

Evolution, au cours du temps, de la consanguinité des variétés de pêcher.

Etude des distances génétiques entre quelques géniteurs.

Suzanne REYNDERS et R. MONET*

EVOLUTION, AU COURS DU TEMPS, DE LA CONSANGUINITE DES VARIETES DE PECHER. ETUDE DES DISTANCES GENETIQUES ENTRE QUELQUES GENITEURS.

Suzanne REYNDERS et R. MONET.

Fruits, Sep. 1987, vol. 42, n° 9, p. 529-535.

RESUME - Nous avons tout d'abord tenté de vérifier l'hypothèse selon laquelle les méthodes de sélection du pêcher, telles qu'elles sont pratiquées traditionnellement, tendent à augmenter progressivement le taux de consanguinité des variétés.

Cette étude, qui a porté sur plus de 200 variétés, montre que la moyenne de la consanguinité est élevée : 0,4. Cependant, l'absence de stratégie des sélectionneurs ne permet pas de mettre en évidence une progression linéaire du taux de consanguinité au cours du temps. Ceux-ci, en effet, utilisent sans réelle méthode, pollinisations libres, autofécondations et croisements avec parfois le retour à un pool de variétés anciennes non encore exploitées.

Le laboratoire a entrepris la création de lignées pures pour procéder en fin de course à des croisements. Nous avons donc cherché à vérifier si le choix des géniteurs de départ était rationnel, c'est-à-dire s'il maximisait les distances génétiques entre les lignées qui allaient être ainsi créées. Nous avons donc utilisé trois critères de distance pour déterminer les parents les plus éloignés et donc les meilleurs croisements à réaliser :

- tout d'abord le lien de parenté qui est estimé par le coefficient de parenté de Malécot ;
 - puis la divergence phénotypique par une étude biométrique portant sur certains caractères quantitatifs mesurés sur les générations successives d'autofécondation ;
 - enfin la divergence moléculaire par l'utilisation de l'électrophorèse enzymatique sur extraits de feuilles.
- Ces trois approches donnent des images différentes des liens existant entre les variétés étudiées. En effet, on les distingue bien par le coefficient de parenté, au contraire, on avance en similarité dans l'étude biométrique pour arriver à une homogénéité quasi-totale dans l'approche moléculaire.

INTRODUCTION

Rappelons tout d'abord que le pêcher est une espèce diploïde autogame préférentielle mais aussi interféconde. Traditionnellement les sélectionneurs ont donc pu réaliser autofécondations, pollinisations libres et hybridations. Mais l'ascendance précise des géniteurs est rarement connue et ceux-ci sont choisis pour leurs caractères phénotypiques, notamment pour la qualité des fruits. De nombreux auteurs considèrent que la variabilité génétique du pêcher est extrêmement réduite ; aussi, dans une première partie, a-t-il semblé intéressant d'étudier l'évolution de la consanguinité depuis les premières hybridations jusqu'à nos jours.

La stratégie d'amélioration du pêcher mise en oeuvre à la station de Bordeaux, consistant à créer des lignées

pures destinées à entrer dans des croisements, nous avons cherché dans une deuxième partie à calculer les distances génétiques entre quelques géniteurs, de façon à optimiser le choix des croisements à réaliser.

EVOLUTION AU COURS DU TEMPS DE LA CONSANGUINITE DES VARIETES DE PECHER

Nous avons observé l'évolution de la consanguinité de l'ensemble des variétés obtenues aux Etats-Unis depuis 1925 jusqu'à nos jours. Puis nous avons fait la comparaison des coefficients de consanguinité des variétés obtenues par un sélectionneur privé : MERRILL à ceux des variétés obtenues par un organisme public : l'United State Department of Agriculture (USDA).

Pour chaque variété, choisie pour son importance d'un point de vue commercial, nous avons déterminé le plus précisément possible l'ascendance et tracé l'arbre généalo-

* - INRA - Station de Recherches d'Arboriculture fruitière
La Grande Ferrade - 33140 PONT DE LA MAYE

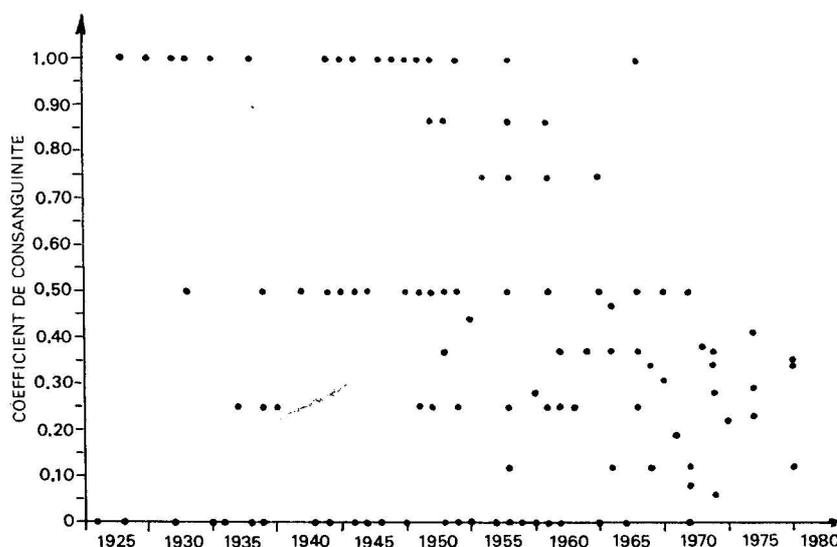


Figure 1 - Evolution de la consanguinité du pêcher.

gique correspondant. Il a ainsi été possible de calculer dans chaque cas le coefficient de consanguinité.

Evolution de la consanguinité de l'ensemble des variétés.

Sur la figure 1 qui rend compte de l'évolution du coefficient de consanguinité, chaque point correspond à une ou plusieurs variété(s) représentée(s) en abscisse par son année de première commercialisation et en ordonnée par son coefficient de consanguinité (f). On constate qu'il est impossible de mettre en évidence une liaison simple entre la consanguinité et le temps.

Des approximations et les hypothèses de calcul ont pu entraîner des erreurs :

- L'absence de données concernant l'ascendance de certaines variétés utilisées comme parents nous a obligé à les considérer consanguines ($f = 1$) et non apparentées aux autres, ce dernier point ayant pour conséquence de sous-évaluer la consanguinité.

- Dans certains cas on trouve des croisements $[(A \times B) \times C] \times [(A \times B) \times D]$ et rien ne nous indique si $(A \times B)$ et $(A \times B)$ sont un seul et même individu ou bien deux frères. C'est cette dernière hypothèse qui a été retenue.

- Le fait de considérer que «pollinisation libre» équivaut à «autofécondation» - le résidu d'allofécondation étant estimé à 5 p. 100 (MONET, 1983) - tend à surévaluer la consanguinité.

Ces erreurs possibles ne peuvent cependant pas expliquer la répartition désordonnée des variétés sur le graphique et l'impossibilité de trouver une relation simple entre les coefficients de consanguinité et le temps.

On pensait trouver une augmentation linéaire de la consanguinité au cours du temps : les sélectionneurs ayant dans cette hypothèse utilisé dans leurs croisements les variétés hybrides du moment et ainsi de suite.

La réalité est différente de ce que l'on imaginait :

- Les sélectionneurs ont souvent recherché des variétés anciennes jusque là non exploitées et les ont incluses dans leurs croisements. Ceci a eu pour effet d'obtenir régulièrement des variétés à consanguinité nulle.

- Ils ont aussi fait beaucoup de pollinisations libres - donc des autofécondations selon nos hypothèses - sur des variétés anciennes dont on ne connaît pas l'ascendance et qu'on a alors considérées comme ayant 1 pour coefficient de consanguinité.

- Ils ont réalisé de même beaucoup d'autofécondations successives (jusqu'en F4 dans certains cas) avec de ce fait, des coefficients élevés.

Il est important de souligner que la consanguinité moyenne des variétés est élevée, de l'ordre de 0,4. De plus, les variétés sont très apparentées. On note que :

- 10 p. 100 des variétés analysées proviennent du croisement simple de J.H. HALE (variété mâle stérile) par un parent mâle plus ou moins apparenté.

- 50 p. 100 des variétés comportent J.H. HALE dans leur ascendance.

- Des chercheurs américains (SCORZA *et al.*, 1985) ont montré que des géniteurs tels que ELBERTA, HALE-HAVEN, J.H. HALE et SOUTHLAND sont trouvés dans 30 à 73 p. 100 des ascendances de 30 cultivars d'élite étudiés.

L'analyse de la consanguinité met ainsi en évidence une absence totale de stratégie dans la sélection : les sélectionneurs utilisent à leur gré croisement et autofécondation et ont mis en péril des progrès futurs par l'utilisation répétée des mêmes géniteurs, réduisant ainsi la variabilité génétique de l'espèce pêcher.

Comparaison des sélections publique et privée.

Nous avons représenté sur un même graphique (figure 2) les variétés issues de la sélection chez MERRILL et celles

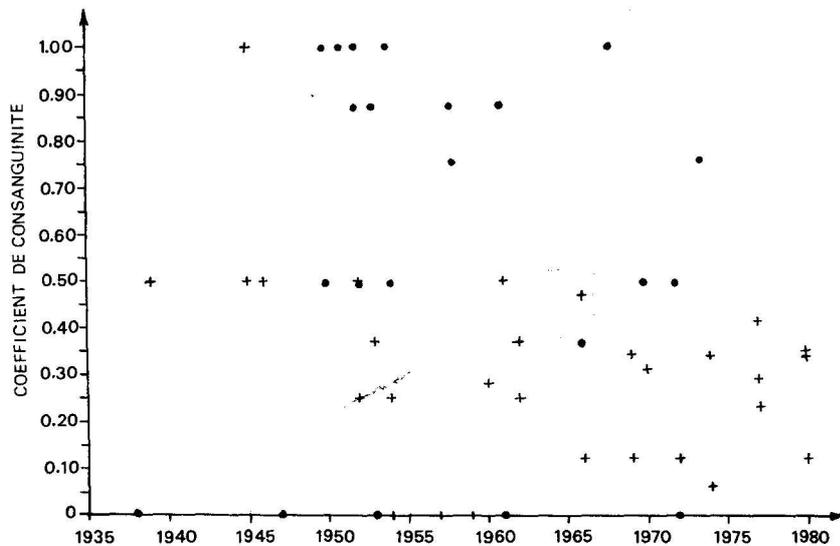


Figure 2 - Consanguinité chez MERRILL (●) et à l'USDA (+)

issues de la sélection à l'USDA. On constate une différence nette avec des points correspondant à des consanguinités plus élevées chez MERRILL qu'à l'USDA. Les moyennes rendent compte de cette différence :

0,54 chez MERRILL (41 variétés) contre
0,31 à l'USDA (39 variétés). Rappelons que la moyenne de l'ensemble des variétés était de 0,4.

L'analyse des ascendances des variétés MERRILL montre que deux méthodes de sélection ont été largement employées :

- la pollinisation libre : sur 41 variétés observées, 27 dérivent plus ou moins directement de la pollinisation libre de J.H. HALE et 12 dérivent de pollinisations libres de KIRKMAN GEM.

- l'autofécondation : parmi les variétés étudiées, 13 sont issues d'autofécondations successives pratiquées au départ soit sur des pollinisations libres, soit sur des croisements.

Le sélectionneur a donc cherché à exploiter le plus simplement possible la stérilité mâle de J.H. HALE par des pollinisations libres. Il a ensuite pratiqué des autofécondations plutôt que des croisements qui demandent plus de main-d'oeuvre.

L'étude des ascendances des variétés USDA montre au contraire que la pollinisation libre n'a été que peu employée (trois cas sur 39 variétés) et a laissé la place à des croisements ou des autofécondations. On a utilisé HALEHAVEN comme géniteur plutôt que J.H. HALE, et surtout on a souvent fait un retour à des variétés anciennes jusque là non exploitées. C'est ce qui a permis d'avoir un niveau de consanguinité plus bas et le maintien d'une plus grande variabilité.

ETUDE DES DISTANCES GENETIQUES ENTRE QUELQUES GENITEURS

La stratégie d'amélioration du pêcher mise en oeuvre

par M. MONET (1977) consiste en la création de lignées par autofécondation de génotypes choisis au départ pour leur intérêt culturel et leur faible coefficient de parenté. Les lignées homozygotes ainsi créées seront ensuite croisées afin de tenter de retrouver un effet d'hétérosis comparable à celui obtenu par les premiers hybrideurs. Parmi les variétés menées en consanguinité seules 10 ont été retenues dans cette étude. Ce sont : SUNCREST (3), FAIRHAVEN (2), REDHAVEN (3), SOUTHLAND (3), SILVERLODE (1), ROBIN (1), REDJUNE (1), REDTOP (1), REDWING (2) et MORTON (2). (Les chiffres entre parenthèses correspondent au nombre de générations d'autofécondation réalisée sur la variété).

Evaluation des distances génétiques par le coefficient de parenté.

Moins les variétés sont apparentées et plus on peut les considérer comme étant distantes génétiquement. Pour les 10 variétés étudiées, on a calculé les coefficients de parenté deux à deux. Les résultats sont résumés dans le tableau 1.

Sur la diagonale on trouve le coefficient de parenté de chaque variété avec elle-même qui correspond au coefficient de consanguinité de la première génération d'autofécondation de la variété. On constate que :

- SUNCREST et MORTON ne sont pas apparentées aux autres variétés.

- ROBIN n'est apparenté qu'à REDWING.

- Le degré moyen de parenté, qui correspondrait au degré moyen de consanguinité des hybrides obtenus si on réalisait tous les croisements possibles entre les variétés étudiées, est égal à 0,15 ce qui est très inférieur au 0,4 obtenu dans la première partie de ce travail.

Ces résultats confirment que le choix des variétés de départ a été fait de manière à minimiser l'apparentement des variétés et soulignent que 3 cultivars (SUNCREST, MORTON et REDWING) risquent de donner de bons

TABLEAU 1 - Coefficients de parenté entre les variétés.

	SUNCREST	FAIRHAVEN	REDHAVEN	SOUTHLAND	SILVERLODE	ROBIN	REDJUNE	REDTOP	REDWING	MORTON
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
SUNCREST	1	0,5								
FAIRHAVEN	2	0	0,5							
REDHAVEN	3	0	0,375	0,62						
SOUTHLAND	4	0	0,5	0,375	0,75					
SILVERLODE	5	0	0,125	0,125	0,125	0,56				
ROBIN	6	0	0	0	0	0,5				
REDJUNE	7	0	0,375	0,375	0,375	0,19	0	0,87		
REDTOP	8	0	0,375	0,375	0,375	0,19	0	0,56	0,75	
REDWING	9	0	0,25	0,25	0,25	0,125	0,25	0,375	0,375	0,5
MORTON	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0,75

résultats en croisement avec les 7 autres.

L'évaluation des distances génétiques par le coefficient de parenté est donc une méthode rapide et accessible dès que l'on connaît l'ascendance des variétés à croiser : les sélectionneurs ont donc tout intérêt à noter précisément la généalogie de leurs arbres.

Evaluation des distances génétiques par l'analyse biométrique.

Dans ce chapitre nous avons cherché à mesurer la divergence par l'étude de caractères phénotypiques issus des fiches descriptives des générations successives d'autofécondation. Les caractères analysés sont :

- poids moyen du fruit,
- importance de la coloration rouge du fruit,
- indice réfractométrique,
- acidité totale exprimée en meq/l,
- pH,
- floribondité,
- date de floraison,
- production,
- époque de maturité,
- intervalle entre floraison et maturité.

L'absence de plan d'expérimentation nous a conduit à ne faire qu'une analyse de variance à un facteur. C'est pourquoi nous avons étudié les effets «variété» et «générations d'autofécondation» en réalisant deux analyses séparées, l'une portant sur un facteur défini par la variété (les générations sont alors confondues) ; l'autre portant sur un facteur défini par le croisement entre la variété et la génération (chaque famille correspond dans ce cas à une variété donnée à une génération d'autofécondation donnée).

Pour chacun de ces deux facteurs, différentes analyses ont été effectuées pour arriver au D2 de Mahalanobis et à l'étude des similarités qui permettent la définition de distances. Ce sont :

- l'analyse de variance

On a testé ici l'effet des facteurs sur chacun des caractères. Cet effet est significatif comme le montre un test de Fisher.

- la comparaison des moyennes

Dans l'étude du facteur VARIETE x GENERATION, les tests de comparaison de moyennes permettent une analyse de l'influence de la génération d'autofécondation. Les résultats des comparaisons entre générations d'une même variété pour chacun des caractères sont résumés dans le tableau 2.

TABLEAU 2 - Evolution des caractères au cours des générations successives d'autofécondation.

	n° dans l'analyse	n° de la génération	Poids	Coloration	Indice réf.	Acidité	pH	Floribondité	Production	Floraison	Maturité	Intervalle
SUNCREST	1	1										
	2	2	↘		↘	↙		↙	↘	↘	↘	↘
	3	3										
FAIRHAVEN	4	1										
	5	2	↘	↗	↘	↗			↘	↘	↘	
REDHAVEN	6	1										
	7	2	↘	↗	↘		↘	↗	↗	↗		
	8	3										
SOUTHLAND	9	1										
	10	2	↘	↗			↗	↘	↘	↘	↘	↘
	11	3										
REDWING	17	1										
	18	2	↘	↗	↗				↘	↗		
MORTON	19	1										
	20	2	↘		↘	↘				↗		↘

| : pas de différence significative entre les moyennes
 ↗ : croissance significative
 ↘ : diminution significative

Pour le caractère « poids du fruit » on constate, pour toutes les variétés représentées par plusieurs générations une diminution significative. Les générations 1 et 2 de REDHAVEN et SOUTHLAND ne sont pas différentes entre elles mais diffèrent significativement de la troisième. Pour le caractère « production » on trouve un phénomène semblable : les deux premières générations sont souvent peu dissemblables mais la troisième est significativement plus faible. L'indice réfractométrique a lui aussi tendance à diminuer.

Pour les autres caractères, on constate en général peu de différences. On note cependant une tendance vers une coloration plus soutenue, une floraison plus tardive et une maturité plus précoce. Ces résultats semblent plutôt mettre en évidence l'effet de la sélection.

On peut donc conclure que même en autofécondant le meilleur individu d'une génération pour passer à la suivante (c'est la méthode utilisée par le laboratoire), on constate une certaine « dépression de consanguinité » entre générations successives d'autofécondation pour des caractères de type rendement tel que « poids moyen du fruit » et « production ».

- l'analyse factorielle discriminante.

Elle nous donne une représentation graphique des familles dans un espace à plusieurs dimensions. Chaque axe est défini par une combinaison linéaire de variables, choisie de manière à maximiser les distances. Dans la

pratique, on n'étudie que les 2 ou 3 premiers axes discriminants et ceux-ci doivent représenter au moins 70 p. 100 de l'information. C'est le cas dans notre étude et pour le facteur VARIETE, 2 axes suffisent. On obtient sur la figure 3 la représentation des variétés toutes générations confondues.

On remarque l'existence de groupes au sein desquels les variétés possèdent des caractéristiques communes.

L'analyse factorielle discriminante en positionnant les familles les unes par rapport aux autres, permet de déterminer celles qui sont les plus distantes ou au contraire les plus proches. Cependant, il est difficile d'avoir une idée exacte de la distance entre deux familles surtout lorsqu'il est nécessaire de travailler en trois dimensions. L'analyse de Mahalanobis qui va suivre, quantifie de manière plus précise les distances entre toutes les familles prises deux à deux. C'est ce qui nous intéresse dans le cas du choix de parents pour un croisement.

- la distance généralisée ou D2 de Mahalanobis.
Le tableau 3 récapitule ces distances.

On note que les variétés les plus éloignées sont : ROBIN et SILVERLODE avec D2 = 53 puis ROBIN et REDHAVEN avec D2 = 42,6, etc. Ces couples correspondent donc aux croisements dont on peut espérer de bons résultats.

TABLEAU 3 - Distances de Mahalanobis existant entre les variétés.

	SUNCREST	FAIRHAVEN	REDHAVEN	SOUTHLAND	SILVERLODE	ROBIN	REDJUNE	REDTOP	REDWING	MORTON	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
SUNCREST	1	0									
FAIRHAVEN	2	4,4	0								
REDHAVEN	3	9,7	5,6	0							
SOUTHLAND	4	7,9	6,6	4,1	0						
SILVERLODE	5	34,6	27,9	21	27,2	0					
ROBIN	6	29,5	33,4	42,6	31,2	53	0				
REDJUNE	7	18,3	22,6	28,9	24,7	20,5	19,8	0			
REDTOP	8	4,8	6,4	12,8	5,8	32,8	21,5	15,2	0		
REDWING	9	15,6	17,8	22	13,2	38,3	10,1	20,6	8,4	0	
MORTON	10	14,9	12,3	11,9	9,6	9,2	27,5	10	10,3	17,8	0

- l'analyse des similarités

Elle transforme la matrice de distances de Mahalanobis en matrice de similarité : plus la distance est faible et plus la similarité sera grande. Cette matrice permet d'obtenir ensuite un dendrogramme qui schématise les proximités des familles étudiées. Pour cela on procède à des groupements successifs par taux de similarité décroissant.

Pour le facteur VARIETE on observe les groupements suivants (figure 4) :

(FAIRHAVEN, SUNCREST, REDTOP) lié à (SOUTHLAND, REDHAVEN) au niveau de similarité 0,85

REDWING et ROBIN groupés au niveau 0,82

MORTON et SILVERLODE liés au niveau 0,84

Ces trois groupes sont reliés entre eux et à la variété REDJUNE à un niveau de similarité plus faible (0,44).

La variété REDJUNE apparaît donc comme un bon géniteur qui pourra être croisé indifféremment avec l'une des 9 autres variétés.

Les proximités observées sur le dendrogramme sont les mêmes que celles qui apparaissent sur la représentation graphique (figure 3).

Utilisation de l'électrophorèse enzymatique.

Elle a un intérêt dans la détermination des distances génétiques : plus deux variétés ont de bandes en commun pour les différents systèmes enzymatiques, et plus on les considère comme étant proches.

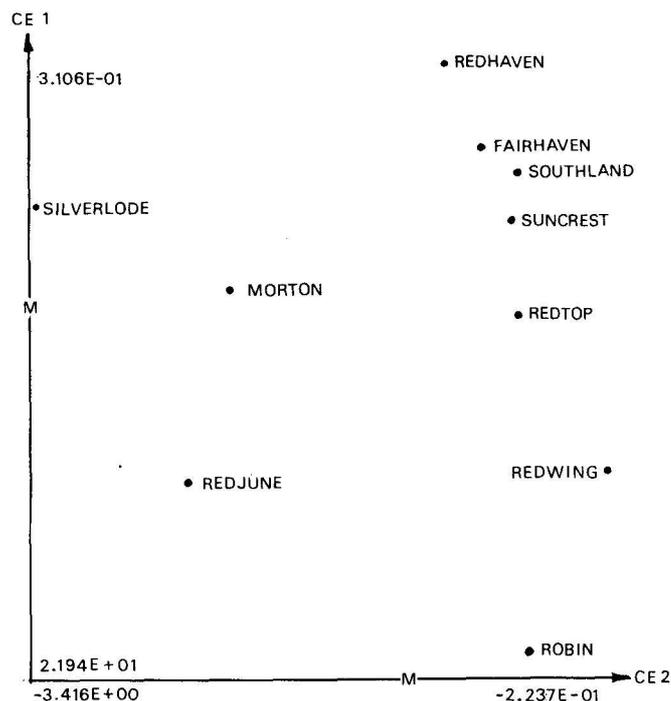


Figure 3 - Représentation graphique (axe 1, axe 2) des variétés dans l'analyse factorielle discriminante.

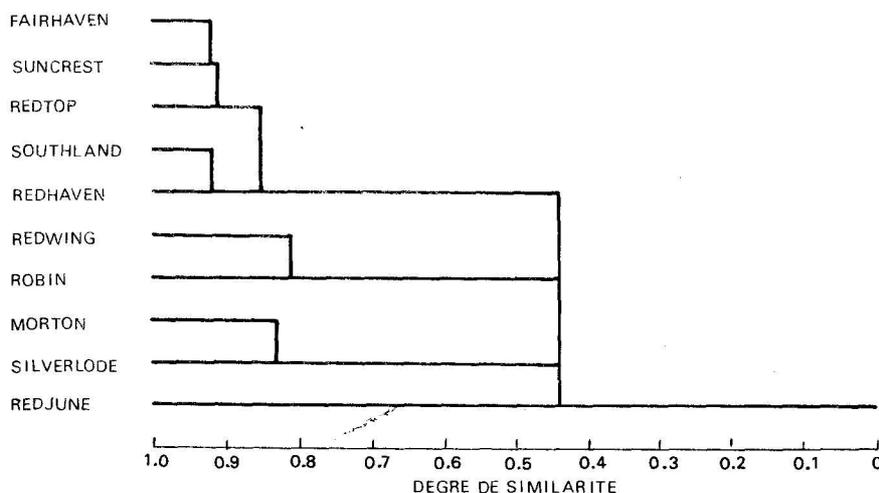


Figure 4 - Dendrogramme issu de la matrice de similarité.

Nous avons travaillé sur extraits de feuilles et testé les douze systèmes isoenzymatiques suivants : estérases, phosphatases acides, endopeptidases, tetrazolium oxydases, α -amylases, leucine aminopeptidases, peroxydases, laccases ou polyphénol oxydases, phosphoglucoisoméras, malate deshydrogénases, alcool deshydrogénases, isocitrate deshydrogénases.

Aucun de ces systèmes n'a révélé de différence entre les variétés étudiées. Seul le système amylosique a permis de séparer ROBIN et REDWING des autres variétés, car elles possèdent deux bandes au lieu d'une seule pour les autres variétés comme on le voit sur la figure 5.

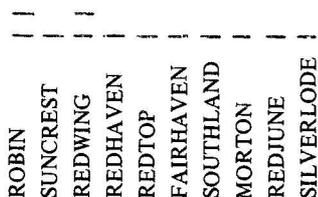


Figure 5 - Diagramme électrophorétique de l'amylase.

CONCLUSION

Les dix variétés que nous avons testées ne semblent donc pas très éloignées si on en juge par les résultats d'électrophorèse ; l'analyse biométrique met en évidence une divergence plus importante et le calcul des coefficients de parenté une différence plus grande encore.

Chacune des mesures distances génétiques envisagées ici a ses limites et bien que les résultats ne donnent pas une même image des proximités entre variétés, ils permettent de mieux comprendre à quel niveau peuvent se situer les divergences entre variétés d'une même espèce.

BIBLIOGRAPHIE

MONET (R.). 1977.
Amélioration du pêcher par la voie sexuée, exposé d'une méthode.
Ann. Amélior. Plantes, 27 (2), 223-234.

MONET (R.). 1983.
Le pêcher. Génétique et physiologie.
Masson éditeur.

SCORZA (R.), MEHLENBACHER (S.A.) et LIGHTNER (G.W.).
1985.
Inbreeding and coancestry of freestone peach cultivars of Eastern United States and implications for peach germplasm improvement.
J. Amer. Soc. Hort. Sci., 110 (4), 547-552.

