

Analyse diallèle du poids de mille graines chez le sésame

Bertin Zagre, Didier Balma, Philippe Cattan

Le sésame (*Sesamum indicum* L.) est une plante oléagineuse diploïde ($2n = 26$), autogame, cultivée principalement sous les climats chauds et qui présente de nombreuses potentialités sur les plans économique et agronomique. Ses graines constituent des sources commerciales d'huile comestible (teneur variant entre 35 et 60 %) et de protéines [1]. Au Burkina Faso, le sésame, tout comme le coton et l'arachide, procure aux paysans des revenus substantiels. On l'utilise pour la fabrication de gâteaux, sauces, savon, peintures, insecticides, produits pharmaceutiques, etc. Les tourteaux et les farines possèdent une grande valeur nutritive pour les vaches laitières.

Actuellement le marché est demandeur de variétés à graines de grande taille au tégument blanc. Les variétés actuellement disponibles au Burkina Faso ne répondent que partiellement à ces critères, ce qui rend indispensable la création de nouveaux cultivars. Dans cette perspective, un des problèmes rencontrés par le sélectionneur est le choix de géniteurs à inclure dans un programme d'amélioration génétique.

B. Zagre, D. Balma : INERA/CREAF de Kamboinsé, 01 BP 476 Ouagadougou 01, Burkina Faso.
P. Cattan : CIRAD/INERA 01 BP 596 Ouagadougou 01, Burkina Faso.

Tirés à part : B. Zagre

Le poids de 1 000 graines étant l'un des principaux critères d'adaptation au marché qui présente une forte corrélation avec le rendement en grains [2], notre travail présente une étude diallèle sur ce caractère, pour en déterminer les aptitudes générales et spécifiques à la combinaison et pour en estimer les diverses composantes génétiques.

Nous avons étudié cinq variétés de sésame (38-1-7, 32-15, Cross N° 3, Yendeu 55 et S42) vulgarisées au Burkina Faso et présentant une large variation du poids de 1 000 graines. Les longueurs de cycle de ces variétés sont : 90 jours pour les deux premières et la dernière et 95 pour le reste. Leurs poids de 1 000 graines en grammes sont respectivement de 3,03, 4,03, 3,00, 1,03 et 4,78.

L'étude a été conduite en 1994 à la station expérimentale de Gampéla située à 15 km à l'est de Ouagadougou (Burkina Faso). Les croisements ont été réalisés selon le schéma diallèle incluant les croisements réciproques par castration manuelle. Les vingt hybrides F_1 et les cinq parents ont été implantés sous forme d'essai en blocs de Fisher à trois répétitions durant deux campagnes. Chaque génotype est semé sur deux lignes de 6 m chacune à écartement de 60 cm entre les lignes et 20 cm sur la ligne. L'interaction entre années n'étant pas significative, le *tableau 1* présente les moyennes des deux années d'expérimentation. Le poids de 1 000 graines (en gramme) a été mesuré et une moyenne par parcelle obtenue sur trente échantillons. Les résultats sont présentés sous

la forme de tableaux à double entrée de 25 cases correspondant à chacun des cinq parents et de leurs 20 croisements. L'exploitation des données a été réalisée selon les deux méthodes présentées dans l'*encadré*. Le modèle 1 à effets fixes a été utilisé pour l'interprétation dans le cas du modèle de Griffing.

Une ligne ou une colonne contient tous les descendants ayant respectivement un géniteur femelle ou mâle constant, alors que les cases de la diagonale présentent les résultats observés chez les parents. Ces diverses cases rapportent la valeur moyenne d'un caractère, calculée après vérification de l'homogénéité des variances de son expression dans chaque traitement par l'intermédiaire du test de Bartlett. Les valeurs moyennes du poids de 1 000 graines en grammes calculées pour les génotypes sont indiquées dans le *tableau 2*. La variation hautement significative entre génotypes (F calculé = 58,54) permet de poursuivre le traitement par la méthode de Griffing. La valeur moyenne des hybrides F_1 (3,146 g) est très voisine de la valeur moyenne parentale (3,137 g).

Les résultats montrent que les effets d'AGC et d'ASC interviennent très significativement (avec des F calculés respectifs de 335,71 et 3,96) dans l'expression du caractère en F_1 alors que les effets réciproques (ERC) ne jouent aucun rôle. La valeur élevée, 34,3 du rapport variance AGC/ASC indique que l'additivité exerce une influence prépondérante dans le fonctionnement génétique du caractère, ce qui confirme l'importance du taux d'héritabilité

(98,5 %) et suggère d'orienter la recherche de meilleures balances internes sur la base du choix des géniteurs.

L'interprétation par le modèle de Griffing est moins rigide et est susceptible d'éclairer le sélectionneur en vue d'un croisement diallèle [7] sur la base des aptitudes à la combinaison au niveau global et individuel. En ce qui concerne les effets individuels (tableau 3), on peut classer les divers parents selon leur AGCi (aptitude générale à la combinaison de chaque parent).

Les variétés S42 et 32-15 possèdent les plus grosses graines et ont tendance à transmettre cette propriété à leur descendance. La variété Yendev 55 possède des graines de petite taille et transmet ce caractère à ses descendants. Toutefois, sa forte variance propre indique que cette influence est variable selon les descendance. Les variétés Cross N° 3 et 38-1-7 quant à elles transmettent des poids moyens avec une bonne régularité (tableau 3).

Les résultats de l'analyse de Hayman (tableau 4) présentent le même degré de signification des effets d'additivité (AGC) ou de dominance (ASC) du caractère poids de mille graines que le modèle de Griffing. Le terme b_1 qui exprime la déviation moyenne des hybrides F_1 comparée à celles des parents étant non significatif, la dominance est bidirectionnelle (les gènes dominants à effets positifs et négatifs co-existent dans les génotypes parentaux), ce qui ouvre des possibilités d'obtenir des formes transgressives dans les descendance. Le terme b_2 (déviation des gènes), non significatif, indique que les allèles dominants et récessifs sont harmonieusement distribués chez les divers parents du diallèle. Les résultats (tableau 5) du test d'homogénéité de l'expression ($W_r - V_r$) indiquent que le modèle additivité-dominance est respecté. Il est donc possible de continuer l'étude et d'estimer les différentes composantes génétiques du caractère suivant les indications de l'encadré on a :

$D = 1,736$; $H_1 = 0,151$; $H_2 = 0,122$;
 $F = 0,241$; $E = 0,011$.

Le signe positif de la quantité $D - H_1$ (+ 1,6**) indique que la dominance moyenne est de type partiel ; le taux d'héritabilité calculé par la formule de Mather et Jinks est de 94,79 % soit du même ordre que l'estimation par la formule de Griffing. Sa valeur élevée indique que l'additivité représente un phénomène majeur des croisements. Les géniteurs devront donc posséder de grosses graines.

Encadré

Exploitation des données pour l'analyse diallèle par les méthodes de Griffing [3] et de Hayman [5]

La méthode de Griffing [3] permet de détecter les aptitudes générale (AGC) et spécifique (ASC) à la combinaison. Le traitement des données par ce modèle permet de donner des renseignements sur les aptitudes à la combinaison au niveau global et individuel ; ainsi l'AGC et l'ASC dominant des informations sur respectivement les effets additifs et de dominance, il est possible par le calcul de la quantité « variance AGC/variance totale », d'estimer l'héritabilité au sens strict [4].

La méthode de Hayman [5] permet d'estimer les différentes composantes génétiques du caractère et les divers paramètres : l'additivité, la dominance, les effets réciproques, l'hétérosis et l'héritabilité. Les analyses des données selon le modèle de Hayman regroupent quatre types d'analyse qui se complètent au niveau de l'interprétation : l'analyse de variance des tables diallèles testant la signification de divers termes qui ne sont pas sans analogie avec les aptitudes à la combinaison ; le test de validité du modèle, l'analyse statistique des composantes génétiques de la variation totale et l'analyse des relations entre les termes statistiques de Hayman

Pour un caractère donné, les expressions statistiques et les symboles utilisés dans le modèle de Hayman sont les suivants :

VP : variance des parents ;

Vr : variance d'un parent r et de ses descendants ;

Wr : co-variance entre parent r et ses descendants ;

W'r : co-variance entre la valeur de chaque descendant d'un parent r et des autres descendants de ce parent ;

Yr : valeur d'un parent r.

L'interprétation par le modèle de Hayman ne peut se réaliser que lorsque certaines conditions sont vérifiées : homozygotie des parents, pas de différence entre les croisements réciproques, absence de multi-allélisme, parents diploïdes, absence d'épistasie, pas d'effets maternels, distribution indépendante des gènes en cause chez les parents.

On peut estimer les diverses composantes génétiques de la variation et tester leur signification à partir de leur variance propre et des termes statistiques suivants :

E : composante due à l'environnement ;

D : composante due aux effets additifs ;

H_1 : composante due aux effets non additifs ;

H_2 : composante due aux effets non additifs pondérés en fonction d'une éventuelle asymétrie dans la distribution des allèles aux loci représentant de la dominance ;

F : covariance entre les effets additifs et non additifs.

La connaissance de ces composantes permet les calculs suivants :

$D - H_1$, dont le signe exprime le type de dominance.

$1/2 (D + H_1 - H_2 - F) / 1/2 (D + H_1 - F) - 1/4 H_2 + E$: héritabilité au sens strict [6].

La conformité du modèle avec ces restrictions ne peut être que rarement réalisée en pratique [7]. La plupart d'entre elles peuvent cependant être vérifiées au cours de l'analyse statistique, lorsque les résultats sont conformes au modèle additivité-dominance de Mather [8], même si l'interprétation des seules valeurs parentales et F_1 ne permet pas de contrôler totalement les facteurs de non-conformité au modèle [9]. Par ailleurs, l'influence des effets réciproques est effacée en travaillant sur la moyenne des cases réciproques [10].

Diallel analysis using Griffing and Hayman methods

Tableau 1

Poids moyen de 1 000 graines (g) des variétés de sésame par bloc et par traitement (moyenne réalisée sur 30 échantillons)

	Mâles	38-1-7	32-15	Cross N° 3	Yendev 55	S42
Femelles						
	1	2,83	3,57	3,40	2,52	3,62
38-1-7	2	2,97	3,63	3,35	2,36	3,94
	3	3,07	3,36	3,27	2,57	3,79
	1	3,45	3,35	3,38	2,79	4,27
32-15	2	3,55	4,29	3,26	2,74	4,03
	3	3,53	4,22	3,44	2,48	4,37
	1	3,13	3,46	2,87	2,27	3,45
Cross N° 3	2	3,29	3,45	2,83	1,97	3,35
	3	2,91	3,59	3,08	2,04	3,21
	1	2,52	2,56	2,34	1,33	2,70
Yendev 55	2	2,10	2,81	1,87	1,03	2,39
	3	2,20	2,60	1,93	1,22	2,45
	1	3,40	4,43	3,93	2,89	4,49
S42	2	3,49	4,36	3,67	2,60	4,74
	3	3,60	4,73	3,64	2,78	4,74

1, 2, 3 : blocs ; valeur des hybrides F₁ : 3,146 g ; valeur moyenne parentale : 3,137 g.

Mean 1,000-seed weights (g) for each block and treatment (mean of 30 samples)

Tableau 2

Valeurs moyennes du poids de 1 000 graines en grammes pour les génotypes de sésame

	Mâles	38-1-7	32-15	Cross N° 3	Yendev 55	S-42	Moyenne
Femelles							
38-1-7		2,957	3,520	3,340	2,483	3,783	3,217
32-15		3,510	3,957	3,360	2,670	4,223	3,544
Cross N° 3		3,110	3,500	2,927	2,093	3,337	3,000
Yendev 55		2,273	2,657	2,047	1,193	2,530	2,140
S-42		3,497	4,507	3,747	2,757	4,657	3,833
Moyenne		3,069	3,628	3,084	2,239	3,713	3,147

Mean 1,000-seed weights (g) for each genotype studied

Le calcul de la régression linéaire de W_r sur V_r (figure 1) fournit un coefficient de 1,03, qui vient en appui à la conformité du modèle : seuls les gènes à action additive et dominante existent chez les parents et il n'y a probablement pas d'interaction entre eux. Le rapport $\overline{AB}/\overline{OA}$ (0,15)

confirme que la dominance moyenne est de type partiel. Les points d'intersection M et M' de la parabole avec la droite de régression de W_r sur V_r caractérisent des génotypes théoriques possédant respectivement tous les gènes dominants (W_r et V_r faibles) et tous les gènes récessifs (W_r

Summary

Diallel analysis of the thousand-seed weight in sesame *Sesamum indicum* L.

B. Zagre, D. Balma, P. Cattan

A diallel analysis of the 1,000-seed weight in *Sesamum indicum* L. was conducted using a 5 × 5 complete diallel cross. Analysis of the F₁ derived from these crosses, using Griffing and Hayman models, showed a partial degree of dominance, with positive and negative alleles being more or less equally distributed among the parents. The estimated heritability of 1,000-seed weights was 0.95. Suitable parents for hybridization should be chosen when breeding for this character.

Cahiers Agricultures 1999 ; 8 : 118-22.

et V_r élevées). La variété 38-1-7 est proche de M. La variété S42 (voisine du point M'), avec des valeurs élevées de W_r et V_r , possède le plus grand nombre de gènes récessifs, ce qui indique que des possibilités d'obtenir une transgression sont relativement faibles. Néanmoins il existe une petite distance entre S42 et M'. On peut espérer obtenir une transgression

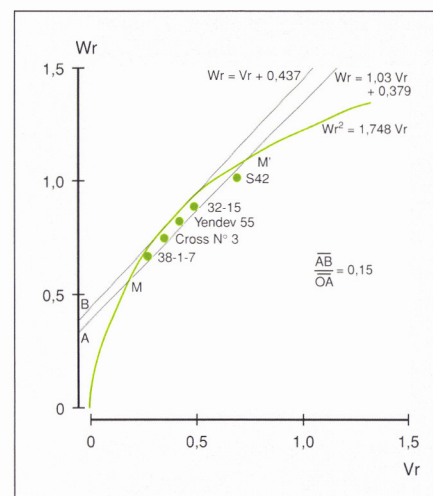


Figure 1. Représentation graphique de W_r en fonction de V_r du caractère poids de 1 000 graines. W_r : covariance entre parent r et ses descendants ; V_r : variance d'un parent r et de ses descendants.

Figure 1. Graphical description of W_r calculated from V_r of 1,000 seeds weight (g) trait.

Tableau 3

Aptitude générale à la combinaison (AGCi) et variance $\sigma^2(\text{gi})$ propres à chaque parent

Parents	AGCi	$\sigma^2(\text{gi})$
38-1-7	- 0,003 ^{ns}	0,000009
32-15	0,440**	0,036481
Cross N° 3	- 0,105 ^{ns}	0,000064
Yendev 55	- 0,957 ^{ns}	0,831784
S42	0,626**	0,148225

** Hautement significatif ; ^{ns} : non significatif.

General combining ability and variance obtained for each parent

Tableau 4

Analyse de variance de Hayman relative au poids de 1 000 grains du sésame (d'après Griffing *et al.* [3])

Terme de Hayman	Effet testé	Variance	F calculé
a	Additivité	45,26	147,88**
b	Dominance	1,33	3,22**
b ₁	Sens de dominance	0,001	0,006 ^{ns}
b ₂	Distribution des gènes	0,556	6,41 ^{ns}
b ₃	ASC proprement dite	0,776	4,46**
c	Effet maternel moyen	0,483	16,30**
d	Différences réciproques	0,280	4,72 ^{ns}

* Hautement significatif ; ^{ns} : non significatif.

Variance analysis for 1,000-seed weight (g) using the Hayman method

Tableau 5

Test d'homogénéité de la quantité (Wr-Vr) attachée à chaque parent

Source de variation	Degré de liberté	Somme des carrés des écarts	Carré moyen	F calculé
Total	14	0,1183		
(Wr-Vr)	4	0,0170	0,0004	1,47 ^{ns}
Blocs	2	0,1141	0,0571	192,73**
Résiduelle	8	0,0240	0,0003	

** Hautement significatif ; ^{ns} : non significatif ; H (Wr-Vr) : degré de dominance.

Homogeneity test for Wr-Vr expression related to each parent

dans les descendance de S42 croisée avec les autres variétés. Parmi les autres variétés, Yendev 55 se situe au-dessus de la droite de régression (figure 2). Cette variété renfermerait un gène récessif favorisant

les petites graines. La variété 38-1-7 se situant, en revanche, en dessous de la droite renfermerait un gène dominant favorable au caractère poids de mille graines.

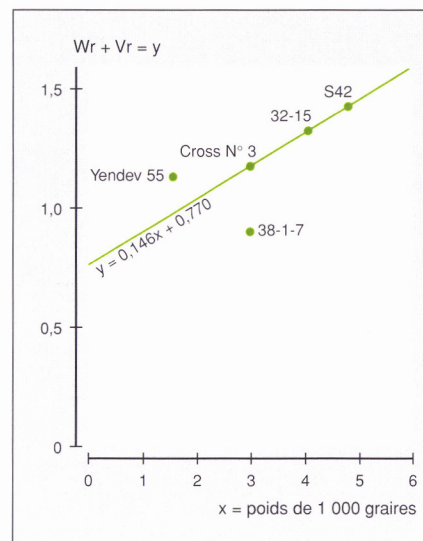


Figure 2. Représentation graphique de la quantité $W_r + V_r$ en fonction de X du poids de 1 000 graines. $W_r + V_r$: ordre parental de dominance.

Figure 2. Graphical description of $(W_r + V_r)$ calculated from weight (g) of 1,000 seeds.

L'étude diallele du poids de mille graines chez le sésame devrait permettre d'exploiter efficacement la variabilité des croisements sur la base du déterminisme génétique de ce caractère et de son mode de transmission à la descendance. La part prépondérante de l'additivité indique que la sélection sera efficace dès la F_2 . Le caractère poids de mille graines étant contrôlé par des gènes de dominance inverse, les croisements peuvent donner des formes transgressives possédant à la fois des gènes dominants et récessifs favorables, les effets réciproques n'intervenant pas dans l'expression hybride F_1 du caractère.

Outre la productivité, la recherche doit poursuivre un objectif d'amélioration de la qualité (grosesse et blancheur des graines) dictée par les exigences du marché. Dans le cas présent, l'amélioration du poids de 1 000 graines est obtenue en croisant les deux meilleurs parents : S42 et 32-15 ■

Références

1. Weiss E.A. *Castor, sesame and safflower*. London : Leonard Hill Books, 1971 ; 210 p.
2. Djigma A. Conditionnement génétique des caractères liés au rendement chez le sésame (*Sesamum Indicum* L.). *Oléagineux* 1984 ; 39 : 217-22.

3. Griffing B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. *Austr J Biol Sci* 1956 ; 9 : 463-93.
4. René Chaume R, Pernes J, Combes D, René J. *Breeding of Panicum maximum*. Adiopodoumè : ORSTOM, 1973 ; 11 p.
5. Hayman B. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics* 1994 ; 39 : 789-809.
6. Cousin R. Les essais diallèles. *Le sélectionneur français* 1969 ; 76-85.
7. Arunalacham V. Evaluation of diallel cross by graphical and combining ability methods. *Int J Genet Plant Breed* 1976 ; 36 : 358-66.
8. Mather K, Jinks C. *Biometrical genetics*. London : Chapman and Hall, 1982 ; 396 p.
9. Chatel M. Analyse diallèle de quelques caractères quantitatifs chez le riz. *Agron Trop* 1980 ; 34 : 402-9.
10. Feyt J. *Interprétation des croisements diallèles, méthodes de Hayman*. Orsay, Université de Paris-Sud : Laboratoire d'amélioration des plantes, 1972 ; 25 p.

Résumé

On a procédé à une analyse diallèle complète sur le poids de mille graines chez cinq variétés de sésame (*Sesamum indicum* L.). L'étude sur les hybrides F₁ par les modèles de Hayman et de Griffing a montré que le degré de dominance est de type partiel et les allèles favorables au caractère sont plus ou moins également répartis chez les parents. L'estimation de l'héritabilité au sens strict est de l'ordre de 95 %. Pour l'amélioration du poids de mille graines un choix rigoureux des géniteurs est nécessaire avant d'effectuer les croisements.



Gérard DEBRY
1993, broché
860 pages
ISBN : 2-7420-0070-4

690 F

La « somme » sur les glucides à saveur sucrée :
saccharose, glucose, fructose

- Beaucoup de fausses notions ont été diffusées à tort aux professions de santé et aux consommateurs.
- Il convenait donc de réaliser une étude critique des données scientifiques publiées afin de distinguer celles qui sont établies avec certitude de celles qui sont douteuses ou erronées.
- L'analyse de plus de 4 500 publications scientifiques présentées dans cet ouvrage devrait permettre aux différents publics de satisfaire leur plaisir sans mettre en danger leur santé.

Bon de commande

Éditions John Libbey Eurotext 127, avenue de la République
92120 Montrouge - FRANCE Tél : 33 (1) 46 73 06 60 Fax : 33 (1) 40 84 09 99



Je désire recevoir :

Sucres et Santé 550 FF

Frais de port forfaitaires 30 FF

Total : **580 FF**

NOM : _____

Prénom : _____

Adresse : _____

CP : _____ Ville : _____

Pays : _____

Ci-joint mon règlement d'un montant de : FF

Par chèque, à l'ordre des **Éditions John Libbey Eurotext**

Par carte bancaire :

Visa Eurocard/Mastercard American Express

Carte N° | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

Date d'expiration : | | | | | | | | | |

Signature : _____