

OFFICE DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE ET TECHNIQUE OUTRE-MER

CENTRE D'ADIOPODOUME

B.P. 20 - ABIDJAN

(COTE D'IVOIRE)

Laboratoire de Génétique

RAPPORT DE STAGE

Statistique - Génétique - Polycross - Analyse diallèle

par

Frédéric KANGA FONDJO

Elève-ORSTOM

Nous témoignons notre vive reconnaissance à Madame RENE-CHAUME. qui a bien voulu consacrer son temps combien précieux pour notre formation.

Nous remercions tous les services administratifs du Centre pour leur accueil très sympathique nous permettant de travailler dans de bonnes conditions.

INTRODUCTION.

Mon stage au Laboratoire de Génétique du Centre d'Adiopodoumé a été prévu dans le but de compléter ma formation en statistique appliquée à la génétique. Il m'a permis de relier les connaissances théoriques à la réalité de la recherche sur le terrain grâce à l'expérience acquise depuis de longues années par le responsable de ma formation Madame RENE-CHAUME.

Ce n'est pas à moi de faire l'apologie des statistiques pour l'amélioration des plantes, mais qu'il me soit permis de signaler la grande nécessité de la maîtrise de cet outil de travail, dans l'exploitation à bon escient des résultats des expériences et des essais génétiques.

Chez les plantes allogames l'amélioration passe par deux étapes importantes :

- le polycross (en croisements libres) qui permet un bon brassage du matériel génétique
Il ne peut être efficace que lorsque les plantes fleurissant dans une même période déterminée, lorsque le taux d'autofécondation est très bas ou n'existe pas du tout. Son avantage se trouve non seulement dans l'appréciation de meilleurs géniteurs à bonne aptitude générale à la combinaison (AGC), mais aussi dans un gain substantiel du travail dans la production de graines de semences (on ne fait pas d'ensachage des inflorescences; il suffit de récolter les graines sur les individus choisis sur la base des résultats de l'expérience)

- le croisement diallèle qui complète le polycross en relevant les parents qui se combinent spécifiquement bien.

Dans le cas du Panicum maximum, graminée fourragère tropicale, ces deux étapes conduisent à la sélection dans le pool des digéniques sexués, des sujets qui, tétraploïdisés, permettront d'augmenter la variabilité des tétraploïdes.

I - ANALYSE D'UN POLYCROSS ENTRE DIPLOIDES SEXUES.

1. Généralités.

Le Panicum maximum Jacq. est une graminée fourragère tropicale. Son aire d'origine probable se situe en Afrique de l'Est : Kenya, Tanzanie.

Dans les populations de Panicum il existe des formes diploïdes ($2n = 16$) et des formes tétraploïdes ($2n = 32$). Ces 2 formes ne se distinguent pas phénotypiquement.

Le mode de reproduction du Panicum est généralement une apomixie facultative. Les descendances obtenues par graines ont environ 97 % des plantes qui ressemblent à leur mère, tandis que les 3 % qui ne ressemblent ni à leur mère, ni ne se ressemblent entre eux sont appelés hors-types.

L'objet du présent essai est un polycross qui trouve sa justification et son application dans le programme d'amélioration du Panicum, car complété par des essais diallèles, il permet de faire dans le pool génétique des diploïdes sexués, un choix de meilleurs géniteurs basé sur l'AGC et l'ASC. Les meilleurs hybrides tétraploïdisés devront augmenter ainsi le pool génétique des tétraploïdes.

18 des 20 clones utilisés pour cette expérience sont originaires de Korogwe (Tanzanie). Ils ont été choisis parce que représentant la variabilité phénotypique de cette population. Les 2 autres clones (T 26 et T 27) viennent de Bagamoyo.

Ces diploïdes naturels sexués sont largement auto-incompatibles. Les meilleurs géniteurs sont ceux qui auront une bonne aptitude générale à la combinaison.

2. Matériel et méthode.

21. Réalisation du polycross.

La répartition des 20 clones sur le terrain a été entièrement randomisée de façon que les graines récoltées sur un clone considéré comme parent femelle, soient le produit du croisement de ce clone avec tous les autres clones restant considérés comme parents mâles. Chaque clone est représenté 20 fois sur le terrain et dans des positions différentes, de façon que tous les croisements attendus aient les mêmes chances de se produire. Pour assurer la légitimité des parents, l'installation a été faite à partir des éclats de souche.

22. Test d'AGC et analyse des descendances.

Les graines récoltées sur les clones sont constitués en lots selon le pied-mère (seul parent connu).

De chaque lot on a pris un échantillon de graines qu'on a fait germer et repiquer sur les blocs.

Les quatre blocs sont des bandes de terrain parallèles. La répartition des descendances des 20 clones sur chaque bloc a été tirée au hasard. La parcelle élémentaire qu'occupent les descendances d'un clone comprend quatre lignes et 19 plantules par ligne, soit 76 plantules par clone et par bloc, et un total de 304 plantes par descendance pour l'essai. Les plantules sont distantes de 0,50 m sur les lignes et 1 m entre les lignes. Une ligne de bordure sépare deux parcelles élémentaires contigües.

Les graines récoltées ont été décortiquées et mises à germer dans des boîtes de Petri, puis repiqués en pots et ensuite en champ. Le repiquage dans les blocs s'est fait au fur et à mesure de la germination et dans l'ordre bloc I, II, III et IV, avec en général un intervalle de 7 jours entre 2 repiquages.

Les coupes ont débuté au mois d'avril 1973, soit 13 semaines après la germination et se sont poursuivies jusqu'au mois de mars 1974, à raison d'une coupe par mois, soit 11 coupes au total.

Les caractères dont nous avons tenu compte dans un premier temps de l'exploitation de cet essai polycross sont la matière verte, la matière sèche totale, le pourcentage de matière sèche. D'autres caractères qui ne faisant pas l'objet de cette première analyse ont été aussi retenus :

F/T = rapport feuille sur tige

N-T = nombre de talles

P = précocité

D = dormance.

3. Analyse de variance et comparaisons de moyennes.

L'analyse de variance montre qu'il existe une différence significative au seuil 5 % entre les clones pour chaque caractère considéré, et nous en déduisons que les différences entre les moyennes ou groupes de moyennes des descendances des clones ne sont pas dues aux seules fluctuations du hasard. Les moyennes ne peuvent donc être tenues pour homogènes dans leur ensemble et appartenir à une même population de laquelle on les aurait tirées. Ces différences proviennent donc de l'aptitude générale à la combinaison des différents clones utilisés dans l'essai.

Nous avons utilisé la méthode du test de ppds pour classer les moyennes en différents groupes homogènes. Dans l'ensemble ces différents groupes de moyennes se chevauchent. Cela pourrait s'expliquer peut être par la faiblesse du test de t de Student - Fischer. En effet un certain écart moyen qu'on peut avoir entre deux moyennes d'échantillons tirés au hasard d'une même population peut varier avec le nombre d'échantillons et la place des échantillons comparés dans le classement arithmétique de ces échantillons.

31. Matière verte.

Dans le classement des moyennes, seul le clone T 47 fait franchement groupe à part. Les autres moyennes entrent dans des groupes homogènes qui se chevauchent. On peut cependant considérer les clones T 49, T 50, T 48, T 34 ; T 27 et T 26 comme ceux qui ont une bonne AGC pour la matière verte ; T 47 étant le moins bon.

32. Matière sèche totale.

Le classement de moyennes se fait à peu près dans le même ordre que pour la matière verte. T 47 reste toujours le moins bon tandis que les meilleurs sont les clones T 50, K 189 B, T 48, T 27, T 34 ; T 26.

33. % de matière sèche.

A quelques exceptions près les clones qui ont une bonne AGC aussi bien pour la MV que pour la MS, ont une mauvaise AGC pour le % de matière sèche et réciproquement. C'est particulièrement vrai pour les clones qui occupent les extrêmes des classements de moyennes : T 47, T 26, T 27, T 50.

Si nous considérons maintenant les 3 caractères ensemble, les meilleurs clones seront ceux qui ont une bonne AGC, c'est à dire, ceux dont les moyennes des 3 caractères occupent la partie supérieure de l'échelle de classement de moyennes. Ce sont surtout K 189 B, T 34, T 48.

Le clone T 52 occupe le bas du tableau pour les 3 caractères. Il semble être le mauvais clone.

T 33, T 41, sont des clones qui gardent, chacun, presque le même classement quel que soit le caractère considéré.

Dans la première exploitation de ces résultats, nous n'avons pas tenu compte du bloc III qui n'avait pas été entièrement repiqué par manque de graines de certaines descendance. (K 189 B et K 189 A).

L'effet bloc a été hautement significatif pour chacun des 3 caractères. Si on admet qu'il existe effectivement une hétérogénéité du terrain, vue la superficie consacrée à l'expérience, et les allées au cours de l'entretien de l'essai, il ne serait pas peu probable que cet effet bloc soit dû aussi en partie à une certaine sélection imposées par les conditions d'expérience. En effet les blocs ont été repiqués dans l'ordre bloc I, II, III, IV, au fur et à mesure de la germination des semences. Cette hypothèse ne se fait qu'avec beaucoup de réserve, car il semble qu'il n'a pas été fait d'expérience permettant de lier un quelconque de ces précédents caractères à la vitesse de germination.

Nous avons accusé la faiblesse du test de t pour la séparation des groupes de moyennes homogènes, mais il ressort de cette analyse que la variabilité pour les 3 caractères ici considérés n'est pas grande pour l'ensemble des 20 clones.

Si nous restons seulement dans l'optique génétique de cette analyse, sans tenir compte des considérations agrostologiques du fourrage, les clones que nous considérons comme meilleurs du point de vue AGC sont ceux qui ont un bon classement de moyenne pour les 3 caractères. Ce sont T 42 - T 34 - T 33 - T 48 - K 189 B. Les clones T 26 et T 27 ont une bonne AGC pour la M.V. et pour la M.S.T., mais sont moins bons pour le % de M.S. Le T 47 a une meilleure AGC pour le % de M.S. et une mauvaise AGC pour M.V. et M.S.T.

A partir des structures données qui sont celles des différents clones, le polycross, facile à réaliser chez certaines allogames, permet un bon brassage du matériel génétique, suivi de la création d'une base génétique assez large de laquelle peut partir la sélection. Dans le cas présent, du fait du haut niveau de l'autoincompatibilité, les croisements ont été laissés libres.

Le polycross est une première étape dans le choix de bons géniteurs. L'analyse diallèle complète le polycross, en confirmant l'AGC et en mettant en évidence l'ASC.

ANALYSE DE VARIANCE. POLYCROSS ; 20 CLONES ; 3 BLOCS

Source de variation	ddl	S C E			C M			F			Table 5 %
		MV	% MS	MST	MV	% MS	MST	MV	% MS	MST	
Clone	19	36.171,13	20,21	937,50	1.903,74	1,06	49,34	7,27	7,02	5,28	1,84
Bloc	2	39.150,48	8,85	795,24	19.575,24	4,43	397,62	74,78	29,33	42,57	3,23
Résiduelle	38	9.947,30	5,74	355,03	261,77	0,15	9,34				
Totale	59	85.268,91	34,80	2.087,76							

		MV	% MS	MST
Bloc	I	5.351,6	389,14	987,543
	II	5.441,5	396,94	1015,085
	IV	4.315,6	407,87	848,709
Y = total		15.108,7	1.193,95	2851,337
\bar{Y}		251,81	19,90	47,522
CV		6,42	1,95	6,43
ppds		26,70	0,64	5,043
t 0,975	38 ddl			2,021

COMPARAISON DE MOYENNES. -

$$t_{0,975}^{33 \text{ ddl}} = 2,021$$

1°) MST

T47 T52 T35 T44 T53 T41 T43 T51 K189A T40 T33 T54 T49 T42 T50 K189B T48 T27 T34 T26

ppds # 5,04

2°) % MS

T26 T27 T52 T50 T49 T41 T54 K189A T44 T42 T34 T33 T35 T48 T51 T53 T40 T43 K189B T47

ppds # 0,64

3°) MV

T47 T35 T53 T44 T52 T43 T41 T51 T40 T54 T33 K189A T42 K189B T49 T50 T48 T34 T27 T26

ppds # 26,70

IV

RECAPITULATION DES 11 COUPES PAR BLOC : POLYCROSS

T 26	T27	T33	T34	T35	T40	T41	T42	T43	T44	T47	T48	T49	T50	T51	T52	T53	T54	K189A	K189B
338,6	314,8	265,8	300,0	251,9	286,9	234,8	261,7	265,8	249,2	203,4	257,0	285,4	279,6	268,3	243,8	245,8	278,1	267,4	303,1
342,1	325,2	232,6	306,2	261,0	281,6	277,4	279,1	268,9	264,7	205,4	289,5	276,0	234,0	259,4	254,4	247,5	261,8	271,1	240,7
351,9	218,4	220,0	244,0	180,7	212,3	210,1	217,2	186,5	192,2	171,6	252,0	218,7	260,3	195,0	213,4	204,8	207,8	211,7	211,0
932,0	888,4	748,1	850,2	693,0	730,8	722,4	738,0	721,2	706,1	580,4	789,7	781,0	794,1	733,6	711,6	698,1	747,7	754,2	758,1
917,9	896,1	219,5	282,4	231,0	243,6	240,8	353,7	240,4	235,4	193,5	266,5	260,3	264,8	241,2	237,2	232,7	249,2	251,1	255,1
56,308	54,495	14,433	57,508	46,054	44,584	41,669	47,832	51,235	46,590	39,683	47,351	52,112	49,375	50,616	44,871	45,995	52,790	49,398	56,341
39,354	37,993	48,691	38,207	49,019	53,429	51,804	55,170	50,198	49,298	39,380	55,429	51,179	47,864	49,862	45,061	46,704	49,296	49,871	48,021
47,056	46,918	43,107	49,433	35,919	42,872	41,154	42,295	32,061	37,987	35,166	50,417	41,814	49,048	39,516	40,624	41,475	39,764	41,424	41,651
156,018	158,509	141,231	163,118	190,992	140,895	131,627	145,497	130,494	133,875	114,231	153,197	145,105	146,287	139,994	130,553	134,174	141,790	140,694	149,021
55,333	51,836	47,077	55,939	43,664	46,965	44,876	48,492	46,498	44,625	38,077	51,066	48,368	48,722	46,665	43,519	44,725	47,263	46,898	49,671
18,64	18,24	19,94	20,01	19,36	20,00	18,61	19,19	20,42	19,31	20,70	19,41	19,12	18,48	19,82	19,39	19,62	19,51	19,30	19,75
18,18	18,61	19,93	19,79	20,25	20,19	19,86	20,43	19,92	19,62	20,61	20,64	19,25	20,26	20,22	19,00	20,22	19,70	19,55	20,71
19,16	19,51	20,65	20,56	21,06	20,95	20,37	20,05	20,85	20,38	21,45	20,66	19,65	19,25	20,96	19,57	21,26	19,92	20,13	21,48
55,98	56,36	60,52	60,36	60,67	61,14	58,84	59,67	61,19	59,31	62,76	60,74	58,02	57,89	61,00	57,95	61,10	59,13	59,27	61,94
18,66	18,79	20,47	20,12	20,22	20,38	19,61	19,89	20,40	19,77	20,92	20,25	19,34	19,33	20,33	19,32	20,37	19,71	19,76	20,65

VST

ES

II - ANALYSE DIALLELE.

1. Généralités.

A la suite d'une analyse diallele le choix de meilleurs géniteurs en vue de produire de bons hybrides est basé à la fois sur l'aptitude générale (AGC) et spécifique (ASC) à la combinaison, notions très importantes en génétique quantitative appliquée à l'amélioration des plantes.

Les caractères appelés quantitatifs par définition ont une hérédité complexe, souvent difficile à préciser. Ces caractères sont la résultante des différentes interactions au niveau des gènes.

Le schéma diallele qui résulte des considérations génétiques et mathématiques apporte des informations certaines sur le mode d'action des gènes et permet de définir les notions d'AGC et d'ASC.

L'AGC est définie comme la performance moyenne d'une lignée ou d'une plante en combinaison avec l'ensemble des autres lignées ou plantes.

L'ASC est définie comme la performance particulière d'un croisement inférieur ou supérieur à la performance moyenne attendue sur la base de l'AGC.

On distingue deux modèles dans l'analyse diallele :

- modèle fixe ou déterministe : les génotypes sont choisis et étudiés pour eux-mêmes ; les conclusions qu'on peut tirer ne concernent que ces génotypes et ne peuvent être étendues à la population de laquelle ces génotypes sont tirés.

- modèle aléatoire : les génotypes constituent un échantillon au hasard tiré d'une population. Les effets génotypiques sont des variables aléatoires. On ne peut qu'obtenir des estimations des paramètres caractérisant la structure génétique de la population considérée. Les informations tirées de l'analyse peuvent être étendues à la population de laquelle ces génotypes sont tirés.

Tous ces deux modèles reposent sur l'analyse de variance.

Une table diallele comprend les mêmes "unités de croisements" ou parents (familles, variétés, lignées, plantes, clones) dans les deux entrées.

Si on a par exemple p parent, on devra avoir :

p^2 croisements au total : ensemble du tableau

p autofécondations : diagonale du tableau

$p^2 - p$ croisements ét réciproques: ensemble du tableau moins la diagonale.

$\frac{p(p-1)}{2}$ croisements réciproques: moitié du tableau sous la diagonale.

Les individus d'une entrée sont considérés comme parents femelles tandis que ceux de l'autre sont pris comme mâles.

On peut tenir compte ou pas de l'ensemble des croisements dans l'analyse de la variance suivant les objectifs de l'essai et les hypothèses qu'on s'est données.

Le présent cas de notre étude porte sur le modèle I (fixe) et ne tient pas compte des autofécondations. Il permet d'apprécier les effets réciproques.

	T ₁	T ₂	T ₃	T ₄	T ₅	T ₆	T ₇
T ₁	/						
T ₂		/					
T ₃			/	T ₃ xT ₄			
T ₄			T ₄ xT ₃	/			
T ₅					/		
T ₆						/	
T ₇							/

Tableau 1 : table diallèle



croisement de la diagonale ou autofécondation.

T₃ x T₄ ; T₄ x T₃ = croisement et réciproque.

2. Analyse diallèle.

La décomposition de l'AGC et de l'ASC a été faite selon le modèle de Griffing sans les autofécondations.

y_{ijk} est la mesure faite sur le croisement du génotype i par le génotype j du bloc k

$$y_{ijk} = y + g_i + g_j + S_{ij} + b_k + r_{ij} + \xi_{ijk}$$

y = moyenne générale

g_i = AGC de i (contribution apportée par i)

S_{ij} = ASC du croisement $i \times j$ (contribution spécifique de $i \times j$)

b_k = effet du bloc k .

r_{ij} = effet réciproque entre les croisements ij et ji
 ξ_{ijk} = résiduelle.

L'interaction bloc x croisement est comprise dans l'erreur puisqu'on n'a pas tenu compte de la répétition de chacun des croisements dans le bloc pour la sortir.

3. Analyse de variance : (voir tableau 2)

Puisque nous sommes dans le modèle I, g_i , ij , r_{ij} et b_k sont des paramètres certains.

4. Calcul des AG et S et variances.

$$g_i = \frac{Y_{i..} + Y_{.i.}}{2k(p-2)} - \frac{Y_{...}}{kp(p-2)}$$

$$ij = \frac{Y_{ij.} + Y_{ji.}}{2k} - \frac{Y_{i..} + Y_{.i.} + Y_{j..} + Y_{.j.}}{2k(p-2)} + \frac{Y_{...}}{k(p-1)(p-2)}$$

$$r_{ij} = \frac{Y_{ij.} - Y_{ji.}}{2k}$$

5. Variances.

$$\sigma_G^2 = \frac{P-1}{2k(p-2)} (CM_{AG} - CM_E)$$

$$\sigma_S^2 = \frac{P(P-3)}{2 \times 2 k} (CM_{AS} - CM_E)$$

6. Héritabilité.

$$h = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma_S^2 + \sigma_E^2} \quad \text{au sens stricte}$$

$$h' = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_S^2}{\sigma_G^2 + \sigma_S^2 + \sigma_E^2} \quad \text{au sens large}$$

7. Matériel et méthode.

Les quatre clones T 35, T 41, T 47, T 49 de Panicum maximum utilisés font partie des 20 diploïdes sexués de Korogwe en Tanzanie.

Les croisements ont été faits en mettant sous un même sac de papier sulfuré une inflorescence de chaque clone. On a constitué 3 lots de graines pour chaque croisement :

- graines récoltées sur le parent P_1 du croisement $P_1 \times P_2$, P_1 étant le parent femelle.

- graines récoltées sur P_2 du croisement $P_2 \times P_1$, P_2 étant le parent femelle.

- graines récupérées au fond du sac qui sont un mélange des croisements $P_1 \times P_2$ et $P_2 \times P_1$. Ce dernier cas n'a pas été pris en considération dans l'exploitation des résultats.

Les graines décortiquées ont été mises à germer dans des boîtes de Petri, puis repiquées en pots et ensuite transplantées aux champs sur 4 blocs.

Les caractères étudiés sont la matière verte (M.V.), la matière sèche (M.S.), le pourcentage de matière sèche (% M.S.) sur la première coupe (stade jeune).

8. Résultats.

81. Les données.- tableau 3 : résultats des croisements et réciproques par bloc
- " 4 : résultats sur table diallèle.
- " 5 : sur la diagonale: différence entre croisement et réciproque sous la diagonale :somme de croisement et réciproque.

82. Analyse de la variance.-

Dans une première étape nous ne tenons compte que de deux facteurs de variation : blocs et croisements. Les croisements sont significativement différents entre eux, ce qui nous permet de décomposer l'effet croisement en 3 autres :

- Aptitude générale à la combinaison
- Aptitude spécifique à la combinaison
- Effet réciproque

$$Q_c = Q_{AG} + Q_{AS} + Q_R \quad \text{avec}$$

$$Q_c = \text{SCE} \quad \text{croisements}$$

$$Q_{AG} = \text{SCE} \quad A \ G \ C$$

$$Q_{AS} = \text{SCE} \quad A \ S \ C$$

$$Q_R = \text{SCE} \quad \text{Réciproque.}$$

- seul le caractère % MS a un effet AGC significatif
- seul le caractère MST a un effet ASC significatif
- l'effet réciproque est significatif pour chacun des 3 caractères.

Les tests de nullité des différents effets ne sont autre chose que le test de F.

$$F_{gi} = 0 \quad F_{(p-1), p} = \frac{CM_{AG}}{CM_E} \quad \mu = \text{ddl de la résiduelle.}$$

$$\sigma_{S_{ij}}^2 = 0 \quad F \quad \frac{P(Q-3)}{2}, \mu = \frac{CM_{AS}}{CM_E}$$

$$\sigma_r^2 = 0 \quad F \quad P \frac{(P-1)}{2}, \mu = \frac{CM_R}{CM_E}$$

Les quatre clones du diallèle peuvent donc être considérés comme homogènes du point de vue AGC pour les caractères MV et MST, du point de vue ASC pour les caractères MV et % MS.

L'effet réciproque étant significatif, nous le décomposons à nouveau en effet maternel et résiduelle réciproque. Cette résiduelle réciproque est toute autre variation que la maternelle due au croisement réciproque. Le modèle mathématique qui tient compte de ce cas est de la forme :

$Y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + m_j + r'_{ij} + bk + \epsilon_{ijk}$ avec la décomposition suivante : $r_{ij} = m_i - m_j + r'_{ij}$.

Variation	ddl	S C E
effet maternel	P - 1	$\frac{\sum (Y_{i..} - Y_{.i.})^2}{2kp}$
effet réciproque résiduelle	(P-1)(P-2)	par différence
effet réciproque	$\frac{P(P-1)}{2}$	$\sum_{ij} \frac{(Y_{ij.} - Y_{ji.})^2}{2k}$

On éprouve l'hypothèse de nullité de σ_m^2 et $\sigma_{r'}^2$ (r' = effet résiduel réciproque) par le test de F.

$$\sigma_m^2 = 0 \quad F \quad (p-1) (k-1) (p^2-p-1) = \frac{CM_m}{CM_E}$$

$$\sigma_{r'}^2 = 0 \quad F \quad (p-1) (p-2), (k-1) (p^2-p-1) = \frac{CM_{r'}}{CM_E}$$

- L'effet maternel est significatif pour les caractères MV et % MS
- La résiduelle réciproque est significative pour les caractères MV et MST.

chaque fois que l'effet maternel ou l'effet résiduelle réciproque est significatif. On peut calculer les paramètres :

m_i = effet dû à l'individu i en tant que mère (effet maternel) et sa variance σ_m^2 ,

r'_{ij} = effet réciproque autre que l'effet maternel, et sa variance $\frac{2}{r'}$, avec comme restriction :

$$\sum m_i = 0$$

$$\sum r'_{ij} = 0$$

Le problème qu'on se pose est de savoir si ces nouvelles variances peuvent modifier significativement ou pas les variances d'AGC (σ_{gi}^2) et d'ASC (σ_{Sij}^2) et par voie de conséquence la valeur de l'héritabilité.

Ces hypothèses ne sont que des suggestions et nous n'en avons pas tenu compte dans le cas présent pour le calcul de l'héritabilité.

83. Variances.

	MV	% MS	MST
$\sigma_G^2 = \frac{3}{16} (CM_{AG} - CM_E)$	0	59,78	0
$\sigma_{Sij}^2 = \frac{1}{4} (CM_{AS} - CM_E)$	0	0	0,104

84. Héritabilité.

$h = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma_S^2 + \sigma_E^2}$	0	0,34	0
$h' = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_S^2}{\sigma_G^2 + \sigma_S^2 + \sigma_E^2}$	0	0,34	0,43

85. Aptitudes à la combinaison. (g_i et S_{ij})

Pour les 3 caractères.

1°)- AGC (g_i)

Clones	MV	% MS	MST
T 35	- 0,70	+ 0,78	- 0,16
T 41	+ 0,36	- 1,84	+ 0,06
T 47	- 0,27	+ 6,72	(-) 0,00
T 49	+ 0,61	- 5,66	+ 0,10

2°)- ASC (S_{ij})

Croisements

T35 x T41	+ 0,16	- 1,54	+ 0,02
T35 x T47	- 0,82	+ 3,90	- 0,16
T35 x T49	+ 0,66	- 2,35	+ 0,14
T41 x T47	+ 0,66	- 2,35	+ 0,15
T41 x T49	- 0,82	+ 3,90	- 0,16
T47 x T49	+ 0,16	- 1,54	+ 0,03

- Sur le premier tableau seul le g_i du % de MS nous intéresse. Les g_i des caractères MV et MST ne figurent ici qu'à titre purement indicatif puisque leur effet n'est pas significatif, autrement dit, la variation qu'on observe dans les croisements pour les caractères MV et MST ne provient pas de l'appétitude générale à la combinaison des clones.

- Sur le deuxième tableau seul l'ASC (S_{ij}) de la MST présente un intérêt. Nous avons déjà signalé que le choix de meilleurs géniteurs était basé sur l'AGC et sur l'ASC pour un caractère considéré. On ne peut tenir compte des 3 caractères à la fois pour la sélection que dans la mesure où il n'y a pas de corrélation négative entre deux quelconques de ces caractères, sinon la sélection peut se faire soit simultanément sur les caractères en question, soit par niveaux indépendants. Nous n'arrivons d'ailleurs pas à ce stade puisque pour un même caractère l'AGC et l'ASC ne sont pas simultanément significatifs.

- On peut dire que les clones sont neutres en AG et S pour le caractère MV.

- Il existe des clones qui ont une bonne (par rapport à l'ensemble des clones étudiés) AGC pour le caractère % MS. T47 par exemple, tandis que T49 a une mauvaise AGC.

- Considérant les croisements, T35 x T49; T41 x T47, sont ceux qui se combinent spécifiquement mieux que les autres pour le rendement en matière sèche totale.

Il ne faudrait pas perdre de vue que ces caractères ont été analysés en début d'exploitation (première coupe) et qu'il est possible qu'on ait des résultats très différents en considérant plusieurs coupes sur le même pied. Si après plusieurs coupes les résultats de l'analyse de variance sont similaires à ceux de la première. On peut conclure que la variabilité des caractères étudiés n'est pas grande pour ces quatre clones.

Source de variation	ddl	S C E	Espérance Mathémat. des C M
Bloc	$h-1$	$\frac{\sum Y_{.k}^2}{p(p-1)} - \frac{Y_{..}^2}{kp(p-1)}$	$\sigma^2 + \frac{p(p-1)}{k-1} \sum \frac{b_k^2}{k}$
Croisements	$p(p-1)-1$	$\frac{\sum Y_{ij.}^2}{k} - \frac{Y_{..}^2}{k p(p-1)}$	$\sigma^2 + \frac{k}{p(p-1)-1} \sum v_{ij}^2$
AGC	$p-1$	$\frac{\sum (Y_{i..} + Y_{.i.})^2}{2k(p-2)} - \frac{2 Y_{...}^2}{kp(p-2)}$	$\sigma^2 + \frac{2k(p-2)}{p-1} \sum g_i^2$
ASC	$\frac{p(p-3)}{2}$	$\frac{\sum (Y_{ij.} + Y_{ji.})^2}{2k} - \frac{\sum (Y_{i..} + Y_{.i.})^2}{2k(p-2)} + \frac{Y_{..}^2}{k(p-1)(p-2)}$	$\sigma^2 + 2 \frac{2k}{p(p-3)} \sum_{i < j} s_{ij}^2$
Réciproque	$\frac{p(p-1)}{2}$	$\frac{\sum (Y_{ij.} - Y_{ji.})^2}{2k}$	$\sigma^2 + 2 \frac{r r'}{p(p-1)} \sum_{i < j} r_{ij}^2$
Résiduelle	$\mu = (k-1) \times (p(p-1)-1)$	par différence	σ^2
Totale	$kp(p-1)-1$	$ijk \quad Y_{ijk} - \frac{Y_{..}^2}{kp(p-1)}$	

E.V. Tableau 3 - Résultats des croisements et réciproques par bloc

	T35xT41	T35xT47	T35xT49	T41xT35	T41xT47	T41xT49	T47xT35	T47xT41	T47xT49	T49xT35	T49xT41	T49xT47	TOTAL
N° d'ordre	2	3	4	5	7	8	9	10	12	13	14	15	
Bloc I	10,8	3,9	7,4	7,0	8,6	3,9	6,6	6,9	8,6	5,3	7,0	7,1	83,1
Bloc II	7,2	6,2	10,9	6,7	11,2	12,4	6,2	8,6	9,4	8,4	10,9	6,3	104,4
Bloc III	11,8	8,0	10,5	5,0	11,8	7,9	6,9	8,3	10,0	10,0	9,1	7,8	107,1
Bloc IV	11,4	7,1	9,8	4,5	8,0	9,9	6,6	8,4	10,5	8,0	5,9	10,1	100,2
Total	41,2	25,2	38,6	223,2	39,6	34,1	26,3	32,2	38,5	31,7	32,9	31,3	394,8

y.i.

	T35	T41	T47	T49	Total
T35		41,2	25,2	38,6	105,0
T41	23,2		39,6	34,1	96,9
T47	26,3	32,2		38,5	97,0
T49	31,7	32,9	31,3		95,9
Total	81,2	106,3	96,1	111,2	394,8

	T35	T41	T47	T49
T35		ij - ji 18	ij - ji 1,1	ij - ji 6,9
T41	ixi + ji 64,4		ij - ji 7,4	ij - ji 1,2
T47	ij + ji 51,5	ij + ji 71,8		ij - ji 7,2
T49	ij + ji 70,3	ij + ji 67,0	ij + ji 69,8	

Yi.. Tableau 4 - Résultat des croisements pour l'ensemble des 4 blocs.

Tableau 5 - Diagonale inférieure somme de croisements, et réciproques.
Diagonale supérieure : différence entre croisements et réciproques.

Tableau 3 a

% M. S.

Croisement	T35xT41	T35xT47	T35xT49	T41xT35	T41xT47	T41xT49	T47xT35	T47xT41	T47xT49	T49xT35	T49xT41	T49xT47	
d'ordre	2	3	4	5	7	8	9	10	12	13	14	15	Y..k
Bloc I	213	241	211	233	247	240	251	222	229	228	237	238	2790
II	205	238	227	254	232	215	232	250	220	221	210	232	2736
III	213	223	210	241	219	223	238	220	240	223	240	239	2729
IV	224	253	231	240	235	220	259	239	218	235	230	224	2808
<u>Yij</u> <u>total</u>	855	955	879	968	933	898	980	931	907	907	917	933	11063

	T35	T41	T47	T49	Y..i
T35		855	955	879	2.689
T41	968		933	898	2.799
T47	980	931		907	2.818
T49	907	917	933		2.757
Yi..	2855	2703	2821	2684	11.063

Tableau 4a

	T35	T41	T47	T49
T35		ij - ji	ij - ji	ij - ji
T41	113		25	28
T47	1823	ij + ji	ij - ji	ij - ji
T49	1935	1864	2	19
	1786	1815	1840	

Tableau 5 a

M S T CROISEMENTS ET RECIPROQUES

Tableau 3b

Croisement	T35xT41	T35xT47	T35xT49	T41xT35	T41xT47	T41xT49	T47xT35	T47xT41	T47xT49	T49xT35	T49xT41	T49xT47	
d'ordre	2	3	4	5	7	8	9	10	12	13	14	15	
Bloc I	230,04	93,99	156,14	163,10	212,42	93,60	165,66	153,18	196,94	120,84	165,90	168,98	1.920,79
" II	147,60	147,56	247,43	170,18	259,84	266,60	143,84	215,00	206,80	185,64	228,90	146,16	2.365,55
" III	251,34	178,40	220,50	120,50	258,42	176,17	164,22	182,60	240,00	223,00	218,40	186,42	2.419,97
" IV	255,36	179,63	226,38	108,00	188,00	217,80	170,94	200,16	228,90	188,00	135,70	226,24	2.325,71
	1884,34	1599,58	1850,45	1561,78	1918,68	1754,17	1644,66	1751,54	1872,64	1717,48	1748,90	1727,80	9.032,02

	T35	T41	T47	T49	Y.i.
T35		8,8434	5,9958	8,5045	23,3437
T41	5,6178		9,1868	7,5417	22,3463
T47	6,4466	7,5154		8,7264	22,6884
T49	7,1748	7,4890	7,2780		21,9418
Yi..	19,2392	23,8478	22,4006	24,7726	80,3202

Tableau 4b

	T35	T41	T47	T49
T35		ij - ji		
		3,2256	0,4508	1,3297
T41	ij + ji			
	14,4612		1,6714	0,0527
T47				
	12,4424	16,7022		1,4484
T49				
	15,6793	15,0307	16,0044	

Tableau 5b

Origine de la variation	ddl	S C E			C M			F				
			MV	% MS	MST	MV	% MS	MST	MV	% MS	MST	
Bloc	3	$\sum_k \frac{Y_{.k}^2}{12} - \frac{Y_{..}^2}{48}$	1	29,06	384,06	1,301	9,69	128,02	0,484	3,43*	1,12	3,17*
Croisement	11	$\sum_{ij} \frac{Y_{ij}^2}{4} - \frac{Y_{..}^2}{48}$	2	95,13	3570,23	3,557	8,65	324,57	0,322	3,06**	2,85**	2,36*
A G C	3	$\sum_i \frac{(Y_{i..} + Y_{.i})^2}{16} = \frac{2Y_{..}^2}{32}$	-	16,98	1298,31	0,295	5,66	432,77	0,098	2,01	3,80*	0,72
A S C	2	$\sum_{i \neq j} \frac{(Y_{ij.} + Y_{ji.})^2}{8} - \frac{\sum_i (Y_{i..} + Y_{.i})^2}{16} + \frac{Y_{..}^2}{24}$	=	18,04	369,54	1,103	9,02	184,77	0,552	3,20	1,62	4,03
Reciproque	6	$\sum \frac{(Y_{ij.} - Y_{ji.})^2}{8}$	4	60,11	1902,38	2,159	10,02	317,06	0,360	3,55**	2,78*	2,63*
Effet maternel	3	$\sum \frac{(Y_{i..} - Y_{.i})^2}{32}$	5	27,80	1315,94	0,850	9,27	438,65	0,283	3,29*	3,85*	2,07
Rés. Réciproque	3	Par différence 4 - 5	=	32,31	586,44	1,309	10,77	195,48	0,436	3,82*	1,72	3,19*
Résiduelle	33	Par différence 3 - 1 - 2	=	93,15	3759,69	4,520	2,82	113,93	0,137			
Totale	47	$\sum Y_{ijk}^2 - \frac{Y_{..}^2}{48}$	3	217,33	7	9,377						

* Significatif à 5 %
** Significatif à 1 %

\bar{y} = MV 8,23 %MS 230,48 MST 1,88
CV = 20,43 4,63 19,67