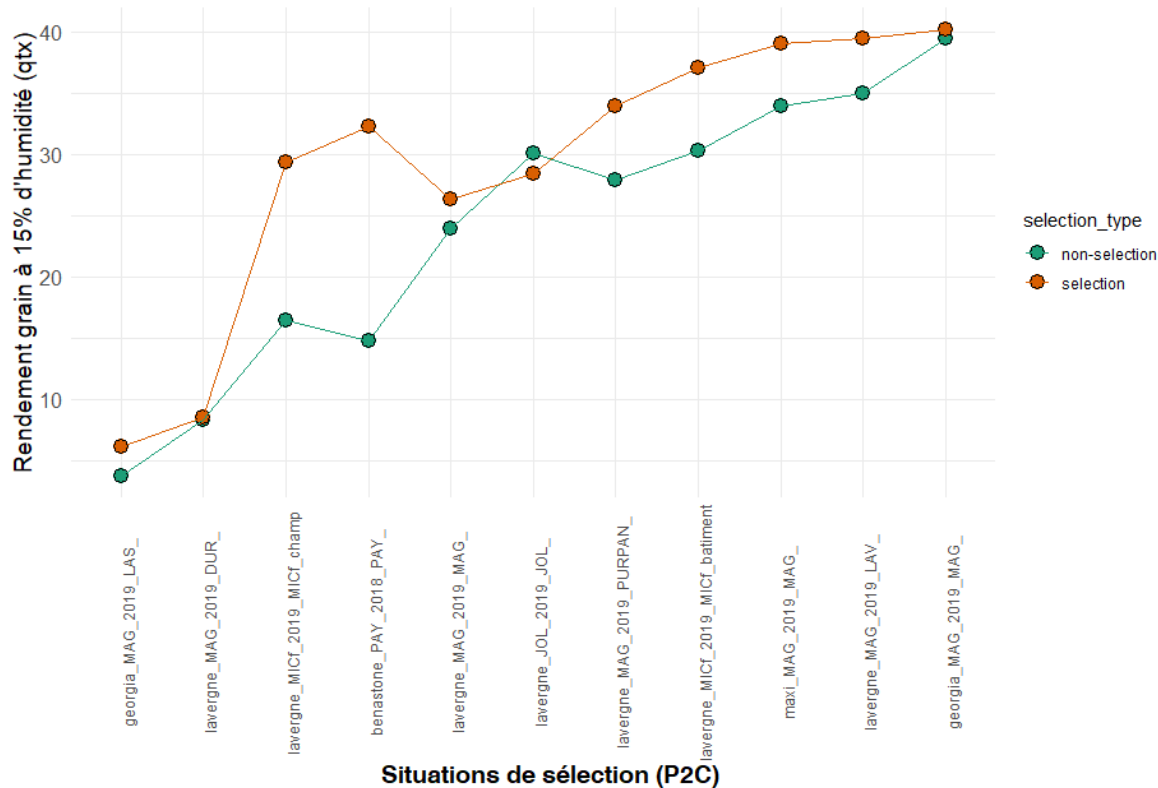


Figure 23 : Rendement grain pour différentes situations de sélection pour les échantillons sélectionnés et non sélectionnés permettant de mesurer la réponse à la sélection en suivant le protocole P2C.

Cependant, cette sélection semble engendrer aussi des effets potentiellement indésirables tels qu'une floraison mâle plus précoce et une floraison femelle légèrement plus tardive dont il résulte une augmentation notable de l'intervalle de floraison mâle/femelle de +19%.

Or l'objectif même de ce protocole P2C était de pallier à cette augmentation de la durée de l'intervalle entre la floraison mâle et la floraison femelle. Il n'a donc pas été atteint. La castration des pieds mâles tardifs uniquement ne permet pas de compenser les effets du protocole de sélection basé uniquement sur le poids épi.

En effet, la tardivité de la floraison mâle n'est pas nécessairement liée à l'intervalle de floraison mâle/femelle car la floraison mâle tardive d'un pied de maïs peut être rapprochée de la floraison femelle de ce même pied.

Afin de réduire la tardivité d'une variété et d'éviter une augmentation de cet intervalle de floraison mâle/femelle, il serait nécessaire d'étudier l'ajout d'une étape de sélection négative des pieds tardifs sur l'émission de la fleur femelle.

## PARTIE IV : Y a-t-il d'autres méthodes de sélection à explorer ?

### 1. D'autres méthodes ont été testées en Dordogne dans le cadre du projet COVALIENCE

Bien que dans ce rapport seules deux méthodes de sélection aient été développées, le protocole P1C avec le poids épi comme unique critère de sélection et le protocole P2C avec deux critères de sélection : le poids épi et la floraison mâle, d'autres méthodes de sélection ont été étudiées. En effet, dans le dispositif expérimental prévisionnel, deux autres types de sélections, détaillés ci-dessous, devaient être étudiés (voir *annexe 1*).

### 2. L'épi-ligne

#### a. Principe de l'épi-ligne

Le protocole de sélection de l'« épi-ligne » ou « sélection sur descendance » est un protocole de sélection pluriannuel qui intègre, suite à une sélection massale, une validation de la sélection par observation de la descendance.

Il a été présenté aux collectifs français travaillant sur le maïs population en 2016 par Altaïr Machado, chercheur à l'EMBRAPA (Institut National de recherche agronomique brésilien, équivalent de l'INRAe) et consultant sur la Biodiversité au Parlement brésilien, ayant développé lui-même cette technique avec des communautés de petits producteurs<sup>1</sup>. Cette technique d'amélioration variétale leur a permis de créer une variété population reproductible, Sol da Manhã (« soleil du matin ») aux résultats très prometteurs, en comparaison avec les hybrides. Cette technique a suscité l'intérêt des collectifs français et a semblé une piste intéressante à explorer.

Pour comprendre l'intérêt de l'épi-ligne il faut revenir aux principes de la sélection massale, et notamment à ses limites. La sélection massale consiste à choisir parmi une population de maïs les « meilleures plantes », par exemple les plantes avec les plus gros épis. Mais ce qui est observable au champ (le phénotype) résulte de l'effet combiné de la génétique de la plante et des effets de l'environnement (une belle plante peut-être le résultat d'une bonne génétique et/ou d'un effet de « micro-milieus » de l'environnement, par exemple si le sol, à cet endroit très précis est meilleur). Ainsi il existe une forte probabilité de se tromper en sélectionnant certaines belles plantes.

La deuxième limite majeure de la sélection massale vient du caractère allogame de la plante de maïs (les fleurs mâles et les fleurs femelles sont séparées et les pollinisations sont croisées, une partie de l'information génétique transmise à la descendance est issue du pied qui porte l'épi (génétique maternelle) et de l'information génétique portée par les pollens qui ont fécondés chacun des grains de l'épi (génétique paternelle)). Ainsi, un bel épi dont la génétique maternelle est bonne, peut se faire polliniser par des plantes voisines bien plus médiocres... ainsi la génétique récupérée lors de la sélection ne sera pas aussi bonne qu'espérée car elle sera le fruit de la moyenne entre la génétique mère et la génétique père.

La technique de l'épi-ligne permet de lever ces deux limites majeures :

- la perception de la valeur génétique maternelle influencée par les effets de l'environnement.
- la valeur génétique paternelle inconnue, représentant pourtant la moitié de la valeur génétique sélectionnée.

Le principe de l'épi-ligne consiste à observer, « évaluer » puis « contrôler » la descendance et permet alors de mieux appréhender une proportion prédictible de l'héritabilité «  $h^2$  ». Pour chaque épi sélectionné dans une population en année 1, correspondra une ligne de semis en année 2, d'où « épi-ligne ». La totalité des graines d'un épi sera récupérée, puis partagée i.pour le semis en année 2 (ligne semée d'environ 50 pieds) et ii.pour le semis en année 3 (conservation dans des enveloppes individuelles numérotées).

---

<sup>1</sup> les assentamento : qui englobent notamment les paysans sans terre

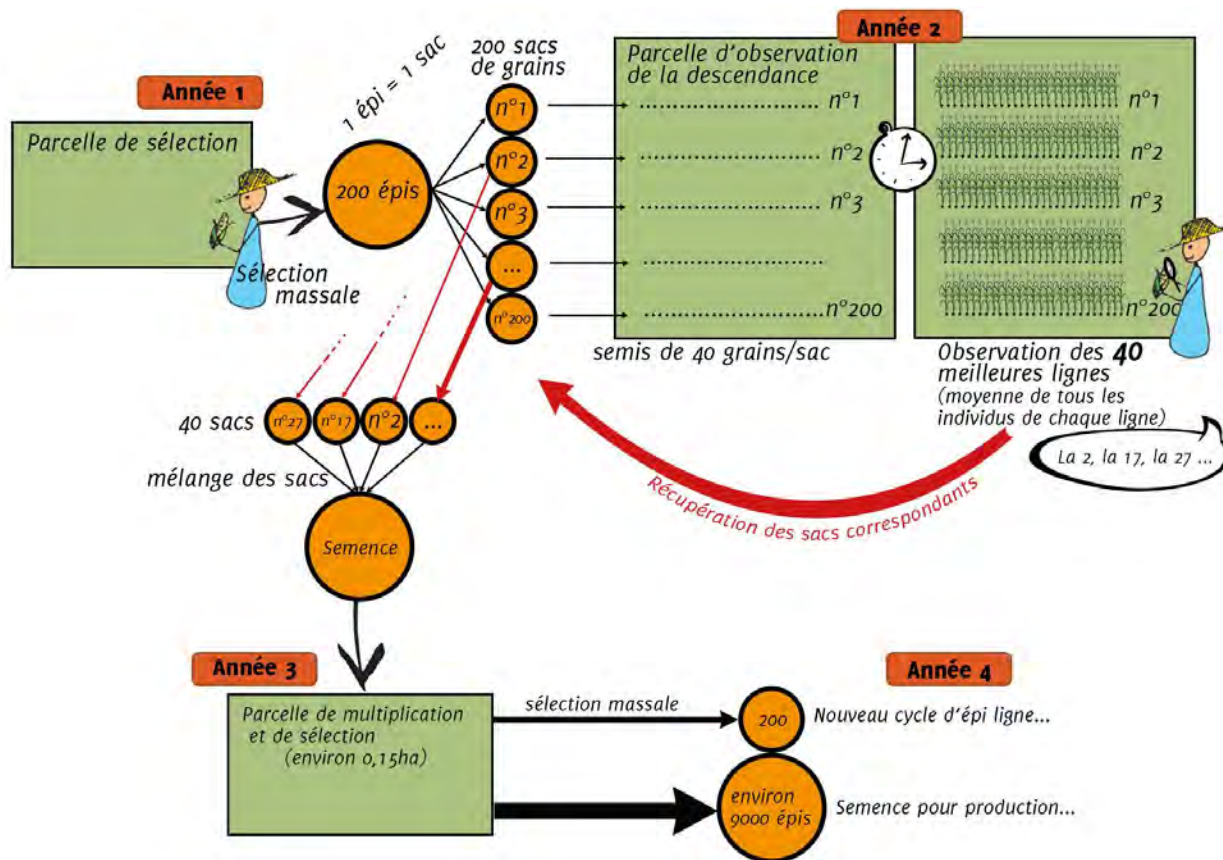


FIGURE 24 : représentation schématique de la méthode de sélection de l'épi-ligne mis en place dans le cadre du projet COVALIENCE sur 3 années (2018-2019-2020)

L'année 2 est une année d'observation dont l'objectif est de comparer le potentiel de chaque ligne. Les meilleures lignes correspondent alors aux épis dont la génétique était la meilleure (La moyenne et la variance des phénotypes des plantes de chaque ligne pourront alors être calculées). Une fois ces meilleures lignes repérées, le reste des grains non semés (conservés dans les enveloppes individuelles) serviront de base de semence pour la 3<sup>ème</sup> année, année de multiplication et éventuellement, de sélection massale.

Sur les trois sélections par épi-ligne menées dans cette étude (AgroBio Périgord, ADEAR 42 et Ecole d'Ingénieur de Purpan), environ 200 épis furent sélectionnés en année 1 (2017) par sélection massale (protocoles de sélection différents selon les collectifs). Une partie des grains de ces 200 épis furent semés en année 2 (2018) sur une plateforme d'observation, les grains d'un épi constituant une ligne de semis d'une dizaine de mètre. Les 200 lignes furent évaluées et seuls les épis parents des 40 lignes les plus performantes furent conservés dans la sélection (le protocole de choix des meilleures lignes est différent selon les collectifs). En année 3 (2019), les essais ont connu différentes issues selon les collectifs avec pour certains les semis des grains conservés dans les enveloppes correspondant aux 40 meilleures lignes identifiées dans une parcelle isolée, menée en condition de culture plein champ, avec une sélection massale « classique » à l'automne. Enfin en année 4 (2020), les lots issus de la sélection massale de 2019 ont été semés sur des plateformes comparatives, afin d'évaluer l'efficacité d'une sélection réalisée avec la technique épi-ligne...

### b. Objectifs de l'épi-ligne

Dans le cadre du projet Covalience, la mise en place de cet essai avait initialement les trois objectifs suivants :

- Objectif 1 : améliorer la génétique d'une variété
- Objectif 2 : évaluer l'efficacité de la technique de sélection épi-ligne comparée à d'autres techniques de sélection
- Objectif 3 : étudier les comportements de transmissibilité des caractères phénotypiques.

L'objectif 3 est le premier qui pourra être visé, lors de la mise en place des essais en année 1 (2018) avec :

- L'étude de la transmissibilité des caractères qui pourra être faite par le calcul des coefficients de corrélations entre les phénotypes parentaux et les phénotypes des descendance sur le même caractère.
- L'étude des corrélations génétiques entre caractères qui pourra être faite par le calcul des coefficients de corrélations entre les phénotypes parentaux et les phénotypes des descendance sur des caractères différents.

Cette approche permettra :

- Objectif 3.1 : de hiérarchiser les caractères phénotypiques en fonction de leur transmissibilité.
- Objectif 3.2 : d'établir une matrice des corrélations génétiques entre caractères et d'apporter des éléments pratiques de pilotage de la sélection tels que : « En sélectionnant ce caractère, on sélectionne aussi en partie ce caractère ».
- Objectif 3.3 : de simuler plusieurs scénarii de sélection massale et d'en estimer les résultats par l'observation de la descendance.

### c. Dispositif expérimentaux mis en place en Dordogne, dans la Loire et à l'Ecole d'ingénieurs de Purpan pour tester l'épi-ligne et résultats

#### c.1 : Epi-ligne en Dordogne : mise en place de l'essai et réalisation des mesures

##### Sélection du lot de semence initial et mise en place de l'essai :

En 2017 220 épis ont été sélectionnés dans la population Lavergne de la ferme de Ribeyrolles (Le Change 24640) avec des objectifs d'augmentation du rendement grain et de diminution du risque de verse. Les critères retenus pour la sélection massale ont été :

- le nombre de rangs par épi	≥ 14
- le nombre de grains par rang (comptage manuel lors du prélèvement)	≥ 30
- la hauteur d'insertion de l'épi (mesure avec une toise au champ).	≤ 114 cm

Les valeurs retenues pour choisir les seuils de sélection, ont été définies, en amont de la sélection, lors d'un échantillonnage de la population (sur 123 individus).

Il s'agit d'une sélection sur 3 critères. La méthode de sélection vise à optimiser conjointement le différentiel de sélection sur ces trois critères sous contrainte d'avoir une méthode de sélection massale faisable à la ferme sans trop grandes contraintes de temps et de matériel. Nous avons donc convenu de trouver un seuil de sélection pour chacun des critères et de ne sélectionner que les plantes respectant ces trois seuils

La surface de la zone de sélection est de 0,04ha, la densité réelle à la récolte est estimée à 60 000 pieds/ha, 220 épis ont été sélectionnés.

Une importance égale est donnée à chaque caractères phénotypique sélectionné, ainsi, la pression de sélection par caractère correspond à la racine cube (car 3 critères) de la pression de sélection totale.

Ici nous sélectionnons 220 épis parmi environ 2400 plantes (60 000 pieds/ha \* 0.04 ha). Soit une pression d'environ 8.3 %. La pression par critère est donc de  $0.083^{(1/3)}$  soit 44%.

La caractérisation des populations grâce à un échantillonnage (120 individus pris au hasard dans la parcelle) permet de calculer la moyenne et l'écart-type des séries de valeurs associées aux caractères et définir le seuil de sélection à 44% (par l'observation des centiles ou application d'une fonction quantile).

Une fois les seuils définis, la parcelle est parcourue entièrement et sont prélevés les individus respectant les trois seuils.

##### Sélection massale dans la population parent :

Surface de la parcelle de sélection : 0,04 ha

Taille de l'échantillonnage de la population : 123 plantes

Nombre d'épis sélectionnés : 220

Densité réelle estimée : 60 000 pieds/ha

### Présentation des différentiels de sélection obtenus

Le différentiel de sélection sur un caractère phénotypique quantitatif qui correspond à la **différence entre la moyenne de la population (estimé par échantillonnage aléatoire) et la moyenne de la sélection**. Il est noté **S**.

On peut aussi calculer le différentiel relatif (% de différence entre la population et la sélection).  $S_{relatif} = S / \text{moyenne de la pop}$

Ainsi que le différentiel standardisé qui représente le degré d'écartement par rapport à la distribution des valeurs dans la population.  $S_{standardise} = S / \text{ecart-type de la pop}$ .

variable	unité	mean population	sd population	mean sélection	p-value	significativité	différentiel de sélection	différentiel réduit
<u>plante hauteur</u>	cm	266.88	29.30	269.72	3.8 e-01	NS	2.84	0.10
<u>plante hauteur.insertion</u>	cm	130.81	25.49	114.29	1.5 e-10	***	-16.52	-0.65
<u>plante epiposition</u>	none	0.49	0.09	0.43	6.3 e-11	***	-0.06	-0.67
<u>epi rang</u>	count	12.50	1.63	14.60	3.9 e-27	***	2.10	1.29
<u>epi grain.par.rang</u>	count	25.16	7.40	30.96	2.6 e-13	***	5.80	0.78
<u>epi longueur</u>	mm	154.83	32.13	165.19	1.5 e-03	***	10.36	0.32
<u>epi longueur.remplie</u>	mm	136.85	31.81	153.35	7.7 e-07	***	16.50	0.52
<u>epi diametre.base</u>	mm	41.74	4.97	43.22	4.7 e-03	***	1.48	0.30
<u>epi diametre.pointe</u>	mm	34.84	4.27	37.10	9.3 e-07	***	2.26	0.53
<u>epi rafle.diametre.base</u>	mm	22.07	3.04	23.80	3.9 e-07	***	1.73	0.57
<u>epi rafle.diametre.pointe</u>	mm	18.54	2.63	19.62	2.3 e-04	***	1.08	0.41
<u>epi poids</u>	g	105.60	41.53	139.92	4.5 e-13	***	34.32	0.83
<u>epi rafle.poids</u>	g	21.78	9.07	29.67	2.3 e-13	***	7.89	0.87
<u>epi poids.100.grains.15</u>	g	27.44	6.26	26.33	9.5 e-02	***	-1.11	-0.18
<u>epi poids.grain.15</u>	g	83.82	33.70	110.26	3.7 e-12	***	26.44	0.78

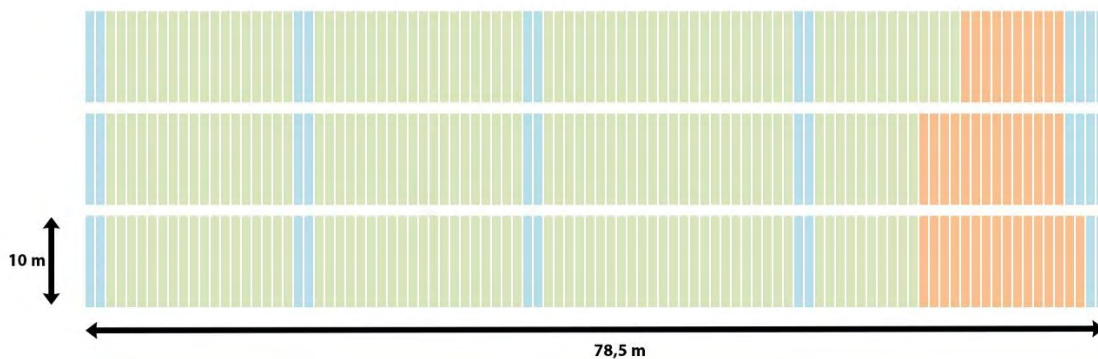
Tableau 3 : Différentiels de sélection obtenus sur des caractères quantitatifs – Lavergne 2017

Tableau 4 : Différentiels de sélection obtenus sur des caractères qualitatifs – Lavergne 2017	
Verse	La proportion de pieds versés est significativement plus faible dans la sélection que dans la population.
Couleur du péricarpe	Pas de différence significative entre la population et la sélection sur ce caractère
Couleur de la rafle	Pas de différence significative entre la population et la sélection sur ce caractère
Caractère vitreux/cireux du grain	Pas de différence significative entre la population et la sélection sur ce caractère
Forme du grain	La proportion d'épis avec un grain davantage denté est significativement plus élevée dans la sélection que dans la population.

2018 est l'année qui permet de travailler sur la question de l'objectif 3 en investiguant les questions relatives à la transmissibilité des caractères et aux corrélations génétiques.

Les 220 lignes issues de la sélection ont été semées en 2018 sur une ferme à Bourdeilles (24310). Afin de couvrir l'ensemble du spectre phénotypique de la variété 40 autres lignes ont été ajoutées, dont la semence était issue de l'échantillonnage aléatoire de plantes dans la population parent

Une partie des grains de chaque épi, conservé pour l'épi-ligne, a donc été semée sur une ligne de 10m sur une parcelle expérimentale. Et ceci pour chaque épi. Un lot témoin de la même variété est positionné sur deux lignes toutes les 20 lignes semées.



- Sélection massale = 220 lignes issues des épis sélectionnés en 2017 selon le protocole 3 critères
- Echantillon = 40 lignes issues d'épis non sélectionnés, prélever aléatoirement lors de l'échantillonnage de la population parent en 2017.
- Témoin = issu d'un lot de semence « classique », issu de l'égrenage et du mélange de nombreux épis récoltés en 2016.

Figure 25 : Plan schématique de l'essai épi-ligne implanté à Bourdeilles en 2018.

#### **Description parcelle et conditions pédoclimatiques :**

- Hétérogène et en pente, sol très argileux.
- Semis très tardif (8 juin 2018) car parcelle non praticable avant.
- Un très fort orage est tombé sur la Dordogne une semaine après le semis, la parcelle a raviné à plusieurs endroits, quelques une des lignes ont été emportées.
- La parcelle a été arrosée plusieurs fois dans la saison, notamment au moment de floraison pour sauver le maïs qui souffrait énormément de la sécheresse (petite taille, couleur pâle, plusieurs pieds bloqués dans leur croissance au stade genoux).

#### **Identification des pieds**

- Au début de chaque ligne, une étiquette plastique indique l'identifiant de la ligne (correspondant à l'identifiant de l'épi semé).
- Au sein de chaque ligne, 30 pieds sont comptés et les pieds 1, 10, 15, 20, 30 sont marqués à l'aide d'un bracelet de couleur.
- Une coordonnée spatiale est attribuée à chaque pied en fonction de sa position dans la parcelle.

#### **Notations floraisons**

Les premières fleurs mâles sont apparues le 06/08/2018 (pied considéré comme fleuri quand la moitié des anthères du brin maître sont ouvertes) et les notations floraisons ont été arrêtées le 14/09/2018 (absence de progression dans l'émission des fleurs femelles).

*N.B : Un pied est considéré fleuri femelle lorsque les soient sont visibles et font au moins 1cm.*

Entre ces deux dates, la parcelle a été visitée tous les 2/3 jours. La saisie de données a consisté à saisir la date de visite pour chaque plante nouvellement fleurie.





Identifiant ligne : E35		
Numéro plante	Fleur mâle	Fleur femelle
1	06/08	18/08
2	14/08	23/08
3	12/08	
...	...	...

Figure 26 : Exemple de feuille de notation terrain

### **Observation complémentaire : stress hydrique et thermique et phénomène de stérilité**

Des phénomènes de stérilité mâle ont pu être observés au cours des notations : sous l'effet du stress hydrique et des coups de chaleurs, plusieurs plantes présentaient des épis stériles (restent verts, pas de pollen dans les anthères).

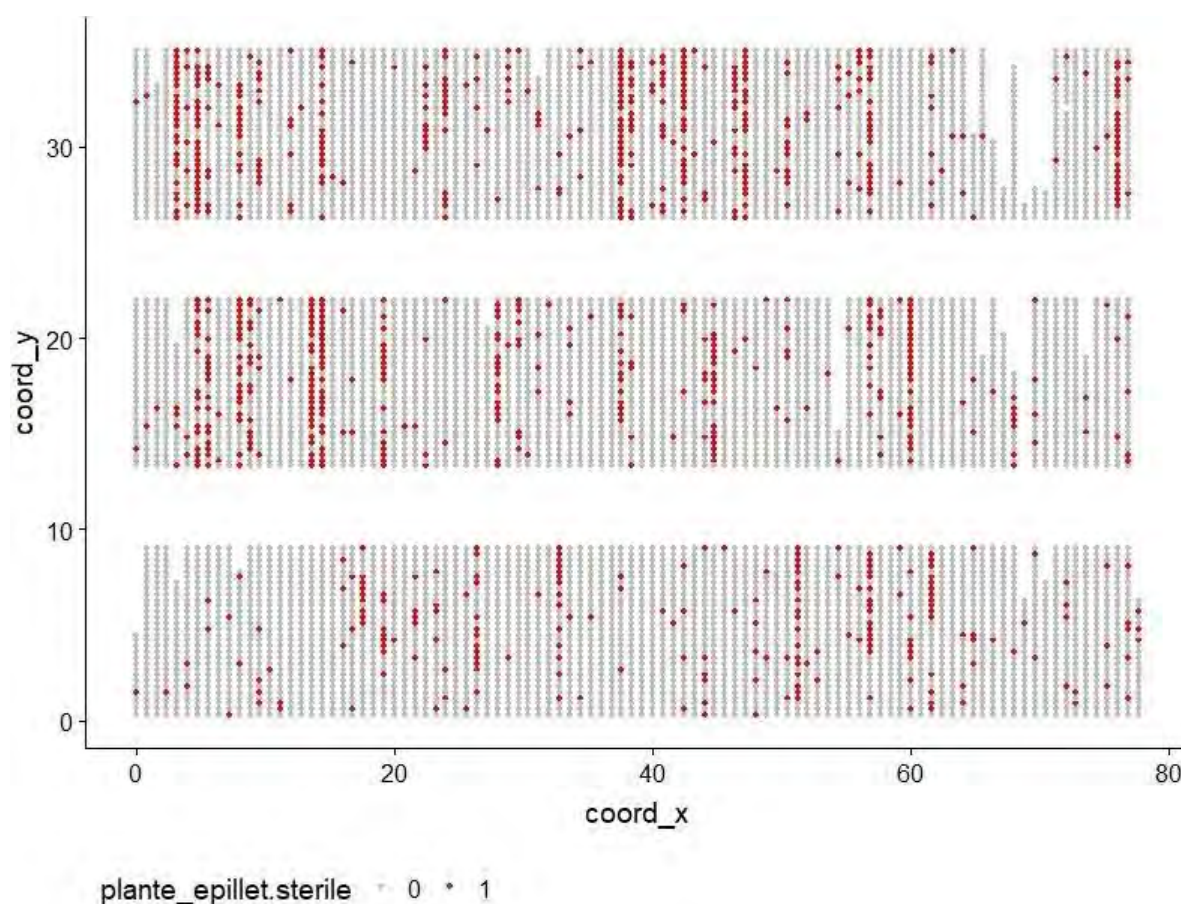


Figure 27 : identification spatiale des plantes présentant des panicules avec épis stériles :

Ce phénomène est très certainement dû à une sensibilité génétique car il touche des lignes entières (même génétique maternelle).

- certaines plantes n'ont jamais émis de fleur femelle
- certain épis étaient comme « brulés » (blanc et secs).

### **Autres mesures au champs en cours de végétation**

Les hauteurs de plante et hauteurs d'insertion de l'épi ont également été mesurées (fin floraison).

### **Chantier récolte**

Pour chaque ligne, les épis étaient entourés d'un élastique large sur lequel était inscrit le numéro de la plante (1 à 30). Les épis sont ensuite rassemblés en bout de ligne et mis en sac avec une étiquette indiquant l'identifiant de la ligne : ainsi, chaque épi est identifié et tracé.

Pendant ce chantier ont été notées les variables suivantes :

- si l'épi est récoltable (oui/non) et s'il n'est pas récoltable, pour quelles raisons :
- pas d'épi formé (aucune initiation florale, pas de boursoflure sur la tige, pas de languette...)
- épi sans grains (considéré sans grain quand il y avait moins de 10 grains viables sur la rafle)
- épi charbonné (si détruit par le charbon)
- épi détruit (soit par la pyrale, les oiseaux, les rongeurs...)

Tous les sacs ont été suspendus au-dessus d'une grange pour que le grain puisse sécher en attendant d'effectuer les mesures de post récolte.

### **Post-récolte**

L'acquisition de données se fera principalement par reconnaissance d'image grâce à l'outil ZeaBox et au programme ZEAMAGE, développé en interne (logiciel reconnaissance et mesures visuelles assistée par ordinateur) : les variables étudiées pour chaque épi seront :

- la longueur de l'épi
- le pourcentage de lacune (zones sans grain)
- le diamètre base, milieu, pointe de l'épi
- le nombre de grains par rang
- le nombre de rangs par épi
- le poids en grain
- le poids moyen d'un grain (estimation PMG)
- l'humidité du grain

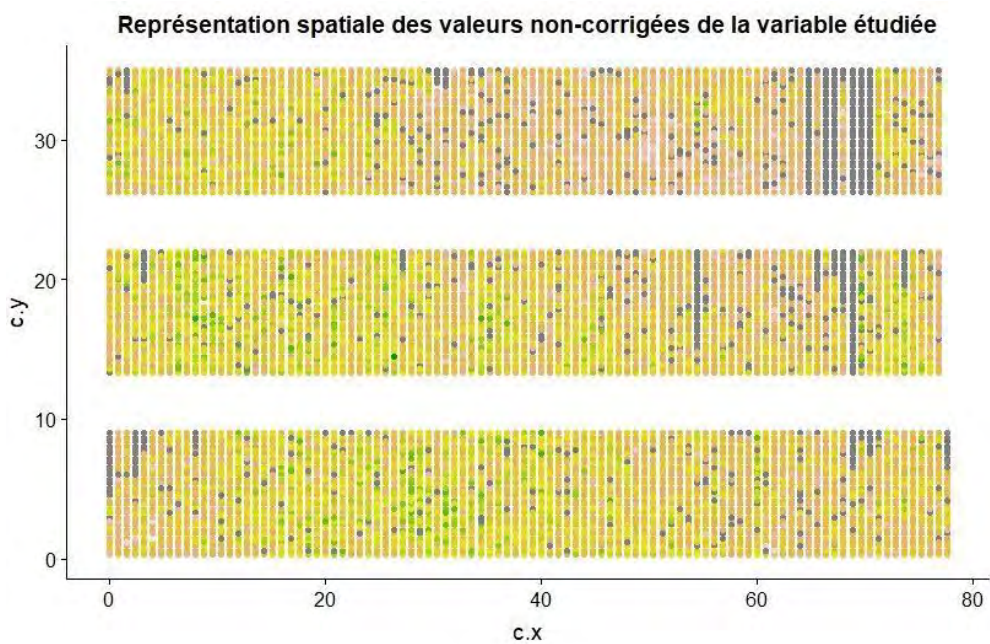
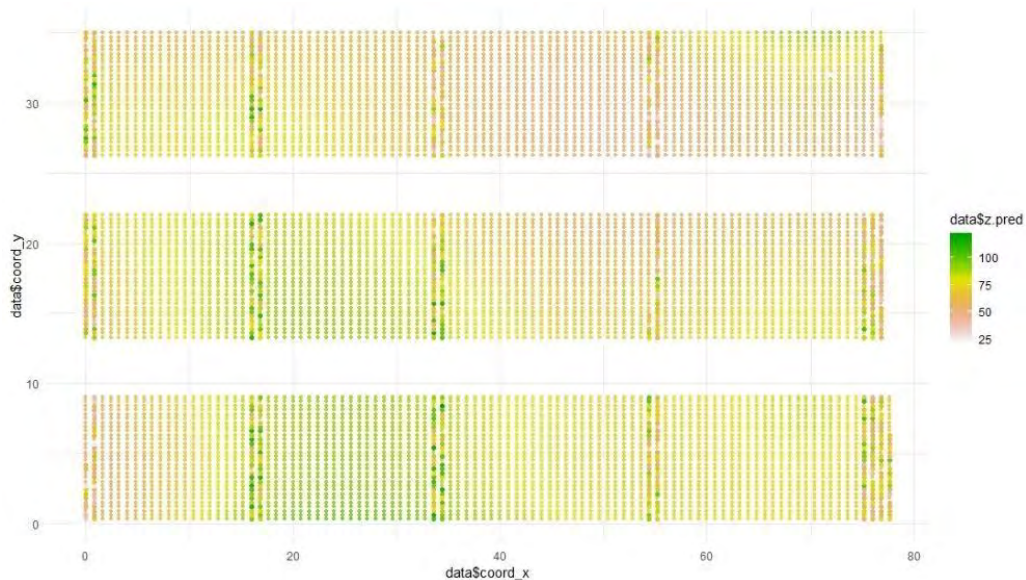
### **b.1.2 : Premiers éléments de résultats, campagne de notations 2018 :**

#### **Hétérogénéité parcellaire :**

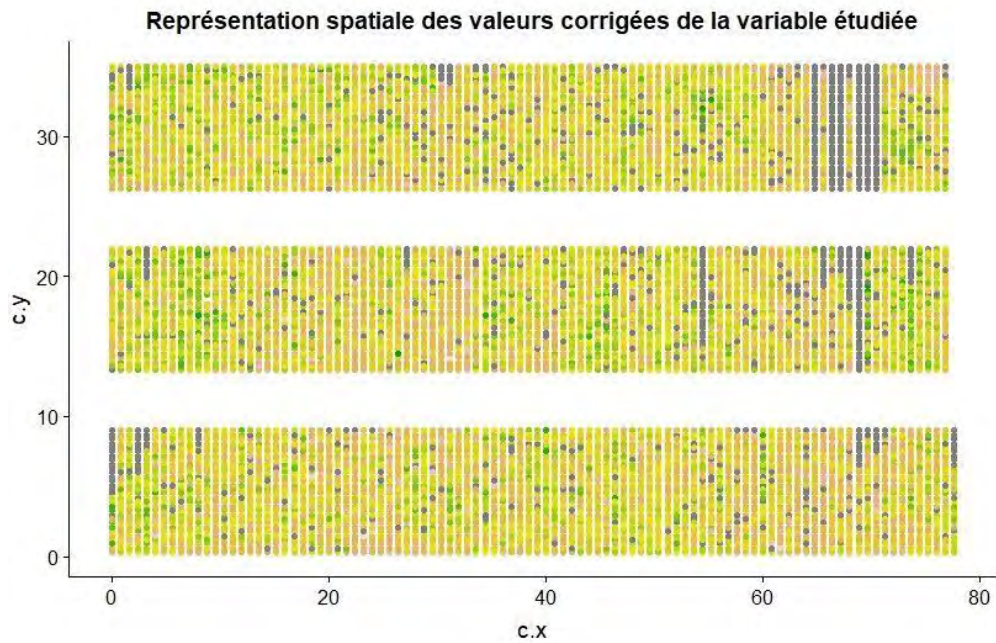
-La parcelle était très hétérogène et il est nécessaire d'appréhender cette hétérogénéité pour pouvoir analyser les mesures.

A l'aide des témoins répartis dans l'ensemble de la parcelle, il est possible de trouver un modèle mathématique pour cartographier l'hétérogénéité parcellaire. Plusieurs modèles ont été testés (krigeage, interpolation, régression) et le meilleur modèle est un modèle de régression polynomiale de degré 5.

Exemple pour la hauteur d'insertion de l'épi



Les gros points représentent les valeurs des plantes témoins et les petits points la prédiction du modèle.



Pour valider le modèle utilisé : vérification des résidus standardisés, studentisés (test de Kolmogorov- Smirnov), des points influents, du qqplot, vérification de l'homoscédasticité et de la non auto- corrélation des résidus (test de Durbin Watson).

**Analyse : rappel des objectifs**

Objectif 3.1 : de hiérarchiser les caractères phénotypiques en fonction de leur transmissibilité.

-Méthode : comparer les taux de corrélations pour chaque variable entre les parents et les enfants.

Objectif 3.2 : d'établir une matrice des corrélations génétiques entre caractères et d'apporter des éléments pratiques de pilotage de la sélection tels que : « En sélectionnant ce caractère, on sélectionne aussi en partie ce caractère ».

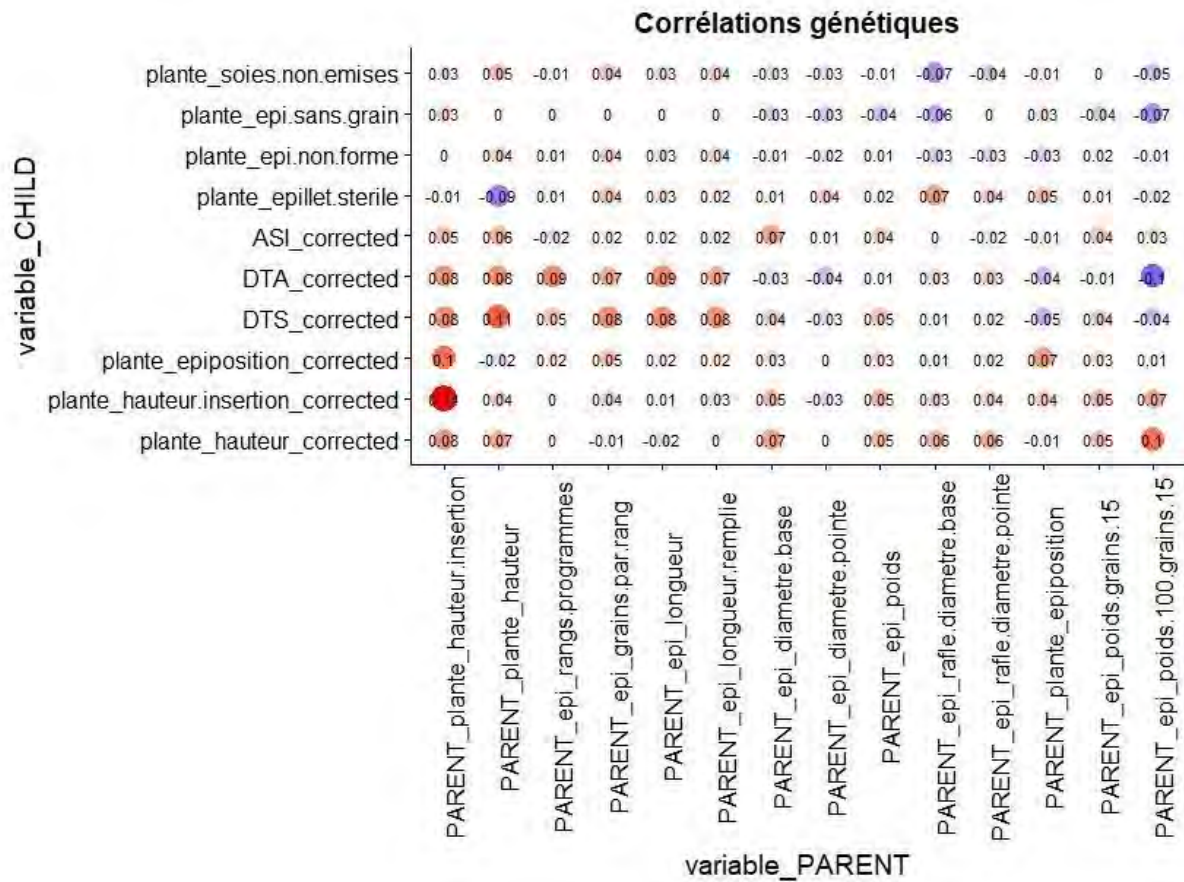


Figure 28 : Matrice de corrélation brute entre caractères mesurés chez les parents et les caractères mesurés chez les enfants.

**Objectif 3.3 :** de simuler plusieurs scénarii de sélection massale et d'en estimer les résultats par l'observation de la descendance.

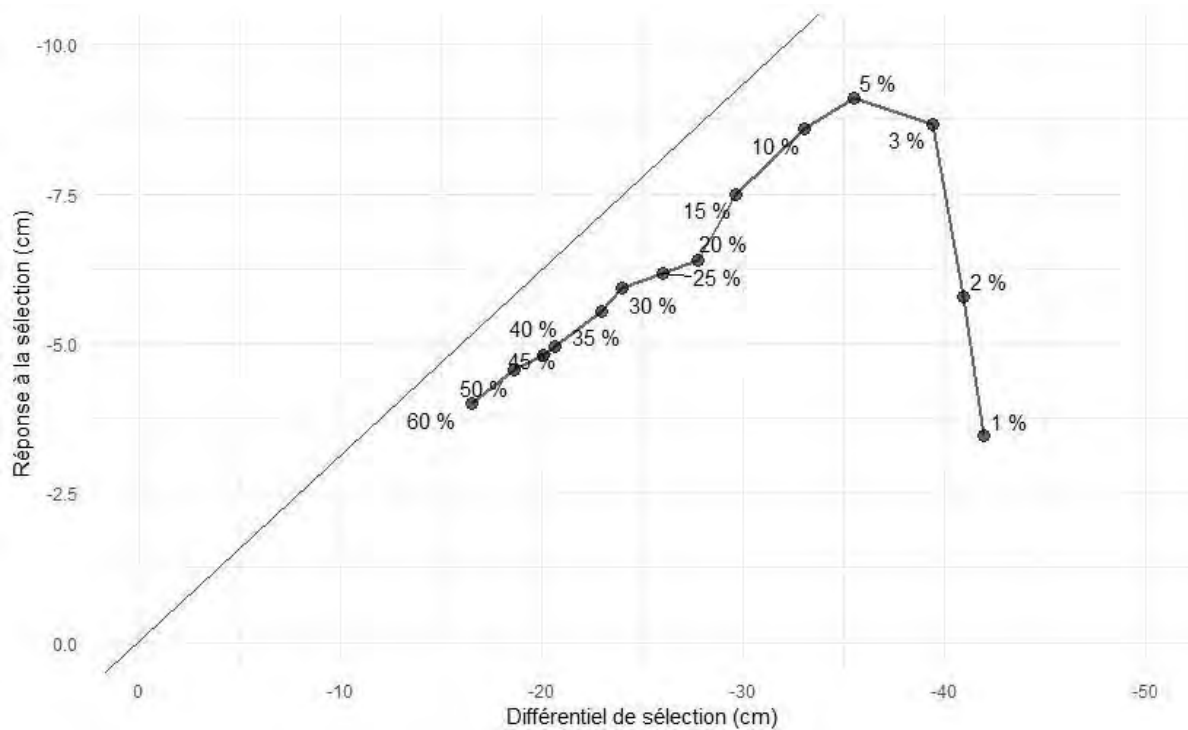


Figure 29 : Relation entre pression de sélection (les %), différentiel de sélection et réponse réelle à la sélection pour la hauteur d'insertion d'épi (on cherche à diminuer la hauteur d'insertion d'épi).

La courbe rouge représente la relation théorique entre le différentiel de sélection et la réponse à la sélection suivant les lois de la génétique quantitative et l'équation du sélectionneur :

$$R = h^2 * S \text{ (R= réponse à la sélection, S = différentiel de sélection, } h^2 = \text{héritabilité)}$$

En faisant la moyenne de plusieurs valeurs héritabilités de la hauteur d'insertion d'épi dans la littérature (7 articles) on obtient une valeur de 0.56

Les conditions climatiques de 2017 et de 2018 ne sont pas les mêmes. Pour le même lot semé en 2017 et 2018 (témoin : Lavergne\_BL\_2016), les plantes de 2018 ont une hauteur d'insertion 1,8 fois plus petite que les plantes en 2017.

En ajoutant « l'effet année » à cette estimation de l'héritabilité on obtient,  $0.56/1.8 = 0.31$

A ce stade d'analyse, les résultats semblent satisfaisants, car ils correspondent aux ordres de grandeur donnés dans la littérature et montrent bien l'effet réel de la sélection sur la moyenne de hauteur d'insertion d'épi dans une population. Un phénomène intéressant peut être observé ici : à partir de 5% de pression de sélection, la réponse à la sélection devient « mauvaise », cela vient probablement du fait que dans notre situation 5% correspond à 25 individus, 3% à 12 individus 2% à 8 individus et 1% à plus que 5 individus.

Quand le nombre d'individus est trop faible, la chance de se tromper dans le choix des individus (effets de micromilieu favorisant l'expression du caractère) est plus grande. Autrement dit, la part de hasard augmente.

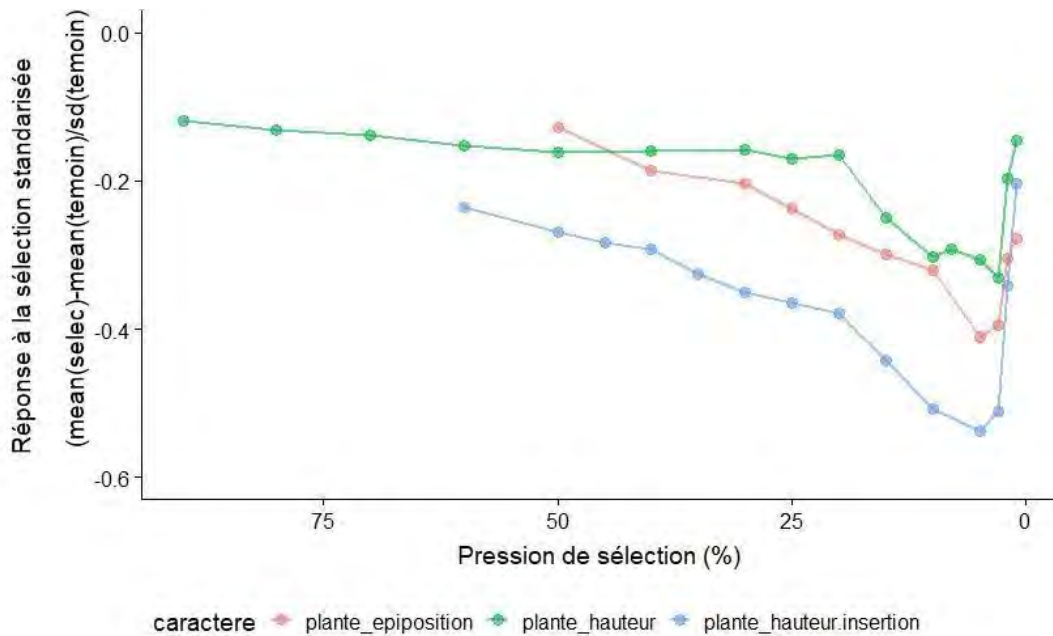


Figure 30 : Pourcentage de pression de sélection à exercer en fonction de la réponse à la sélection recherchée

Pour le moment ici, seules les données pour trois variables (caractères mesurés chez les parents et chez les enfants) sont analysées. Le phénomène d'altération de la réponse à la sélection sur des fortes pressions de sélection ou sur des petits lots d'épis sélectionnés (ici, ces deux facteurs sont confondus, il est impossible de savoir si c'est une question de pression ou de nombre minimal d'individus sélectionnés) se retrouve aussi sur les caractères hauteur de plante et épiposition. Nous attendons d'avoir le reste des données pour voir si le phénomène est systématique.

On remarque que tous les caractères ne répondent pas de la même façon à la sélection, il semble ici plus facile de sélectionner sur la hauteur d'insertion d'épi que sur l'épiposition, que sur la hauteur de plante.

**Résultats complémentaires : Réponse à la sélection du protocole P3C :**

Le dispositif permet de répondre à de nombreuses questions de recherche mais nous allons ici uniquement traité de

la possibilité de discuter de la réponse à la sélection effectuée sur 3 critères (protocole sous le code P3C) sur le Lavergne (population parent) en 2017.

Sur la parcelle épi-ligne ont été semés une partie de la semence issue de la sélection de 2017 (lavergne\_BL\_2017\_selection) et une semence plus ancienne (lavergne\_BL\_2016\_sans-sélection).

Sur le plan génétique (sans compter les effets maternels), seule la sélection de 2017 peut expliquer les différences entre le potentiel génétique de ces deux lots.

Nous pouvons donc calculer la réponse à la sélection (R) de la façon suivante :

$R = \text{moyenne (issu sélection)} - \text{moyenne (lot issu de la sélection de 2017 semé et observé sur la plateforme EL 2018)} - \text{moyenne (lot lavergne\_BL\_2016\_sans-sélection semé et observé sur la plateforme EL 2018)}$

Les conditions agro-environnementales de cet essai étaient très limitantes : la culture a subi plusieurs stress thermiques et hydriques au cours de la saison.

### Correction de l'hétérogénéité parcellaire

La parcelle d'observation n'était pas homogène mais les deux modalités (sans sélec et issue sélec) sont répartis équitablement sur la plateforme d'observation (un peu comme un dispositif bloc). Un outil mathématique de correction des valeurs observées, en prenant en compte l'estimation de l'hétérogénéité parcellaire, a été mobilisé dans le cadre de cet essai.

Nous ne détaillerons pas ici le modèle de correction utilisé. Nous notons simplement que les résultats présentés sont issues d'une correction statistique sur les données, une prudence dans l'analyse et dans la formulation de conclusion est donc de rigueur.

### Résultat sur les réponses à la sélection selon le protocole P3C

variable	moyenne_ns	moyenne_s	sd_ns	significativite	R.absolu	R.standardise
DTS_corrected	1327.792078	1309.4725754	104.4468873	***	-18.3195023	-0.1753954
DTA_corrected	1230.112277	1217.5472202	101.6184808	***	-12.5650572	-0.1236493
ASI_corrected	115.067486	109.0366002	80.1562526	NS	-6.0308854	-0.0752391
plante_hauteur_corrected	184.812351	182.1019248	34.9852912	*	-2.7104257	-0.0774733
plante_hauteur.insertion_corrected	73.595305	70.0764885	16.4425742	***	-3.5188168	-0.2140064
plante_epiposition_corrected	0.391382	0.3838225	0.0610476	**	-0.0075595	-0.1238302

Tableau 5 : Réponses à la sélection obtenues sur le Lavergne issu de la sélection BL\_2017\_P3C, variables quantitatives corrigées.

Les plantes issues de la sélection sont :

- significativement plus précoces sur la floraison mâle (DTA) et femelle (DTS) (mais c'est très léger : environ 1 jour)
- significativement plus petites sur la hauteur de plante totale (-2.7cm) et sur la hauteur d'insertion d'épi (-3.5cm). Et la position relative de l'épi sur la plante est aussi significativement plus bas (mais c'est trop léger pour avoir une quelconque importance agronomique).

Il n'y a pas de différence significative sur la protandrie (ASI).

Ces résultats sont intéressants car ils vont dans le sens de la sélection effectuée en 2017 (baisse de la hauteur d'insertion d'épi). La hauteur d'insertion d'épi est très logiquement corrélée à la hauteur de plante.

Pour l'évolution de la précocité on peut faire notamment deux hypothèses :

- il existe une corrélation entre précocité et taille de plante (données internes et biblio le confirme) donc la sélection sur la hauteur d'insertion d'épi a influé sur la précocité.
- dans les conditions de sélection de l'année 2017 (bas intrant, non irrigué) il est possible que la population ait subi quelques stress hydriques ou thermique amenant souvent à l'effet suivant : les plantes les plus précoces "réussissent" davantage à produire un épi. Ainsi la sélection sur les beaux épis (nb rangs + nb grains par rang) a induit une sélection sur les individus précoces.

variable	moyenne_ns	moyenne_s	sd_ns	significativite	R.absolu	R.standardise
epi_rangs	11.93960	12.21458	2.058826	*	0.2749860	0.1335645
epi_poids.grains	44.07744	44.83811	26.867745	NS	0.7606693	0.0283116
kernel_row_number	19.87189	19.21277	8.670020	NS	-0.6591202	-0.0760229
metrics_l50	34.48436	34.92992	4.140416	NS	0.4455543	0.1076110
metrics_L	112.18772	110.09886	35.371477	NS	-2.0888535	-0.0590547
metrics_L_with_cob	91.84283	89.89847	35.247660	NS	-1.9443599	-0.0551628

Tableau 6 : Réponses à la sélection obtenues sur le Lavergne issu de la sélection BL\_2017\_P3C, Variables quantitatives non corrigées.

Ici la structure des données ne permet pas d'appliquer la fonction de correction spatiale (trop de peu de valeurs, jeu de données incomplet).

D'autres variables qualitatives ont été analysées, sans correction de l'hétérogénéité parcellaire sur les variables qualitatives.

Taux d'épillets stériles	Il y a significativement plus de plantes présentant une fleur mâle stérile dans la modalité issue de la sélection (cela avoisine même le double).
Pieds sans fleur femelle	Il y a significativement moins de pieds stériles sur la fleur femelle dans la modalité issue de la sélection.
Formation d'épi	Il y a significativement moins de pieds sans épi dans la modalité issue de la sélection (5.4% contre 7.6%)
Epi sans grain	Il y a significativement moins de pieds portant des épis sans grains dans la modalité issue de la sélection (14.4 % contre 18.1%)
Plante avec double épi	Il n'y a pas de différence significative entre les modalités sur la proportion de pied à double épis.

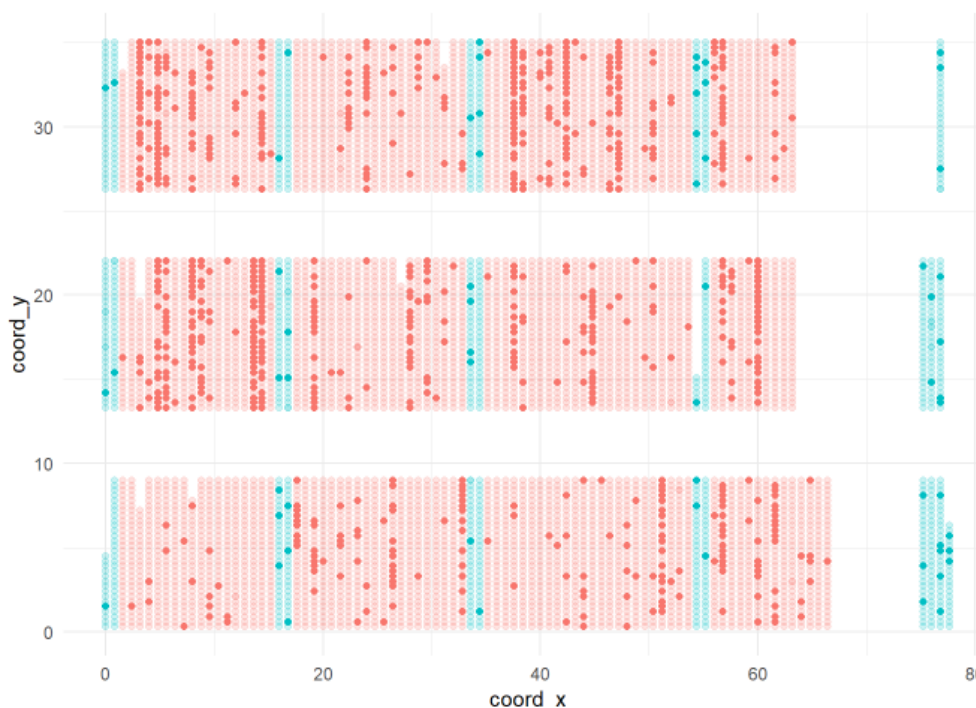


Figure 31 : Taux d'épillets stériles

Ce schéma représente l'ensemble des individus sur la parcelle d'observation organisés selon leurs coordonnées spatiales. Chaque ligne rouge est composée d'environ 30 individus issus d'un même épi faisant parti de la sélection de 2017 (un épi = une ligne). Les individus au sein de chaque ligne rouge portent la même génétique maternelle.



Les lignes bleues sont issues d'un lot de semence "classique", issu de l'égrenage et du mélange de nombreux épis récoltés en 2016.

On observe très distinctement que certaines génétiques maternelles confèrent à leur descendant le caractère "épi stérile". Ceci laisse à penser que le codage de la stérilité mâle est sûrement porté par peu de gènes et que ces gènes sont très certainement plutôt à caractère dominant.

Nous n'avons pas d'hypothèse pour expliquer en quoi la sélection sur la réduction de la hauteur d'insertion d'épi, le nombre de grains par rang et le nombre de rangs par épi réalisée en 2017 dans la population parent nous a amené à choisir davantage d'individus portant cette anomalie.

#### **Poursuite de l'essai :**

Les mesures sur épi et l'analyse des données ont partiellement été effectuées et il n'est pas possible d'en tirer en l'état une synthèse écrite. La très forte hétérogénéité de la parcelle, les mauvaises conditions de semis, les conditions climatiques extrêmes (nombreux stress hydriques et thermiques) ont rendu peu analysables les données issues des mesures sur épi (nombreux épis mal fécondés, abîmés...).

C'est donc avec un jeu de données incomplet qu'un choix des 40 « meilleures » lignes a donc dû être réalisé.

En plus du jeu de données complet sur les floraisons, les données suivantes étaient disponibles :

- de la mesure de la hauteur d'insertion d'épi de toutes les plantes
- de la mesure du poids des sacs pour toutes les lignes
- du nombre de pieds sans épi pour chacune des lignes.

Les objectifs de sélection restant les mêmes que ceux de 2017 : amélioration du rendement et diminution du risque de verse, les critères suivants ont été retenus :

- le poids grain de l'épi et
- la hauteur d'insertion d'épi, ainsi que
- la faible proportion de pieds présentant des panicules stériles (-15%).

La situation des lignes a été complexifiée par le fait que les critères de sélection sont antagonistes (il y a une corrélation positive entre hauteur d'insertion et poids de l'épi). La méthode a consisté dans le fait d'attribuer une valeur à chaque ligne qui correspond à la qualité de sa participation dans le différentiel de sélection des deux critères. Cet indicateur est la somme des différentiels de sélection standardisés des 5 critères de sélection (pour pouvoir mettre sur le même plan deux variables d'unités différentes).

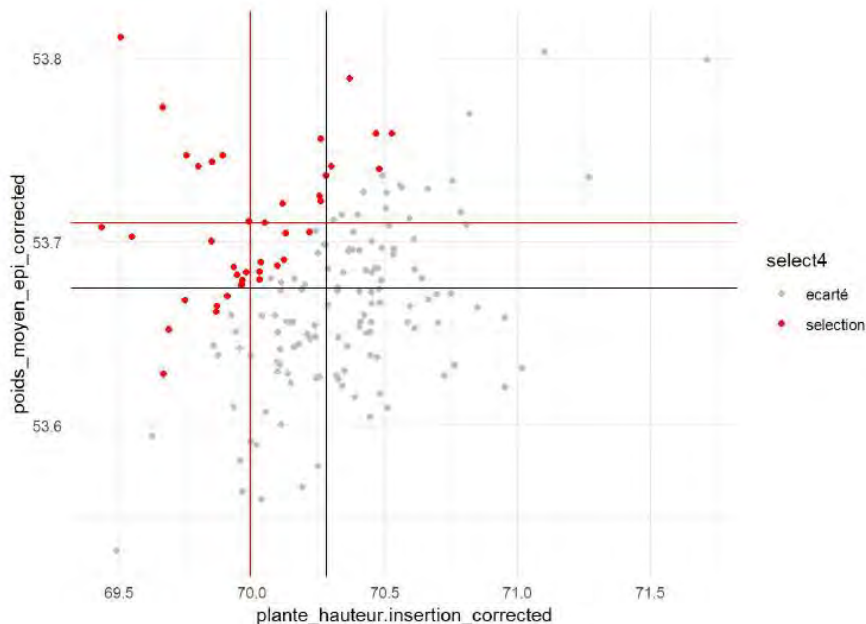


Figure 32 : Distribution des valeurs moyennes des lignes

Le schéma représente la distribution des valeurs moyennes des lignes avec moins de 15% de panicules stériles sur les caractères phénotypiques d'hauteur d'insertion d'épi » et « poids de l'épi » (données corrigées par le modèle Sptats).

Les points rouges correspondent aux 40 lignes considérées comme « meilleures » parmi les 220 lignes. Les lignes rouges représentent les moyennes de la sélection sur les deux variables et les lignes noires les moyennes de l'ensemble des lignes sur les deux variables.

Ainsi l'écart entre les lignes rouges et noires indique les différentiels de sélection absolue sur chacun des critères.

Il était important également de vérifier que le choix du rendement grain n'allait pas impacter la précocité. Or, il n'y a pas de corrélation génétique significative observée entre rendement et précocité sur le Lavergne.

Ce sont d'abord 60 sacs (un sac = totalité des épis constituant 1 ligne) qui ont été sélectionnés à partir :

- des hauteurs d'insertion corrigées (hétérogénéité parcellaire) avec un modèle polynomial de degré 5 basé sur les lignes TEMOIN
- des poids des sacs corrigés avec la même méthode.

Puis les 40 « meilleures » lignes ont été retenues sur la base du poids moyen d'un épi agrégé par ligne.

En 2019, les semences issues des 40 enveloppes correspondant aux lignes retenues ont été semées sur une parcelle de multiplication et sélection (une partie a été conservée pour les essais comparatifs prévus en 2020).

En 2020, les semences issues de la sélection de 2019 ont été utilisées :

- en partie pour les essais comparatifs initialement prévus en année 3 (2020) afin d'apporter des éléments de réponse pour l'objectif 2 et
- pour un semis chez un producteur. a été effectué dans une parcelle chez un autre agriculteur, dans le sud de la Dordogne (Capdrot, 24540). Une fois le semis effectué, la parcelle a subi de violentes précipitations, lessivant une partie des semences (forte érosion) et créant une croûte de battance sur la partie restante. Les mesures prévues n'ont alors pas pu être réalisées et la sélection massale « classique » initialement envisagée a été remplacée par une récolte de « sauvegarde » de l'ensemble des épis disponibles.

En 2021, la semence issue de ces épis a été placée en pépinière, dans une logique de sauvegarde (protocole « SOS maïs » d'Agrobio).

### c.2 Epi-ligne à l'école d'ingénieurs de Purpan :

#### **Sélection du lot de semence initial et mise en place de l'essai :**

La sélection des 200 épis dans la population parent (année 2017) pour le semis de l'essai épi-ligne à l'école d'ingénieurs de Purpan (31) a suivi le même protocole que celui réalisé pour l'épi-ligne réalisé en Dordogne par Agrobio Périgord (cf.p.29), mais sur la population Benastone de la ferme de Ribeyrolles (Le Change 24640).

La sélection massale a été opérée dans une micro-parcelle d'environ 520 m<sup>2</sup>. Deux opérations successives ont été effectuées dans cette zone :

- Une caractérisation de la population : par échantillonnage de 180 individus pris aléatoirement dans la population.
- Une sélection massale : par sélection des 200 épis sur les critères : nombre de grains par épi, nombre de rang par épi et hauteur d'insertion.

variable	moyenne_ns	moyenne_s	sd_ns	significativite	S.absolu	S.standardisee
epi_rangs.programmes	13.0220994	14.8959276	1.8706974	***	1.873828	1.0016736
epi_grains.par.rang	28.3370166	33.3710407	7.7826167	***	5.034024	0.6468293
epi_longueur	159.0883978	171.1493213	30.6230292	***	12.060923	0.3938514
epi_longueur.remplie	143.2265193	161.2352941	33.8614590	***	18.008775	0.5318369
epi_diametre.base	40.1491713	42.6561086	4.7708445	***	2.506937	0.5254703
epi_diametre.pointe	34.1823204	35.6018100	3.8779888	***	1.419490	0.3660376
epi_poids.100.grains.15	25.8055452	25.0273972	6.5459980	NS	-0.778148	-0.1188738
epi_poids	126.1325967	145.3936652	51.9005897	***	19.261069	0.3711146
epi_poids.grains.15	90.5191833	113.5718002	35.9572992	***	23.052617	0.6411109
plante_hauteur.insertion	137.5248619	120.0542986	22.0041837	***	-17.470563	-0.7939655
plante_hauteur	268.9447514	263.9095023	30.4668716	NS	-5.035249	-0.1652696
plante_epiposition	0.5124801	0.4570331	0.0695888	***	-0.055447	-0.7967806

Tableau 7 : Différentiels de sélection obtenus sur des caractères quantitatifs sur la population parent Benastone en 2017 pour l'épi-ligne mis en place à l'EI de Purpan.

Différentiels de sélection obtenus sur les caractères qualitatifs – Benastone BL 2017	
Verse	La proportion de pieds versés est significativement plus faible dans la sélection que dans la population.
Degré de sénescence	Pas de différence significative entre la population et la sélection sur ce caractère
Epi lacunaire	La proportion d'épis sans lacune est significativement plus élevée dans la sélection que dans la population.
Couleur du péricarpe	Pas de différence significative entre la population et la sélection sur ce caractère
Couleur de la rafle	Pas de différence significative entre la population et la sélection sur ce caractère
Caractère vitreux/cireux du grain	Pas de différence significative entre la population et la sélection sur ce caractère
Forme du grain	La proportion d'épis avec un grain davantage denté est significativement plus élevée dans la sélection que dans la population.

#### **Implantation de l'essai :**

230 lignes de 7,7mètres furent semées avec la mise en place de ligne témoin pour contrôler l'hétérogénéité disposés aléatoirement au centre de la parcelle. L'essai était également entouré de maïs (trois rangs représentés en jaune sur le schéma) pour protéger du gibier et limiter l'effet bordure.

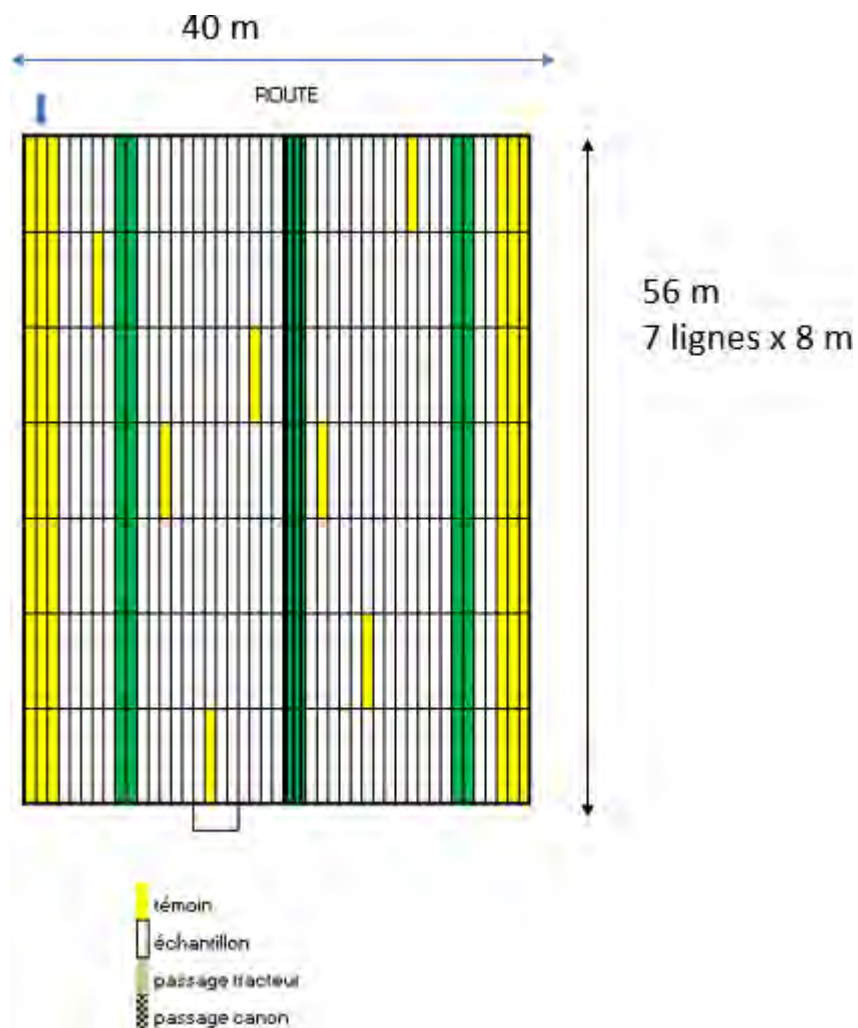


Figure 33 : Plan de l'essai

### Interventions culturales

Intervention	Date	Dose
Reprise et préparation	24-avr	
Préparation	22-juin	
Semis	21-juin	
Irrigation	03-juil	30 mm
Irrigation	10-juil	30 mm
Traitement herbicides	31-juil	Callisto 0,5L/ha- Pampa OD 0,5 L/ha
Irrigation	06-août	30 mm
Irrigation	13-août	30 mm
Irrigation	21-août	30 mm
Irrigation	27-août	30 mm
Irrigation	12-sept	30 mm
Récolte	7-nov	

### **Bilan climatique**

Les conditions climatiques pluvieuses de ce printemps ont grandement perturbé les semis de maïs. Des retards de végétation liés aux dates de semis ont été observés. De nombreux épisodes pluvieux ont suivis le suivi des maïs. La pression adventice est maîtrisée sur l'essai par le passage d'un herbicide post-levée. Les floraisons étaient plus tardives que la normale, de 8 à 12 jours.

L'été, en revanche a été marqué par des épisodes de fortes chaleurs, en particulier durant la première quinzaine d'août compensant le retard des cycles. Quelques accidents de fécondation sous l'effet du stress hydrique malgré 7 tours d'eau de 30 mm. La récolte a eu lieu début novembre suite aux précipitations du mois d'octobre retardant la phase de maturité du grain.

### **Mesures réalisées durant le cycle de végétation**

Type de notation	Echelle	Description
Densité de levée	Parcelle	6x 3m linéaire
Hauteur plantes	Ligne	10 plantes aléatoires de la ligne
Hauteur insertion épi	Ligne	10 plantes aléatoires de la ligne
Date de floraison mâle	Ligne	Lorsque 50 % des plantes de la ligne sont à floraison
Poids épis total Nombre épis récoltés	Ligne	Tous les épis
Poids grains (sans rafle)	Ligne	Tous les épis
Humidité grain (%)	Ligne	Tous les épis
PMG (g)	Ligne	Tous les épis

### **Chantier récolte**

L'ensemble des épis sur les 8m a été prélevé sur les 200 lignes avec la réalisation des mesures suivantes :

- Photo des épis avec un appareil photo spécial
- Taille de l'épi
- PMG
- Rendement grain

Beaucoup de plantes dans épi ou mal fécondées ont été observées.

### **Mesures post-récolte**



Figure 34: Illustration des photos post-récolte

En post récolte, prise de photographie de l'ensemble des lignes (tirage aléatoire des épis de la ligne) En attente de traitement d'images via le logiciel ZEAMAGE.

### **Exploration du jeu de données collectées en cours de végétation :**

#### **Densité de levée :**

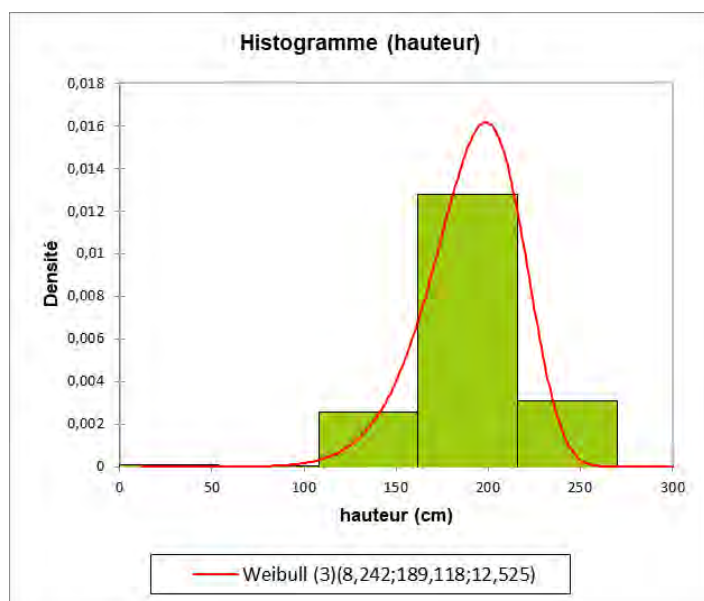
6 mesures aléatoires de de la densité de levée sur 3m linéaire sont réalisées sur l'essai. Le peuplement est homogène sur l'essai avec une densité de levée moyenne est de 7.0 plantes/m<sup>2</sup> (écart-type de 0.4).

*N.B : Si la densité de levée est considérée comme un bon indicateur d'homogénéité de l'essai, il n'est pas forcément utile de corriger les variables (kriegage, interpolation, régression) mais cela reste possible car positionnement de témoins dans l'essai*

#### **Hauteur de la plante**

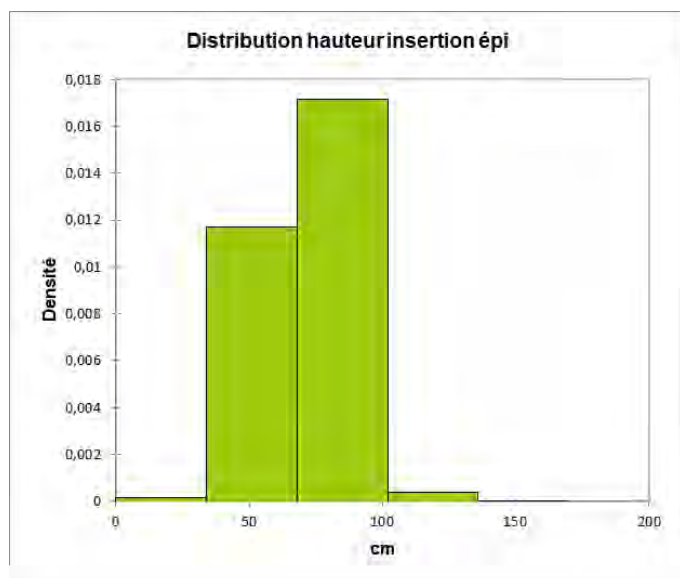
La hauteur de la plante et la hauteur de l'insertion épi (si présence d'épis) ont été mesurées sur dix plantes aléatoires par ligne, soit 2300 observations.

*NB : densité: (effectif dans cet intervalle) / (amplitude de l'intervalle)*



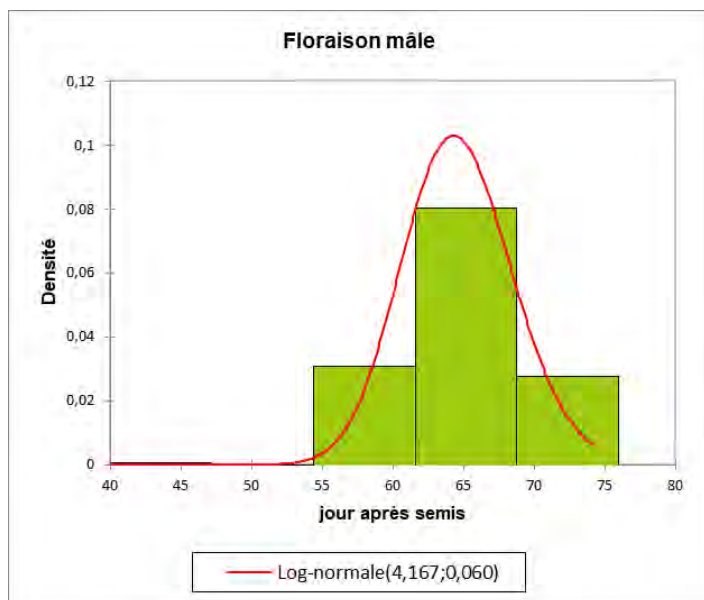
La majorité des individus ont une hauteur comprise entre 162-216 cm

#### **Hauteur de l'insertion épi**



La majorité des individus ont une hauteur insertion épi comprise entre 68-102cm

### Date de floraison mâle



Des passages quotidiens ont été réalisés pour estimer la floraison mâle (lors que 50 % des fleurs mâles sont à floraison). Le début de la floraison a débuté le 4 août et se termine le 03 septembre. Le pic de floraison est atteint entre le 61<sup>e</sup> jour et le 68<sup>e</sup> jour après semis (soit entre le 20 août et le 7 août). Les témoins sont tous situés dans la plage 61<sup>e</sup> jour et 68<sup>e</sup> jour.

### **Sélection des lignes et préparation des semences pour l'essai en année**

La sélection des 40 meilleures lignes fut réalisée à l'aide du logiciel Zeamagesur les critères nombre de rangs et nombre de grains par épi et le lot de semence pour le ressemis

### c.3 Epi-ligne dans la Loire :

Le 3<sup>ème</sup> épi-ligne fut implanté le 21/05/2018 à Grammond (42140) dans la Loire avec la variété population Aguartzan, variété fortement cultivée par les agriculteur.trice.s du collectif de l'ADEAR 42, donnant de bons résultats en ensilage avec les conditions pédoclimatiques du territoire.

L'essai configuré en 4 blocs, comprenait 196 « lignes » issues de la sélection parent réalisée en 2017 à partir d'une sélection « sur table » et 16 témoins (variété population Aguartzan également, issue d'un autre lot) disposés aléatoirement afin de pouvoir mesurer l'hétérogénéité parcellaire.

Le chantier de semis fut réalisé collectivement avec les agriculteurs du collectif (dosage de 50 graines à l'aide d'une éprouvette, semoir 4 rangs, 14 passages de semoir). Un passage d'enrouleur représentant l'équivalent de 8 rangs fut laissé afin de pouvoir irriguer selon le besoin.



Figure 35: les 4 blocs de la parcelle de l'épi-ligne (photo drone prise le 12 juillet 2018).

passage semoir #	ligne #	épi #	Bloc 1	épi #	Bloc 2	épi #	Bloc 3	épi #	Bloc 4
	56	200		196		192		188	
	55	199		195		191		187	
< —	54	198		194		190		186	
	53	197		193		189		185	
	52	172		176		180		184	
	51	171		175		179		183	
→	50	170		174		178		182	
	49	169		173		177		181	
	48	168		165		162		159	
	47	167		164		161		158	
< —	46	T166	Témoin	T163	Témoin	T160	Témoin	T157	Témoin
	45	166		163		160		157	
	44	150		152		154		156	
	43	149		151		153		155	
→	42		enrouleur		enrouleur		enrouleur		enrouleur
	41								
	40	148		144		140		136	
	39	147		143		139		135	
< —	38	146		142		138		134	
	37	145		141		137		133	
	36	123		126		129		132	
	35	122		125		128		131	
	34	121		124		127		130	
→	33	T120	Témoin	T116	Témoin	T112	Témoin	T108	Témoin
	32	120		116		112		108	
	31	119		115		111		107	
< —	30	118		114		110		106	
	29	117		113		109		105	
	28	92		96		100		104	
	27	91		95		99		103	
→	26	90		94		98		102	
	25	89		93		97		101	
	24	88		85		82		79	
	23	87		84		81		78	
< —	22	T86	Témoin	T83	Témoin	T80	Témoin	T77	Témoin
	21	86		83		80		77	
	20	64		68		72		76	
	19	63		67		71		75	
→	18	62		66		70		74	
	17	61		65		69		73	
	16	60		56		52		48	
	15	59		55		51		47	
< —	14	58		54		50		46	
	13	57		53		49		45	
	12	35		38		41		44	
→	11	T34	Témoin	T37	Témoin	T40	Témoin	T43	Témoin
	10	34		37		40		43	
	9	33		36		39		42	
	8	32		28		24		20	
	7	31		27		23		19	
< —	6	30		26		22		18	
	5	29		25		21		17	
	4	4		8		12		16	
	3	3		7		11		15	
→	2	2		6		18		14	
	1	1		5		9		13	

largeur (m)	42	longueur (mètres)							
inter-rang (m)	0,75	3	8	3	8	3	8	3	8
nb de rangs	56	41							

Figure 36 : Plan de la parcelle d'essai épi-ligne semée le 21/05/2018 à Grammond (42140)

### Sélection des 40 « meilleures lignes » : un cheminement de la réflexion collective qui a guidé les mesure en cours de végétation

Le choix des 40 « lignes » à retenir comme base de semence pour le semis de la parcelle en année 3 (2019) fut mené de manière participative sur la base de nombreux échanges entre le groupe de paysans, l'animateur du collectif, le chercheur Altair Machado et les échanges avec les partenaires du projet.

Sur la base d'un entretien avec Altair Machado et de la lecture de plusieurs études, la 1ère décision dut d'abord d'orienter la sélection sur le critère synchronisation des floraisons (écart le plus court entre floraison mâle et floraison femelle). En effet, ce critère a retenu l'attention du collectif semblant particulièrement intéressant puisqu'il serait corrélé avec un meilleur rendement, une meilleure résistance au sec, une meilleure composition nutritionnelle et serait, qui plus est, plutôt héritable. Enfin, selon Altair Machado, la sélection sur la précocité serait peu efficace car elle se fait au détriment d'autres



critères, notamment le rendement. La décision fut alors d'organiser plusieurs sessions de mesures sur le pourcentage de floraisons (mâle et femelle) sur 25 ou 30 pieds par ligne, afin de connaître nombre de jours d'écart entre les 50% de floraisons mâles et les 50% de floraison femelles,

Le comptage du 25/07/2018 : observations et premiers résultats :

La première mesure a peut-être été effectuée trop tôt : 1,1% de floraison mâle et 0,4% de femelle en moyenne sur l'ensemble des lignes. Mais certaines lignes se sont déjà distinguées par leur précocité de floraison (36% de mâles pour la plus précoce). Les lignes ne sont pas toutes homogènes, des différences de levées, de taille et de stade de développement ont été constatées. Par ailleurs, il y a suspicion d'un effet de bloc sur la floraison. Le bloc n°3 semble présenter bien plus de floraisons mâles que les autres, et cela se confirme statistiquement. En revanche, il n'y a pas de différences significatives entre les blocs pour la floraison femelle.

*NB. la présence de lignes témoin toutes les 10 lignes va permettre d'affiner la question de l'impact des conditions du milieu.*

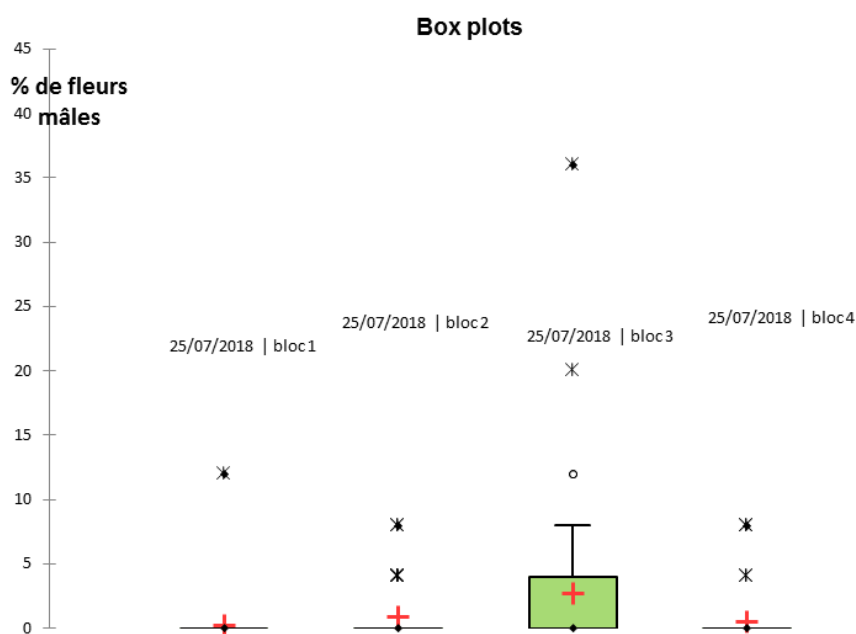


Figure 37 : Boîtes à moustaches de la répartition des floraisons en fonction des blocs

On peut ainsi voir que seul le box-plot du bloc n°3 est visible, ce qui montre qu'il semble en avance par rapport aux autres sur la floraison mâle. On voit également une moyenne supérieure sur cette série.

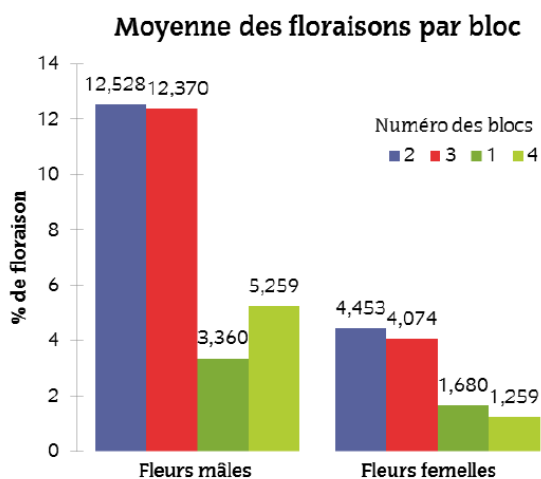


Figure 38 : Rencontre de collectifs paysans travaillant sur le maïs population, dans la parcelle d'essai d'Epi-ligne (variété Agua).

### Le comptage du 28/07/2018 : observations et premiers résultats :

En raison d'une météo chaotique, les mesures ont été prises en deux temps, le premier bloc en début de matinée et les trois autres en fin d'après-midi pour un total d'un peu plus de 4 heures de mesure, seul. Avec ce laps de temps de plusieurs heures, il se peut que les résultats du bloc n°4, premier à être mesuré, soient légèrement en deçà comparativement aux autres étant donné le rythme rapide des floraisons.

En effet, alors que 3 jours plus tôt, les floraisons étaient en moyenne de 1,1% (mâle) et 0,4% (femelle) pour l'ensemble de la parcelle, elles sont désormais à 8,4 % pour les mâles et 2,8% pour les femelles. Toutefois, ces moyennes ne rendent pas compte des grandes disparités qu'il peut y avoir entre les lignes (voir histogrammes plus bas). Tandis que 88 lignes n'ont toujours pas vu de fleur apparaître, la ligne la plus précoce a atteint les 60% de floraisons mâles et 32% de femelles. La deuxième ligne la plus précoce est aussi remarquablement synchrone avec 44% de floraisons mâles et femelles constatées



### Différence entre les blocs :

Les résultats des mesures effectuées le 25 avaient déjà suspecté une occurrence différente des floraisons par bloc. Les données du jour confirment cette hypothèse avec des différences significatives de floraisons mâles et femelles, plus nombreuses dans les blocs 2 et 3, comme l'illustre le graphique ci-joint. Il pourrait peut-être s'agir d'un effet bordure, les blocs 1 et 4 étant situés aux extrémités de la parcelle d'épi-ligne

### Mesures supplémentaires :

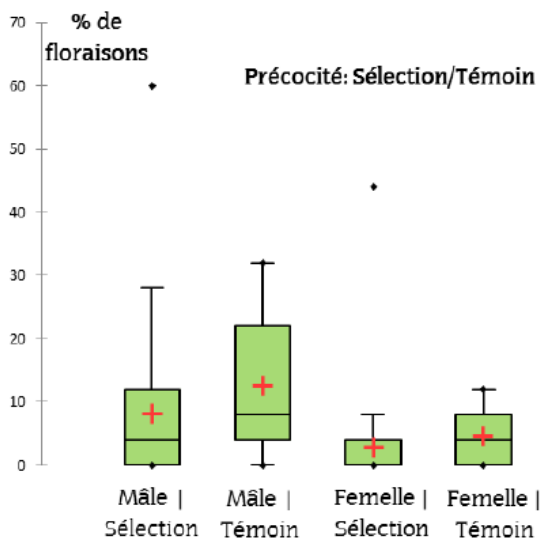
En plus du comptage, le nombre de plantes présentant 2 fleurs femelles ainsi que celles ayant la floraison femelle avant la mâle ont été répertoriés. Ainsi, 18% des 152 plantes qui ont atteint la floraison femelle ont 2 fleurs et donc 2 potentiels épis. De même, 6,6% de ces 152 plantes (soit 10), ont fleuri avant la fleur mâle.

Des plus, certaines plantes, de petites tailles, ont la particularité de présenter des fleurs femelles au niveau de l'apex, au même endroit que la panicule mâle (voir photo). Trois plantes comme cela ont été relevées. NB : Après de rapides recherches, il pourrait s'agir, soit d'une androgynie parasitaire (transformation de fleurs mâles en fleurs femelles) ou de gynandrisme (épillettes femelles à la base des épis mâles) (Coquillat 1960). Ce type d'anomalies paraît comme étant relativement courant dans la littérature scientifique du début du XXe siècle. A

noter que « La présence et le développement du charbon de maïs dont j'ai vu par la suite la céréale envahie, ne paraît pas étrangère à cette modification profonde de l'appareil reproducteur du maïs » (L.Revol 1932).

### Les témoins

La comparaison de la précocité des témoins par rapport aux lignes sélectionnées ne révèle pas de différences significatives, même si les témoins semblent légèrement en avance en moyenne (12,5% de mâles chez les témoins contre 8,1% pour les lignes). Attention toutefois à ne pas être biaisé par la différence d'échantillons



lorsque l'on compare 16 témoins avec 195 lignes. Des analyses plus fines seront effectuées par la suite et permettront d'en savoir plus sur l'effet du milieu par bloc.

### Le comptage du 31/07/2018 : observations et premiers résultats :

Les floraisons se poursuivent sur un rythme très soutenu avec désormais une moyenne de 27,4% de floraisons mâle (contre 8,5% 3 jours auparavant) et 13,3% de floraisons femelles (contre 2,9 %). Désormais, seul 14 lignes n'ont pas encore la moindre fleur mâle et 65 n'ont pas encore de fleurs femelles. Comme l'atteste les histogrammes ci-dessous, beaucoup de lignes ont déjà dépassé le stade 50% de floraisons, (44 lignes pour les mâles et 6 lignes pour les femelles) ce qui permettra d'alléger quelque peu le nombre de mesures à effectuer.

Pour information, on cherche à déterminer les dates de 50% de fleurs mâles et de 50% de fleurs femelles pour ainsi estimer la synchronisation des floraisons sur chaque ligne.

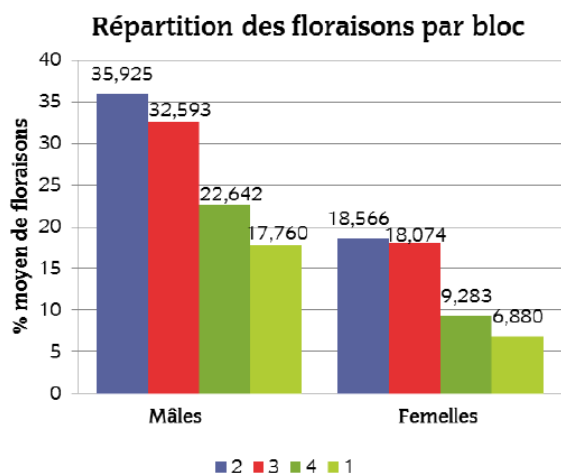
### Effet des blocs :

Encore une fois, des différences significatives entre les blocs ont été constatées, avec toujours d'un côté les blocs 2 et 3, et de l'autre les blocs 1 et 4. Pour tenter d'expliquer un peu cet écart, il faut savoir qu'une partie des lignes du bloc n°1 se situent sur une zone de mouillère et présentaient un certain retard de levée. Pour le

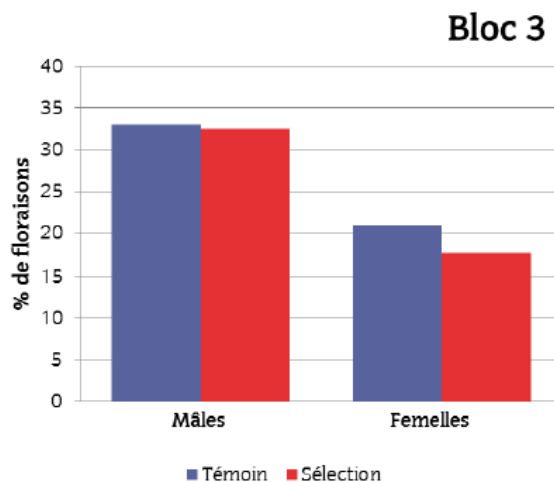
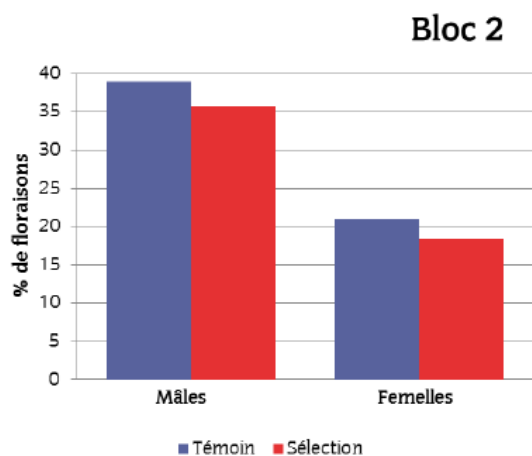
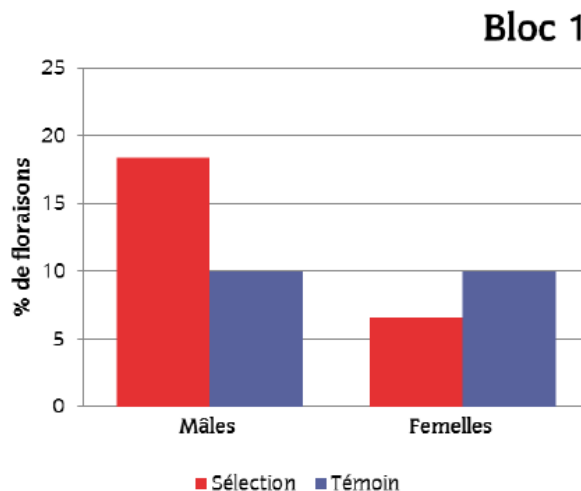
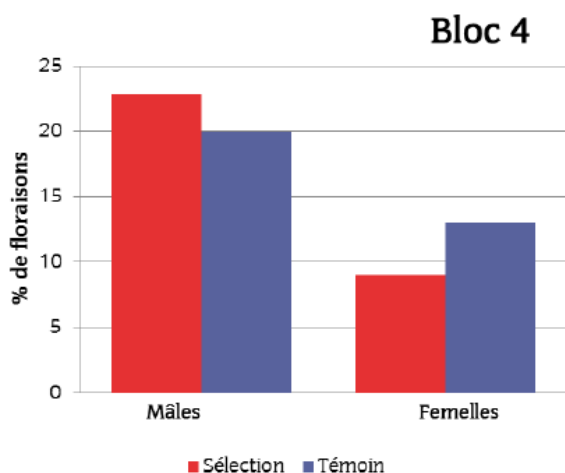
bloc 4, sa situation en bordure de parcelle plus un passage malencontreux de herse étrille sur quelques lignes peuvent être des indices pour la compréhension de ce retard.

Les témoins :

Avec de telles différences entre les blocs, il est plus judicieux de comparer les lignes témoins par bloc plutôt que



toutes ensembles. (Attention à l'échelle des ordonnées qui peut varier selon les blocs).



On remarquera que pour les blocs 2 et 3, les plus fleuris, il n'y a quasiment pas de différences de floraisons entre les témoins et celles sélectionnées, ce qui laisse présumer d'une certaine homogénéité de ces blocs. En revanche, pour les blocs 4 et surtout le n°1, on constate des différences de floraisons, les témoins ayant en moyenne moins de fleurs mâles mais plus de fleurs femelles.

Pour rappel, les lignes de sélection sont issues des 200 meilleurs épis de la sélection stratifiées de 2017 et les témoins sont des lignes issues d'autres plantes de la même parcelle, qui n'ont pas été repérées parmi les meilleurs. 4 témoins sont placés sur chaque bloc, toutes les 10 lignes.

#### **Notations stade ensilage :**

Des notations récolte « classiques » furent réalisées par ligne :

- nombre de plantes,
- nombre d'épis,
- nombre d'épis malades,
- plantes versées...

Puis des notations spécifiques aux objectifs qualitatifs et quantitatifs recherchés pour l'ensilage furent réalisées.

Pour l'évaluation du rendement et de la Matière Sèche, un échantillonnage a été pensé avec l'objectif de limiter le temps de travail : au sein des 70 - 80 lignes les plus « jolies » (analyses des mesures en cours de végétation) et homogènes, 10 plantes d'aspect similaires furent choisies afin de :

- peser la plante entière,
- peser les épis (MB),
- faire le ratio MS - MB,
- broyer l'ensemble (passage à l'ensileuse),
- estimer le pourcentage de MS au taux d'humidité de la récolte,
- préparer des échantillons pour les analyses ensilage.

#### **Analyse des résultats 2018 et choix des critères pour la sélection des 40 lignes**

L'objectif était de sélectionner des lignes qui ont un intervalle de floraison faible et un nombre de plantes sans épi faible. Pour cela des anovas sont faites sur chacune des deux variables afin d'estimer les valeurs génétiques des lignes. Par curiosité, le nombre de plantes avec charbon est également analysé.

Au départ, l'idée était d'utiliser le modèle lignes colonnes. La présentation du modèle est dans la doc de PPBstats. Mais comme il n'y a qu'une seule ligne, le modèle ne fonctionne pas. Finalement, l'idée est d'estimer des effets blocs grâce au témoin et de le prendre en compte dans l'estimation des lignes.

#### **Analyse sur les 80 lignes**

Dans un premier temps, le lien entre densité et nombre de plantes sans épi a été étudié.

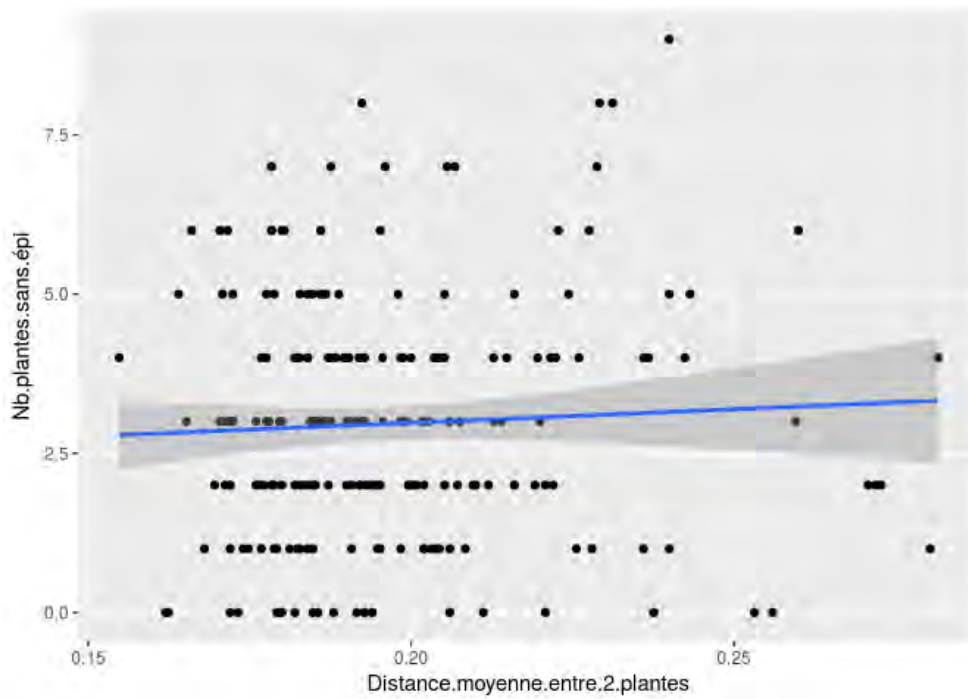


Figure 39 : lien entre la distance moyenne entre 2 plantes et le nombre de plantes sans épi.

Il n’y a pas de lien évident donc les données ne sont pas pondérés.

Les variables étudiées ensuite sont l’intervalle de floraison et le nombre de plantes sans épi.

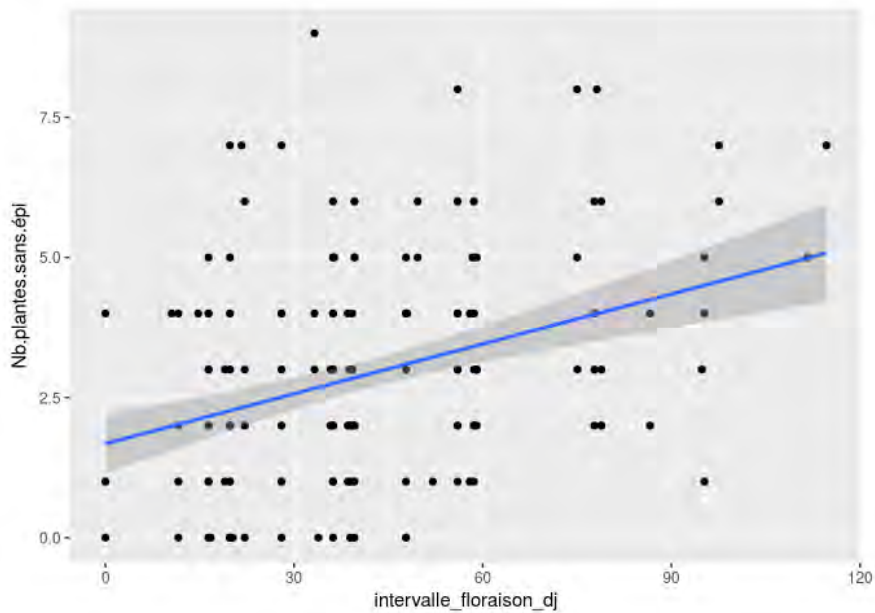


Figure 40 : lien entre l’intervalle de floraison et le nombre de plantes sans épi.

Il y a une corrélation positive entre ces deux variables. Ensuite une analyse graphique pour voir l’effet bloc sur les données témoins a été réalisée :

anova selon le modèle : variable = block + ligne + résiduelle. Une anova de type III a été réalisée car les données n'étaient pas orthogonales, La fonction ci-dessous permet cette analyse :

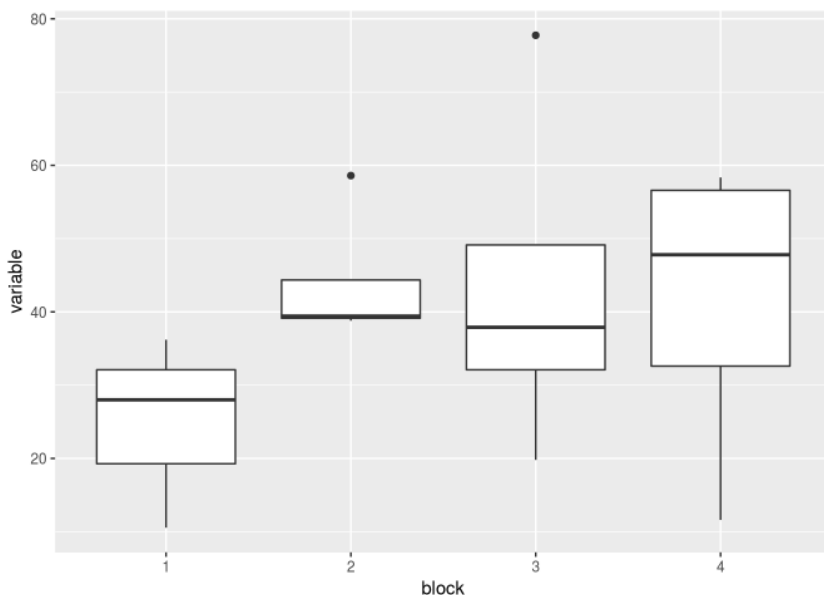


Figure 41 : Anova sur l'intervalle de floraison

Peu de différences sont observées entre les blocs et il y a beaucoup de variations au sein d'un même bloc. A priori, pas d'effet significatif du bloc. L'effet bloc et germplasm (i.e. ligne) ne sont pas significatifs.

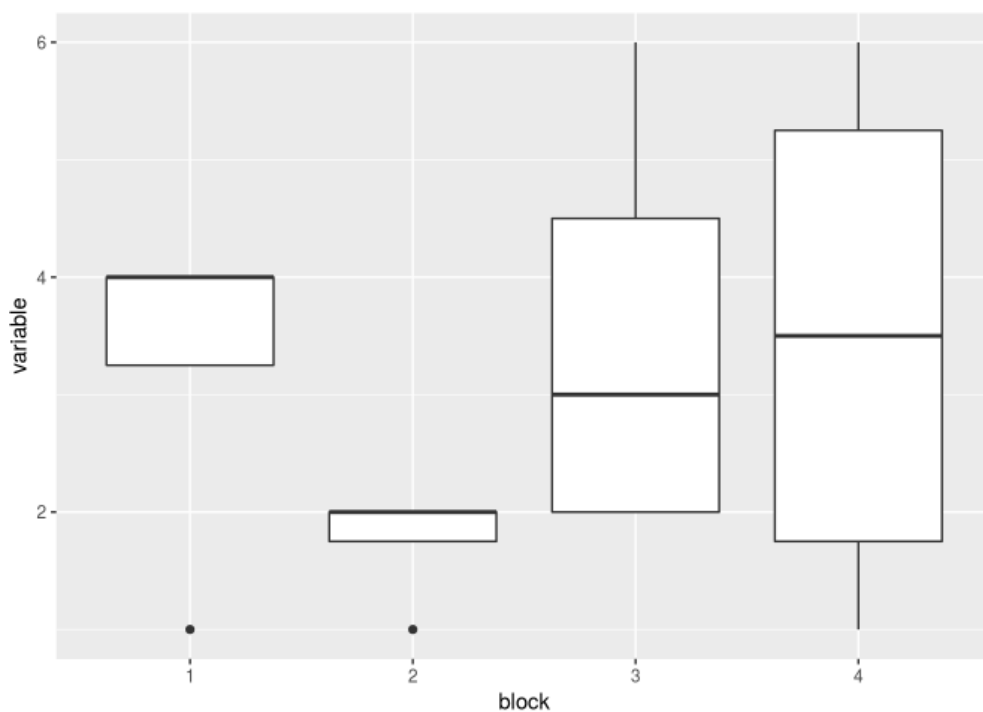


Figure 42 : Anova sur le nombre de plantes sans épi

Peu de différences sont observées entre les blocs. Il y a beaucoup de variation au sein des blocs 3 et 4. A priori, pas d'effet significatif du bloc. L'effet bloc et germplasm (i.e. ligne) ne sont pas significatifs.

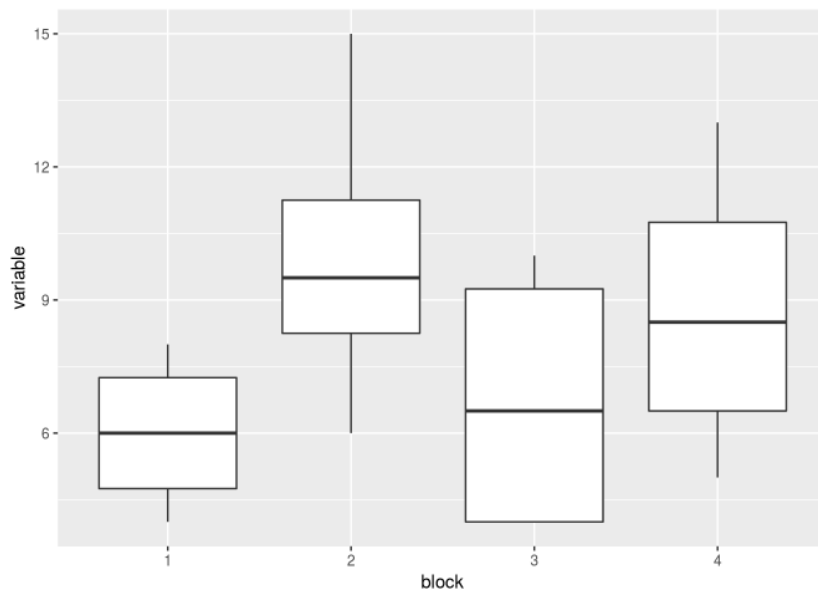


Figure 43: Anova sur le nombre de plantes avec charbon

Peu de différences sont observées entre les blocs. Il y a beaucoup de variation au sein des blocs. A priori, pas d'effet significatif du bloc. L'effet bloc et germplasm (i.e. ligne) ne sont pas significatifs.

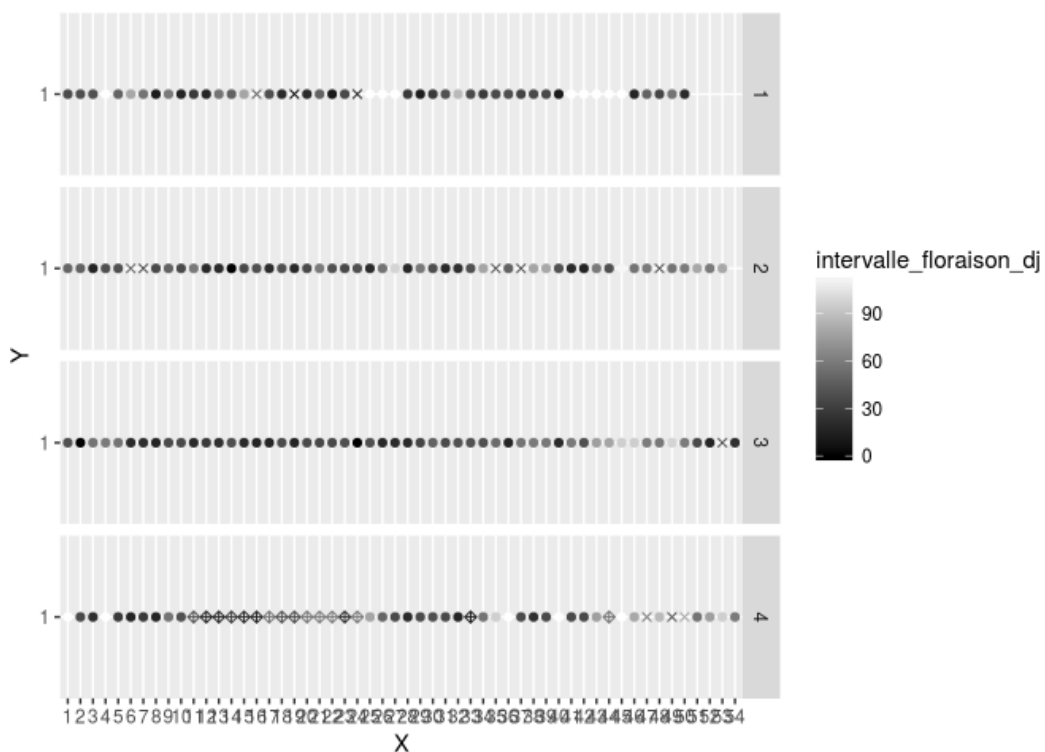


Figure 44 : Descriptif de la répartition des intervalles de floraisons

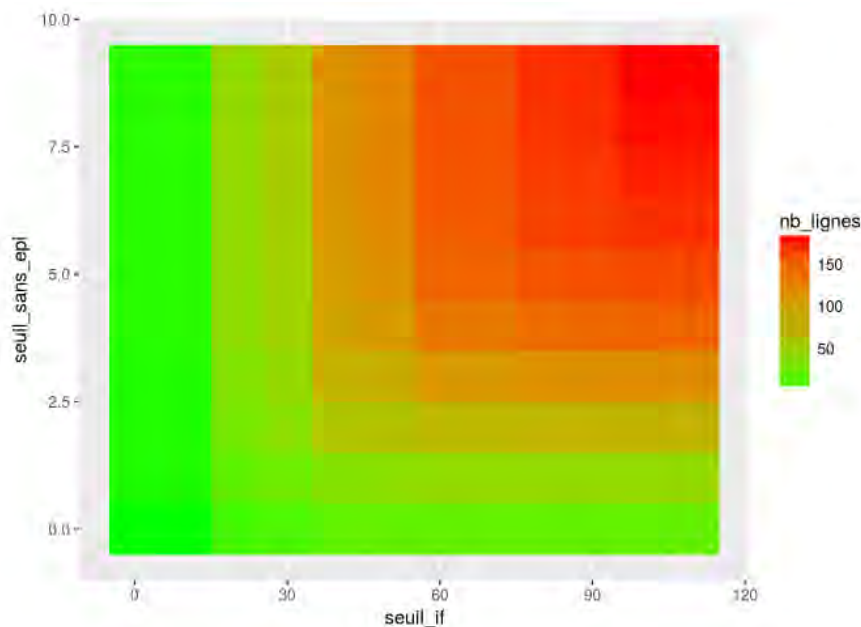
Les valeurs n'ont pas été corrigées ici car aucun effet n'est significatif. Le graphique ci-dessus semble donc correct.



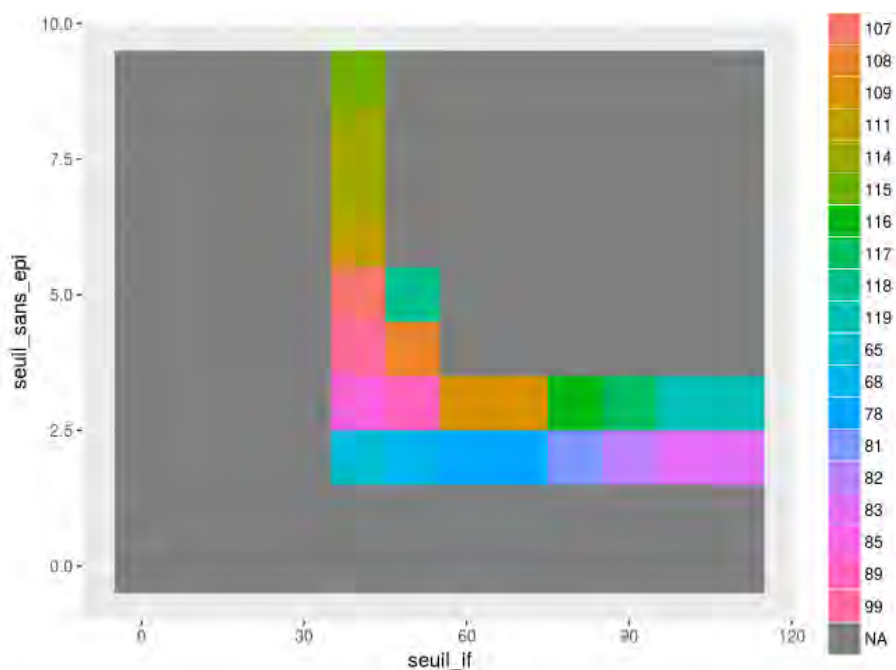
## Exploration de différents scénarios de seuils pour sélectionner en fonction de l'intervalle de floraison et le nombre de plantes sans épi.

Un seuil correspond à un maximum: les lignes en dessous du seuil sont gardées. Par exemple pour un seuil d'intervalle de floraison de 50, les lignes avec un intervalle de floraison de moins de 50 degrés jours sont gardées.

### Représentation graphique des résultats



Pour une meilleure lisibilité, les données inférieures à 60 lignes et supérieures à 120 lignes sont représentées en gris dans la figure suivante.



Ensuite, on revient vers le jeu de données pour avoir le nom des lignes selon les valeurs des seuils choisies à partir du graphique.

### Sélection des lignes

Pour sélectionner les lignes intéressantes, des anovas sont faites sur chacune des variables afin d'estimer les valeurs génétiques des lignes. L'idée est d'estimer des effets blocs grâce au témoin et de le prendre en compte dans l'estimation des lignes. Les anovas sont réalisées sur toutes les variables.

Les pvalues pour les effets bloc et germplasm (i.e. ligne) pour chacune des variables sont représentées ci-dessous.

	block	germplasm
intervalle_floraison_dj	0.84	0.17
Nb.plantes.sans.épi	0.08	0.80
Nb.plantes.avec.charbon	0.52	0.60
Distance.moyenne.entre.2.plantes	0.02	0.85
densite_ha	0.08	0.58
poids.total.kg.	0.58	0.11
Matière.Sèche	0.28	0.16
ADF	0.22	0.81
ADL	0.00	0.84
Amidon	0.74	0.25
Amidon.dégradable	0.58	0.82
Cellulose.Brute	0.80	0.76
Digestibilité.de.la.MO	0.01	0.72
Dinag	0.02	0.68
dMONA	0.01	0.88
dNDF	0.81	0.60
DT6.Amidon	0.17	0.85
Matières..Azotées.Totales	0.05	0.18
Matières.Grasses	0.97	0.88
Matières.Minérales	0.20	0.59
NDF	0.08	0.76
NDFnd	0.01	0.78
PDIA	0.10	0.16
PDIE	0.05	0.48
PDIN	0.04	0.21
Sucres.Solubles	0.12	0.70
UEL	0.82	0.25
UFL	0.01	0.80
UFV	0.01	0.77
rot	0.89	0.80

#### Etude des corrélations pour toutes les variables

Pour réaliser la sélection multicritères, une ACP a été réalisée, celle-ci étant peu lisible vu le nombre de critères et de lignes analysés, une étude des corrélations à l'aide du graphique ci-dessous permet de montrer pour chaque paire de variable le niveau de corrélation ainsi que le sens de la relation (fort et positif en rouge et fort et négatif en bleu).

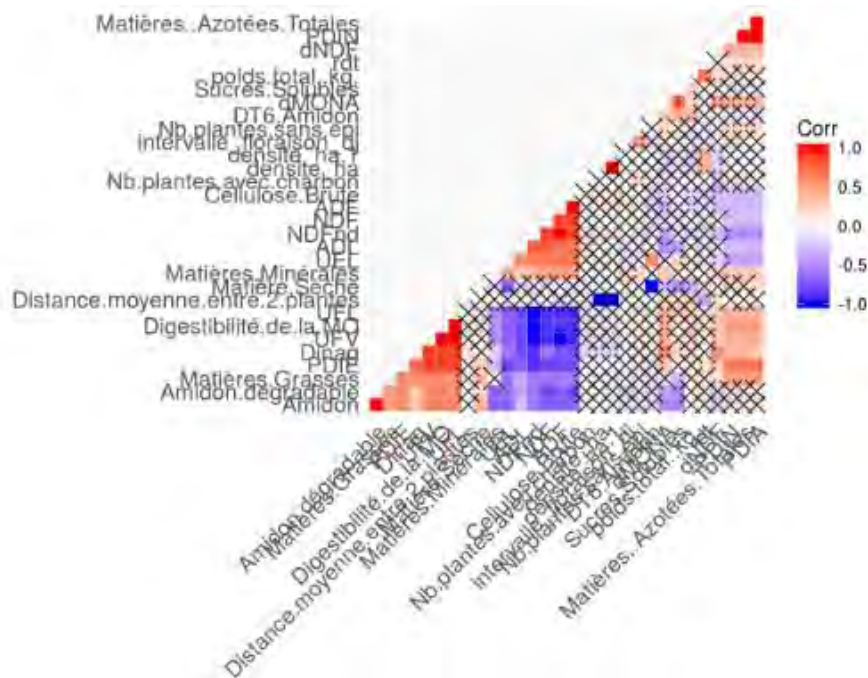


Figure 45 : représentation graphique des corrélations pour toutes les variables étudiées.

Une étude resserrée d'un jeu de variables plus restreint (densité, IFM, sans épi, valeurs ensilage) a ensuite été effectuée afin d'étudier les corrélations entre ces dernières.

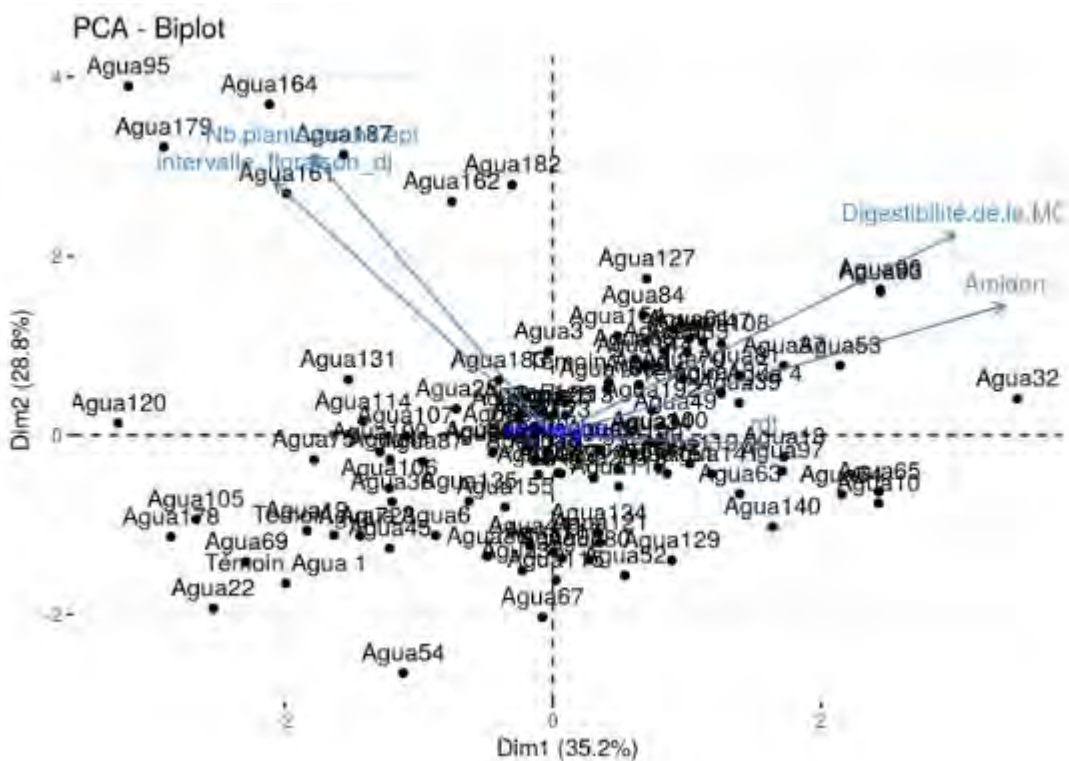
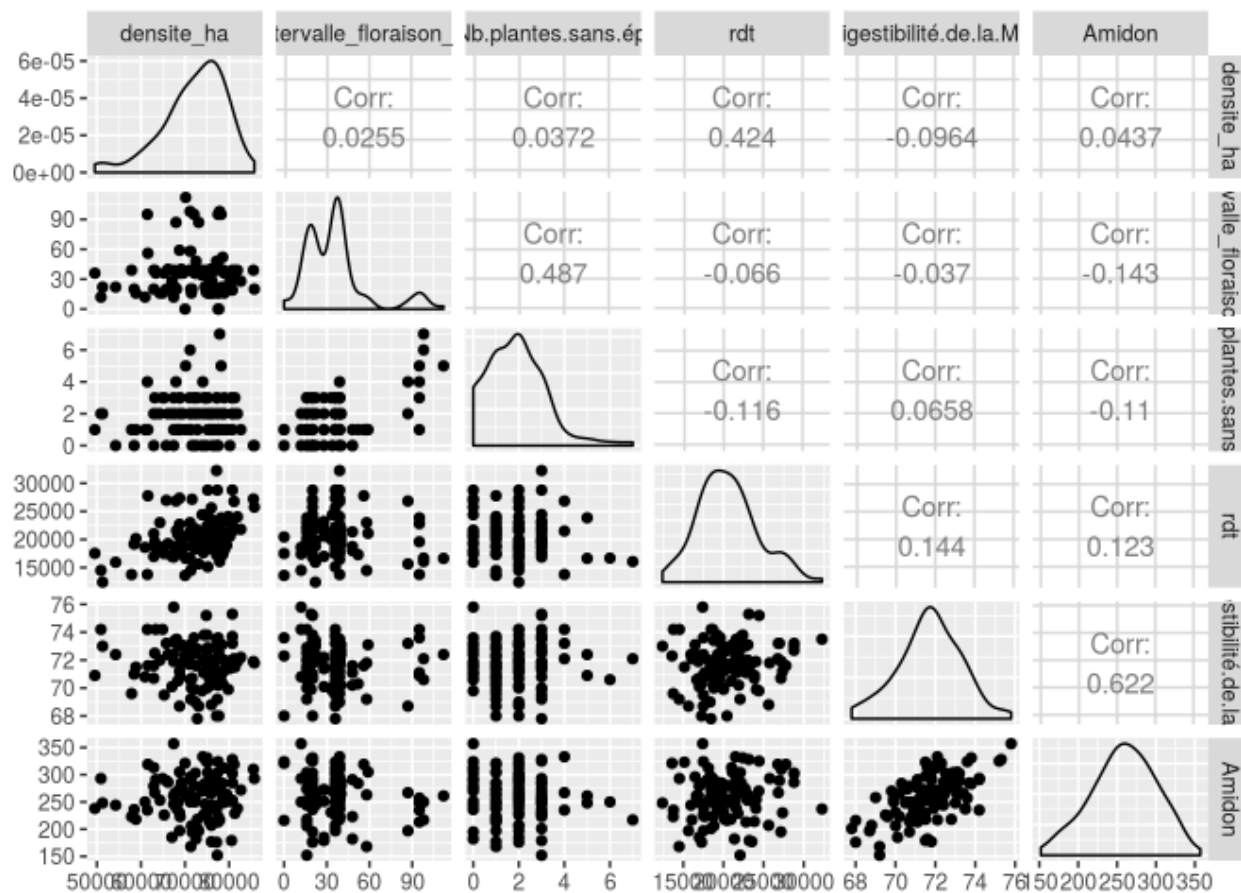


Figure 46 : représentation graphique des corrélations entre densité, IFM, pieds sans épi et valeurs ensilage.

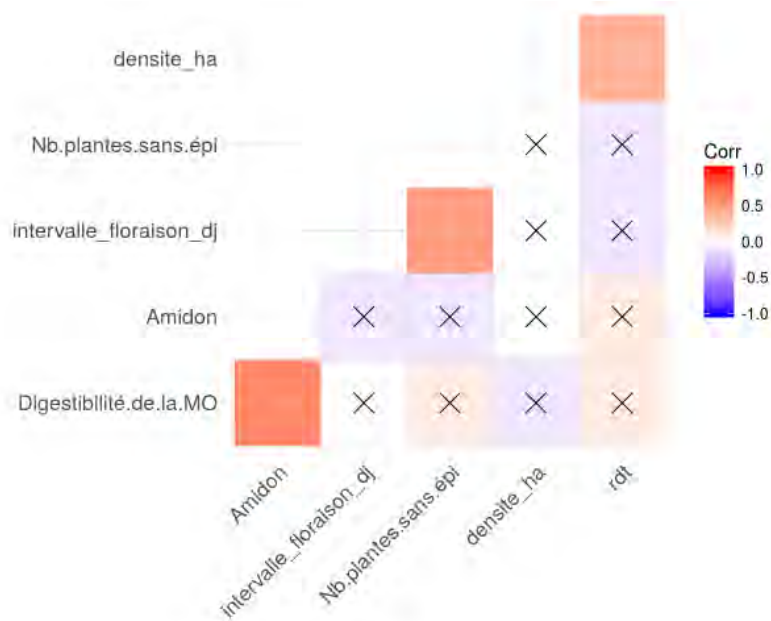
Les flèches indiquent les lignes qui ont une valeur positives pour la variable donnée. Les lignes à l'opposées de la flèche ont des valeurs proche de zéro. Par exemple, pour le nombre de plante sans épi, Agua 179 en a 6 alors que Agua 32 en a 0. De la même manière, concernant le rendement, Agua 120 a un rendement de 5,5 alors que Agua 32 a un rendement de 6,8. Attention toutefois, il est conseillé de sélectionner sur un seul critère pour essayer d'être efficace! Aussi, sachant qu'aucune variable ne présente de lignes significativement différentes, n'importe quelle variable peut être choisie. Pour compléter l'ACP, on regarde les corrélations entre variables.



Enfin le graphique ci-dessous montre pour chaque paire de variable le niveau de corrélation ainsi que le sens de la relation (fort et positif en rouge et fort et négatif en bleu). Les croix indiquent les corrélations qui ne sont pas significatives.

Des corrélations significatives et positives sont observées pour :

- densite par ha et rendement
- intervalle de floraison et nombre de plante sans épi,
- digestibilité de la MO et Amidon .



Différents scénarios ont alors été retenus avec un seuil\_if à 50 et un seuil\_sans\_épi à 5.

Suite aux analyses de septembre, sur les lignes qui ont été présélectionnées :

- 85 lignes selon le scénario IFM 40 SE3, c'est à dire des lignes avec un IFM maximum de 40 degrés jours et maximum 3 plantes sans épi. Ces lignes ont été analysées pour l'ensilage. Quatre témoins ont été également analysés pour estimer la variation entre les blocs.
- 13 lignes ont été ajoutées : celles avec 0 ou 1 plante sans épi, quelque soit l'IFM afin d'avoir plus de points pour étudier la corrélation plante sans épi / IFM
- 11 lignes ont été coupées, pesées, analysées par erreur ce qui fait un total de 112 lignes.

Au total, les données comportent les variables suivantes:

- agronomique : "intervalle\_floraison\_dj", "Nb.plantes.sans.epi", "Nb.plantes.avec.charbon", "poids.total..kg."
- pratiques : "densite\_ha"
- ensilage : "Matière.Sèche", "ADF", "ADL", "Amidon", "Amidon.dégradable", "Cellulose.Brute", "Digestibilité.de.la.MO", "Dinag", "dMONA", "dNDF", "DT6.Amidon", "Matières..Azotées.Totales", "Matières.Grasses", "Matières.Minérales", "NDF", "NDFnd", "PDIA", "PDIE", "PDIN", "Sucres.Solubles", "UEL", "UFL", "UFV"

A partir de ces données, l'objectif a été de retenir les 40 épis qui présentaient les meilleures caractéristiques.

L'analyse du jeu de données a orienté les décisions vers des lignes ayant:

- un IFM faible,
- un nombre de plantes sans épi faible,
- un rendement en matière sèche élevé,
- une valeur de DMO élevée (valeur est synthétique sur la qualité ensilage),
- un taux d'amidon élevé,
- les taux inférieur à 22% sont rédhibitoires.

**Choix final des épis, préparation du lot et implantation de l'essai en année 3 (2019) :**

Les graines des 41 enveloppes contenant les grains des épis sélectionnés en 2017 et correspondant au 41 lignes choisies par le collectif durant l'hiver 2018-2019 furent réparties ainsi :

- semis à part, dans un jardin protégé, des graines des 2 « meilleures » lignes sur le critères rendement MS et

- semis en mélange des 39 000 graines issues des 39 autres lignes retenues chez un agriculteur du collectif implanté dans le Rhône (69610).

Des dégâts importants post-semis (attaque de corbeaux) et le semis d'une parcelle d'hybride à proximité par les voisins ont compromis l'essai. Des graines avaient pu être conservées dans les enveloppes, il a donc été possible de ressemer à côté les graines restantes des 39 enveloppes correspondant et de mener à bien l'essai de l'année 3 (2019) s'achevant par une sélection massale « classique ».

39 lignes : brassées (100 gr / enveloppe) et semées par M Razy

		rdt	ifm	dmo	1er semis mi-mai. Croix : lignes ajoutées au 40 initiales	2ème semis vers le 20/6/19 : 100 gr/ligne sauf pour 3
2	Aguartzan2	20,6	39	72	x	
6	Aguartzan6	21,2	48	72		
18	Aguartzan18	24,5	16	73		95 grains
20	Aguartzan20	23,4	16	71		
25	Aguartzan25	21,5	39	72		
28	Aguartzan28	21,0	36	72		
33	Aguartzan33	20,6	59	73	x	
37	Aguartzan37	26,3	36	73		
39	Aguartzan39	20,9	36	74		
49	Aguartzan49	21,6	22	73		
53	Aguartzan53	20,7	20	74	x	
61	Aguartzan61	26,6	39	73		
64	Aguartzan64	25,1	20	73		
65	Aguartzan65	26,8	20	73		
67	Aguartzan67	24,3	20	71		
80	Aguartzan80	21,0	34	70		70 grains
81	Aguartzan81	22,9	39	72		
93	Aguartzan93	21,2	20	75		
96	Aguartzan96	22,1	19	75		
97	Aguartzan97	23,7	39	72		
98	Aguartzan98	21,4	19	70		
107	Aguartzan107	20,5	36	70	x	
112	Aguartzan112	21,1	40	70		
113	Aguartzan113	22,2	58	72		
123	Aguartzan123	22,6	39	72		
127	Aguartzan127	20,9	39	72		
129	Aguartzan129	20,6	17	71	x	
137	Aguartzan137	26,1	56	72		
140	Aguartzan140	24,2	20	72		
146	Aguartzan146	26,0	36	71		
151	Aguartzan151	21,3	20	74		10 grains
154	Aguartzan154	22,1	39	73		
155	Aguartzan155	21,8	36	71		
161	Aguartzan161	24,5	95	71		
162	Aguartzan162	20,7	95	74	x	
168	Aguartzan168	22,4	16	72		
183	Aguartzan183	21,9	39	72		
190	Aguartzan190	20,6	16	72	x	
192	Aguartzan192	20,8	22	73	x	

2 lignes avec les meilleurs rendement semées à part (jardin)

		rdt	ifm	dmo
182	Aguartzan182	27,7	87	73
85	Aguartzan85	28,3	39	74

Tableau 8 : Résultats rendements MS, IFM et DMO pour chacune des 41 lignes retenues pour le semis année 3 (2019).

#### **d. Résultats obtenus et discussion sur cette méthode de sélection**

Les essais concernant cette méthode n'ont pas pu être menés jusqu'au bout. En effet, le dispositif à mettre en œuvre pour effectuer la sélection s'est avéré trop lourd en conditions paysannes et associatives (il semblerait que mener cette expérimentation en parallèle des autres était trop ambitieux au vue des moyens humains et du temps imparti). De plus, les conditions in situ particulièrement difficiles durant les années du projet Casdar Covalience (2018-2019-2020) ont complexifié l'acquisition de jeux de données solides et la mise en œuvre des protocoles.

Cette méthode a pourtant de nombreux intérêts et avantages et les résultats obtenus au Brésil laissent à penser que c'est une voie de sélection qui permet d'obtenir des réponses intéressantes pour améliorer des populations reproductibles de maïs existantes au sein des collectifs d'agriculteur-rice-s.

### **3. Un exemple de sélection massale personnelle**

#### **a. Principe des sélections massales personnelles**

Nous appelons « sélections massales personnelles » toutes les pratiques de sélection massales paysannes effectuées par les agriculteur-rice-s sans suivre de protocole de sélection spécifique proposés par les animateur-rice-s-technicien-ne-s-chercheur-euse-s. Ainsi, à ce titre, chaque situation [variété-sélectionneur-année] est particulièrement unique, personnelle, non généralisable ; chaque agriculteur-rice ayant ses propres objectifs, critères et méthodes de sélections. Ces sélections personnelles ont principalement été réalisées dans la Loire et en Poitou-Charentes, et aucune d'elles n'a fait l'objet d'une étude des différentiels de sélection sur quelconque caractère phénotypique. Une seule sélection personnelle a été étudiée en Dordogne et les différentiels de sélection furent mesurés sur différents caractères phénotypiques. Toutes les SMP sont des sélections « in-situ » à l'échelle de la ferme : l'environnement de sélection et l'environnement de production est le même.

#### **b. Description de la méthode de sélection d'un agriculteur de Dordogne**

Cette expérimentation a été menée en 2017, 2018 et 2019 sur la variété *Poromb*. Le paysan avait semé cette variété pour la première fois en 2015 et l'a multiplié au champ deux années. En 2017, quatre sélections ont été effectuées dans des micro-parcelles, chacune sur l'un des critères suivants : pieds à double épis, épis à gros grains, épis bien remplis et épis avec de nombreux rangs. Ensuite, en 2018, les épis issus de chacune de ces sélections sont ressemés en ligne afin d'obtenir deux lignes de chaque modalité. Dans chaque ligne, une sélection sur le même critère qu'en 2017 et un prélèvement aléatoire sont effectués permettant ainsi de mesurer le différentiel de sélection. Le dispositif et les mesures sont répétés en 2019 (voir figure 47).

Grâce à ce dispositif, nous pouvons également évaluer la réponse à la sélection en comparant la population de 2017 aux épis prélevés aléatoirement dans les lignes en 2018. Par exemple, en comparant la population de 2017 au lot issu du prélèvement aléatoire effectué en 2018 dans la ligne issue de la sélection d'épis avec de nombreux rangs, nous obtenons la réponse à la sélection effectuée en 2017 sur le nombre de rangs.



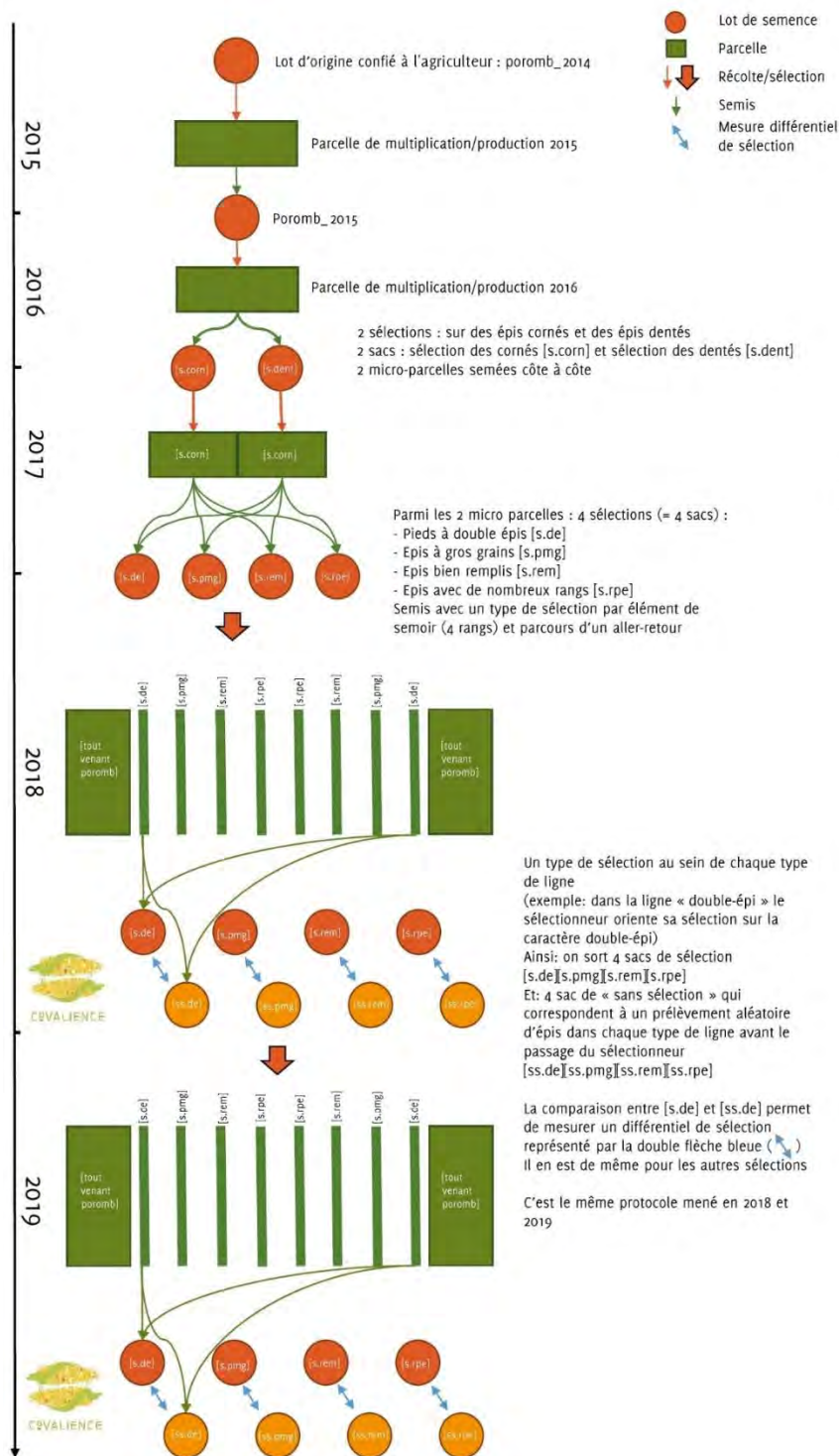


Figure 47 : Dispositif expérimental mis en place chez un agriculteur de Dordogne pour tester sa méthode personnelle de sélection

### c. Résultats obtenus avec cette méthode de sélection

Grâce à ce dispositif, nous avons pu mettre en avant que le nombre de rangs des épis de 2018 de la ligne issue de la sélection sur le nombre de rangs, était significativement supérieur au nombre de rangs des épis des autres lignes. Il était égal à 13,71 en moyenne contre 12,31 en moyenne sur les autres lignes. Ainsi, la réponse à la sélection de 2017 est de + 1,4 rang (voir tableau 9).

Il a également été possible de mesurer les différentiels de sélection de 2018. Pour le nombre de rangs, le différentiel de 2018 créé est de + 3,09 rangs (voir tableau 10).

Pour les autres caractères, pieds à double épis, épis à gros grains ou épis bien remplis, il n'y a pas eu de réponse à la sélection significative. Cela nous permet donc de supposer que le nombre de rangs par épi est plus héritable que d'autres caractères.

Tableau 3 : Données des lignes en 2018 pour mesurer les effets de la sélection 2017

Nombre moyen de rangs par épi des lignes issues de la sélection 2017 sur le nombre de rangs	Nombre moyen de rangs par épi des lignes issues des autres sélections 2017	Effet de la sélection 2017 sur le nombre de rangs
<b>13,71 rangs</b>	<b>12,31 rangs</b>	<b>+ 1,4 rangs</b>

Tableau 4 : Données de 2018 pour mesurer le différentiel de sélection créé en 2018

Nombre moyen de rangs par épi pour les épis sélectionnés dans les lignes « nombre de rangs »	Nombre moyen de rangs par épi pour la population des lignes « nombre de rangs »	Différentiel de sélection créé en 2018
<b>16,79 rangs</b>	<b>13,7 rangs</b>	<b>+ 3,09 rangs</b>

## DISCUSSION

### 1. L'étude a été réalisée dans des conditions paysannes pour répondre à des besoins paysans

L'objectif de ce travail était notamment de trouver et de tester des méthodes de sélection adaptées aux conditions paysannes. Ainsi, les protocoles de sélection ont été réalisés directement dans les fermes, par les paysan-ne-s eux-elles-mêmes. Les animateur-ric-e-s-technicien-ne-s d'AgroBio Périgord ont apporté leur soutien, notamment en accompagnant les paysan-ne-s dans leur travail de sélection, tout en s'assurant que les sélections restent participatives et qu'elles puissent être opérationnelles pour les paysan-ne-s.

Du fait de la réalisation de cette étude dans des conditions paysannes, il est nécessaire de relativiser ces résultats car ils ont été obtenus sur des temps courts, une à deux années uniquement, et avec peu ou pas de répétition. Les résultats pourraient donc être plus robustes d'un point de vue statistique. De plus, les parcelles et plateformes d'expérimentation ont parfois été détruites du fait de ravageurs ou d'aléas climatiques entraînant des pertes de données ponctuelles. Ceci dit, l'avantage de respecter les conditions paysannes pour cette étude a été de pouvoir co-construire des méthodes opérationnelles avec les paysan-ne-s et de s'assurer qu'elles répondaient réellement à leur besoin.

De fait, à l'issue de ce travail mené dans le cadre du projet COVALIENGE, 5 agriculteur-ric-e-s sur 5 interrogé-e-s ont estimé s'être approprié totalement le protocole et être en capacité de le mener en autonomie. 4 d'entre eux-elles ont poursuivi l'utilisation du protocole tel quel à l'issue de COVALIENGE et souhaitent travailler sur un protocole de sélection plus poussé.

### 2. Il est possible de créer un différentiel de sélection de façon simple et abordable mais il peut être nécessaire d'ajouter des étapes de sélection pour mieux observer les effets de celle-ci

Cette étude a permis de mettre en avant qu'il a été possible de créer des différentiels de sélection, en utilisant des outils simples, abordables par les paysan-ne-s et peu contraignants au champ. Cependant, nous avons pu constater que la création d'un différentiel de sélection, même important, ne conduit pas nécessairement à une réponse à la sélection positive, notable au champ.

Divers éléments peuvent être ajoutés aux méthodes de sélection ou modifiés pour obtenir des effets plus marqués suite à la sélection. Dans un premier temps, il est possible de travailler sur d'autres critères que le poids épi. Par exemple, il est possible de sélectionner sur le nombre de rangs tel que cela a été le cas chez un agriculteur de Dordogne. Le temps nécessaire à ce type de sélection est cependant plus important, et le travail sur le poids épi a l'avantage d'être facile à mettre en œuvre au champ. Ainsi, s'il n'est pas possible d'accorder beaucoup plus de temps au travail de sélection, le protocole de sélection basé sur le poids épi, P1C, peut être complété d'une autre étape de sélection relativement rapide : la sélection sur table basée sur le nombre de rangs. Ce caractère est plus héritable et devrait permettre d'obtenir une réponse à la sélection plus importante.

Ceci dit, nous avons pu constater que la réalisation de ces méthodes de sélection entraîne des effets non désirés tels que l'augmentation de l'intervalle de floraison mâle/femelle. Or, il a été mis en évidence que le rendement est corrélé à la protandrie, et donc l'intervalle de floraison mâle/femelle. En effet, plus cet intervalle est court à l'échelle d'une population, et plus la pollinisation pourra avoir lieu, augmentant ainsi le taux de remplissage des grains notamment.

Il sera intéressant dans le futur, d'étudier l'effet d'une double sélection négative telle qu'effectuée dans le protocole de sélection P2C, en détruisant les pieds mâles tardifs mais aussi les pieds tardifs en terme de floraison femelle. Un tel procédé devrait permettre de réduire la tardivité des variétés et l'intervalle des floraisons.

### 3. Il n'y a pas une seule sélection massale paysanne

Dans le cadre de ce travail, il a été nécessaire de simplifier les sélections massales paysannes effectuées dans les fermes afin de pouvoir étudier des schémas de sélection plus ou moins représentatifs des méthodes de sélection paysanne. Ainsi, l'étude de ces schémas donne des pistes de travail et permet de conclure sur certains aspects de la sélection paysanne mais

les possibilités de sélection à la ferme sont bien plus importantes, si ce n'est infinies. De plus, au cours de ce travail en Dordogne, nous avons pu constater que la diversité de situations des paysan-ne-s est grande. Les envies dans le travail de sélection, les capacités en termes de temps et de moyens, les besoins de résultats... sont très différents en fonction des fermes.

Ainsi, il est important d'adapter les méthodes de sélection qui pourront être plus ou moins complexes et chronophages en fonction des objectifs de chacun.

De plus, chaque ferme se situe dans des conditions pédoclimatiques différentes et en ce sens, la sélection sera plus ou moins facile à mettre en œuvre et à réaliser. En effet, il sera parfois nécessaire de mettre en place une zone de sélection stratifiée par exemple, ce qui prendra plus de temps. Ces éléments impliquent d'autant plus une adaptation des pratiques de sélection à chaque ferme.

## CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES

Pour conclure, le travail mené à AgroBio Périgord dans le cadre du projet COVALIENCE a permis de réelles avancées en ce qui concerne la sélection massale paysanne sur les variétés de maïs population venant enrichir les travaux menés jusqu'alors à AgroBio Périgord et les connaissances du collectif.

Tout d'abord, il est possible de créer simplement un différentiel de sélection lors de la sélection au champ, avec des méthodes simples à appliquer par les paysan-ne-s eux-elles-mêmes. L'importance des différentiels de sélection créés dépend de l'homogénéité de la zone de sélection et donc des parcelles chez les paysan-ne-s. Lorsque les parcelles sont hétérogènes, il sera conseillé, afin de maximiser le différentiel de sélection créé, d'intégrer d'autres méthodes au protocole de sélection, comme une méthode de stratification de la zone de sélection par exemple.

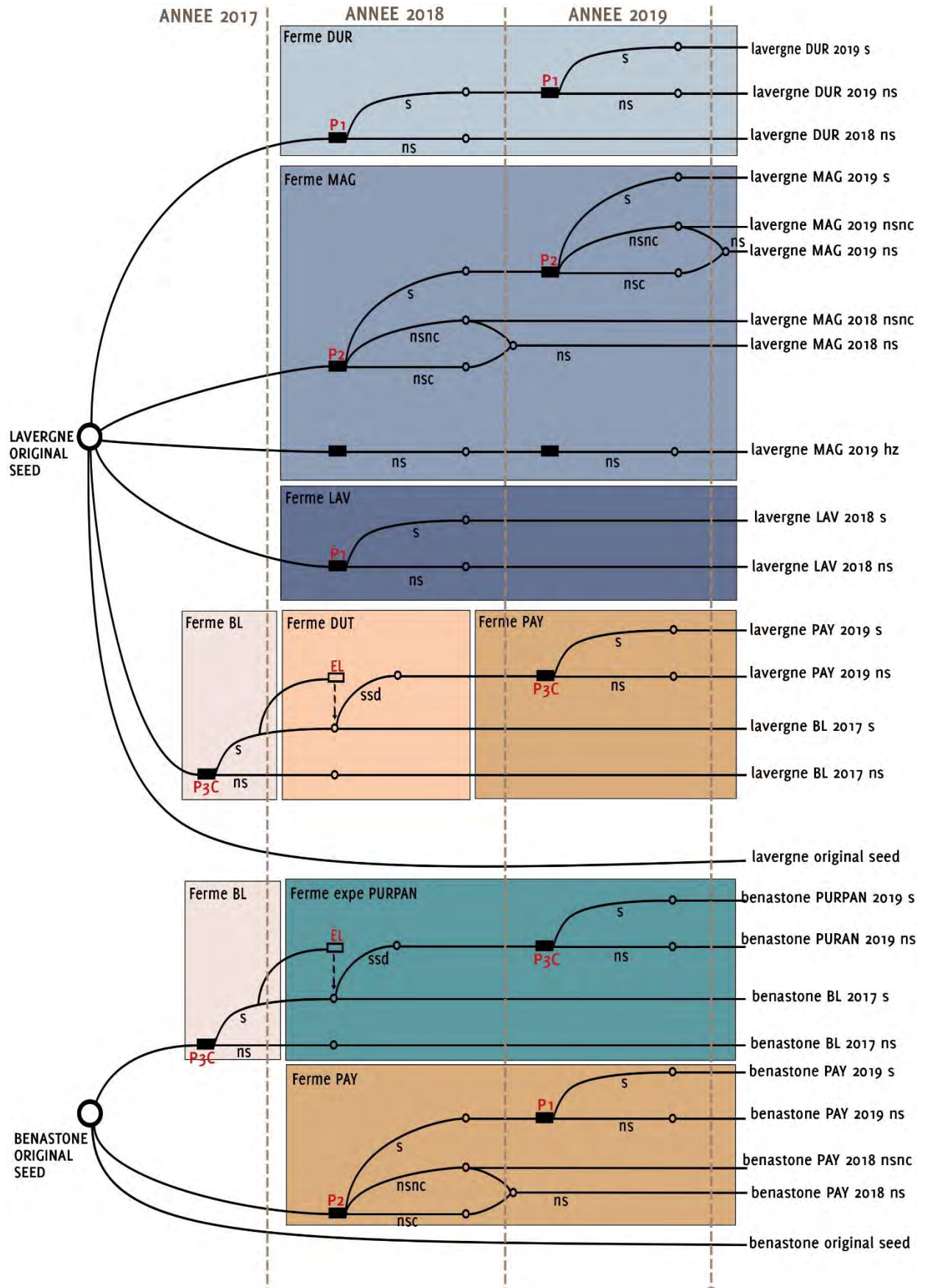
Ensuite, l'effet de la sélection, soit la réponse à la sélection, dépend de l'héritabilité des caractères utilisés pour le protocole. Pour maximiser la réponse à la sélection, il sera alors possible d'utiliser le protocole P1C avec un autre critère que le poids épi, ou bien, d'ajouter des étapes de sélection sur table sur un autre critère à l'issue de la réalisation du protocole P1C.

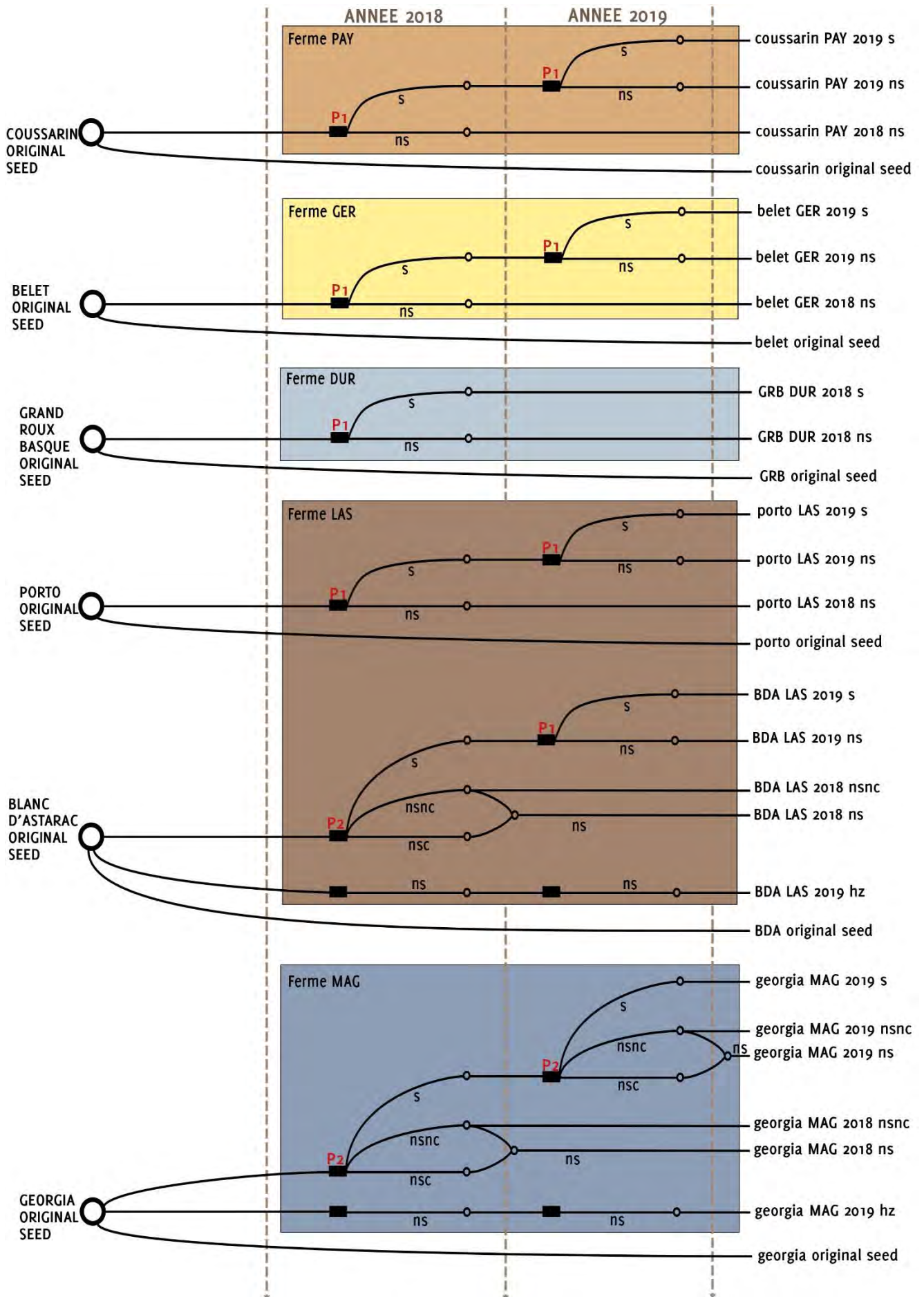
L'utilisation de cette méthode de sélection nous a toutefois poussés à constater qu'elle entraînait l'augmentation de la durée de l'intervalle de floraison mâle/femelle, ce qui peut rendre les variétés davantage vulnérables à la sécheresse. Les essais menés avec le protocole P2C, en ajoutant une étape de sélection négative par castration des pieds mâles tardifs, n'ont pas permis de pallier à l'augmentation de la durée de cet intervalle.

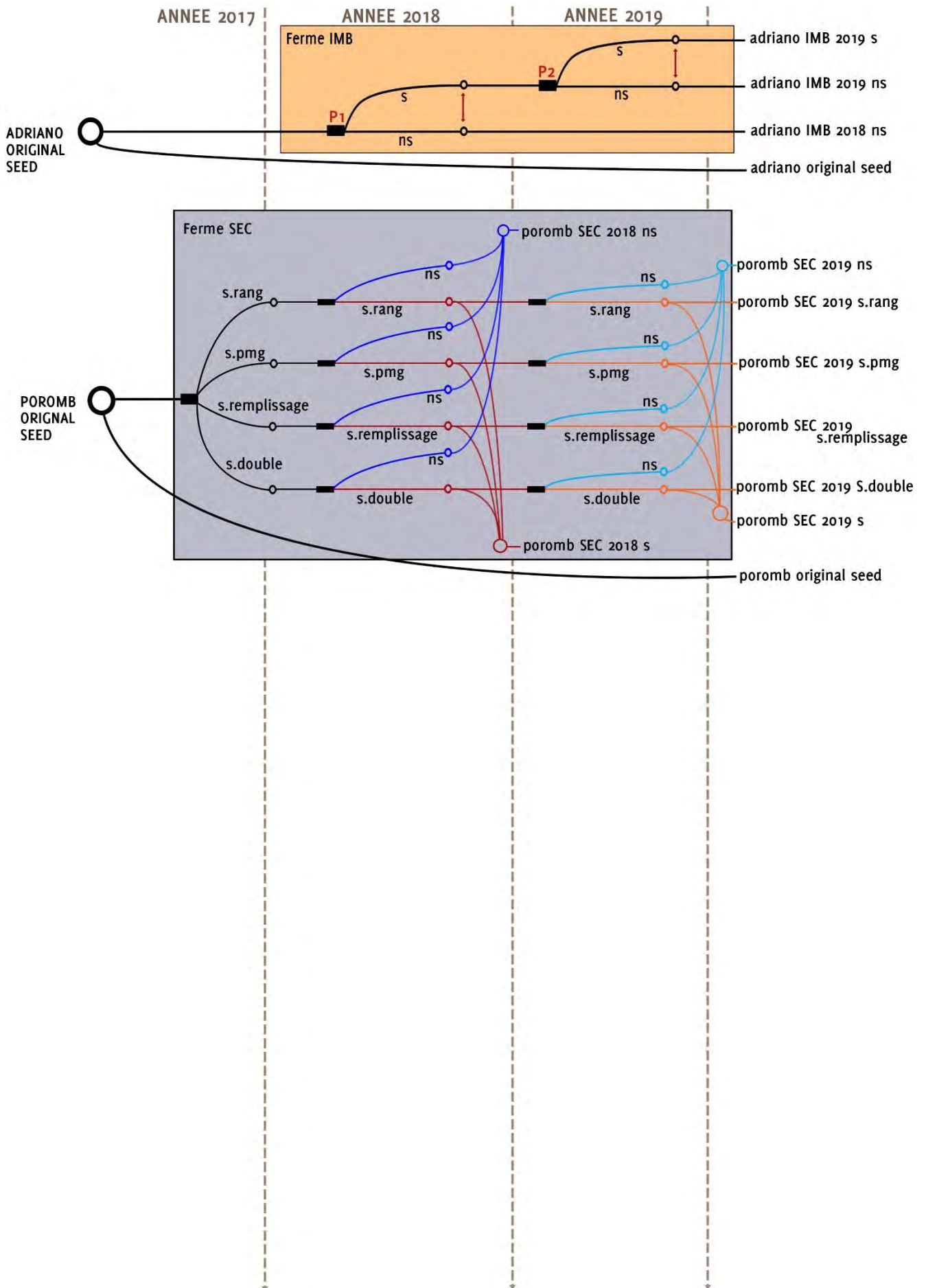
De plus amples travaux seront donc menés à l'avenir au sein du collectif de Dordogne afin de tester de nouvelles méthodes de sélection permettant de maximiser la réponse à la sélection dans un objectif d'augmentation de potentiels de rendement grain des variétés populations, tout en réduisant l'intervalle de floraison mâle/femelle afin de limiter leur vulnérabilité à la sécheresse. Pour cela, des études concernant la protandrie du maïs et les dynamiques de floraison des variétés populations sont en cours, et les essais de nouvelles méthodes de sélection pour répondre à ces objectifs sont à venir.

# Annexes











## Annexe 1 : Généalogies prévisionnelles des variétés et essais étudiés







**Annexe 2 : Tableau des variétés testées dans cette étude**

Variété	Photo de la variété	Nombre de paysan-ne-s de Dordogne cultivant cette variété dans le cadre de cette étude	Variété	Photo de la variété	Nombre de paysan-ne-s de Dordogne cultivant cette variété dans le cadre de cette étude
<i>Adriano</i>		1	<i>Georgia</i>		1
<i>Belet</i>		1	<i>Grand roux basque</i>		1
<i>Benastone</i>		1	<i>Lavergne</i>		3
<i>Blanc d'astarac</i>		1	<i>Maxi</i>		1
<i>Coussarin</i>		1	<i>Porto</i>		1



# PROTOCOLE DE SÉLECTION



Objectif de sélection : augmentation du potentiel de rendement

Critère de sélection : poids de l'épi

Objectif de recherche participative : évaluer l'efficacité de la sélection massale

Découvrez en fin de document, les effets du protocole P1C étudié sur 4 populations de maïs

## Etape 1 : Dimensionner la sélection

**A.** Identifiez le besoin en semence (en nombre de grains) pour l'année suivante.



**Besoin en semence** = densité de semis x la surface à semer + une quantité de sécurité

Dans ce protocole, nous prendrons un nombre de grains de sécurité de 15 000 grains (environ 4 kg)

Exemple :	
<b>Besoin en semence</b>	<b>= 75 000 * 0,5 + 15 000 = 52 500</b>
Vos besoins :	
<b>Besoin en semence</b>	<b>=            *            + 15 000 =</b>

**B.** Dans votre parcelle de sélection, identifiez rapidement le nombre moyen de grains par épi -

-Prendre au hasard 2/3 épis standards dans la population et compter le nombre de grains par épi (c'est environ le nombre de rangs multiplié par le nombre de grains par rang)

Exemple :	
	
<b>nombre moyen de grains par épi</b> = 12 rangs * 25 grains = 300	
Votre évaluation :	
<b>nombre moyen de grains par épi</b> = rangs * grains =	



**C. Calculez le nombre d'épis à sélectionner**

Calculez le nombre d'épis à sélectionner en fonction du nombre moyen de grains par épi et de vos besoins en semences. Vous pouvez vous servir de la formule ou du tableau ci-dessous.

$$\text{Nombre d'épis à sélectionner} = \frac{\text{besoin en semence}}{\text{nombre de grains par épi}}$$

Estimation du nombre de grains par épi	Besoin en semences (en nombre de grains)													
	1000	3000	10 000	20 000	40 000	50 000	60 000	70 000	80 000	90 000	100 000	200 000	400 000	800 000
bas potentiel 200 grains	5	15	50	100	200	250	300	350	400	450	500	1000	2000	4000
bas potentiel 250 grains	4	12	40	80	160	200	240	280	320	360	400	800	1600	3200
potentiel moyen 300 grains	3	10	33	67	133	167	200	233	267	300	333	667	1333	2667
potentiel moyen 350 grains	3	9	29	57	114	143	171	200	229	257	285	571	1143	2286
haut potentiel 400 grains	3	8	25	50	100	125	150	175	200	225	250	500	1000	2000
haut potentiel 450 grains	3	7	22	44	89	111	133	156	178	200	222	444	889	1778
haut potentiel 500 grains	3	6	20	40	80	100	120	140	160	180	200	400	800	1600

Avoir beaucoup d'épis à sélectionner représente beaucoup de travail, et à l'inverse, il existe un petit risque de dégradation génétique si on sélectionne moins de 100 épis.

Exemple :

$$\text{nombre d'épis à sélectionner} = \frac{52\ 500}{300} = 175 \text{ épis}$$

Votre évaluation :

$$\text{nombre d'épis à sélectionner} = \text{---} = \text{---}$$

**D. Calculez la surface de votre zone de sélection**

A l'aide du tableau ci-dessous ou grâce à la formule, calculez la surface optimale de la zone de sélection. Sélectionner dans une surface trop grande c'est se fatiguer inutilement et sélectionner dans une surface trop petite c'est diminuer ses chances de trouver les meilleurs individus.

Par habitude, nous considérons que la densité réelle à la récolte est de 60 000 pieds/hectares.

$$\text{Surface de la zone de sélection} = \frac{\text{Nombre d'épis à sélectionner} \cdot 40}{\text{Densité réelle}}$$

nombre d'épis à prendre	Densité à la récolte (estimation en pieds/ha)									
	50 000	60 000	70 000	75 000	80 000	85 000	90 000	100 000	120 000	
50	0,04	0,03	0,02	0,03	0,04	0,03	0,02	0,02	0,02	
100	0,08	0,07	0,04	0,06	0,08	0,07	0,04	0,04	0,04	
150	0,12	0,1	0,08	0,08	0,08	0,07	0,04	0,06	0,05	
200	0,16	0,14	0,11	0,11	0,1	0,09	0,09	0,08	0,07	
250	0,2	0,17	0,14	0,13	0,13	0,12	0,11	0,1	0,08	
300	0,24	0,2	0,17	0,16	0,15	0,14	0,13	0,12	0,1	
350	0,28	0,25	0,2	0,19	0,18	0,16	0,16	0,14	0,12	
400	0,32	0,28	0,24	0,22	0,2	0,18	0,17	0,16	0,14	
450	0,36	0,31	0,26	0,24	0,22	0,2	0,19	0,17	0,15	

Exemple :

$$\text{surface de la zone de sélection} = \frac{175 * 40}{60\,000} = 0,12 \text{ ha}$$

Votre évaluation :

$$\text{surface de la zone de sélection} = \frac{\quad * 40}{\quad} =$$

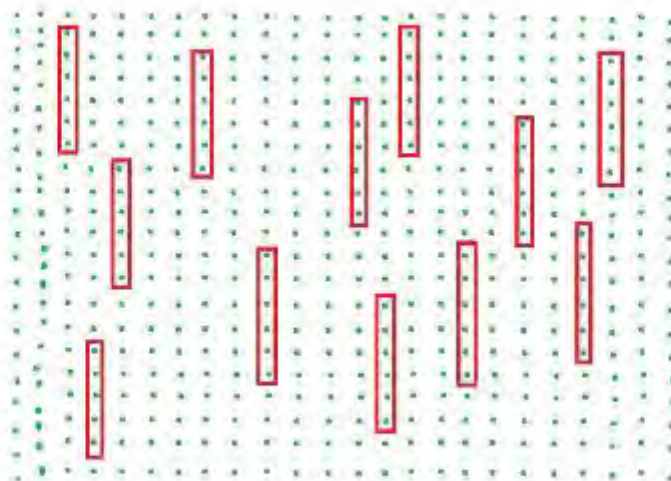
## Etape 2 : Définir la zone de sélection

Sur la parcelle de maïs des épis à la sélection, trouvez une zone de la surface optimale (calculé en étape 1) la plus homogène possible. Ne choisissez pas une zone en bordure de parcelle (pour éviter l'« effet bordure »).

## Etape 3 : Trouver le seuil de sélection ou la « jauge »

**A.** Récupérez 100 épis au **hasard** dans votre zone de sélection

Nous vous conseillons de faire ce prélèvement un peu partout dans la parcelle et de prendre à chaque fois, les cinq ou dix épis issus de cinq ou dix pieds consécutifs. Cette petite méthode permet de se forcer à ne pas choisir, sans s'en rendre compte, certains pieds purifs que d'autres et ainsi obtenir un échantillon le plus représentatif de la zone.



### Exemple de prélèvement aléatoire d'épis

**B.** Sortez tous les épis du champ et étalez-les par terre ou sur une grande table. Triez à vue d'œil les épis les plus petits puis ordonnez les 10/20 épis les plus gros par ordre de taille. Ne vous formalisez pas trop sur l'ordonnement, l'objectif est de repérer les quelques plus gros épis du lot.

- Si vous êtes seule à faire la sélection, prenez en main l'épi le plus gros, ce sera votre « jauge »

- Si vous êtes deux, prenez les deux épis les plus gros

- Si vous êtes trois, prenez en trois, etc.

**Rangez tous les épis, sauf les jauges, dans un sac**, c'est le sac « sans sélection » représentant de la population dans la zone de sélection, mettez une étiquette dans ce sac avec :

- le nom de la variété

- votre nom

- la mention : « sans sélection »

- l'année

---

### Etape 4 : sélection au champ

Avec votre « jauge à la main », parcourez toute la zone de sélection à la recherche d'épis du même gabarit.

- Soyez pas trop « tactile » lors de votre sélection au champ, si vous hésitez sur un épi, prenez le quand-même, la sélection au champ est normalement assez rapide.
- Libre à vous de sélectionner sur d'autres critères mais vous aurez soit du mal à trouver suffisamment d'épi dans la zone (à moins de l'agilité) ou alors vous diminuerez l'efficacité de votre sélection sur la taille de l'épi.



Une fois la sélection terminée, lorsque vous sortez du champ, **remettez bien les jauges dans le sac « sans sélection »** (même si ce sont de très beaux épis et que vous êtes très tenté-e de les ajouter à votre sélection).

## Etape 5 : sélection sur table

Déhallez tous vos épis récoltés par terre ou sur une grande table. Normalement vous avez plus d'épis qu'il ne vous en faut (Nombre d'épis à sélectionner calculé à l'étape 1).

Écartez les épis les plus petits pour conserver uniquement le nombre d'épis nécessaires.



Faites un sac avec les épis sélectionnés. Glissez une étiquette dans le sac avec les informations suivantes :

- le nom de la variété
- votre nom
- la mention : « sélection »
- le nombre d'épis sélectionnés
- l'année

Les épis récoltés au champ que vous avez écartés sur la table ne serviront pas dans le cadre de l'expérimentation, vous pouvez les donner aux poules ou bien en faire un stock de sécurité. Mais faites bien attention à ne pas confondre ce sac « sélection » et le sac « sans sélection ».



## Etape 6 : mesures

Pesez le sac « sans sélection »

Poids du sac « sans sélection » :

Nombre d'épis dans le sac « sans sélection »  
(normalement il y en a 100)

Pesez le sac « sélection » issu de votre sélection sur table.

Poids du sac « sélection » :

Nombre d'épis dans le sac « sélection »

Autres données utiles pour l'évaluation de l'efficacité de la méthode :

Combien de personnes êtes-vous pour faire la sélection ?

Combien de temps, au total, avez-vous mis pour réaliser ce protocole ?

Retour d'expérience, vos commentaires, vos impressions, les limites du protocole, quelle facilité de mise en œuvre, difficultés rencontrées, clarté du document...

## Etape 7 : et ensuite...

Renvoyez ce protocole rempli à l'animatrice de votre collectif, ces données serviront à étudier la sélection massive chez plusieurs dizaines d'agriculteurs. Puis, suite aux expérimentations qui seront menées en 2020, nous serons en mesure d'affirmer ou non si la sélection massive sur le maïs population fonctionne et dans quelle mesure.

Conservez précieusement le sac « sans sélection » car la semence servira en 2020 à évaluer le résultat de votre sélection.



Conservez aussi le sac «su» de votre sélection, c'est votre semence pour 2020 et une partie sera utilisée dans les expérimentations menées en 2020 dans le cadre du projet COVALIENCO pour la comparer à votre « sans sélection » et ainsi mesurer le résultat de votre sélection. Votre réponse à la sélection se verra aussi comparée à celles obtenues chez d'autres agriculteurs.

**Bonus : évaluer en direct la « qualité » de votre sélection.**

-Calculez la différence entre le poids moyen d'un épi sélectionné et le poids moyen d'un épi non sélectionné : cette différence est appelée « **différentiel de sélection** ».

**Différentiel de sélection**

$$= \frac{\text{poids du sac "sélection"}}{\text{nombre d'épis sélectionnés}} - \frac{\text{poids du sac "sans sélection"}}{\text{nombre d'épis (normalement 100)}}$$

Exemple

$$\text{Différentiel de sélection} = \frac{35,4}{175} - \frac{12,5}{100} = 0,203 - 0,125 = \mathbf{0,078kg} = + 78g$$

Votre résultat

$$\text{Différentiel de sélection} = \text{---} - \text{---} = \text{---} \text{ kg} = \text{---} \text{ g}$$

Théoriquement, plus le **différentiel de sélection** est élevé, meilleure est la réponse à la sélection. Pour que les différentiels de sélections puissent être comparables d'un agriculteur à un autre, d'une variété à une autre, d'un terrain à un autre, on peut calculer le **différentiel de sélection relatif** :

$$\text{Différentiel de sélection relatif} = \frac{\text{Différentiel de sélection}}{\text{Poids moyen d'un épi non sélectionné}}$$

Exemple

$$\text{Différentiel de sélection relatif} = \frac{0,078}{0,125} = 0,62 = + 62 \%$$

Votre calcul

$$\text{Différentiel de sélection relatif} = \text{---} = \text{---} = \text{---} \%$$

Nom et Prénom :

Date :

**Questionnaire sur les ressentis de l'utilisation des protocoles Covalliance**

Est-ce que les différents outils et concepts du protocole étaient compréhensibles ?

De manière générale, le protocole était :

Très difficile à comprendre	Plutôt difficile à comprendre	Partiellement compréhensible	Plutôt facile à comprendre	Très facile à comprendre

Le principe de jaugage était :

Très difficile à comprendre	Plutôt difficile à comprendre	Partiellement compréhensible	Plutôt facile à comprendre	Très facile à comprendre

Le principe d'homogénéité de la zone de sélection était :

Très difficile à comprendre	Plutôt difficile à comprendre	Partiellement compréhensible	Plutôt facile à comprendre	Très facile à comprendre

Le concept de différentiel de sélection était :

Très difficile à comprendre	Plutôt difficile à comprendre	Partiellement compréhensible	Plutôt facile à comprendre	Très facile à comprendre

Est-ce que le protocole prenait du temps ?

Oui, cela m'a pris trop de temps	Oui, cela prenait du temps	Juste le temps qu'il fallait	Non, cela ne prenait pas très longtemps	Non pas du tout, il était possible de faire plus

Est-ce que le protocole était facile à mettre en œuvre ?

De manière générale, le protocole était :

Très difficile à mettre en œuvre	Plutôt difficile à mettre en œuvre	Moyennement faisable	Plutôt facile à mettre en œuvre	Très facile à mettre en œuvre

L'utilisation d'une jauge était :

Très difficile à mettre en œuvre	Plutôt difficile à mettre en œuvre	Moyennement faisable	Plutôt facile à mettre en œuvre	Très facile à mettre en œuvre

Le respect de l'homogénéité de la zone de sélection était :

Très difficile à mettre en œuvre	Plutôt difficile à mettre en œuvre	Moyennement faisable	Plutôt facile à mettre en œuvre	Très facile à mettre en œuvre

Est-ce que le protocole vous semblait efficace concernant les résultats attendus suite à la sélection ?

Très peu efficace	Peu efficace	Moyennement efficace	Plutôt efficace	Très efficace

Version du 10/02/2022



[Tapez ici]

**Est-ce que globalement, vous vous êtes bien approprié le protocole pour pouvoir désormais le mener en autonomie ?**

Non pas du tout	Non pas complètement	Partiellement	Oui plutôt	Oui tout à fait

**Est-ce que vous comptez continuer à utiliser le protocole ?**

Non pas du tout	Non pas complètement	Partiellement	Oui plutôt	Oui tout à fait

**Autres remarques ?**

# PROTOCOLE DE SÉLECTION



**Objectif de sélection :** augmentation du potentiel de rendement et de la précocité

**Critère de sélection :** poids de l'épi et floraison mâle

**Objectif de recherche participative :** évaluer l'efficacité de la sélection massive

Découvrez en fin de document les effets du protocole P2C étudié sur 5 populations de maïs. Cette étude nous a permis de nous rendre compte que la sélection négative sur floraison mâle UNICULM.LN est à éviter ! Ce protocole est donc en partie caduc.

## Etape 1 : Surveiller les floraisons et définir votre moment d'intervention

La **sélection massive négative** consiste à **exclure de la sélection** une partie des individus d'une population sur des caractères observables avant ou pendant les floraisons. L'idée est d'empêcher ces individus d'être leur panicule (fleur mâle) et de transmettre une génétique non désirée ou fécondant d'autres individus susceptibles d'être sélectionnés à la récolte.

Dans ce protocole de sélection, notre objectif est de rendre la variété plus précoce. Pour cela, nous allons **castrer ou détruire les plantes les plus tardives de la population**.

Pour repérer ces plantes il faut surveiller attentivement la dynamique d'émission des panicules dans la population.

-Si vous souhaitez éliminer les **40%** des plantes les plus tardives, il faut intervenir lorsque **6 pieds sur 10** ont leur panicule visible.

-Si vous souhaitez éliminer les **30%** des plantes les plus tardives, il faut intervenir lorsque **7 pieds sur 10** ont leur panicule visible.

Pour 20%, **8 pieds sur 10**, etc.

Exemple :

**Seuil d'intervention = 30% = 0,3**

**Date = 17 juillet**

**Date de semis = 15 avril**

Votre seuil :

**Seuil d'intervention =**

**Date =**

**Date de semis =**





## Etape 2 : Dimensionner la sélection

**A.** Identifiez le besoin en semence (en nombre de grains) pour l'année suivante.

$$\text{Besoin en semence} = \text{densité de semis} \times \text{la surface à semer} + \text{une quantité de sécurité}$$

Dans ce protocole, nous prendrons un nombre de grains de sécurité de 15 000 grains (environ 4 kg)

Exemple :

$$\text{Besoin en semence} = 75\,000 \times 0,5 + 15\,000 = 52\,500$$

Vos besoins :

$$\text{Besoin en semence} = \quad \times \quad + 15\,000 =$$

**B.** Prévoir le nombre moyen de grains par épi

Il est presque impossible de prévoir le nombre de grain moyen par épi avant la fin du cycle de culture. En fonction de votre expérience et des potentiels de production de votre parcelle, vous pouvez estimer ce chiffre. Une année de sécheresse avec un fort stress hydrique vous donnera un minimum de 150 grains par épi et lorsque les conditions culturales sont bonnes, on comptera d'avantage 500 grains par épi. Par sécurité, nous vous conseillons de choisir un potentiel de 250 grains par épi.

**C.** Calculez le nombre d'épis à sélectionner

Calculez le nombre d'épis à sélectionner en fonction du nombre moyen de grains par épi et de vos besoins en semences. Vous pouvez vous servir de la formule ou du tableau ci-dessous.

$$\text{Nombre d'épis à sélectionner} = \frac{\text{besoin en semence}}{\text{nombre de grains par épi}}$$

	Besoin en semences (en nombre de grains)													
Densité du nombre de grains par épi	1000	3000	10 000	20 000	40 000	50 000	60 000	70 000	80 000	90 000	100 000	200 000	400 000	800 000
bas potentiel 200 grains	5	15	50	100	200	250	300	350	400	450	500	1000	2000	4000
bas potentiel 250 grains	4	12	40	80	160	200	240	280	320	360	400	800	1600	3200
potentiel moyen 300 grains	3	10	33	67	133	167	200	233	267	300	333	667	1333	2667
potentiel moyen 350 grains	3	9	29	57	114	143	171	200	229	257	286	571	1143	2286
haut potentiel 400 grains	3	8	25	50	100	125	150	175	200	225	250	500	1000	2000
haut potentiel 450 grains	2	7	22	44	89	111	134	156	178	200	222	444	889	1778
haut potentiel 500 grains	2	6	20	40	80	100	120	140	160	180	200	400	800	1600

Avoir beaucoup d'épis à sélectionner représente beaucoup de travail, et à l'inverse, il existe un petit risque de dépréciation génétique si on sélectionne moins de 100 épis.

Exemple :

$$\text{nombre d'épis à sélectionner} = \frac{52\,500}{250} = 210 \text{ épis}$$

Votre évaluation :

$$\text{nombre d'épis à sélectionner} = \quad =$$



**D.** Calculer la surface de votre zone de sélection

A l'aide du tableau ci-dessous ou grâce à la formule, calculez la surface optimale de la zone de sélection. Sélectionner dans une surface trop grande c'est se fatiguer inutilement et sélectionner dans une surface trop petite c'est diminuer ses chances de trouver les meilleurs individus.

Par habitude, nous considérons que la densité réelle à la récolte est de 60 000 pieds/hectares

**1ère estimation de la surface de la zone de sélection** =  $\frac{\text{Nombre d'épis à sélectionner} \cdot 40}{\text{Densité réelle}}$

Nombre d'épis à prendre	Densité à la récolte (estimation en pieds/ha)								
	50 000	60 000	70 000	75 000	80 000	85 000	90 000	100 000	120 000
50	0,04	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,02	0,03	0,02
100	0,08	0,07	0,04	0,05	0,05	0,02	0,04	0,09	0,05
150	0,12	0,1	0,09	0,08	0,06	0,07	0,07	0,06	0,05
200	0,16	0,13	0,11	0,11	0,1	0,04	0,09	0,08	0,07
250	0,2	0,17	0,14	0,13	0,12	0,12	0,11	0,1	0,08
300	0,24	0,2	0,17	0,16	0,15	0,14	0,13	0,12	0,1
350	0,28	0,23	0,2	0,19	0,18	0,17	0,16	0,14	0,13
400	0,32	0,26	0,24	0,22	0,2	0,2	0,17	0,16	0,14
450	0,36	0,29	0,26	0,24	0,23	0,22	0,2	0,18	0,17

Exemple :

**1ère estimation de la surface de la zone de sélection** =  $\frac{210 \cdot 40}{60\,000} = 0,14 \text{ ha}$

Votre évaluation :

**1ère estimation de la surface de la zone de sélection** =  $\frac{\quad \cdot 40}{\quad} =$

En effectuant votre sélection négative, vous allez éliminer une certaine proportion d'individus. Vous allez par exemple castrer entre 20% et 40% des plantes les plus tardives. Il est donc nécessaire d'augmenter la 1<sup>ère</sup> estimation de la surface pour ne pas altérer l'efficacité de la sélection massive positive qui aura lieu en fin de cycle.

**Surface de la zone de sélection** =  $\text{seuil d'intervention} \cdot \text{1ère estimation} + \text{1ère estimation}$

Exemple :

**Surface de la zone de sélection** =  $(0,3 \cdot 0,14) + 0,14 = 0,182 \text{ ha}$

**Surface de la zone de sélection** =  $(\quad \cdot \quad) + \quad =$

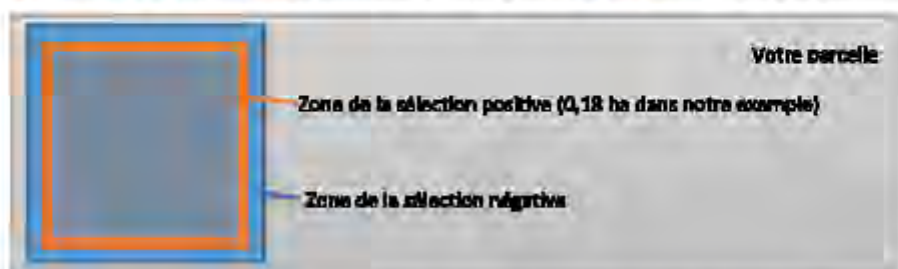




### Etape 3 : Définir la zone de sélection

Sur la parcelle de maïs destinée à la sélection, trouvez une zone de la surface optimale (calculée en étape 2) la plus homogène possible. Ne choisissez pas une zone en bordure de parcelle (pour éviter l'« effet bordure »).

En plus de cela, vous devez encore augmenter légèrement la surface de la zone de sélection négative pour éviter que des plantes tardives voisines à la zone de sélection, viennent polliniser des plantes dans votre zone de sélection. Vous pouvez par exemple prendre un tampon d'environ 4 rangs.



Nous vous conseillons de placer des petits repères pour identifier la zone de sélection positive (une balise, piquets...)

### Etape 4 : castration ou destruction

Percourez la zone de sélection négative et castriez (en coupant la tête de la plante) ou détruisez tous les plants sans panicule (flour-mêles).

Si vous castriez, attention à bien couper la plante en dessous de l'insertion de la tige au panicule. Il arrive parfois de ne pas couper assez bas et le pied finit par émettre une panicule rabotée qui produit quand même du pollen.



## SELECTION MASSALE POSITIVE A LA FIN DU CYCLE

### Etape 5 (facultative) : ré-estimer la surface optimale de la zone de sélection

Vous pouvez reprendre l'étape 2 afin de corriger votre première estimation de la surface de la zone de sélection à partir de l'estimation du nombre de grains moyen par épi (étape 2.B).

Prendre au hasard 2/3 épis standards dans la population et compter le nombre de grains par épi (c'est environ le nombre de rangs multiplié par le nombre de grains par rang)

Exemple :



$$\text{nombre moyen de grains par épi} = 12 \text{ rangs} * 25 \text{ grains} = 300$$

Votre évaluation :

$$\text{nombre moyen de grains par épi} = \text{ rangs} * \text{ grains} =$$

Si vous refaites ce calcul, indiquez dans la case ci dessous les nouvelles estimations en fonction de l'épi et de la surface de la parcelle de sélection :

Exemple

$$\text{Nombre d'épis à sélectionner} = \frac{52\,500}{300} = 175 \text{ épis}$$

$$\text{Surface de la zone de sélection} = 0,15$$

Votre nouvelle estimation

$$\text{Nombre d'épis à sélectionner} =$$

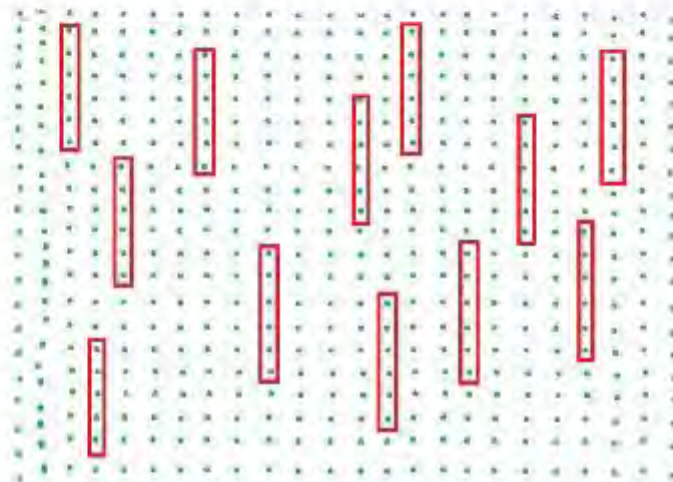
$$\text{Surface de la zone de sélection} =$$

## Etape 6 : Trouver le seuil de sélection ou la « jauge »

### A. Récupérez 50 épis au hasard dans votre zone de sélection

Nous vous conseillons de faire ce prélèvement un peu partout dans la parcelle et de prendre à chaque fois, les cinq ou dix épis issus de cinq ou dix pieds consécutifs. Cette petite méthode permet de se forcer à ne pas choisir sans s'en rendre compte, certains pieds plutôt que d'autres et ainsi obtenir un échantillon le plus représentatif de la zone.

Lors de votre prélèvement, séparez dans deux hottes/sacs différents les épis issus des pieds castrés et des pieds non castrés



Exemple de prélèvement aléatoire d'épis

### B. Ranger directement dans un sac les épis prélevés issus des pieds castrés, c'est le sac « sans sélection casué », mettez une étiquette dans ce sac avec :

- le nom de la variété
- votre nom
- la mention : « sans sélection casué »
- l'année
- le nombre d'épis dans le sac

### C. Étalez sur terre le reste des épis issus des pieds non castrés ou sur une grande table. Ecartez à vue d'œil les épis les plus petits puis ordonnez les 15/20 épis les plus gros par ordre de taille. Ne vous formalisez pas l'op sur l'ordonnement, l'objectif est de repérer les quelques plus gros épis du lot.

- Si vous êtes seul à faire la sélection, prenez en main l'épi le plus gros, ce sera votre « jauge »
- Si vous êtes deux, prenez les deux épis les plus gros



-Si vous êtes trois, prenez en trois, etc.

**Rangez tous ces épis, sauf les jauges, dans un sac, c'est le sac « sans sélection non castré » représentatif de la population dans la zone de sélection parmi laquelle vous allez sélectionner, mettez une étiquette dans le sac avec :**

-le nom de la variété

-votre nom

-la mention : « sans sélection non castré »

-l'année

-le nombre d'épis dans le sac (en comptant les jauges que vous remettrez dans le sac après la sélection au champ)

## Etape 7 : sélection au champ

Avec votre jauge à la main, parcourez toute la zone de sélection à la recherche d'épis du même gabarit.

- Ne soyez pas trop « tacillon » lors de votre sélection au champ, si vous hésitez sur un épi, prenez le quand-même. La sélection au champ est normalement assez rapide.
- Libre à vous de sélectionner sur d'autres critères mais vous aurez soit du mal à trouver suffisamment d'épi dans la zone (à moins de l'agrandir) ou alors vous diminuerez l'efficacité de votre sélection sur la taille de l'épi.
- Ne prenez pas les épis issus des pieds castrés (cela paraît évident mais, dans l'action, on l'oublie vite !)



Une fois la sélection terminée, lorsque vous sortez du champ, **remettez bien les jauges dans le sac « sans sélection »** (même si ce sont de très beaux épis et que vous êtes très tenté(e) de les ajouter à votre sélection).



## Etape 8 : sélection sur table

Déballer tous vos épis récoltés par terre ou sur une grande table. Normalement vous avez plus d'épis qu'il ne vous en faut (Nombre d'épis à sélectionner calculé à l'étape 4).

Écartez les épis les plus petits pour conserver **uniquement** le nombre d'épis nécessaires.



Faites un sac avec les épis sélectionnés. Glissez une étiquette dans le sac avec les informations suivantes :

- le nom de la variété
- votre nom
- la mention : « sélection »
- le nombre d'épis sélectionnés
- l'année

Les épis récoltés au champ que vous avez écartés sur la table ne serviront pas dans le cadre de l'expérimentation, vous pouvez les donner aux poules ou bien en faire un stock de sécurité mais faites bien attention à ne pas enfoncer ce sac avec le sac « sélection » et les sacs « sans sélection ».





## Etape 9 : mesures

Pesez le sac « sans sélection castré»

Poids du sac « sans sélection castré»

Nombre d'épis dans le sac « sans sélection castré»

Pesez le sac « sans sélection non castré»

Poids du sac « sans sélection non castré»

Nombre d'épis dans le sac « sans sélection non castré»

Pesez le sac « sélection » issu de votre sélection sur table.

Poids du sac « sélection »

Nombre d'épis dans le sac « sélection »

Avec ces données utiles pour l'évaluation de l'efficacité de la méthode.

Combien de personnes êtes-vous pour faire la sélection ?

Combien de temps, au total, avez-vous mis pour réaliser ce protocole?

Retour d'expérience, vos commentaires, vos impressions, les limites du protocole, quel est le facilité de mise en œuvre, difficultés rencontrées, clarté du document...

## Etape 10 : et ensuite...

Renvoyez ce protocole rempli à l'animateur(trice) de votre collectif, ces données serviront à étudier la sélection massive chez plusieurs dizaines d'agriculteurs. Puis, suite aux expérimentations qui seront menées en 2020, nous serons en mesure d'affirmer ou non si la sélection massive sur le maïs population fonctionne et dans quelle mesure.

Conservez précieusement les 2 sacs « sans sélection » car la semence servira en 2020 à évaluer le résultat de votre sélection.

Conservez aussi le sac issu de votre sélection, c'est votre semence pour 2020 et une partie sera utilisée dans les expérimentations menées en 2020 dans le cadre du projet COVA-IFNCE pour la comparer à vos « sans sélection » et ainsi mesurer le résultat de votre sélection. Votre réponse à la sélection sera aussi comparée à celles obtenues chez d'autres agriculteurs.





Bonus : évaluer en direct la « qualité » de votre sélection.

-Calculez la différence entre le poids moyen d'un épi sélectionné et le poids moyen d'un épi non sélectionné : cette différence est appelée « différentiel de sélection ».

**Différentiel de sélection**

$$= \frac{\text{poids du sac "sélection"}}{\text{nombre d'épis sélectionnés}} - \frac{\text{somme poids des 2 sacs "sans sélection"}}{\text{nombre d'épis (normalement 100)}}$$

Exemple

**Différentiel de sélection** =  $\frac{35,4}{175} - \frac{3+9,5}{100} = 0,203 - 0,125 = 0,078\text{kg} =$

---

Votre résultat

**Différentiel de sélection** = \_\_\_\_\_ = \_\_\_\_\_ = \_\_\_\_\_ kg = \_\_\_\_\_ g

Théoriquement, plus le **différentiel de sélection** est élevé, meilleure est la réponse à la sélection. Pour que les différentiels de sélections puissent être comparables d'un agriculteur à un autre, d'une variété à une autre, d'un terroir à un autre, on peut calculer le différentiel de sélection relatif :

$$\text{Différentiel de sélection relatif} = \frac{\text{Différentiel de sélection}}{\text{Poids moyen d'un épi non sélectionné}}$$

Exemple

**Différentiel de sélection relatif** =  $\frac{0,078}{0,125} = 0,62 = + 62 \%$

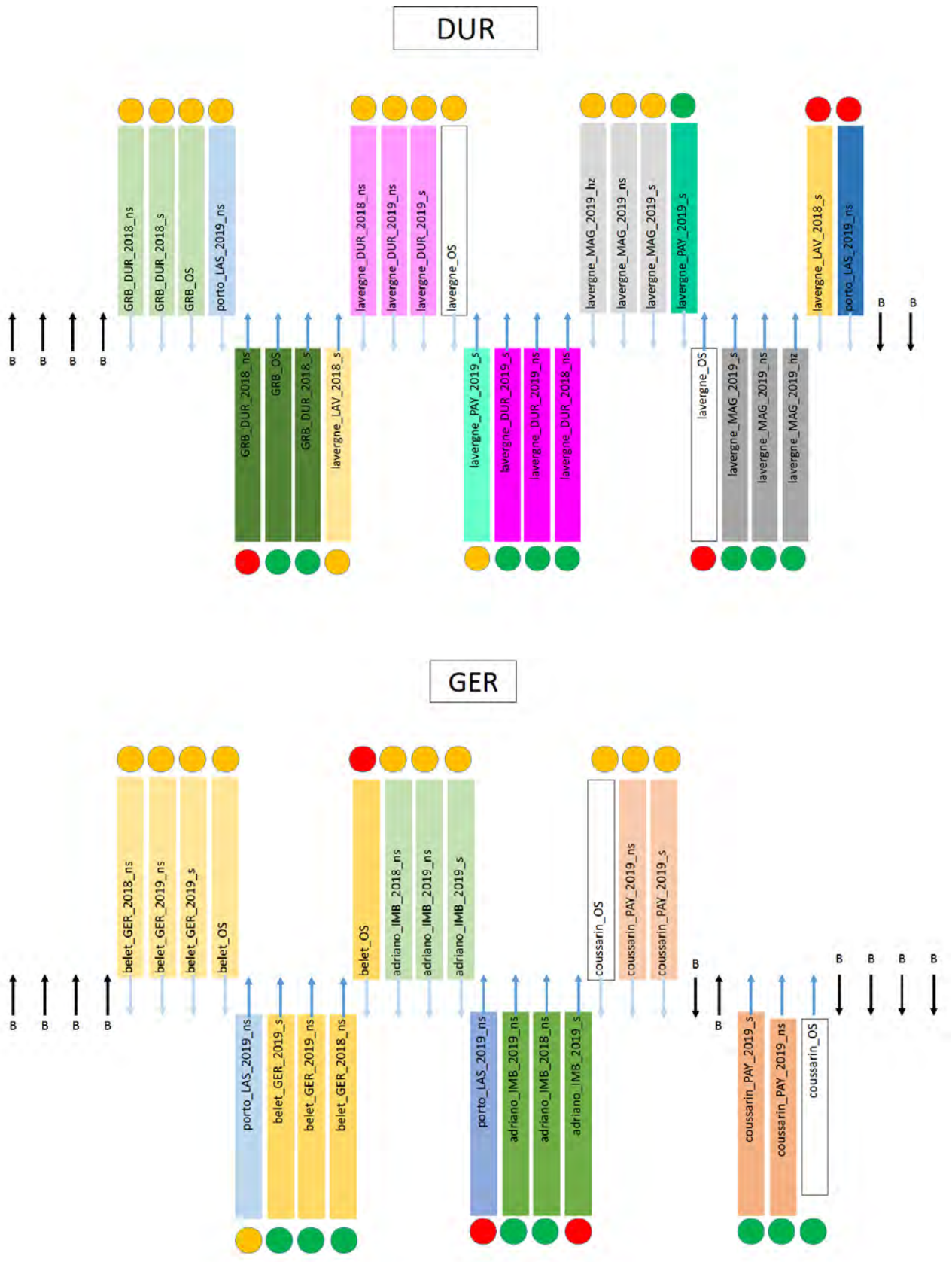
---

Votre calcul

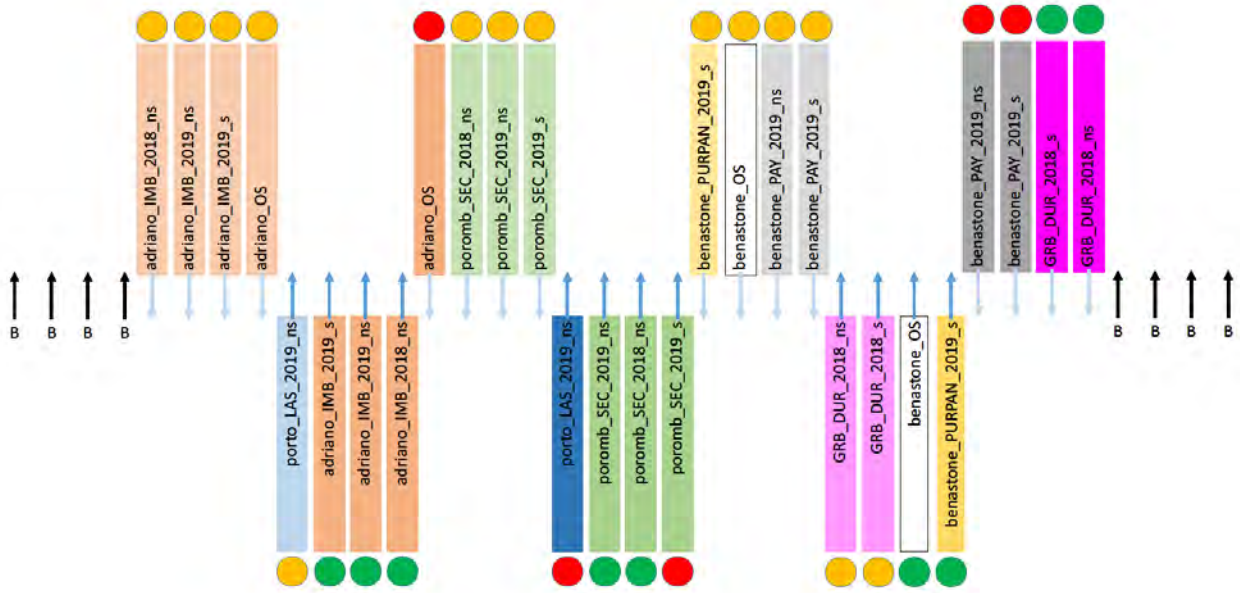
**Différentiel de sélection relatif** = \_\_\_\_\_ = \_\_\_\_\_ = \_\_\_\_\_



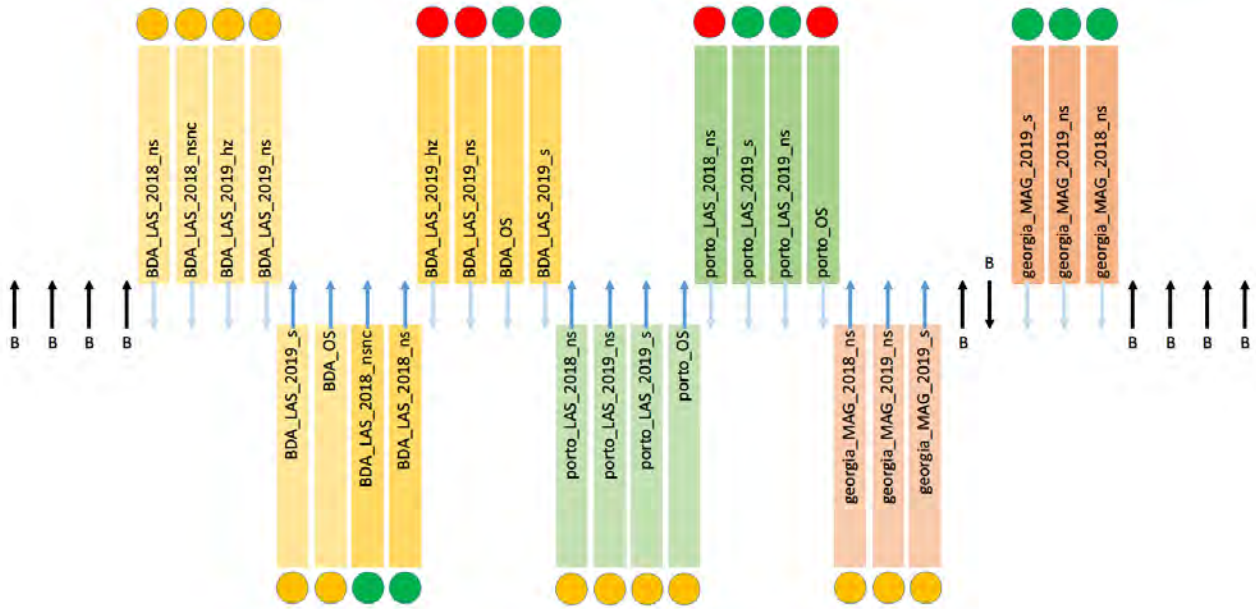
Annexe 6 : Plans des plateformes expérimentales de 2020



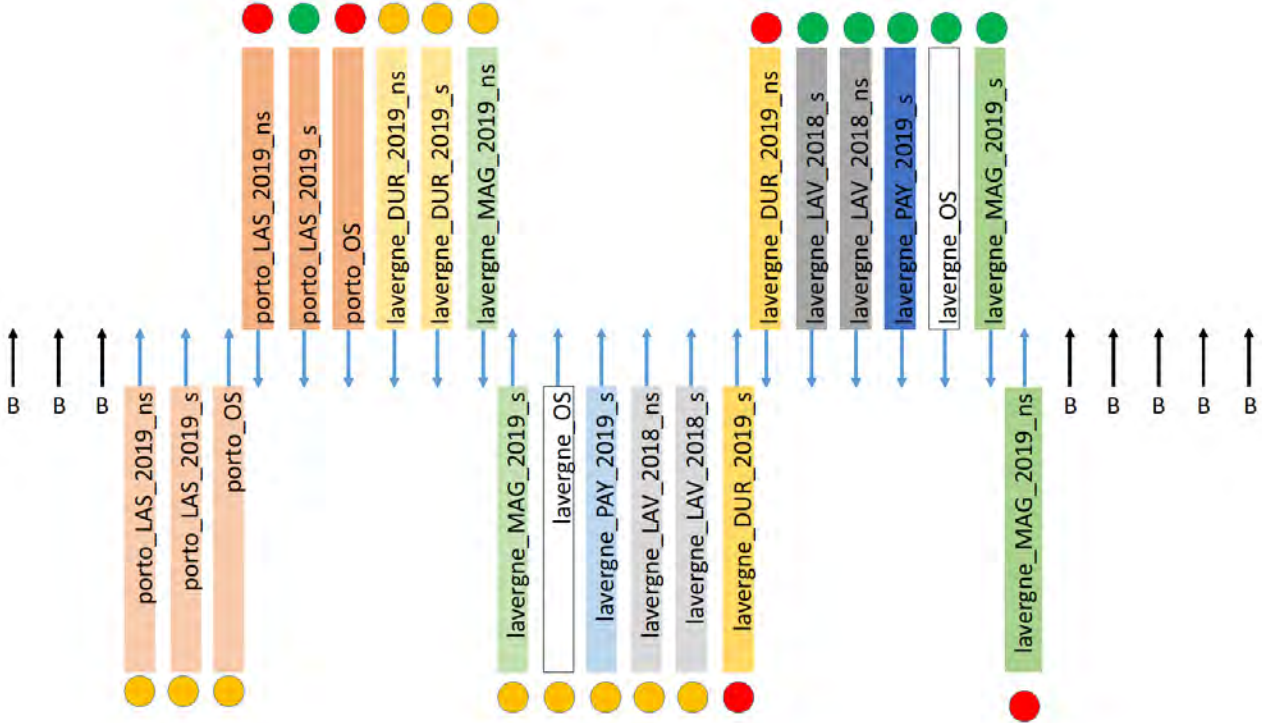
## IMB



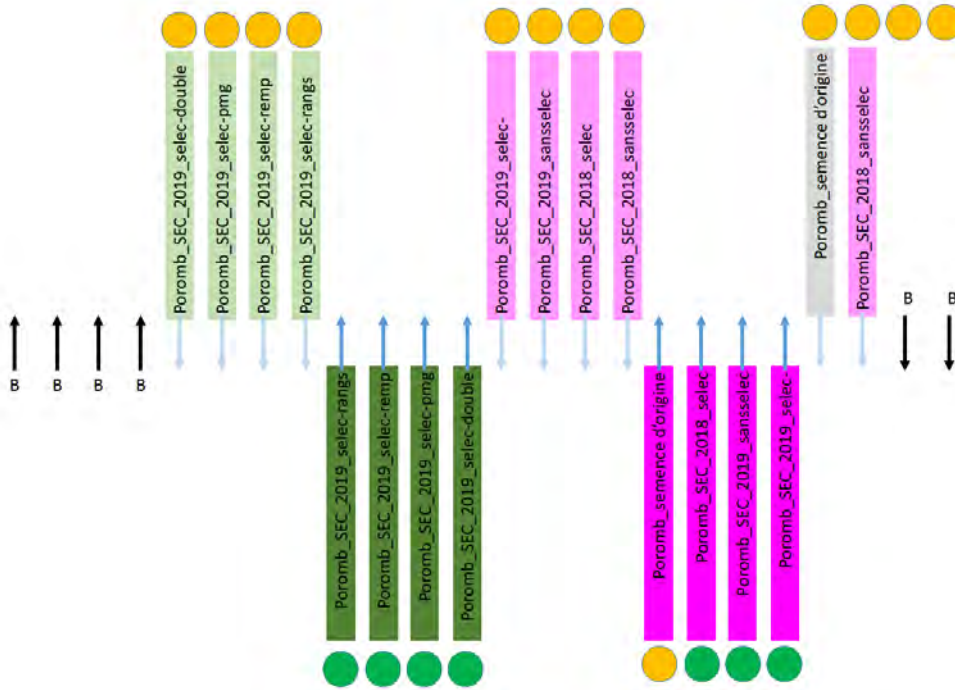
## LAS



## LAV



## SEC



B = bordures

● Vidange de semoir

bordure	
bordure	
bordure	
bordure	
9B - benastone_PURPAN_2019_s	
15B - benastone_PAY_2019_s	
10D - benastone_OS (BL_2016)	
14B - benastone_PAY_2019_ns	
9A - benastone_PURPAN_2019_s	
15A - benastone_PAY_2019_s	
10C - benastone_OS (BL_2016)	
14A - benastone_PAY_2019_ns	
10B - benastone_OS (BL_2016)	
13B - benastone_PAY_2018_s	
12B - benastone_PAY_2018_nsmc	
11B - benastone_PAY_2018_ns	
10A - benastone_OS (BL_2016)	
13A - benastone_PAY_2018_s	
12A - benastone_PAY_2018_nsmc	
11A - benastone_PAY_2018_ns	
8B - BDA_LAS_2019_ns	
7B - BDA_OS (LAS_2017)	
6B - BDA_LAS_2019_s	
5B - porto_LAS_2019_ns	
8A - BDA_LAS_2019_ns	
7A - BDA_OS (LAS_2017)	
6A - BDA_LAS_2019_s	
5A - porto_LAS_2019_ns	
4B - coussarin_OS (PAY_2017)	
3B - coussarin_PAY_2019_s	
2B - coussarin_PAY_2019_ns	
1B - coussarin_PAY_2018_ns	
4A - coussarin_OS (PAY_2017)	
3A - coussarin_PAY_2019_s	
2A - coussarin_PAY_2019_ns	
1A - coussarin_PAY_2018_ns	
bordure	
bordure	
bordure	
bordure	

Etiquette et chemin

### PLATEFORME PAY Yannick

Bordure de parcelle côté forêt

bordure georgia_MAG_2019_s		bordure georgia_MAG_2019_s	
19C georgia_MAG_2019_s		19D georgia_MAG_2019_s	
18B georgia_MAG_2019_ns		18C georgia_MAG_2019_ns	
17C georgia_MAG_2019_hz		17B georgia_MAG_2019_hz	
7B laverigne_BL_2016(OS)		21B georgia_MAG_2019_nsmc	
8B laverigne_DUR_2019_ns		19B georgia_MAG_2019_s	
9B laverigne_DUR_2019_s		20B georgia_MAG_2017(OS)	
11A porto_LAS_2019_ns		16B georgia_MAG_2018_nsmc	
10A laverigne_PAY_2019_s		15B georgia_MAG_2018_ns	
9A laverigne_DUR_2019_s		20A georgia_MAG_2017(OS)	
8A laverigne_DUR_2019_ns		19A georgia_MAG_2019_s	
7A laverigne_BL_2016(OS)		21A georgia_MAG_2019_nsmc	
5B laverigne_MAG_2018_nsmc		18A georgia_MAG_2019_ns	
6B laverigne_MAG_2018_ns		17A georgia_MAG_2019_hz	
4B laverigne_MAG_2019_s		16A georgia_MAG_2018_nsmc	
3B laverigne_MAG_2019_nsmc		15A georgia_MAG_2018_ns	
1B laverigne_MAG_2019_hz		14B maxi_MAG_2019_s	
2B laverigne_MAG_2019_ns		12B maxi_MAG_2019_ns	
6A laverigne_MAG_2018_ns		13A maxi_MAG_2019_nsmc	
5A laverigne_MAG_2018_nsmc		11B porto_LAS_2019_ns	
4A laverigne_MAG_2019_s		14A maxi_MAG_2019_s	
3A laverigne_MAG_2019_nsmc		13A maxi_MAG_2019_nsmc	
2A Laverigne_MAG_2019_ns		12A maxi_MAG_2019_ns	
1A Laverigne_MAG_2019_hz		16B laverigne_PAY_2019_s	
bordure		bordure	
bordure		bordure	
bordure		bordure	
bordure		bordure	

BORDURE PELOUSE

PARCELLE DE BLE

RESTE DU CHAMPS

RESTE DU CHAMPS

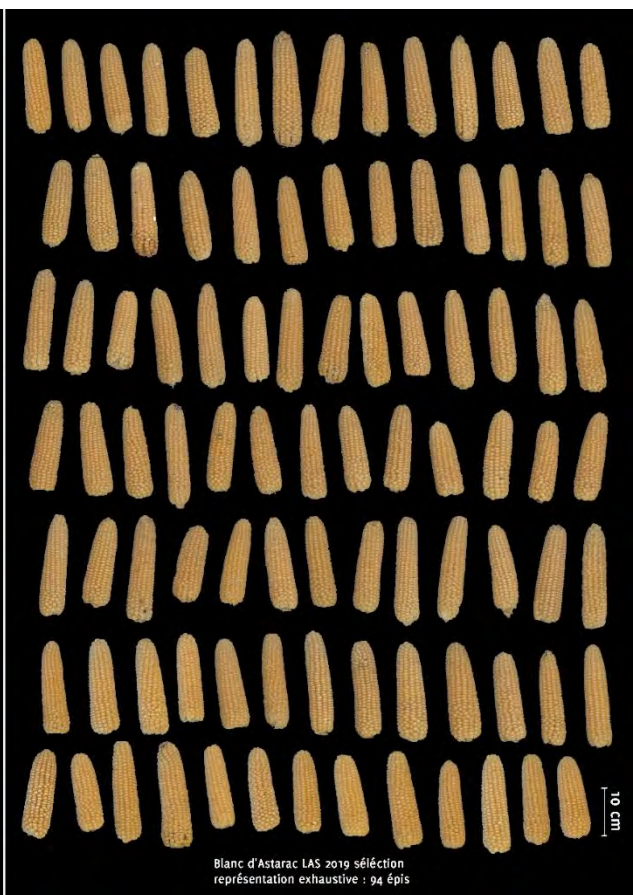
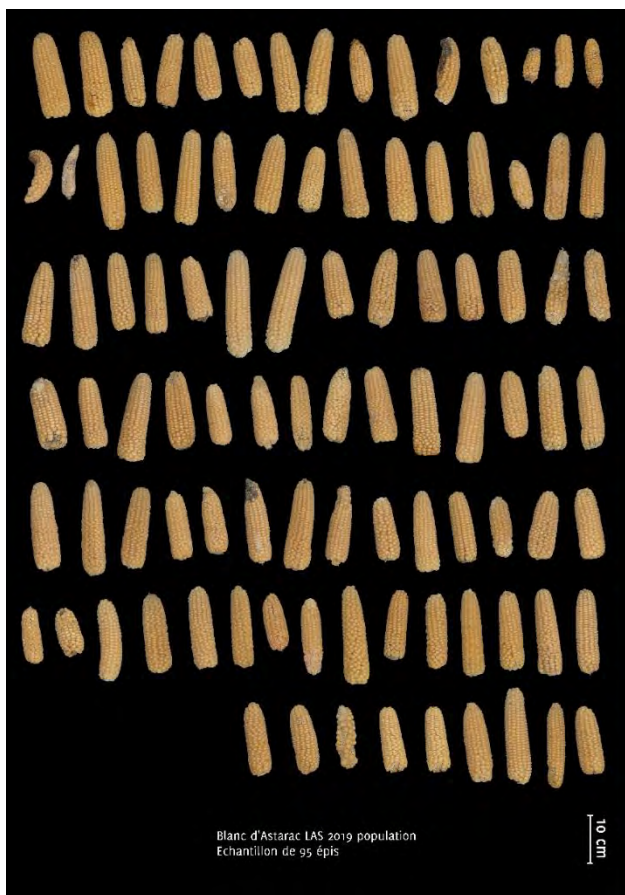
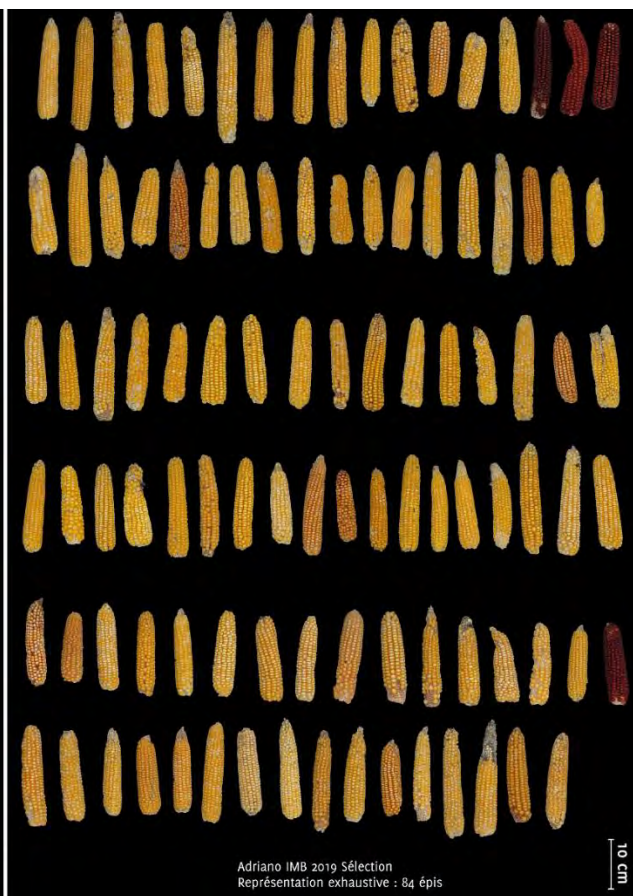
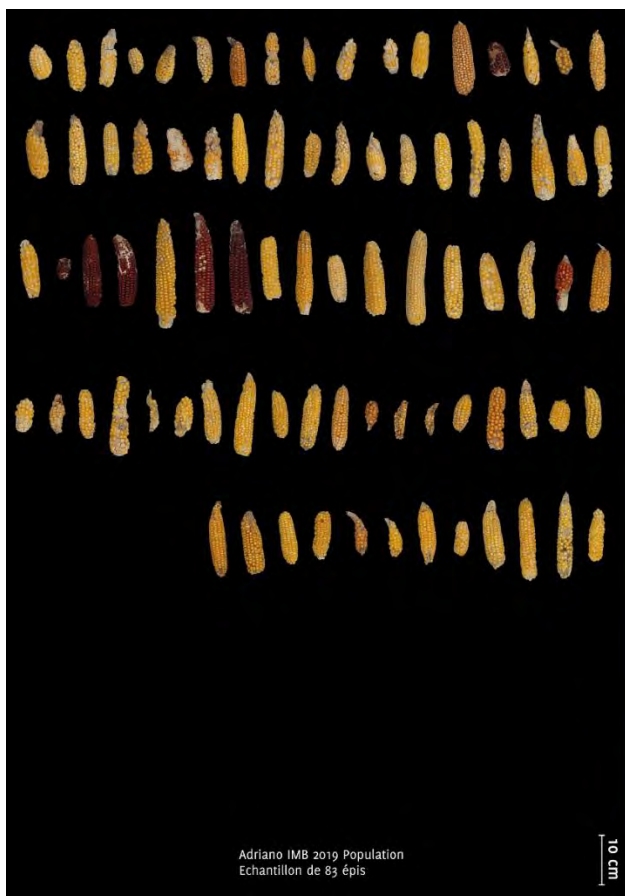
HAIE

20m

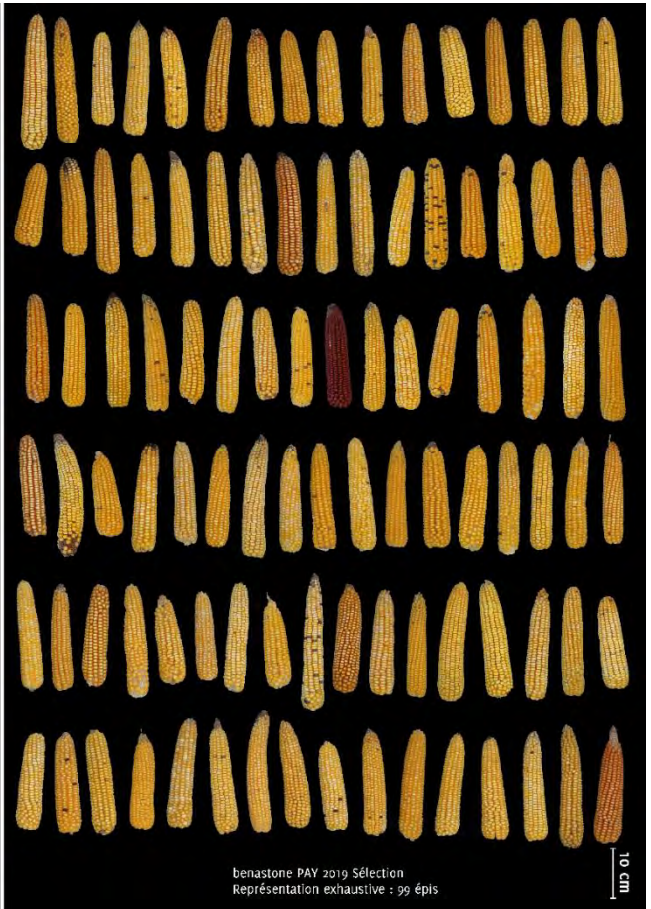
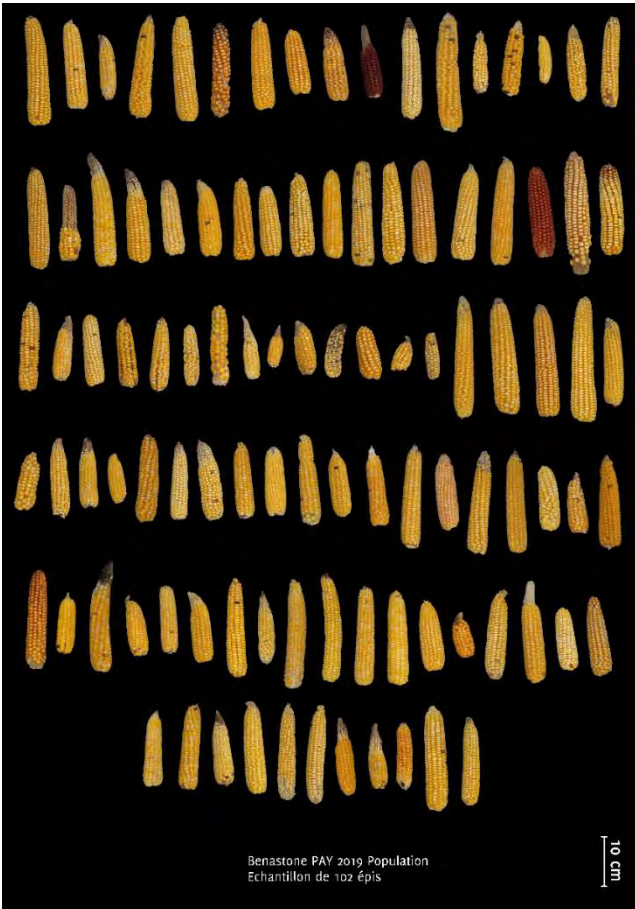
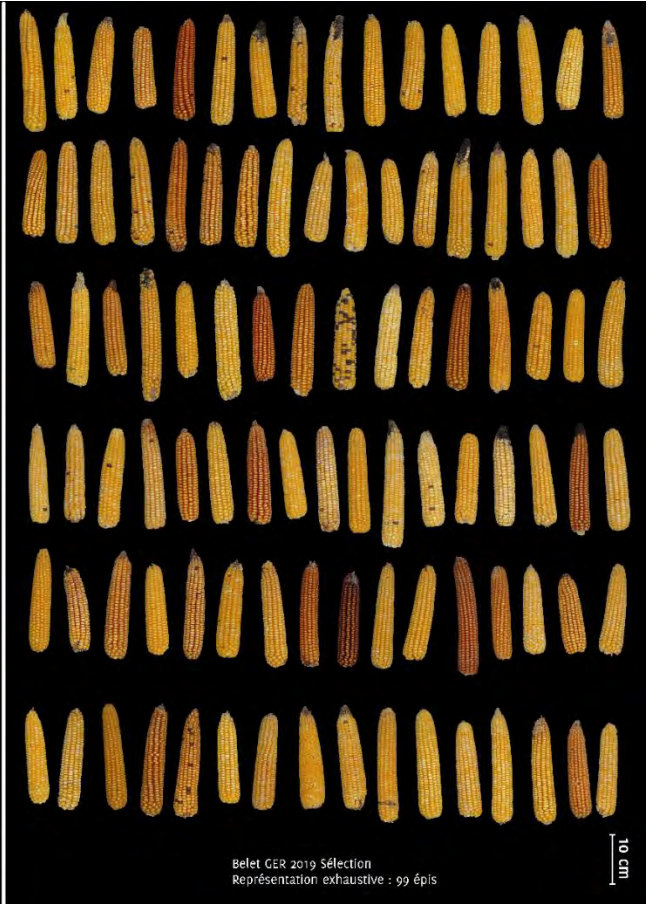
1m

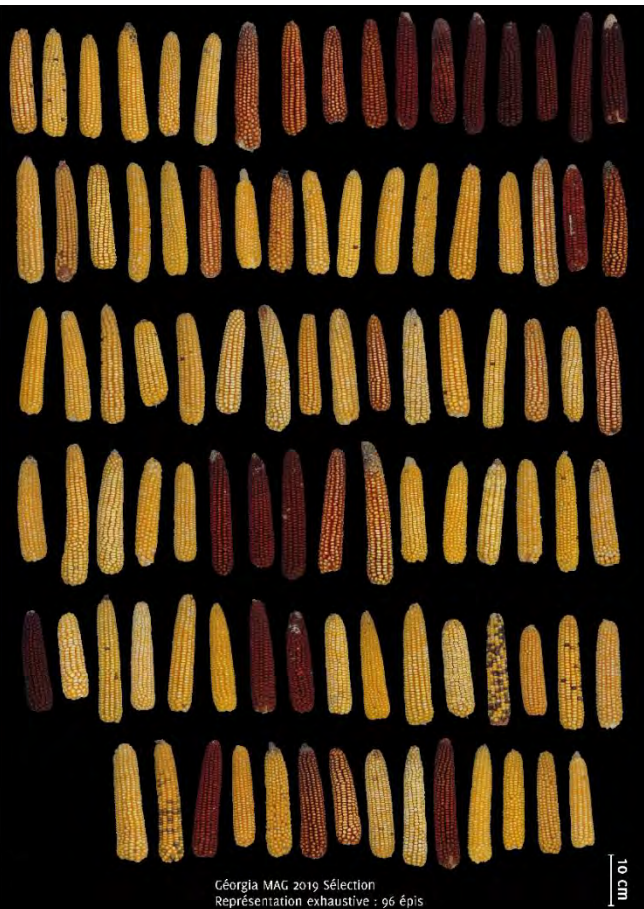
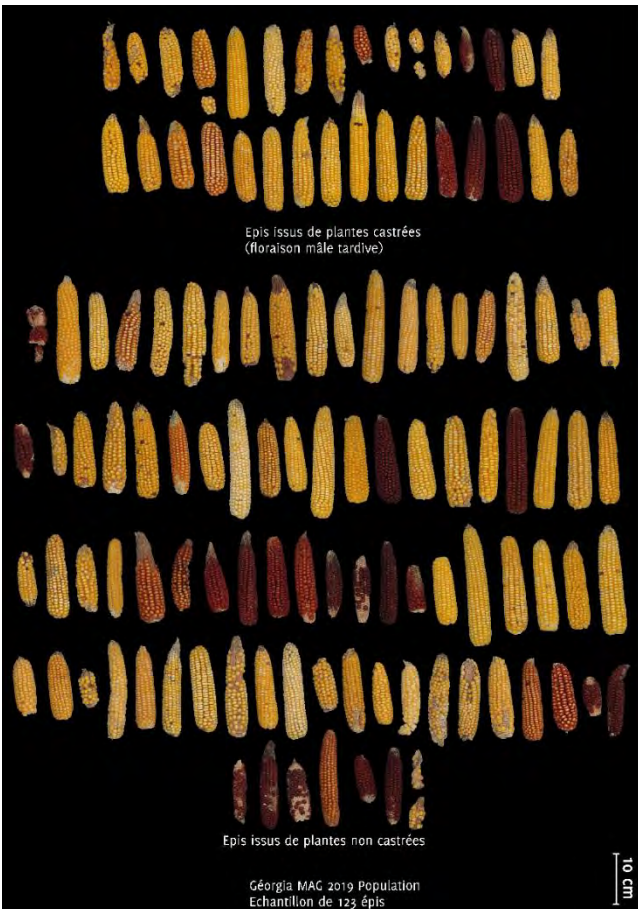
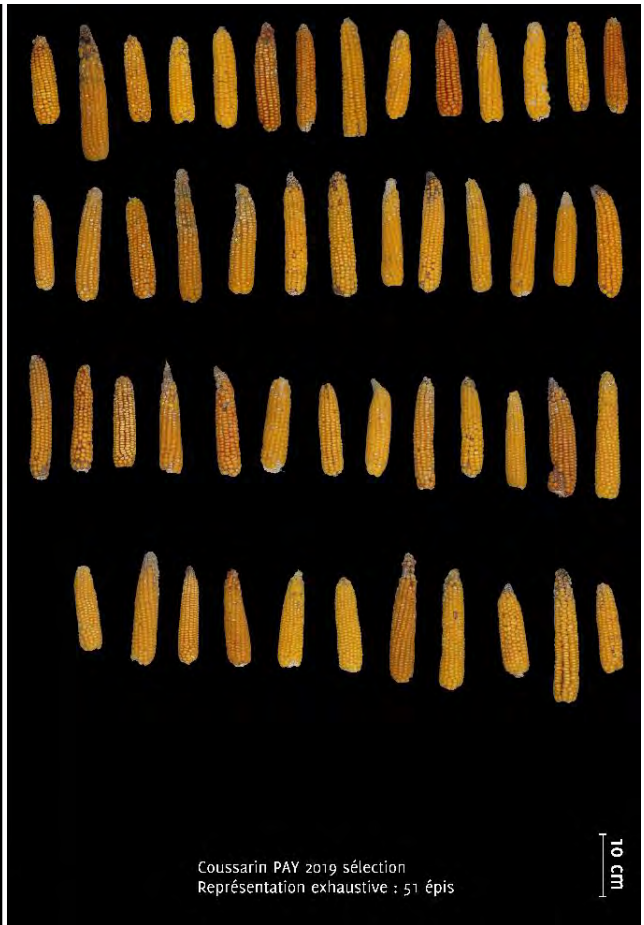
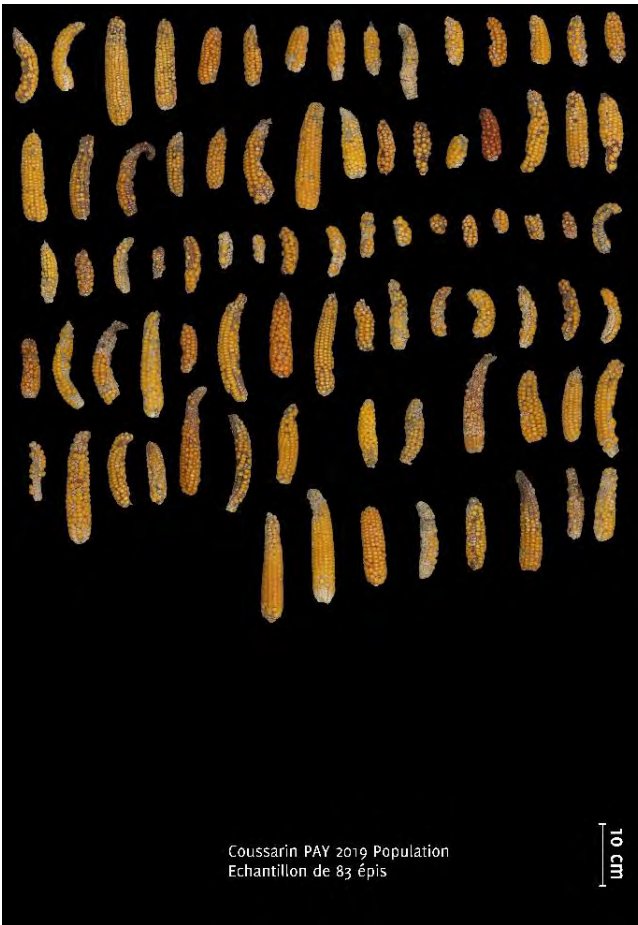
17m

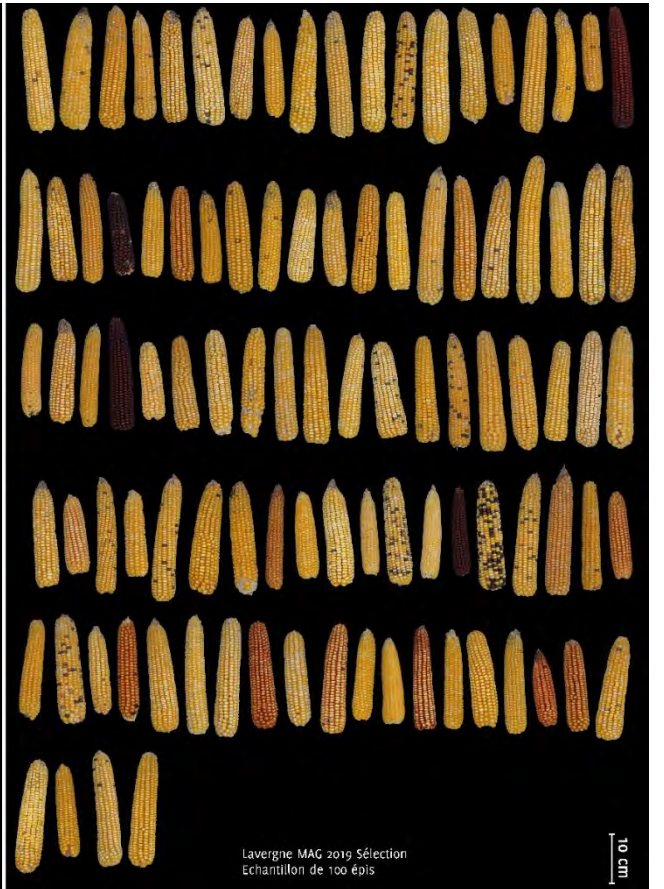
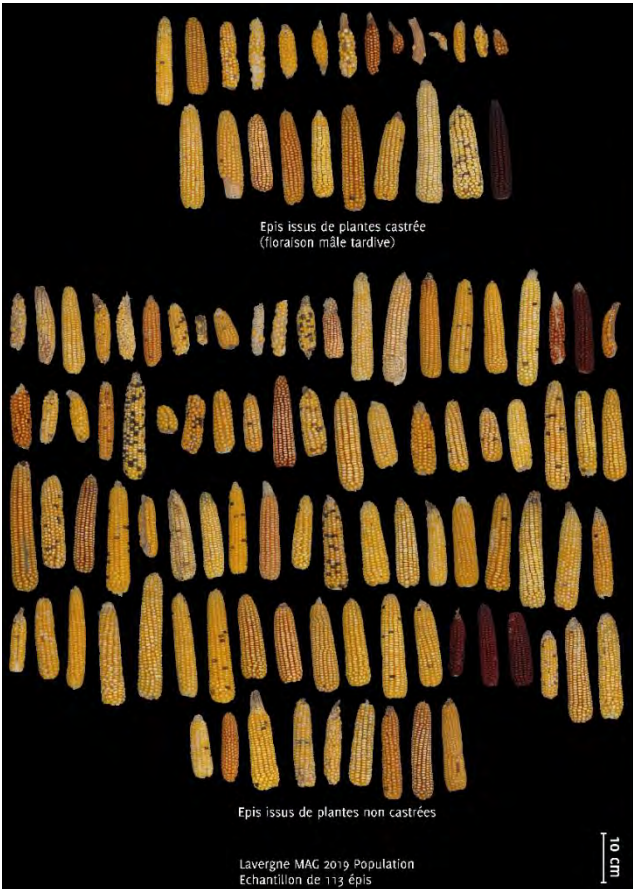
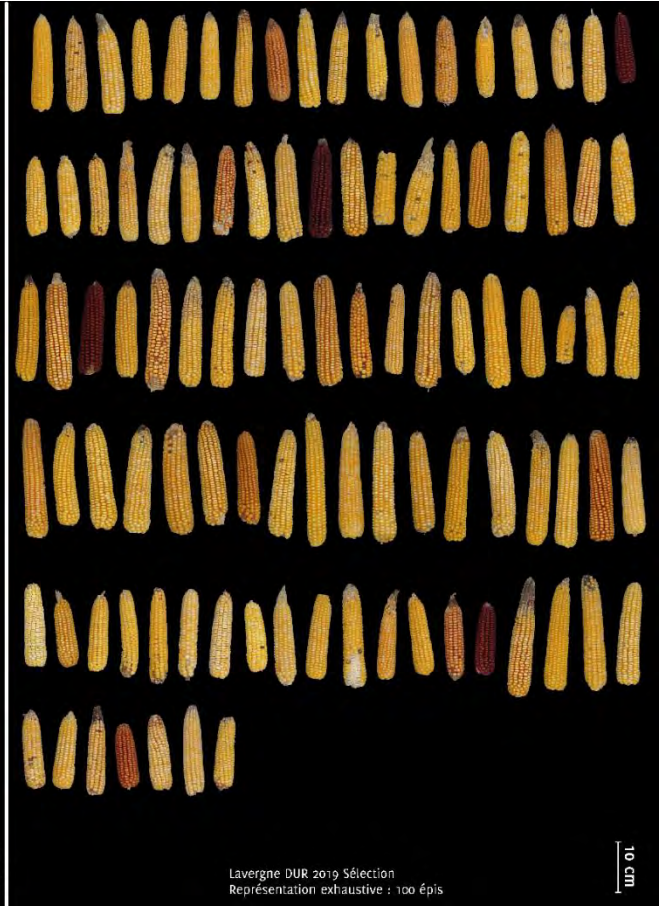
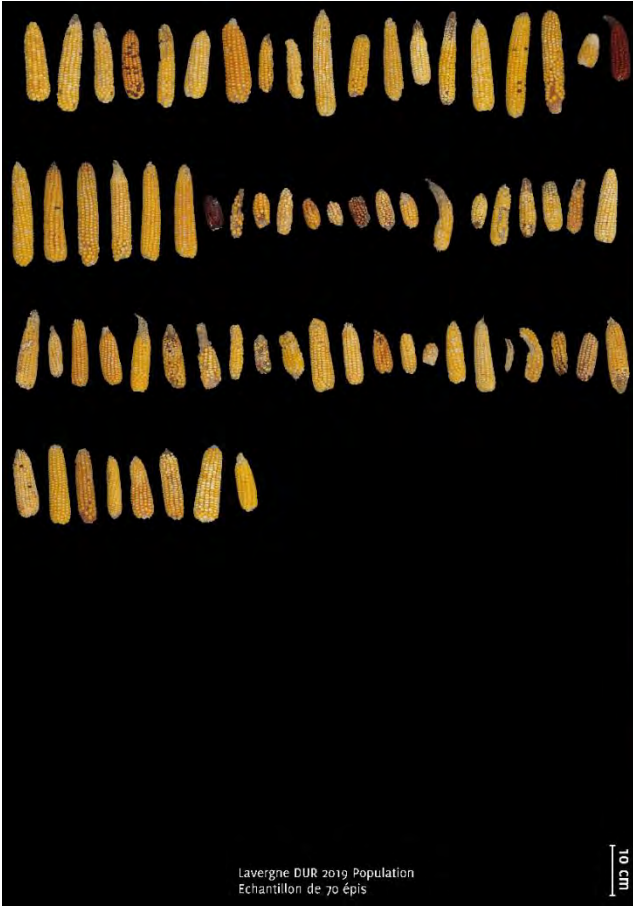
Annexe 7 : Photos de comparaison des échantillons d'épis non sélectionnés et sélectionnés





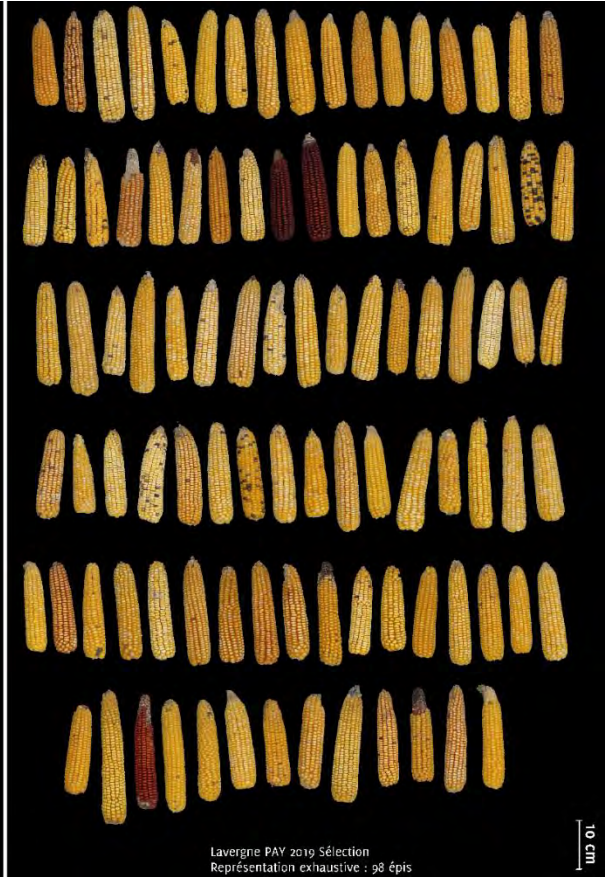




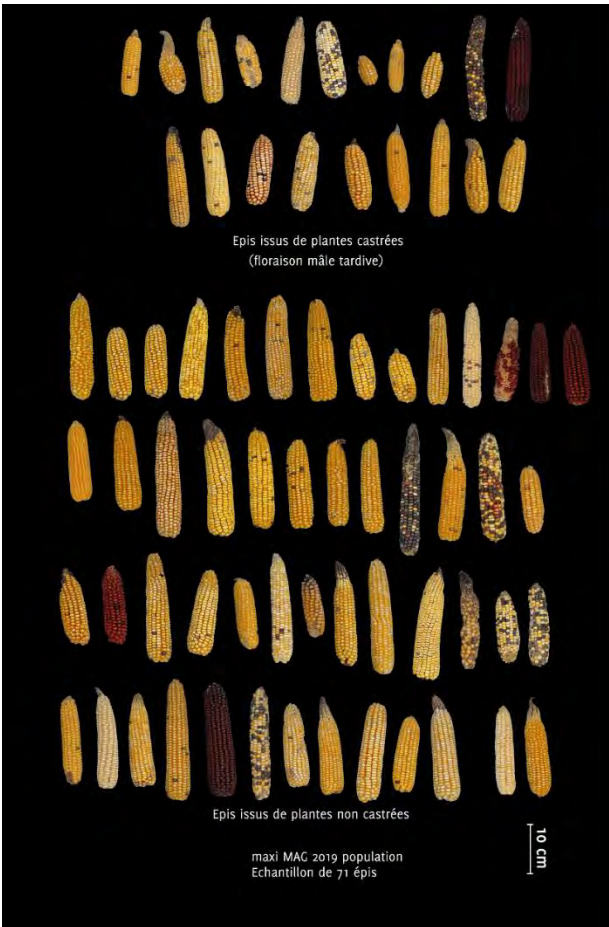




Lavergne PAY 2019 Population  
Echantillon de 104 épis



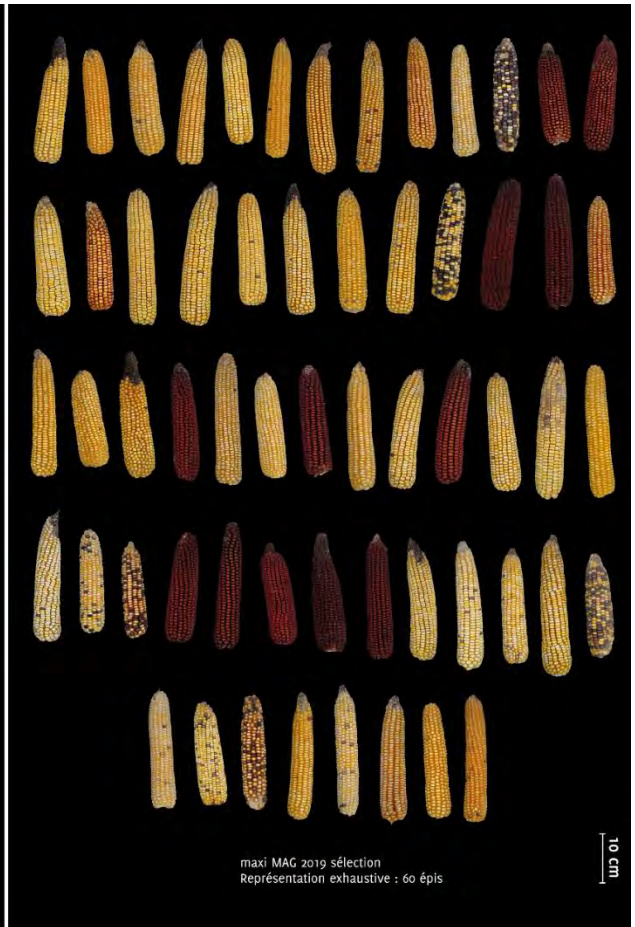
Lavergne PAY 2019 Sélection  
Représentation exhaustive : 98 épis



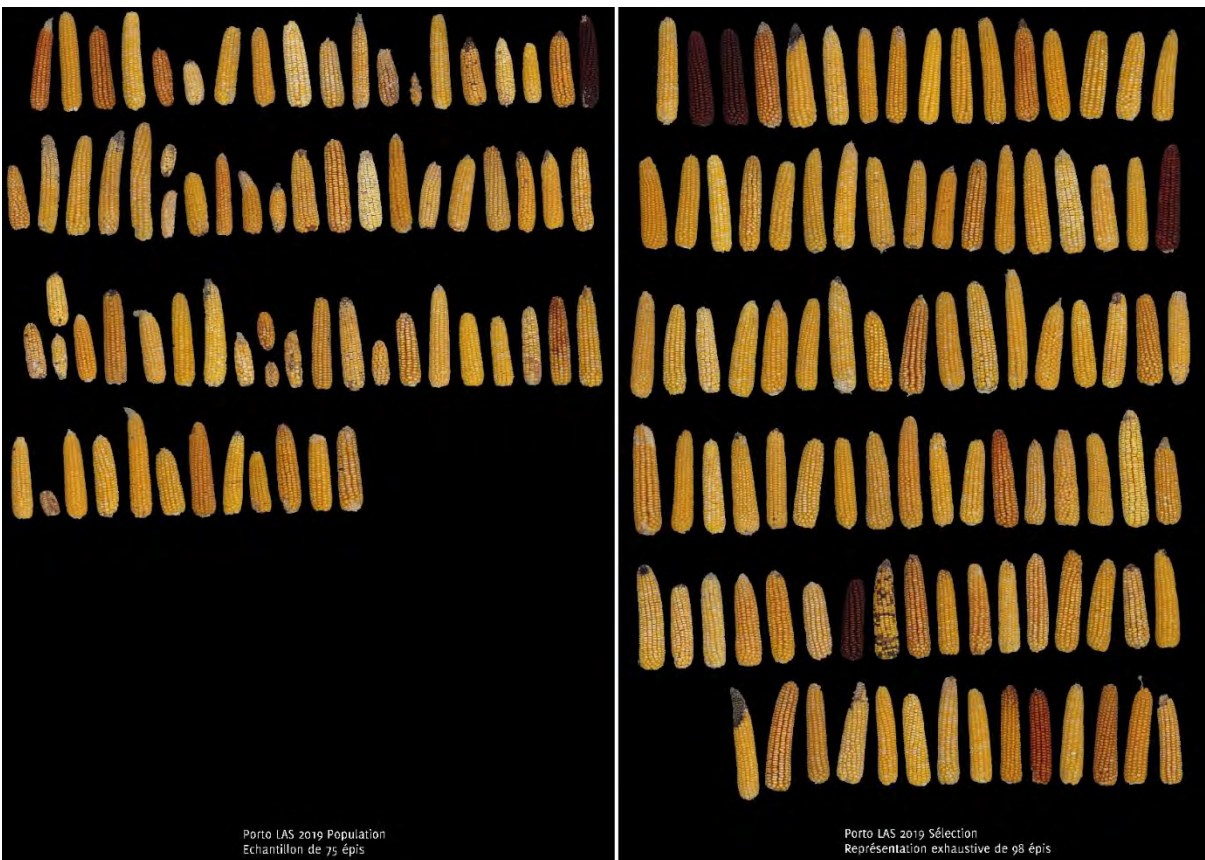
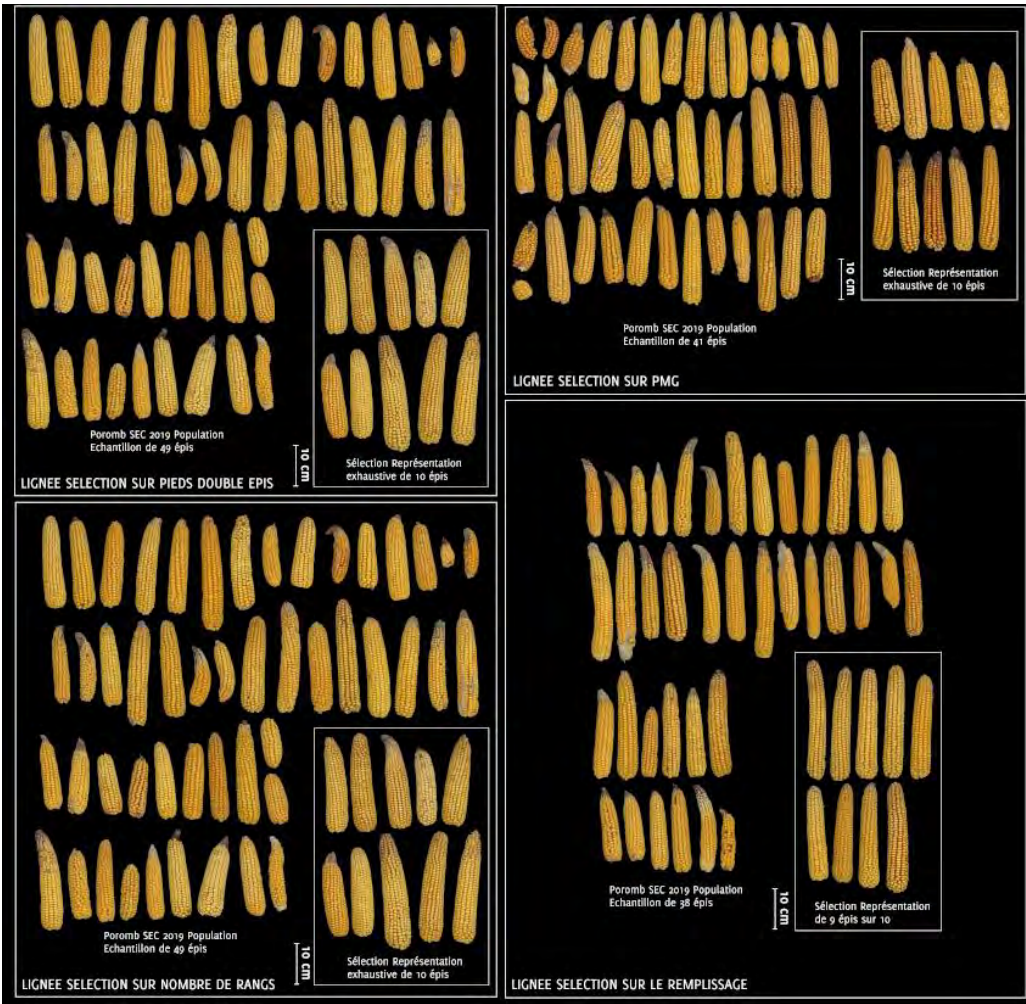
Épis issus de plantes castrées  
(floraison mâle tardive)

Épis issus de plantes non castrées

maxi MAC 2019 population  
Echantillon de 71 épis



maxi MAC 2019 sélection  
Représentation exhaustive : 60 épis



*Document réalisé dans le cadre du projet COVALIENCE*

*Etude de la réponse à la sélection massale paysanne sur les variétés de maïs population. Projet Casdar COVALIENCE.  
98 pages*

*Equipe biodiversité d'AgroBio Périgord (2022).*

*Ont contribué à la rédaction de ce document : Cyrielle Deswarte, Jérôme Dury, Théo Gaden, Simon Giuliano, Elodie Gras, Robin Noël, Romane Orsolini, Pierre Rivière, Carl Waroquiers.*

*Remerciements : Laurent Hazard, Frédéric Rey, Estelle Belbes, tous les paysan.ne.s des collectifs impliqués dans le projet Casdar COVALIENCE pendant ces 3,5 années.*

*Contact mail auteur·s : [biodiversite@agrobioperigord.fr](mailto:biodiversite@agrobioperigord.fr)*

*<http://itab.asso.fr/programmes/re-covalience.php>*