

# Méthode d'Evaluation de la Consanguinité chez les Plants issus des Vergers à Graines de Semis de Première Génération

## I. Vergers à Graines de Plein-Frères

Par Ph. BARADAT\*) et M. LETRILLIART\*\*) (Reçu le 26 Juin 1985)

### Résumé

Des formules sont établies qui permettent de calculer les paramètres de consanguinité des plants F2 produits par des vergers à graines de semis de plein-frères de première génération:

. Proportion de descendants ayant des coefficients de consanguinité de 0, 1/8, 1/4 ou 1/2.

. Coefficient de consanguinité moyen.

Sont passés successivement en revue les cas des vergers de plein-frères obtenus à partir de divers plans de croisements.

Des exemples d'applications sont donnés pour le choix de plans de croisement à utiliser et les précautions à prendre lors d'une éclaircie génétique sur index de sélection.

**Mots-clés:** Consanguinité, vergers à graines, polycross.

### Summary

Formulae are established to compute consanguinity parameters of F2 seedlings from full-sibs seed orchards of first generation.

. Percentage of progeny with inbreeding coefficients values of 0, 1/8, 1/4, or 1/2.

. Average inbreeding coefficient.

The review concerns full-sibs seed orchards from different mating designs.

Worked practical examples are given for choice of mating designs and to stress cautions that may be taken for genetic selective thinning using selection index.

**Key words:** inbreeding, seed orchards, genetic gain.

### Zusammenfassung

Es werden Formeln erstellt, um Parameter für die Inzucht von F<sub>2</sub>-Sämlingen aus Vollgeschwister-Samenplantagen der ersten Generation zu errechnen.

— Das Verhältnis der Nachkommenschaften mit Inzuchtkoeffizienten lag bei 0, 1/8, 1/4 oder 1/2.

— Der Inzuchtkoeffizient war durchschnittlich.

Der Überblick enthält Vollgeschwister-Samenplantagen mit verschiedenen Kreuzungsdesigns.

Es werden Anwendungsbeispiele für die Auswahl von Kreuzungsdesigns gegeben, um den Selektionsindex bei einer genetisch selektiven Durchforstung mit Vorsicht zu benutzen.

Les vergers à graines de semis de plein-frères constituent pour l'instant le vecteur essentiel de diffusion massive du progrès génétique dans le programme d'amélioration génétique du Pin maritime: 240 hectares de ce type de verger ont été mis en place de 1967 à 1978 et l'on évalue à 15% et 20% les gains génétiques relatifs qui seront réalisés sur le volume et la rectitude du fût après éclaircie génétique à un taux de sélection de 10%.

Il est toutefois permis de se demander si une part importante du gain génétique attendu ne peut pas être annulée par suite de croisements donnant naissance à des

descendants consanguins: chez le Pin maritime comme chez la plupart des résineux qui ont été étudiés à ce point de vue, la dépression de consanguinité sur les caractères de vigueur peut être importante. Un coefficient de consanguinité de 1/2 peut entraîner une dépression sur l'accroissement en hauteur allant jusqu'à 30% ainsi que l'a montré une comparaison de performance de descendances issues d'allofécundation et d'autofécundation (JOUVE, 1983). Chez cette espèce comme chez les autres pins, le taux d'autofécundation qui passe de 13% à 8 ans (BARADAT *et al.*, 1984) à 5,5% à 14 ans (LETRILLIART, 1984) pour sans doute atteindre une valeur très faible au-delà d'une vingtaine d'années, ne semble pas constituer un problème majeur. Il en est de même d'éventuels effets de pollinisation préférentielle entre arbres voisins (LETRILLIART, 1984). Par contre, dans le cadre d'un régime de reproduction voisin de la panmixie, les croisements entre apparentés (plein-frères et demi-frères) constituent un facteur potentiel important de production d'une descendance consanguine. Plusieurs éléments tendent à aggraver ce risque.

#### a. Au stade de l'installation du verger:

. Le nombre limité de parents utilisés dans les plans de croisements

- . L'inégalité des effectifs par famille de plein-frères
- . L'inégalité des effectifs représentant la descendance de chaque parent.

Les deux derniers points résultent d'aléas imprévisibles au niveau du nombre d'inflorescences femelles disponibles au moment des pollinisations contrôlées, du développement des cônes et de la faculté germinative des graines. Il sera donc impossible de limiter leurs effets de façon importante.

#### b. Au stade de la gestion du verger

Les éclaircies génétiques successives par sélection combinée multicaractère, en éliminant les arbres qui présentent les plus faibles valeurs d'index, conduisent à aggraver de façon importante les déséquilibres d'effectifs par famille: les familles issues des meilleurs parents sont beaucoup moins dégarnies que celles provenant de parents de moins bonne aptitude générale à la combinaison.

Il en résulte que le nombre de parents qui continueront à être représentés après la dernière éclaircie génétique risque d'être très inférieur au nombre de parents impliqués dans le plan de croisements utilisé pour la création du verger.

Cette mise au point constituera donc un instrument d'aide à la décision pour le responsable de programme d'amélioration (choix de plans de croisements, opportunité de création de vergers de semis) et pour le gestionnaire de vergers à graines de semis (réalisation d'éclaircies génétiques compatibles avec le maintien d'un niveau de consanguinité raisonnable dans la descendance du verger).

Bien que la réflexion de départ soit suscitée par le programme d'amélioration du Pin maritime, on donnera des

\*) Ph. BARADAT, I.N.R.A., Laboratoire d'Amélioration des Arbres forestiers, Pierrotin, 33610 Cestas, France.

\*\*) M. LETRILLIART, Ingénieur E.N.I.T.E.F.

solutions générales, y compris pour des plans de croisements non utilisés chez cette espèce.

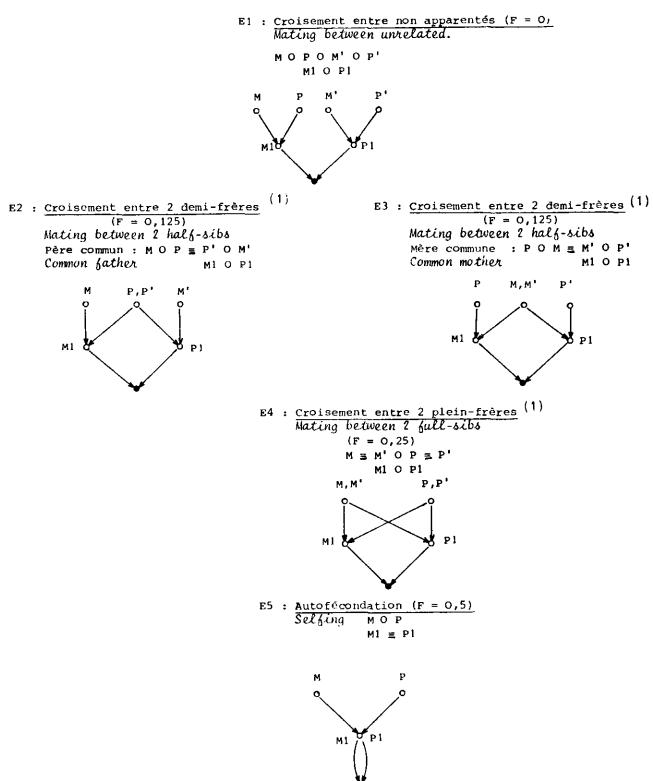
Le problème des vergers à graines de semis de demi-frères sera traité dans un deuxième article car il fait intervenir une démarche légèrement différente.

### 1. Schémas d'ascendance possibles pour des plants issus de vergers de semis de plein-frères F1

La Figure 1 résume les 5 cas d'arbres généalogiques possibles pour un descendant (F2) issu d'un tel verger (en incluant la possibilité d'autofécondation): 2 parents F1, M1 et P1 et 4 grands-parents F0, M, P et M', P'. Nous supposerons les grands-parents F0 non consanguins et non apparentés entre eux, ce qui correspond à la situation habituelle. Suivant les plans de croisements, on rencontrera tout ou partie des 5 situations E1...E5.

Nous admettrons que les conditions suivantes sont réalisées, du moins approximativement.

a. Égales fertilités mâle et femelle de tous les génotypes F1 et floraisons à peu près synchrones.



M, M', P, P': grands parents maternels, ou paternels F0.

M1, P1: Parents maternel ou paternels F1.

≡: identity between two grand parents or parents  
O: non identity.

M, M', P, P': FO maternal or paternal grand parents.

M1, P1: F1 maternal or paternal parents.

(1) Lorsqu'il peut y avoir croisements réciproques (cf article n° 2), l'apparentement peut également exister sous la forme  $M \equiv P'$  et/ou  $M' \equiv P$ : un même parent FO intervient comme père d'un individu F1 et comme mère d'un second. Ces situations mixtes sont prises en compte, sans qu'il soit besoin de les décrire comme des événements distincts, au niveau de la sommation des probabilités élémentaires (un même parent est considéré tour à tour comme père et comme mère).

Figure 1. — Généalogies possibles d'un descendant F2 issu d'un verger à graines de semis de plein-frères F1.

Possible pedigrees of one F2 progeny from a full-sibs F1 seedling seed orchard.

b. Structure du verger assurant en moyenne une indépendance entre l'origine familiale de chaque arbre et celle de ses polliniseurs (excepté lui-même).

c. Égale viabilité des descendants de tous les croisements possibles.

d. Pas de sélection gamétique.

Par contre peuvent exister des écarts notables à la panmixie intraverger sous forme d'un taux d'autofécondation non négligeable, d'un taux de pollution important par du pollen extérieur au verger ou d'une pollinisation préférentielle des arbres par leurs proches voisins (qui est compatible avec la condition "b" si ceux-ci ont été tirés au hasard lors de la constitution du verger et si les groupes d'interpollinisation ne sont pas d'effectif trop limité).

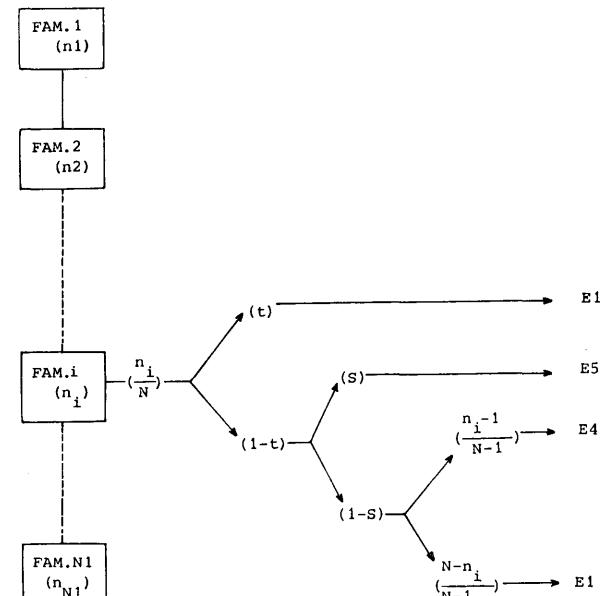
Dans le cadre de ces hypothèses, nous examinerons tour à tour les cas des plans de croisements "single pair", hiérarchique, factoriel et diallelique.

### 2. Etablissement des formules générales

#### 2.1. Plan de croisement "single pair"

Ce plan de croisements est constitué de 2 N1 parents répartis en N1 couples disconnectés réalisant N1 familles de plein-frères sans lien de parenté entre elles. Dans ces conditions, seules sont possibles les situations E1, E4 et E5. Ces 3 situations ont exclusives et l'on a:

$$\text{Prob} (E1 \cup E4 \cup E5) = \text{Prob} (E1) + \text{Prob} (E4) + \text{Prob} (E5) = 1$$



Entre parenthèses sont données les probabilités élémentaires de chaque étape.

Between brackets are given elementary probabilities of each step.

t = taux de pollution par du pollen sauvage

s = taux d'autofécondation

t = pollution rate by wild pollen

s = selfing rate

Figure 2. — Conditions de réalisation des événements E1 (non-consanguinité) E4 (croisement entre plein-frères) et E5 (auto-fécondation) dans le cas d'un plan de croisements "single pair". Conditions for realization of events E1 (no inbreeding), E4 (mating between full-sibs) and E5 (selfing) in a single pair mating design.

Calculons ces 3 probabilités en prenant en compte les taux moyens d'autofécondation (s) et de pollution (t), en désignant par  $n_i$  l'effectif de la ième famille de plein-frères et N l'effectif total. Les conditions de réalisation de E1, E4, E5 pour un descendant F2 de la famille i sont données par la Figure 2:

soient:  $P(i)$ , la probabilité pour qu'un individu F2 soit issu d'une mère appartenant à la famille i.

$P(k|i)$ , la probabilité conditionnelle correspondante de réalisation de E1, E4 ou E5 ( $k = 1, 4$  ou  $5$ ).

La probabilité pour qu'un individu tiré au sort parmi les descendants F2 des N parents F1 soit issu de la famille i et corresponde à la situation K est donnée par:

$$P(i, k) = P(i) P(k|i)$$

Enfin, la probabilité pour qu'un individu issu de l'une quelconque des  $N_1$  familles corresponde à la situation k est donnée par:

$$P_k = \sum_{i=1}^{N_1} P(i, k) = \sum_{i=1}^{N_1} P(i) P(k|i)$$

Compte tenu des hypothèses de départ, on a:

$$P(i) = \frac{n_i}{N}$$
 (fréquence des gamètes ♀ "utiles" issus de la mère i).

Par ailleurs les probabilités  $P(k|i)$  s'obtiennent en multipliant les probabilités élémentaires données par la Figure 2 sur chaque "chemin" conduisant à la situation k et en faisant éventuellement la somme de ces produits sur les différents chemins qui aboutissent au même événement.

En l'absence d'autofécondation intervient dans le calcul de  $P(k|i)$  la fréquence des gamètes ♂ "utiles" provenant du père i,  $\frac{n_{i-1}}{N-1}$  ou d'un père  $i' \neq i$ ,  $\frac{N-n_i}{N-1}$  (le pollen de la mère est exclu). La même démarche sera reprise pour les autres plans de croisements et ne sera plus explicitée en détail.

On obtient dans ces conditions:

$$(1) \text{ Prob } (E1) = P1 = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N_1} n_i \left[ t + (1-t)(1-s) \frac{N-n_i}{N-1} \right]$$

qui se simplifie en:

$$(2) P1 = t + \frac{(1-t)(1-s)}{N-1} \left[ N - \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N_1} n_i^2 \right]$$

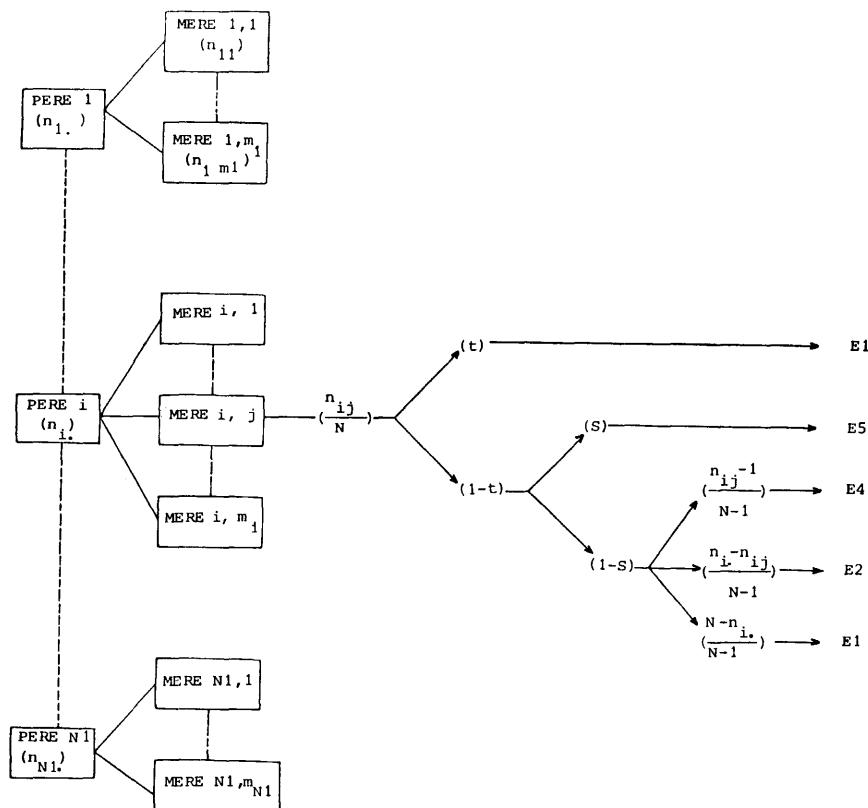
de façon analogue,

$$(3) \text{ Prob } (E4) = P4 = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N_1} n_i (1-t)(1-s) \frac{n_{i-1}}{N-1}$$

soit:

$$(4) P4 = \frac{(1-t)(1-s)}{N-1} \left[ \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N_1} n_i^2 - 1 \right]$$

et enfin



Entre parenthèses sont données les probabilités élémentaires de chaque étape.  
Between brackets are given elementary probabilities of each step.

t = taux de pollution par du pollen sauvage  
s = taux d'autofécondation  
t = rate of pollution by wild pollen  
s = selfing rate

Figure 3. — Conditions de réalisation des événements E1 (consanguinité), E2 (croisement entre demi-frères de même père), E4 (croisement entre plein-frères) et E5 (autofécondation) dans le cas d'un plan de croisements hiérarchique.

Conditions for realization of events E1 (no consanguinity), E2 (mating) between half-sibs from same father), E4 (mating between full-sibs) and E5 (selfing), in a nested mating design.



$$(15) P_1 = t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{n}{N2} \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 \right] = t + (1-t)(1-S) \left[ 1 - \frac{1}{N2^2} \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 \right]$$

si N grand

$$(16) P_2 = \frac{(1-t)(1-S)n}{N_2(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 - N_2 \right] = \frac{(1-t)(1-S)}{N_2^2} \left[ \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 - N_2 \right]$$

si N grand

$$(17) P_4 = \frac{(1-t)(1-S)(n-1)}{N-1} = \frac{(1-t)(1-S)}{N_2}$$

Si N et n grands

Si, en outre, les nombres de mères appariées à chaque père sont constants, soit m, P1 et P2 se simplifient en:

$$(18) P_1 = t + \frac{(1-t)(1-S)nm(N1-1)}{N-1} = t + (1-t)(1-S)(1 - \frac{1}{N1})$$

si N grand

$$(19) P_2 = \frac{(1-t)(1-S)N(m-1)}{N_2(N-1)} = (1-t)(1-S) (\frac{1}{N1} - \frac{1}{N2})$$

si N grand.

### 2.3. Plan de croisements factoriel

Nous nous plaçons dans le cas général où les effectifs par combinaisons père x mère sont inégaux et où un certain nombre de ces combinaisons peuvent être absentes. N1 désigne le nombre de pères, N2 le nombre de mères et N3 le nombre de familles.  $n_{ij}$  est le nombre de descendants F1 du père i,  $n_{ij}$  celui de la mère j et  $n_{ij}$  l'effectif de la famille (i, j). La Figure 4 donne les chemins permettant d'aboutir aux 5 situations E1, E2, E3, E4 et E5: on regroupera les 2 événements conduisant à un croisement entre demi-frères de père commun ou de mère commune puisqu'ils entraînent un même coefficient de consanguinité. Il vient:

$$(20) Prob (E1) = P_1 = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N1} \sum_{j=1}^{N2} n_{ij} \left[ t + (1-t)(1-S) \frac{\sum_{i=1}^{N1} \sum_{j=1}^{N2} n_{ij}}{N-1} \right]$$

soit:

$$(21) P_1 = t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{1}{N} \left( \sum_{i=1}^{N1} n_{i.}^2 + \sum_{j=1}^{N2} n_{.j}^2 - \sum_{i=1}^{N1} \sum_{j=1}^{N2} n_{ij}^2 \right) \right]$$

Les probabilités des 2 situations qui conduisent à un croisement entre demi-frères sont données par:

$$(22) Prob. (E2) = P_2 = \frac{(1-t)(1-S)}{N(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N1} n_{i.}^2 - \sum_{i=1}^{N1} \sum_{j=1}^{N2} n_{ij}^2 \right]$$

Symétriquement, on a:

$$(23) Prob (E3) = P_3 = \frac{(1-t)(1-S)}{N(N-1)} \left[ \sum_{j=1}^{N2} n_{.j}^2 - \sum_{i=1}^{N1} \sum_{j=1}^{N2} n_{ij}^2 \right]$$

et globalement, la probabilité pour qu'un descendant F2 soit issu d'un croisement entre 2 demi-frères est donnée par:

$$(24) Prob (E2) + Prob (E3) = P_2 + P_3 = \frac{(1-t)(1-S)}{N(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N1} n_{i.}^2 + \sum_{j=1}^{N2} n_{.j}^2 - 2 \sum_{i=1}^{N1} \sum_{j=1}^{N2} n_{ij}^2 \right]$$

La probabilité pour qu'un descendant F2 soit issu d'un croisement entre 2 pleins-frères est:

$$(25) Prob (E4) = P_4 = \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N1} \sum_{j=1}^{N2} n_{ij}^2 - 1 \right]$$

Par ailleurs, la probabilité d'autofécondation est, comme pour les autres plans de croisements, indépendante des effectifs par familles de plein-frères et de demi-frères:

$$(26) Prob (E5) = P_5 = (1-t)s$$

Si les effectifs par famille de plein-frères sont constants, soit n, P1, P2 et P4 simplifient en:

$$(27) P_1 = t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{n}{N3} \left( \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 + \sum_{j=1}^{N2} p_j^2 - N3 \right) \right]$$

$$= t + (1-t)(1-S) \left[ 1 - \frac{1}{N3^2} \left( \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 + \sum_{j=1}^{N2} p_j^2 - N3 \right) \right]$$

Si N grand

$m_i$  désignant le nombre de mères croisées avec le père i et  $p_j$  le nombre de pères croisés avec la mère j.

$$(28) P_2 = \frac{(1-t)(1-S)n}{N3(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 + \sum_{j=1}^{N2} p_j^2 - 2N3 \right] \\ = \frac{(1-t)(1-S)}{N3^2} \left[ \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 + \sum_{j=1}^{N2} p_j^2 - 2N3 \right]$$

Si N grand

et:

$$(29) P_4 = \frac{(1-t)(1-S)(n-1)}{N-1} = \frac{(1-t)(1-S)}{N3}$$

Si N et n grands

Si l'on suppose, de plus, que le plan de croisements est équilibré avec un nombre constant de croisements par père, m, et par mère, p, on obtient pour P1 et P'2 les expressions:

$$(30) P_1 = t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N-n (m+p) + N3 \right] \\ = t + (1-t)(1-S) \left( 1 - \frac{1}{N1} - \frac{1}{N2} + \frac{1}{N3} \right)$$

Si N grand

et:

$$(31) P_2 = \frac{(1-t)(1-S)n}{N-1} (m+p-2) \approx (1-t)(1-S) \left( \frac{1}{N1} + \frac{1}{N2} - \frac{2}{N3} \right)$$

Si N grand.

### 2.4. Plan de croisements diallèle

Le type de diallèle le plus utilisé en amélioration des arbres forestiers (par exemple chez le Douglas) est le demi-diallèle, complet ou incomplet, souvent réalisé en jeux de plans de croisements disconvertis (par exemple, série de diallèles 5 × 5). Dans ce type de plan de croisements, où pères et mères sont identiques, ( $N1 = N2$ ), seules sont réalisées tout ou partie des combinaisons parentales situées au dessus ou au dessous de la diagonale. C'est ce type de diallèle que nous envisageons ici. On peut d'ailleurs s'y ramener à partir de n'importe quel diallèle comportant des croisements réciproques en "confondant" les combinaisons réciproques dans un seul croisement, situé conventionnellement au dessus ou au dessous de la diagonale: c'est par exemple ce que réalise le programme DIAL utilisé sur Pin maritime.

En remarquant que l'on n'a plus, du fait de la symétrie du plan, qu'une seule série d'effectifs de descendants pour les N1 parents (soit  $n_{i.}$  pour le parent i) la transposition des formules établies pour un plan factoriel est immédiate: nous supposerons que le demi-diallèle est constitué en forme triangulaire basse, la modification de l'écriture pour la forme triangulaire haute étant aisée. On a donc:

$$(32) P_1 = t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{1}{N} \left( \sum_{i=1}^{N1} n_{i.}^2 - \sum_{i=2}^{N1} \sum_{j=1}^{i-1} n_{ij}^2 \right) \right]$$

$$(33) P_2 = \frac{(1-t)(1-S)}{N(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N1} n_{i.}^2 - 2 \sum_{i=2}^{N1} \sum_{j=1}^{i-1} n_{ij}^2 \right]$$

$$(34) P_4 = \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ \frac{1}{N} \sum_{i=2}^{N1} \sum_{j=1}^{i-1} n_{ij}^2 - 1 \right]$$

On en déduit aisément les formules simplifiées.

Avec un effectif constant, n, par famille de plein-frères:

$$(35) P_1 = t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{n}{N3} \left( \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 - N3 \right) \right] \\ = t + (1+t)(1-S) \left[ 1 - \frac{1}{N3^2} \left( \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 - N3 \right) \right]$$

Si N grand

$m_i$  désignant le nombre de croisements dans lesquels le parent  $i$  est impliqué.

$$(36) P'2 = \frac{(1-t)(1-s)n}{N_3(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N_1} m_i^2 - 2N_3 \right] = \frac{(1-t)(1-s)}{N_3^2} \left[ \sum_{i=1}^{N_1} m_i^2 - 2N_3 \right]$$

si  $N$  grand.

Si le diallèle est équilibré avec un nombre constant de croisements,  $m$ , par parent, on obtient, puisque  $N_1 nm = 2N$ :

$$(37) P_1 = t + \frac{(1-t)(1-s)}{N-1} \left[ N-n(2m-1) \right] = t + (1-t)(1-s) \left( 1 - \frac{4}{N_1} + \frac{1}{N_3} \right)$$

Si  $N$  grand.

et:

$$(38) P'2 = \frac{2(1-t)(1-s)n(n-1)}{N-1} = 2(1-t)(1-s) \left( \frac{2}{N_1} - \frac{1}{N_3} \right)$$

Si  $N$  grand.

Pour l'ensemble des plans de croisements étudiés, l'intérêt des formules simplifiées est double:

. Permettre un choix des plans de croisements les mieux adaptés à la création de vergers à graines de semis, compte tenu également d'autres contraintes (précision de l'estimation des composantes de la variance et nombre de croisements à réaliser par mère notamment: cf. NAMKOONG et RODERDS, 1974).

. Disposer d'un "standard" rendant possible l'évaluation de la réduction de consanguinité que l'on peut obtenir en imposant, lors de la sélection, des contraintes diverses tendant à limiter le déséquilibre de la composition familiale dans la population subsistant après éclaircie génétique.

Ces points seront étudiés dans la troisième partie. Nous examinerons également le cas particulier des plans de croisements factoriels et diallèles disconnectés.

### 3. Application pratique à la conception des plans de croisements et à la gestion des vergers à graines

L'adaptation à des plans de croisements factoriels et diallèles disconnectés des formules générales établies dans la deuxième partie est immédiate.

Nous nous sommes en effet placés dans le cas d'un nombre quelconque de combinaisons pères  $\times$  mères manquantes. Dès lors, les groupes de croisements disconnectés réalisent une configuration particulière de ce schéma géné-

ral ainsi que le montre la Figure 5 à partir d'un groupe de 2 demi-diallèles  $4 \times 4$  disconnectés.

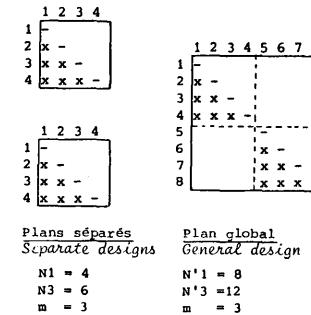


Figure 5. — Configuration globale réalisée par un groupe de deux demi-diallèles  $4 \times 4$  disconnectés.

General configuration realized by a group of two disconnected  $4 \times 4$  half-dialliles.

D'une façon générale, dans le cas d'un groupe de  $c$  diallèles disconnectés, il faudrait prendre en compte une structure globale de paramètres:

$$N'1 = \sum_{u=1}^c N_1 u, N'3 = \sum_{u=1}^c N_3 u$$

le nombre de croisements par parent,  $m$ , pouvant être constant comme dans l'exemple de la Figure 3 ou variable de façon quelconque. Pour  $c$  plans factoriels disconnectés, le principe est exactement le même, le nombre total de mères,  $N'2$ , se calculant par  $\sum_{u=1}^c N_2 u$ . Donc, l'application

des formules de la deuxième partie ne pose aucune difficulté moyennant un simple recodage des numéros de parents pour passer de l'indication intra-plan à l'indication dans la configuration globale.

A partir des probabilités  $P_2$  (ou  $P'2$ ),  $P_4$  et  $P_5$ , nous serons conduits à calculer le coefficient de consanguinité moyen des descendants  $F_2$ , c'est-à-dire l'espérance du coefficient de consanguinité d'un individu choisi au hasard dans la descendance du verger:

$$F = 0,125 P_2 + 0,25 P_4 + 0,5 P_5$$

En fait, nous négligerons le dernier terme, supposant que le taux d'autofécondation,  $s$ , est voisin de 0. Nous, ne prendrons également pas en compte le taux de pollution,

Tableau 1. — Récapitulatif des formules de calcul de  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $P'2$ ,  $P_4$  et  $P_5$  pour les divers plans de croisements équilibrés, lorsque les effectifs par famille sont grands et constants.

Summary of formulae for computation of  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $P'2$ ,  $P_4$  and  $P_5$  for the different balanced matings designs when family sizes are great and constant.

	$P_1$ (croisement entre non apparentés)	$P_2, P'2$ (crois. entre demi-frères)	$P_4$ (crois. entre plein-frères)	$P_5$ (autof.)
"single pair"	$t + (1-t)(1-s)(1 - \frac{1}{N_1})$	0	$\frac{(1-t)(1-s)}{N_1}$	$(1-t)s$
Hierarchique	$t + (1-t)(1-s)(1 - \frac{1}{N_1})$	$(1-t)(1-s)(\frac{1}{N_1} - \frac{1}{N_2})$	$\frac{(1-t)(1-s)}{N_2}$	$(1-t)s$
Factoriel	$t + (1-t)(1-s)(1 - \frac{1}{N_1} - \frac{1}{N_2} + \frac{1}{N_3})$	$(1-t)(1-s)(\frac{1}{N_1} + \frac{1}{N_2} - \frac{2}{N_3})$	$\frac{(1-t)(1-s)}{N_3}$	$(1-t)s$
Diallèle	$t + (1-t)(1-s)(1 - \frac{4}{N_1} + \frac{1}{N_3})$	$2(1-t)(1-s)(\frac{2}{N_1} - \frac{1}{N_3})$	$\frac{(1-t)(1-s)}{N_3}$	$(1-t)s$
Valeur de F	0	0,125	0,25	0,5

$N_1$  = nombre de pères (identique au nombre de mères pour un diallèle au nombre de mères et de familles pour un "single pair").

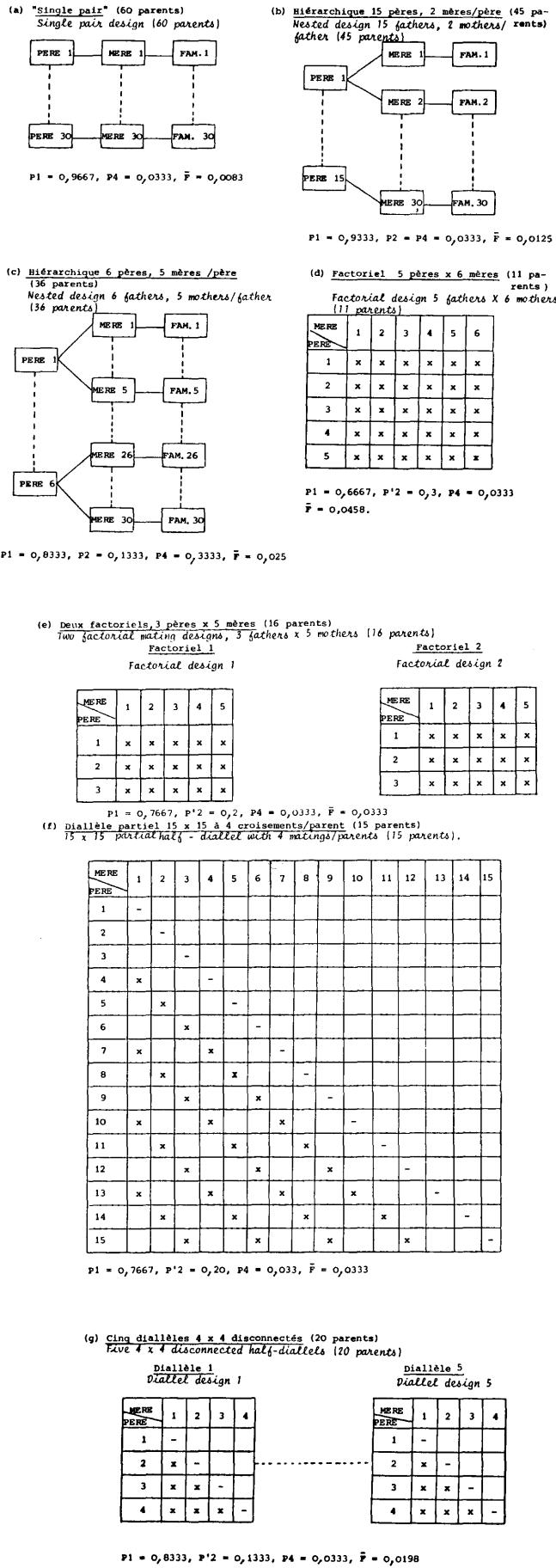
$N_2$  = nombre de mères (identique au nombre de familles pour un hiérarchique).

$N_3$  = nombre de familles.

$N_1$  = number of fathers (identical to number of mothers for a diallel, to number of mothers and to number of families for a single pair).

$N_2$  = number of mothers (identical to number of families for a nested design).

$N_3$  = number of families.



t, que nous supposerons négligeable. Pour toute application de ces résultats à son propre problème, le lecteur pourra suivre la même démarche en introduisant les valeurs de  $s$  et  $t$  qu'il a estimées ou qu'il pense raisonnables chez une espèce et dans un programme d'amélioration donnés.

### 3.1. Choix de plans de croisements

Le Tableau 1 donne l'état récapitulatif des formules de calcul de  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $P'_2$ ,  $P_4$  et  $P_5$  dans le cas de plans de croisements équilibrés dont les effectifs par famille de plein-frères peuvent être considérés comme égaux. C'est le seul cas de figure que l'on peut envisager avant d'avoir réalisé les plans de croisements et sans connaître les nombres de plants disponibles par famille.

Nous traiterons un exemple d'école qui correspond à un nombre de familles très inférieur à celui qui est habituellement envisagé pour la création d'un verger à graines de semis, mais permet d'illustrer très simplement la démarche à suivre.

La Figure 6 représente 7 choix de plans de croisements possibles pour réaliser 30 familles de plein-frères et donne les paramètres  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $P'_2$ ,  $P_4$  et  $F$  correspondants calculés à partir du Tableau 1.

On constate que la consanguinité moyenne induite par les divers plans de croisements est très variable, passant de 0,0083 dans le cas du "single pair" à 0,0458 pour le factoriel complet  $5 \times 6$ .  $P_1$ , qui donne la proportion d'individus non consanguins en  $F_2$ , évolue en fonction inverse de  $F$ , passant de 0,6667 à 0,9667. Entre ces 2 situations extrêmes, il est intéressant de noter deux points:

. L'abaissement de consanguinité qui résulte du fractionnement d'un plan factoriel ou diallèle, même partiel (comparaison des paramètres de (d) et (e) d'une part, de (f) et (g) d'autre part).

. Le fait que l'on puisse obtenir les mêmes paramètres de consanguinité avec des nombres de parents FO très différents: identité des valeurs de  $P_1$  correspondant aux cas (c) avec 36 parents et (g) avec 20 parents seulement.

Un choix judicieux du plan de croisements à utiliser pour la constitution d'un verger à graines de semis peut donc permettre de concilier un fort gain génétique initial par choix des meilleurs parents avec une forte intensité de sélection et une faible consanguinité moyenne chez les descendants du verger.

### 3.2. Gestion optimale des vergers à graines de semis

Le Tableau 2 donne l'état récapitulatif des formules de calcul de  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $P'_2$  et  $P_4$  dans le cas général déséquilibré avec des effectifs par famille de plein-frères quelconques ou égaux. La Figure 7 donne pour le diallèle partiel  $15 \times 15$  (cas (f) de la Figure 6) les effectifs par famille lors de l'installation du verger et ceux subsistant après troncature par un index de sélection combinée (individu, famille, parent ligne, parent colonne) avec un taux de sélection de 10%. Après calcul des paramètres de consanguinité avant et après sélection (formules (a) du plan diallèle), on constate que la sélection combinée sans restriction élimine totalement les descendants des parents 1 et 10 et fait passer le

Figure 6. — Exemple de possibilité de choix multiple de plans de croisements pour la réalisation de 30 familles destinées à être installées en verger à graines de semis.

Example of multiple choice of mating designs to produce 30 families for a seedling seed-orchard.

Tableau 2. — Récapitulatif des formules de calcul de P1, P2, P'2, et P4 pour les divers plans de croisements, dans le cas général (a), et avec égalités des effectifs de familles de plein-frères: formules exactes (b) et asymptotiques (c).  
 Summary of formulae for computation of P1, P2, P'2 and P4 for the different mating designs in general situation (a) and with equality of full-sibs families sizes: exact formulae (b) and asymptotic formulae (c).

	P1 (croisements entre non-apparentés)	P2, P'2 (croisements entre demi-frères)	P4 (croisements entre plein-frères)
"Single pair"	(a) $t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 \right]$	0	$\frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 - 1 \right]$
	(b) $t + \frac{(1-t)(1-S)(N-n)}{N-1}$	0	$\frac{(1-t)(1-S)(n-1)}{N-1}$
	(c) $t + (1-t)(1-S)(1 - \frac{1}{N1})$	0	$\frac{(1-t)(1-S)}{N1}$
Hiérarchique	(a) $t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 - \sum_{i=1,j=1}^{N1} n_{ij}^2 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ \frac{1}{N} \sum_{i=1,j=1}^{N1} n_{ij}^2 - 1 \right]$
	(b) $t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{n}{N_2} \sum_{i=1}^{N1} m_i^2 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N2(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N1} m_i^2 - N2 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)(n-1)}{N-1}$
	(c) $t + (1-t)(1-S) \left[ 1 - \frac{1}{N2} \sum_{i=1}^{N1} m_i^2 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N2^2} \left[ \sum_{i=1}^{N1} m_i^2 - N2 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N2}$
Factoriel	(a) $t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{1}{N} (\sum_{i=1}^{N1} n_i^2 + \sum_{j=1}^{N2} n_j^2 - \sum_{i=1,j=1}^{N1,N2} n_{ij}^2) \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 + \sum_{j=1}^{N2} n_j^2 - 2\sum_{i=1,j=1}^{N1,N2} n_{ij}^2 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ \frac{1}{N} \sum_{i=1,j=1}^{N1,N2} n_{ij}^2 - 1 \right]$
	(b) $t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{n}{N_3} (\sum_{i=1}^{N1} m_i^2 + \sum_{j=1}^{N2} p_j^2 - N3) \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N3(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N1} m_i^2 + \sum_{j=1}^{N2} p_j^2 - 2N3 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)(n-1)}{N-1}$
	(c) $t + (1-t)(1-S) \left[ 1 - \frac{1}{N_3} (\sum_{i=1}^{N1} m_i^2 + \sum_{j=1}^{N2} p_j^2 - N3) \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N_3^2} \left[ \sum_{i=1}^{N1} m_i^2 + \sum_{j=1}^{N2} p_j^2 - 2N3 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N3}$
Diallelique	(a) $t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{1}{N} (\sum_{i=1}^{N1} n_i^2 - \sum_{i=2,j=1}^{N1,i-1} n_{ij}^2) \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N1} n_i^2 - 2\sum_{i=2,j=1}^{N1,i-1} n_{ij}^2 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ \frac{1}{N} \sum_{i=2,j=1}^{N1,i-1} n_{ij}^2 - 1 \right]$
	(b) $t + \frac{(1-t)(1-S)}{N-1} \left[ N - \frac{n}{N_3} (\sum_{i=1}^{N1} m_i^2 - N3) \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N3(N-1)} \left[ \sum_{i=1}^{N1} m_i^2 - 2N3 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)(n-1)}{N-1}$
	(c) $t + (1-t)(1-S) \left[ 1 - \frac{1}{N_3} (\sum_{i=1}^{N1} m_i^2 - N3) \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N_3^2} \left[ \sum_{i=1}^{N1} m_i^2 - 2N3 \right]$	$\frac{(1-t)(1-S)}{N3}$
Valeur du Coeff. de consang. : F		0,125	0,25

N1 = nombre de pères (identique au nombre de mères pour un diallelique, au nombre mères et de familles pour un "single pair").

N2 = nombre de mères (identique au nombre de familles pour un diallelique).

N3 = nombre de familles — n = effectif par famille de plein-frères —.

$m_i^1$  = nombre de mères affectées au père i (croisements/parent pour diallelique).

$P_j$  = nombre de pères affectés à la mère j.

N1 = number of fathers (identical to number of mothers for a diallel, to number of mothers and number of families for a single pair).

N2 = number of mothers (identical to number of families for a nested design).

N3 = number of families — n = number of individuals per full-sibs family —.

$m_i^1$  = number of mothers mated with father i (crosses per parent for diallele).

$P_j$  = number of fathers mated with mother j.

coefficient de consanguinité moyen de 0,0346 à 0,0658. Parallèlement, le pourcentage attendu de descendants F2 non consanguins passe de 76,13% à 55,35%.

On peut alors chercher à chiffrer la réduction maximale de consanguinité que l'on pourrait obtenir en adoptant un index-seuil plus faible que celui qui correspond au taux de sélection de 10% (soit 1,28 si l'index est exprimé en valeur centrée-réduite). Il sera ainsi possible d'égaliser plus ou moins les effectifs retenus parmi les familles issues des parents d'aptitude générale à la combinaison suffisante.

Dans l'exemple de la *Figure 7*, les formules asymptotiques du tableau 2 (formules (c) du plan diallelique) donnent pour les 23 familles représentées (ne descendant pas des parents 1 et 10):

$$P1 = 0,7183, P'2 = 0,2382, P4 = 0,0435, F = 0,0406$$

Il est donc possible, en consentant une légère réduction du gain génétique sur les valeurs génétiques additives des caractères sélectionnés, de garder après sélection une consanguinité voisine de celle qu'aurait eu le verger après une éclaircie systématique.

Comment juger de l'opportunité d'une telle stratégie? Deux méthodes de décision sont utilisables.

### 3.2.1. Une méthode qualitative

Compte tenu des connaissances que l'améliorateur peut avoir du régime sylvicole qui sera appliqué aux futurs peuplements issus de la graine améliorée du verger, il peut conclure que, si le pourcentage d'individus consanguins est inférieur au pourcentage d'arbres éliminés dans les premières éclaircies (pratiquement sans valeur marchande), cette consanguinité est sans importance. A la limite, les arbres consanguins, d'aptitude à la compétition réduite, peuvent même constituer un "faire valoir" utile aux arbres de place sur lesquels est concentré le gain génétique.

Dans cette optique et pour une espèce comme le Pin maritime où l'on élimine 50% des arbres à la première éclaircie, avant la 10ème année, le pourcentage de 82,14% de descendants non consanguins sera jugé tout à fait satisfaisant et on ne cherchera pas à abaisser la valeur-seuil de l'index.

### 3.2.2. Une méthode quantitative

Cette méthode suppose une connaissance de la dépression de consanguinité moyenne par unité de coefficient de consanguinité F (en supposant qu'il existe une relation

linéaire entre ces deux paramètres).

Soient alors:

$\bar{I}1$  la valeur moyenne de l'index des individus retenus, en maintenant l'index-seuil correspondant au taux de sélection recherché.

$[\Delta A1]$  Le vecteur des gains génétiques relatifs réalisables sur q caractères en répose à la troncature de la population sur cette base.

$\bar{I}2$  sera la valeur de l'index moyen obtenu par une sélection utilisant un index-seuil plus faible.

Soient également  $F1$  et  $F2$  les coefficients de consanguinité moyens obtenus avec les deux modes de sélection et enfin  $[D]$  le vecteur des dépressions relatives pour  $F = 1$  sur les q caractères (plus ou moins soumis à la dépression de consanguinité) intégrés dans l'index.

Les index calculés sur l'ensemble du verger sont supposés centrés sur 0.

Le vecteur de progrès génétiques correspondant à l'index moyen  $I2$  est alors:

$$(39) [\Delta A2] = [\Delta A1] \frac{\bar{I}2}{\bar{I}1}$$

Par ailleurs les vecteurs des dépressions de consanguinité relatives correspondant à  $F1$  et  $F2$  sont:

$$(40) [D1] = \bar{F}1 [D]$$

$$(41) [D2] = \bar{F}2 [D]$$

On calcule alors les éléments du vecteur U tel que:

$$(42) [U] = [\Delta A1 + D1 (1 + \Delta A1)] - [\Delta A2 + D2 (1 + \Delta A2)]$$

C'est le vecteur des différences entre les gains génétiques relatifs effectifs correspondant aux deux modes de sélection.

Trois cas sont alors possibles:

. Les q éléments de [U] sont négatifs.

Le passage du mode de sélection 1 au mode 2 agit favorablement sur l'ensemble des caractères soumis à sélection. Il peut donc être considéré comme rentable.

. Les q éléments de [U] sont positifs.

On maintiendra le mode de sélection 1.

. Certains éléments de [U] sont positifs et d'autres négatifs.

Une décision rationnelle ne pourra alors être prise que par la connaissance des poids économiques relatifs des

*Tableau 3. — Deuxième tranche du verger à graines du Lot: Paramètres de consanguinité et gains génétiques attendus sur la hauteur selon deux scénarios différents.*  
*Second part of the Lot seed orchard: Consanguinity parameters and forecasted genetic gains on height following two different practices.*

Scénario 1 : Sélection des 10 % meilleurs index sans restriction. Index-seuil = 1,28	Scénario 2 : Sélection avec index-seuil abaissé en limitant à 25 l'effectif maximum par famille de plein-frères. Index seuil = 1,08
P1 = 0,7287	P1 = 0,8324
P'2 = 0,2327	P'2 = 0,1460
P4 = 0,0376	P4 = 0,0236
$\bar{F}1 = 0,0385$	$\bar{F}2 = 0,0236$
$\bar{I}1 = 1,78$	$\bar{I}2 = 1,59$
$\Delta A1 = 4,85 \%$	$\Delta A2 = 4,85 \frac{\bar{I}2}{\bar{I}1} = 4,33 \%$

divers caractères. Soit  $E$  le vecteur des  $q$  poids économiques relatifs des différents caractères. On calculera alors le produit:

$$(43) P = [E] \cdot [U]$$

et l'on maintiendra ou non le mode de sélection 1 suivant que  $P$  est positif ou négatif.

Un exemple de l'approche quantitative sera donné dans le cas d'un seul caractère (accroissement en hauteur) par la sélection des "arbres de place" devant rester après la dernière éclaircie dans la deuxième tranche du verger à graines de semis de Pin maritime de Lavercantière (Lot)\*.

Chez le Pin maritime, la dépression relative moyenne de consanguinité pour la hauteur correspondant à  $F = 1$  peut être chiffrée à  $D = -0,34$  (JOUVE, 1983).

Le Tableau 3 indique les paramètres de consanguinité ainsi que les gains génétiques attendus selon deux scénarios:

Les formules (2) et (3) donnent:

$$D1 = 0,0385 \times (-0,34) = -1,31\%$$

$$D2 = 0,0236 \times (-0,34) = -0,80\%$$

A partir de la formule (42), nous obtenons:

$$U = 4,85 - 1,31 (1 + 0,0485) - 4,33 + 0,80 (1 + 0,0433) \\ = -0,02\%$$

Donc, dans ce cas particulier et en raisonnant seulement sur le gain génétique en hauteur, le scénario (2) serait choisi. Il faut toutefois noter la très faible augmentation de gain génétique relatif moyen qu'il autorise.

Comme nous l'avons signalé, l'approche quantitative telle qu'elle est envisagée ici n'aurait de sens que si les arbres consanguins et non consanguins avaient la même chance d'atteindre le stade de la coupe rase, ce qui ne saurait être le cas dans le cadre de la sylviculture actuelle du Pin maritime. On ne s'approcherait de ces conditions qu'avec des densités de plantation (ou de semis après dépression) beaucoup plus faibles qu'actuellement (inférieures à 1000 plants/hectare pour fixer les idées).

En fait, une solution réaliste pourrait être obtenue en combinant les approches qualitative et quantitative, à condition de prendre en compte pour chaque éclaircie son bilan financier et les pourcentages d'arbres consanguins et non consanguins éliminés... travail très lourd à réaliser par des spécialistes de sylviculture et pour lequel les bases expérimentales nous manquent encore.

Une solution purement génétique que l'on pourrait envisager pour réduire la consanguinité serait de pratiquer dans la même tranche de verger une sélection disruptive: on utiliserait par exemple pour deux séries de macroblocs différents comportant chacune en gros la moitié de l'effectif du verger deux calculs d'index privilégiant chacun le gain génétique sur un caractère (vigueur dans un cas, forme dans l'autre, pour fixer les idées). Dans la mesure où les deux caractères seraient génétiquement indépendants ou peu liés, cette stratégie conduirait à une réduction notable du nombre de parents dont les descendants seraient totalement éliminés; elle entraînerait également un déséquilibre moindre dans les effectifs de familles de plein-frères après éclaircie génétique.

\*) Données communiquées par M. F. CHOLLET, Division "Graines et plants forestiers", CEMAGREF, Nogent-sur-Vernisson.

Cette tranche est représentée par un plan de croisements factoriel incomplet à 28 pères, 56 mères et 199 familles.

MÈRE PERE	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	n <sub>i</sub>	m <sub>i</sub>
1	-															176	4
2		-														0	0
3			-													266	4
4	60 0			-												85	4
5		80 20			-											187	4
6			66 5			-										16	4
7	50 0			48 10			-									291	4
8		100 25			110 2			-								15	2
9			38 5			28 4			-							330	4
10	26 0			95 0			130 0			-						48	4
11		53 30			84 24			120 20			-					224	4
12			39 3			76 4			58 6		-					17	4
13	40 0			88 5			90 3			64 0		-				318	4
14		33 10			56 2			72 2			78 20		-			49	4
15			43 3			54 4			130 2			90 1		-		254	4
																315	4
																0	0
																335	4
																94	4
																263	4
																14	4
																282	4
																8	2
																239	4
																34	4
																318	4
																10	4

Nombre total de plants installés: 2100

Initial number of plants

- Nombre de plants restant après sélection: 210

Number of plants after selection

Paramètres de consanguinité avant sélection:  $P1 = 0,7613$ ;  $P2 = 0,2002$ ,  $P4 = 0,0385$ ,  $\bar{F} = 0,0346$

Consanguinity parameters before selection

Paramètres de consanguinité après sélection:  $P1 = 0,5535$ ,  $P2 = 0,3669$ ,  $P4 = 0,0796$ ,  $\bar{F} = 0,068$ .

Consanguinity parameters after selection

Figure 7. — Effectifs par famille dans le cas d'un diallel partiel  $15 \times 15$  à 30 familles, lors de l'installation du verger (a) et après troncature sur la base d'un index de sélection combinée (b) un taux de sélection de 10%.

(a): en haut de chaque case      (b): en bas de chaque case

Family sizes for a  $15 \times 15$  partial half-diallel with 30 families at seed orchard installation (a) and after culling on the base of a combined selection index for a selection rate of 10% (b).

(a): upper position      (b): lower position

## Conclusion

Les réflexions engagées dans cet article sur le choix des plans de croisement et les méthodes de gestion des vergers à graines de semis, du point de vue de la consanguinité, pourraient facilement être étendues à la création et à la gestion de populations d'Amélioration. En effet, dans ce cas, le contrôle de la consanguinité et les précautions contre une réduction trop forte de la base génétique revêtent une grande importance et conditionnent en grande partie la valeur des gains génétiques réalisables par sélection récurrente. En particulier, le choix de plans de croisements "optimaux" pour la création d'un verger, envisagé dans le 2ème chapitre correspond en gros à celui que l'on aurait adopté par la création de populations d'amélioration pouvant "supporter" plusieurs générations de sélection successives.

Bien-sûr, les préoccupations concernant la consanguinité de la descendance ne doivent pas être les seules et le sélectionneur devra porter son attention sur d'autres problèmes, en particulier la fiabilité des estimations des paramètres génétiques qu'il pourra obtenir à partir de ses familles de plein-frères et la robustesse des plans de croisements vis à vis des données manquantes. Les contraintes biologiques (nombre de croisements réalisables par mère notamment) pourront par ailleurs dans beaucoup de cas constituer un facteur limitant qui obligera à accepter un compromis donnant un résultat inférieur à l'optimum

théorique. L'utilité du couplage, la même année, de plusieurs plans de croisement différents utilisant les mêmes parents ne peut qu'accentuer cette nécessité de compromis. En ce qui concerne la réalisation des éclaircies génétiques en verger nous nous sommes placés implicitement dans le cas où un calcul d'index définitif pouvait être fait dès avant la première éclaircie (ce qui est le cas chez le Pin maritime où les corrélations génétiques jeune-adulte le permettent). Chez d'autres espèces, dans la mesure où plusieurs calculs d'index devraient être réalisés après éclaircie, il est évident que la conservation à chaque étape d'un nombre suffisant de parents F0 sera le souci majeur du gestionnaire (nécessité de pouvoir à chaque étape estimer des paramètres génétiques fiables). C'est pourquoi le présent article ne prétend pas livrer des recettes toutes faites mais fournir quelques éléments de décision parmi d'autres. Un autre éclairage sous l'angle de la réduction de la base génétique dans un programme de sélection récurrente (modification de fréquence génique et probabilité de fixation d'un allèle) est donné par KANG (1980, 1983) en ce qui concerne les plans de croisements "single pair", factoriel et diallèle. Toutefois, l'extrême simplification du modèle utilisé (un seul locus) rend difficiles les applications pratiques. Le concept de coefficient de consanguinité utilisé par notre travail présente l'avantage de reposer sur une large base expérimentale et de ne pas faire intervenir d'hypothèse sur le nombre de gènes impliqués dans le contrôle des caractères pris en compte dans un programme d'amélioration.

### Bibliographie

ARBEZ, M., BARADAT, Ph., MAUGE, J. P., MILLIER, C. et BADIA, J.: Some problems related to use of selection indices in forest tree breeding. Proceedings of the IUFRO Joint Meeting on Population and Ecological Genetics Breeding Theory and Progeny Testing, Stockholm, 1974, (1974). — BARADAT, Ph.: Sélection combinée multicaractère chez le Pin maritime. Divers modèles d'index de sélection utilisés. C.R. 104ème Congrès des Sociétés savantes, Fasc. 2, p. 299—314, (1979). — BARADAT, Ph., ILLY, G., MAUGE, J. P. et MENDIBOURE, P.: Sélection pour plusieurs caractères sur indices. Programme de calcul. Application à la conduite des vergers à

graines, tests de descendances. Rapport annuel de l'Association Forêt-cellulose, p. 46—69, (1970). — BARADAT, Ph., ILLY, G., MAUGE, J. P. et MENDIBOURE, P.: Conception et réalisation d'un verger à graines test de descendances de Pin maritime. Rapport annuel de l'Association Forêt-cellulose, p. 16—42, (1970). — BARADAT, Ph., MARPEAU, A. et BERNARD-DAGAN, C.: Les terpènes de Pin maritime, aspects biologiques et génétiques. VI. Estimation du taux moyen d'autofécondation et mise en évidence d'écart à la panmixie dans un verger à graines de semis. Ann. Sci. Forest. 41 (2): 107—134, (1984). — BELL, G. D. et FLETCHER, A. M.: Computer organised orchard layout (cool) based on the permuted neighbourhood design concept. Silvae Genetica 27: 223—225, (1978). — CHRISTOPHE, C.: Stratégies de sélection sur indices à partir de plusieurs populations. Annales Amélior. Plantes 29 (3): 227—246, (1979). — DRYSON, W. G. et FREEMAN, G. H.: Seed orchard designs for sites with a constant prevailing wind. Silvae Genetica 17: 12—15, (1968). — FOWLER, D. P.: Effects of inbreeding in Red Pine, *Pinus resinosa* Ait. IV. Comparison with other northeastern *Pinus* species. Silvae Genetica 14: 76—81, (1965). — GIERTYCH, M. M.: Systematic layouts for seed orchards. Silvae Genetica 14: 91—94, (1964). — JOUVE, Ph.: Etude de la dépression de consanguinité chez le Pin maritime (*Pinus pinaster* Ait.). Comparison de descendances d'arbres "plus" en autofécondation ou en croisement. Mémoire de D.A.A. "Amélioration des Plantes". E.N.S.A. Rennes, (1985). — KANG, H.: Limits of artificial selection under unbalanced mating systems. Theor. Appl. Genet. 58: 181—191, (1980). — KANG, H.: Limits of artificial selection under balanced mating systems with family selection. Silvae Genetica 32: 188—195, (1983). — LETRITI-LIART, M.: Etude des lois de croisement chez le Pin maritime (*Pinus pinaster* Ait.). Estimation de trois facteurs d'écart à la panmixie dans un test de descendance de 14 ans. Mémoire de fin d'Etudes à l'E.N.I.T.E.F., (1984). — MÜLLER-STARK, G.: Reproductive systems in conifer seed orchards. I. Mating probabilities in a seed orchard of *Pinus sylvestris* L. Silvae Genetica 31: 168—197, (1982). — NAMKOONG, G. et ROBERTS, J. H.: Choosing mating designs to efficiently estimate genetic variance components for trees. I. Sampling errors of standard analysis of variance estimators. Silvae Genetica 23: 43—53, (1974). — O'REILLY, C., PARKER, W. H. et BARKER, J. E.: Effect of pollination period and strobili number on random mating in a clonal seed orchard of *Picea mariana*. Silvae Genetica 23: 135—138, (1982). — SORENSEN, F. C. et MILES, R. S.: Self pollination effects on Douglas Fir and Ponderosa Pine seeds and seedlings. Silvae Genetica 23: 135—138, (1974). — WANG, C. W., PERRY, T. O. et JOHNSON, A. G.: Pollen dispersion of slash pine (*Pinus elliottii*) with special reference to seed orchard management. Silvae Genetica 9: 78—86, (1960). — WILCOX, M. O.: Inbreeding depression and genetic variances estimated from self and cross-pollinated families of *Pinus radiata*. Silvae Genetica 32: 89—96, (1982).

## Méthode d'Evaluation de la Consanguinité chez les Plants issus des Vergers à Graines de Semis de Première Génération

### II. Vergers à Graines de Demi-Frères

Par Ph. BARADAT\*

(Reçu le 26 Juin 1985)

#### Résumé

Des formules sont établies qui permettent de calculer les paramètres de consanguinité des plants F2 produits par des vergers à graines de semis de demi-frères de première génération:

- . Proportion de descendants ayant des coefficients de consanguinité de 0, 1/8, 1/4, 1/2 ou 3/4.
- . Coefficient de consanguinité moyen.

Sont passés successivement en revue les différents cas de vergers de demi-frères issus de pollinisation libre ou contrôlée.

\* Ph. BARADAT, I.N.R.A., Laboratoire d'Amélioration des Arbres forestiers, Pierrotot, 33610 Cestas, France.

Mots-clés: Consanguinité, vergers à graines, polycross.

#### Summary

Formulae are established to compute consanguinity parameters of F2 plants produced by F1 half-sibs seedling seed orchards:

- . Proportion of offspring with inbreeding coefficient of 0, 1/8, 1/4, 1/2 or 3/4,
- . Average inbreeding coefficient.

Examined situations cover the cases of the different categories of half-sibs seed-orchards from open or controlled pollination.

Key words: inbreeding, seed orchards, genetic gain.