

Mise en place d'une méthodologie de sélection participative sur le blé tendre en France.

Rivière P.¹, Pin S.¹, Galic N.¹, de Oliveira Y.¹, David O.², Dawson J.³, Wanner A.⁴, Heckmann R.⁴, Obbellianne S.⁴, Ronot B.⁴, Parizot S.⁴, Hyacinthe A.⁴, Dalmaso C.⁴, Baltassat R.⁴, Bochède A.⁴, Mailhe G.⁴, Cazeirgue F.⁴, Gascuel J-S.⁴, Gasnier R.⁴, Berthelot J-F.⁴, Baboulène J.⁴, Poilly C.⁴, Lavoyer R.⁴, Hernandez M-P.⁴, Coulbeaut J.-M.⁴, Peloux F.⁴, Mouton A.⁴, Mercier F.⁴, Ranke O.⁴, Wittrish R.⁴, de Kochko P.⁴, Goldringer I.¹

¹ INRA, Le Moulon ferme du Moulon F-91190 Gif sur Yvette

² INRA, Unité Mathématiques et Informatique Appliquées UR 341 Domaine de Vilvert F-78352 Jouy en Josas

³ University of Wisconsin-Madison, 393 Plant Sciences / Moore Hall, 1575 Linden Dr. Madison, WI 53706, USA

⁴ Réseau Semences Paysannes 3, avenue de la Gare, F-47190 Aiguillon

Correspondance: pierre.riviere@moulon.inra.fr

Résumé

En Agriculture Biologique, les environnements des cultures et les pratiques agronomiques sont très diversifiés. Cette diversité peut être prise en compte par une sélection décentralisée associant le savoir-faire des agriculteurs et les connaissances scientifiques des chercheurs. Un travail co-construit entre associations et paysans du Réseau Semences Paysannes et l'équipe de recherche DEAP de l'INRA du Moulon a permis d'élaborer une approche innovante de sélection décentralisée et participative à la ferme.

Cette approche permet de (i) créer de nouvelles variétés populations de blé tendre adaptées localement (innovation génétique) (ii) mettre en place un mode d'organisation basé sur la co-construction entre acteurs et la décentralisation (innovation organisationnelle) et (iii) développer des dispositifs expérimentaux, créer des outils statistiques et de gestion de données qui favorisent ces innovations génétique et sociétale.

Mots clés : Méthodologie de la sélection, blé tendre, biodiversité cultivée, co-construction

Abstract: Set up of a methodology for participatory plant breeding in bread wheat in France.

In Organic Agriculture, cultivation environments and agronomic practices are very diverse. This diversity can be handled with decentralized selection based on the knowledge of farmers and scientists. A collaborative work between associations from Réseau Semences Paysannes and the DEAP team from INRA du Moulon set up an innovative breeding approach on farm based on decentralization and participation of farmers.

This approach makes it possible to (i) create new population varieties of bread wheat locally adapted (genetic innovation) (ii) set up an organizational scheme based on decentralization and co construction between actors (societal innovation) and (iii) develop experimental designs, create statistical and data management tools which stimulate these genetic and societal innovations.

Keywords: breeding methodology, bread wheat, cultivated biodiversity, co-construction

Introduction

L'Agriculture Biologique (AB) a des attentes fortes en termes de recherche sur les concepts et les méthodes de sélection et de gestion de la diversité.

En AB, l'utilisation d'intrants chimiques et de produits phytosanitaires issus de la chimie de synthèse est interdite. Les apports en azote proviennent essentiellement de la minéralisation des résidus, du fumier et des légumineuses qui peuvent être insérées dans les rotations. La minéralisation est irrégulière au cours du temps. Ces contraintes rendent les environnements de culture moins contrôlés et donc plus stressants pour les plantes. Actuellement, peu de variétés ont été sélectionnées pour l'AB. Même si récemment, la création variétale conventionnelle a été utilisée pour développer des lignées pures adaptées à l'AB (Rolland *et al.*, 2012). Nous proposons une autre approche méthode qui associe deux principes approches pour créer de nouvelles variétés adaptées aux pratiques de l'AB : développer des variétés avec une grande diversité inter- et intra-variétale et décentraliser la sélection en faisant participer les acteurs au processus de sélection.

Les variétés-populations sont des variétés hétérogènes qui présentent une grande diversité entre les individus. En France, jusqu'au 19^{ème} siècle, de nombreuses variétés-populations étaient cultivées. Ces variétés étaient adaptées localement aux conditions pédo-climatiques et aux pratiques agronomiques des paysans. Les paysans semaient et sélectionnaient leurs variétés d'année en année. Dès la fin du 19^{ème} siècle, le métier de sélectionneur s'est développé et progressivement les variétés utilisées ont été celles des sélectionneurs. Au 20^{ème} siècle, les variétés-populations ont été remplacées par des variétés homogènes (lignées, hybrides, clones). Ce processus s'accompagne d'une réduction de la biodiversité cultivée rencontrée dans les paysages comme cela a été montré sur le blé tendre (Bonneuil *et al.*, 2012). Une telle diminution augmente la vulnérabilité des agro-systèmes (Tooker et Franck, 2012). Un paysage diversifié au niveau des espèces cultivées, des variétés cultivées (diversité inter-variétale, notamment sur les gènes de résistances) et de la diversité intra-variétale est source de services écosystémiques qui augmentent les externalités positives ainsi que la stabilité et la résilience des agro-systèmes (MEA, 2005 ; Papaïx *et al.*, 2011 ; Chateil *et al.*, 2013). La biodiversité domestique¹ peut donc être considérée comme un des leviers nécessaires pour répondre aux évolutions du climat, des pathogènes et de la société. Elle est gérée soit dans des banques de graines (gestion statique) soit en culture dans les stations de recherche et les champs des paysans (gestion dynamique) (Thomas *et al.*, 2011).

Les variétés hétérogènes génétiquement présentent certains avantages agronomiques. Elles sont plus stables et résilientes au cours du temps (Wolfe *et al.*, 2008), permettent de maintenir une diversité des résistances aux pathogènes (Finckh *et al.*, 2000) et contribuent à diversifier les communautés de l'agro-système, améliorant les services écologiques (Tooker et Franck, 2012 ; Chateil *et al.*, 2013).

Une population hétérogène évolue sous la pression des forces évolutives. La sélection naturelle (influencée par les conditions pédo-climatiques mais également par les pratiques agronomiques des paysans) et la sélection de l'Homme permettent aux populations d'évoluer et de s'adapter localement. Ces approches sont valorisées dans la sélection décentralisée.

Dans le processus de sélection décentralisée, la sélection s'effectue directement dans les environnements « cibles » (Wolfe *et al.*, 2008). Les interactions entre le génotype et l'environnement sont ainsi valorisées. L'environnement est ici pris au sens large : stress biotique, abiotique, contexte pédo-climatique, pratiques agronomiques (rotations, itinéraires de cultures, etc.), et environnement socio-économique (type de filière par exemple) (Desclaux *et al.*, 2008). Au contraire, la sélection centralisée (Figure 1) sélectionne les génotypes dans des stations de recherche le plus souvent en conditions non limitantes et contrôlées (apports d'azote, irrigation, produits phytosanitaires). La sélection centralisée est dans de nombreux cas moins efficace que la sélection décentralisée pour

¹ Diversité entre les espèces et au sein des espèces animales et végétales domestiqués et sélectionnés par l'Homme

développer des variétés adaptées à des conditions limitantes et variées (Falconer, 1952 ; Murphy *et al.*, 2007; Wolfe *et al.*, 2008), bien que certaines études montrent le contraire (Annicchiarico *et al.*, 2010), notamment lorsque les environnements cibles se rapprochent des environnements de sélection ou que la variabilité génétique évaluée est restreinte (variétés issues de sélection conventionnelle) (Wolfe *et al.*, 2008).

En plus d'être décentralisée, la sélection peut être participative (Ceccarelli et Grando, 2007) : les paysans, les associations et l'équipe de recherche mettent en commun les observations de terrain et les analyses scientifiques. L'utilisateur final de la variété étant le paysan, l'associé au processus de sélection permet de valoriser les interactions GxE et ainsi d'augmenter les chances d'adoption des variétés. Le paysan va sélectionner des variétés correspondant à ses pratiques culturelles, ses sols, sa filière, ses débouchés commerciaux. Au delà de la sélection, cette collaboration permet d'autonomiser les paysans et de leur redonner une place dans la gouvernance des semences (Bonneuil et Demeulenaere, 2007 ; Morris et Bellon, 2004). La sélection décentralisée et participative est utilisée dans les pays du Sud (Ceccarelli *et al.*, 2000 ; Smith *et al.*, 2001 ; Virk *et al.*, 2005) et plus récemment dans les pays du Nord (Mendes Moreira *et al.*, 2008 ; Chable *et al.*, 2008 ; Dawson *et al.*, 2011; Rivière *et al.*, 2013).

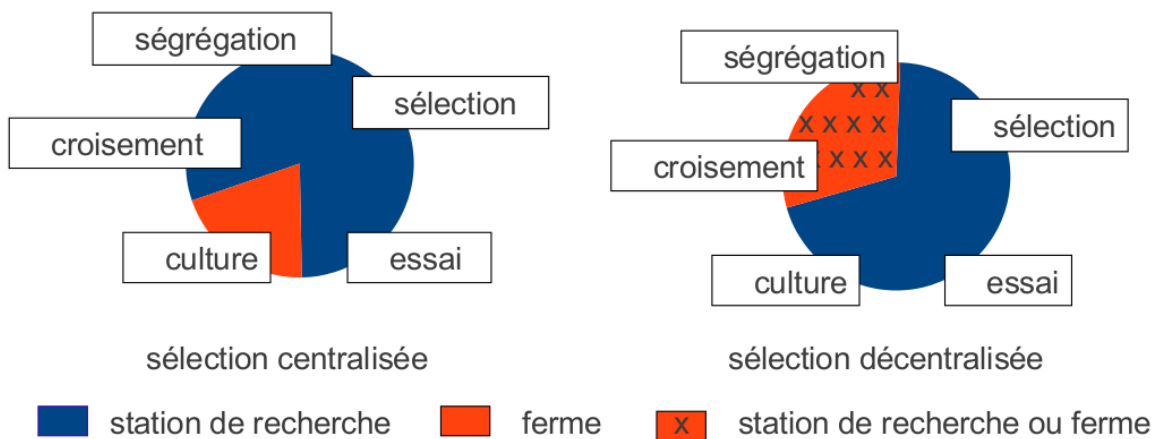


Figure 1 : Représentation des différences entre sélection centralisée (à gauche) et décentralisée à la ferme (à droite) ; d'après Ceccarelli et Grando (2007).

En France, un programme de sélection participative (SP) a démarré en 2005 entre le Réseau Semences Paysannes (RSP) et l'équipe DEAP (Diversité Evolution et Adaptation des Populations) de l'INRA du Moulon. Le RSP regroupe 75 associations qui ont pour objectif l'utilisation et le maintien de la biodiversité cultivée et la mise en place de structures collectives de gestion des semences (Maison de la semence) (Réseau Semences Paysannes, 2008).

L'objectif de cette collaboration entre le RSP et DEAP est de mettre au point une méthodologie de la sélection basée sur la décentralisation et la co-construction entre paysans, associations et chercheurs. Cette méthodologie vise à (i) créer des variétés-populations adaptées aux conditions locales et aux pratiques des paysans, (ii) développer des méthodes et des outils opérationnels pour la gestion / sélection de la biodiversité cultivée à la ferme et (iii) renforcer l'apprentissage et l'autonomie des agriculteurs en matière de gestion/sélection des semences.

Au départ du projet en 2005-2006, Jean François Berthelot (JFB), paysan-boulangier près d'Agen, a réalisé sur sa ferme avec l'aide de l'équipe de recherche 90 croisements pour créer de nouvelles populations. Le RSP souhaitait également démontrer qu'il était possible aux paysans de créer leurs variétés. Ces nouvelles populations hétérogènes ont été multipliées sur sa ferme entre 2006 et 2008.

En 2008, ces populations ont été distribuées au sein du RSP. Entre 20 et 25 paysans, répartis dans toute la France, participent au projet de SP depuis 2008.

Cet article décrit la méthodologie mise en place dans ce processus de sélection.

1. Co-construction du programme entre paysans, associations et chercheurs.

La méthodologie présentée est le résultat de six années de collaboration entre paysans, associations du RSP et l'équipe de recherche. Ce projet est un projet de recherche action : Tout en effectuant le programme de recherche pour répondre à la question initiale, la sélection, la méthodologie et l'organisation peuvent être modifiées, ajustées à chaque étape à la suite de décisions collectives.

La diversité utilisée dans le programme vient en grande partie des populations issues des croisements de JFB en 2005. JFB a choisi les parents qui sont des variétés de pays, des variétés anciennes et quelques variétés modernes de Suisse et d'Allemagne créées pour l'AB. L'objectif de JFB était d'associer les qualités agronomiques (résistance à la verse, concurrence vis à vis des adventices, etc.) aux qualités gustatives (évaluées par analyse sensorielle) et nutritionnelles (teneur et qualité des protéines, contenu en minéraux, micro-nutriments et vitamines, contenu en acide phytique et teneur en fibres évaluées sur certaines variétés et informations issues de Roussel *et al.* (2005) pour les autres) du pain. Des mélanges de variétés-populations sont également utilisés comme source de diversité. Au cours du temps, certains paysans ont proposé de nouveaux croisements entre des variétés qu'ils avaient identifiées et des demandes de formation à la réalisation de croisements ont été faites. Plusieurs formations ont donc été réalisées par l'équipe de recherche à destination des paysans. Cela a permis de créer 120 nouvelles populations depuis 2006. Des formations sur les principes de la génétique et la sélection ont également été réalisées à la demande des paysans, de même qu'un livret technique (version beta) sur la SP².

Chaque année, avant les semis, une réunion est organisée avec tous les acteurs du projet. Au début du projet, les mesures à réaliser pour évaluer les nouvelles populations créées sont choisies. Des fiches de suivi ont été mises en place pour chaque étape du cycle du blé : semis, tallage, épiaison et maturité. Au delà des critères agronomiques « classiques » (port au tallage, date d'épiaison, présence de maladies, etc.), les paysans ont souhaité donner une note globale (subjective et holistique) et un commentaire. Ils ont également demandé que figure sur les fiches un rappel des dernières notations prises. Ces demandes ont été intégrées dans la création des fiches de suivi qui évoluent d'année en année.

Un exemple de la « fiche été » est présenté en Figure 2.

Croisement	Date	Globale	Biomasse	Crosses		Couleur		hétéro	Barbes		Verse	Hauteur (m)
C21 ₂ Sb				pas croisé		blanc			barbus	<input type="checkbox"/> à plat		
				intermédiaire		intermédiaire		intermédiaire	<input type="checkbox"/> couché			
				croisé		rouge		nonbarbus	<input type="checkbox"/> intermédiaire			
									<input type="checkbox"/> presque droit <input type="checkbox"/> droit			
Date de la récolte : Poids du grain récolté sur la micro-parcelle : Commentaires pour cette pop :												
Rappel hiver : date : 20/03/2012 globale= 4, reprise= 5, densité= , Port au tallage : demi-étalé, Attitude des feuilles : de biais Commentaires hiver : une des plus développée Rappel printemps : date : 15/05/2012 globale= 4, tallage= moyen, vigueur= 3, Couleur : vert, Adventices : gaillet (beaucoup) ; vulpin (un peu) ; coquelicot (un peu) Commentaires printemps : joli, plus court que le mélange												

Figure 2 : Exemple de la « fiche été » à remplir au moment de la maturité.

² Fruchaud, G., Rivière, P., Goldringer, I., Des blés en (R)Evolution : création de variétés de blé tendre de qualité adaptées à l'Agriculture Biologique et conservation de la biodiversité cultivée dans un processus de sélection participative. 2011. Document technique.

En plus de ces fiches qui rapportent des données qualitatives, des mesures quantitatives sont réalisées à la récolte par l'équipe de recherche (couleurs, courbure de l'épi, barbes, hauteur, distance entre la base de l'épi et la feuille drapeau, poids de l'épi, nombre d'épillets, poids de mille grains et taux de protéines).

Les fermes sont divisées en deux types selon le dispositif expérimental qu'elles accueillent : les fermes régionales et les fermes satellites (Figure 3). La variété-population Rouge du Roc, une sélection paysanne dans Rouge de Bordeaux, est utilisée comme témoin répété dans toutes les fermes. Le dispositif expérimental des fermes régionales comporte deux blocs avec 4 populations ou variétés présentes dans chaque bloc : C14 et C21 issus de croisements de 2006, Renan qui est largement utilisé en AB et Rouge du Roc. Dans les fermes satellites, Rouge du Roc est répétée deux fois. Les fermes régionales accueillent entre 20 et 35 populations. Elles sont des lieux de rencontre l'été avec les paysans de la région, les boulangers, les consommateurs. Les fermes satellites accueillent entre 5 et 10 populations. Ce dispositif a été mis en place à partir de 2010. Il est le résultat d'un compromis entre une maximisation du nombre de génotypes testés dans le terrain alloué et la possibilité de calculer des variances environnementales sur chaque ferme pour pouvoir différencier les populations.

Rouge-du-Roc	pop1	pop2	pop3	
pop4	pop5	C21	pop6	
pop7	C14	pop8	pop9	
pop10	pop11	pop12	Renan	
pop13	C21	pop14	pop15	
Renan	pop16	pop17	pop18	
pop19	pop20	pop21	Rouge-du-Roc	
pop22	pop23	C14	pop24	

Rouge-du-Roc	pop1
pop2	pop3
pop4	pop5
pop6	pop7
pop8	Rouge-du-Roc

Figure 3 : Dispositif sur les fermes régionales (gauche) et les fermes satellites (droite). Les témoins sont sur fond noir.

2. Outils d'analyse et de gestion des données mis en place

Pour appuyer notre méthodologie, deux types d'outils ont été mis en place : statistiques et gestion des données.

2.1 Statistiques

Les dispositifs expérimentaux sur les fermes, qui résultent de compromis entre possibilité d'analyses statistiques et surface et travail pour le paysan, sont très déséquilibrés : dans une matrice regroupant toutes les combinaisons génotype-ferme possibles, il y a plus de 95% de données manquantes. De nouvelles méthodes statistiques ont été développées pour analyser ces données. Les objectifs de ces analyses sont (i) de réaliser des comparaisons de moyennes sur les fermes et (ii) d'estimer les effets génétiques et fermes sur le réseau ainsi que la sensibilité des génotypes à l'interaction GxE.

Savoir si deux génotypes sont significativement différents l'un de l'autre permet de guider la sélection entre génotypes. Dans notre cas, une analyse de variance classique avec estimation des effets génétiques est impossible car les populations sont très peu répétées et il n'y a pas assez de degrés de liberté à la résiduelle.

Pour nous affranchir de cette contrainte, nous avons profité de la masse de données dont nous disposons pour utiliser un modèle Bayésien hiérarchique (Robert, 2001). Ce modèle fait l'hypothèse que les variances environnementales de chaque ferme sont issues d'une loi commune. Cette loi est une

loi Gamma avec une large variance qui permet de couvrir la diversité de variabilité des différents milieux. Le modèle estime la loi des variances d'où sont issues leurs valeurs. C'est possible car de nombreuses fermes ont la même structure d'essai. In fine, ce modèle permet de comparer les populations deux à deux sur chaque ferme.

Il est également intéressant pour le paysan d'avoir des informations sur le comportement des populations sur d'autres fermes. Il faut être capable de regrouper les fermes selon le comportement des populations qui y sont évaluées et savoir la part des interactions entre les populations et leurs environnements.

Nous utilisons le modèle de Finlay Wilkinson (Nabugoomu *et al.*, 1999). Ce modèle permet d'estimer des effets génotypes, fermes et une sensibilité à l'interaction pour chaque génotype. Un tel modèle ne va pas dans les détails de l'interaction comme le ferait un modèle de type AMMI (Gauch *et al.*, 2008). Cependant, il est plus parcimonieux et donc moins sensible au déséquilibre des données et permet de retirer beaucoup d'information.

Comme précédemment, nous utilisons un modèle Bayésien hiérarchique pour estimer les différents paramètres (Robert, 2001). Nous faisons l'hypothèse que les effets des génotypes, les effets des lieux et les sensibilités des génotypes sont aléatoires. L'analyse est possible car nous avons de nombreuses données dans l'espace et dans le temps. Un tel modèle permet de classer les fermes en groupes de ressemblance et d'informer sur la sensibilité des variétés à l'interaction. De telles informations sont utiles pour les paysans qui souhaitent tester de nouvelles populations. Ils peuvent tester des populations issues de fermes qui se comportent de façon proche de leur ferme, ou utiliser des populations plus stables (sensibilité à l'interaction faible).

2.2 Gestion des données

Une base de données a été développée pour stocker les informations relatives au projet de SP : SHiNeMas (Seed History and Network Management System). Le principe de l'organisation des données est que chaque lot de semences est relié à un autre lot de semences par une relation : reproduction, diffusion, sélection, mélange. Ces relations permettent de détailler l'historique d'un lot de semences. Chaque relation, lot de semences ou personne est relié à des données. Ces données peuvent être qualitatives (confiance en l'information qu'une diffusion a effectivement eu lieu, statut professionnel d'une personne, ...) ou quantitatives (hauteur, poids de mille grains, données moléculaires, ...). Le choix des variables est libre, cela permet une grande flexibilité. Chaque variable est liée à une méthode d'obtention de cette variable. Des fonctions R ont été développées pour réaliser des requêtes sur la base de données. Cela permet à la fois d'étudier le fonctionnement du réseau (nombre de multiplications, de sélections, d'échanges, etc.), et de mettre en place des fiches de suivi et des dossiers personnalisés des résultats pour chaque paysan.

Tous ces outils sont open source et gratuits. Ce point est primordial pour la transmission et la diffusion de ce travail dans les associations. Un package R regroupant toutes ces fonctionnalités (analyses statistiques et interface avec ShiNeMas) ainsi qu'une interface de saisie des données via des fichiers types et de requête sont en cours de développement.

3. Différentes étapes entre le semis et la récolte

Dans cette partie, le terme « animateur » est utilisé pour désigner une personne de l'équipe de recherche ou d'une association. L'équipe de recherche a coordonné le projet de 2005 à 2012. Pour l'année 2012-2013, les associations animent le projet, aidées par l'équipe de recherche. Ce travail d'animation est la clé de réussite du projet (Ali Brac de la Perrière *et al.*, 2011 ; Storp et De Kochko, 2011).

Les différentes étapes du programme de SP sur une année sont les suivantes : semis, notations et observations, sélection intra-variétale, récolte, décisions pour le semis et échanges (Figure 4).

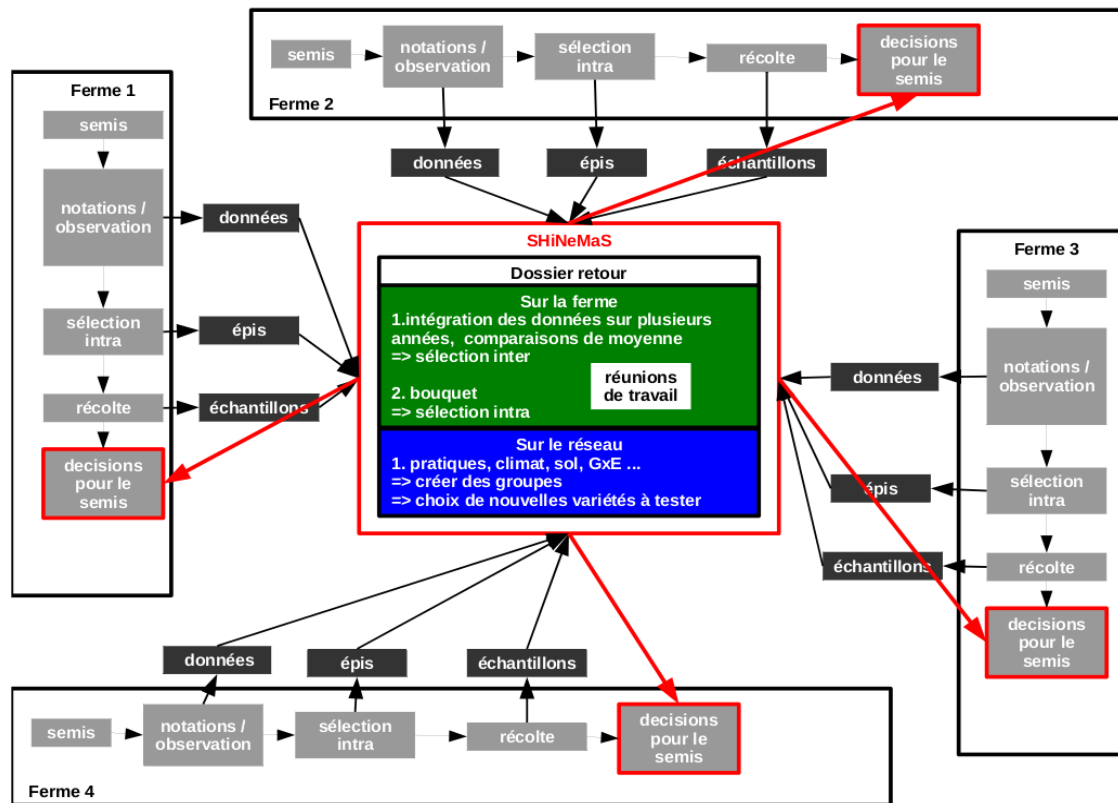


Figure 4 : Les différentes étapes du projet de Sélection Participative.

3.1 Semis

Les paysans choisissent les populations qu'ils souhaitent semer en plus du ou des témoins mis en place. Ils envoient la liste des lots de semences choisis à l'animateur qui coordonne les échanges. Certains échanges de paysan à paysan ont également lieu. L'animateur propose ensuite un plan de semis respectant le dispositif expérimental (fermes régionales ou satellites).

3.2 Notations et observations

Les notations sur des fiches sont faites au cours du cycle du blé par les paysans. L'animateur envoie les fiches ainsi qu'une notice « comment remplir la fiche » pour chaque étape : semis, tallage, épiage, maturité. Des informations sur le climat et d'éventuels accidents sur la culture sont recueillies également. Des notices concernant les maladies et les ravageurs sont également fournies. Quatre fiches de suivi sont donc envoyées au cours de l'année. Si nécessaire, les animateurs recontactent les paysans pour leur rappeler les dates d'observation.

3.3 Sélection intra variétale

Les paysans qui le souhaitent peuvent sélectionner des épis et envoyer les bouquets d'épis sélectionnés à l'équipe de recherche. Cela permet d'étudier le différentiel de sélection et la réponse à la sélection massale l'année suivante. Le différentiel de sélection (S) est la différence entre la moyenne

des épis sélectionnés et la moyenne du vrac (i.e. des épis pris au hasard). La réponse à la sélection (R) est la différence entre la moyenne des descendance issues du bouquet de sélection et des descendance issues du vrac. L'héritabilité au sens strict h^2_{ss} relie S et R tel que : $R=h^2_{ss} S$. Dans notre cas, nous avons accès à S et R, on en déduit l'héritabilité réalisée h^2_r . h^2_r est compris entre 0 et 1. Si elle vaut 0, alors le différentiel de sélection est dû uniquement à l'environnement. Si elle vaut 1, alors le différentiel de sélection est uniquement dû à la génétique.

3.4 Récolte

Des visites sont organisées sur les fermes régionales au moment des récoltes. Ces visites permettent de présenter le projet, et de rencontrer paysans, boulangers et représentants d'associations. Un « jeu de la sélection » est organisé. Dans un espace d'une trentaine de populations, chaque participant doit choisir cinq populations qu'il évalue positivement, et cinq populations qu'il évalue négativement. Une discussion est ensuite organisée sur les critères de choix des différents blés par les participants.

Après la récolte, les paysans envoient à l'équipe de recherche un échantillon de 50 épis par population (sauf pour les bouquets de sélection où le nombre d'épis est libre). L'équipe de recherche mesure, entre autres, le poids d'un épi, le poids de mille grains et le taux de protéines sur les grains des échantillons. Dans le cadre d'un travail de recherche sur l'impact du programme de SP sur l'évolution des caractères des populations, des mesures plus précises ont été faites (longueur de l'épi, nombre d'épillet, etc). Mais celles-ci ne font pas parties d'un suivi « en routine » des populations.

3.5 Décision pour le semis

Les données sont rentrées dans la base de données ShiNeMas. Cela permet de générer un « dossier retour » qui est personnalisé pour chaque paysan. Ce dossier complète les observations des paysans pour choisir les populations à semer. Au cours de réunions de semis, une discussion autour des « dossiers retour » a lieu. Les paysans peuvent baser leur sélection (inter et intra variétale) sur les résultats obtenus. Ils peuvent également choisir de nouveaux génotypes sur le réseau. Ce dossier est structuré en deux parties.

- Une première partie présente les résultats obtenus sur la ferme : un bilan des notations qui ont été faites au cours du cycle et les comparaisons de moyennes sur les données quantitatives. Les résultats sur plusieurs années sont également présentés. Pour les paysans concernés, les résultats sur la réponse à la sélection et l'héritabilité réalisée sont présentés. Ces notions de génétique ont été discutées en réunion afin que les paysans s'approprient ces concepts. Ces résultats leur permettent d'évaluer l'impact de leur sélection sur les critères qu'ils considèrent d'intérêt.
- Une deuxième partie présente les résultats sur le réseau pour que les paysans puissent observer les regroupements des fermes et identifier de nouvelles populations à tester sur leurs fermes. Ils ont également accès aux résultats sur la sensibilité des populations à l'interaction.

4. Résultats et discussion

4.1 Diversité cultivée dans le réseau de fermes : nombre et types de populations

Depuis le début du projet de SP, 650 germplasm de différents types ont été cultivées par les paysans participants : variétés de pays, variétés anciennes, variétés modernes créées pour l'AB en Allemagne et en Suisse, populations issues de croisements, mélanges et sélections massales réalisées par les paysans dans les types précédemment cités. Sur ces 650 germplasm, 165 ont été créés par croisement par les paysans (avec l'aide technique de l'équipe de recherche).

Le nombre de lots de semences récoltés a évolué de 80 en 2006 pour atteindre plus de 900 en 2012 (Figure 5). Le nombre de germplasm mis en culture en 2012 était de 334. Il s'agit en grande partie de populations issues de croisements, de mélanges et de populations issues de sélections massales.

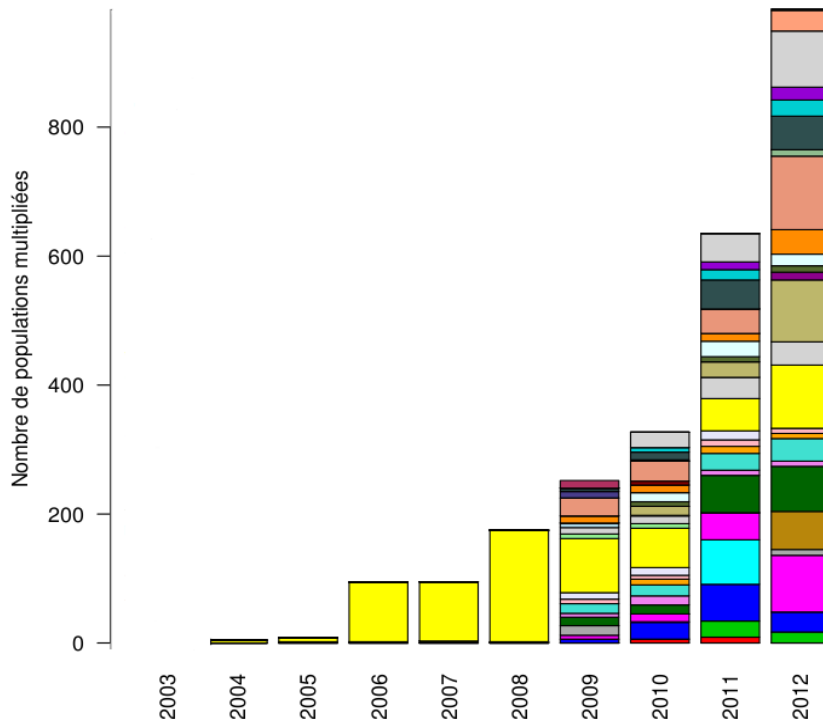


Figure 5 : Évolution du nombre de lots de semences récoltés sur le réseau. Une couleur représente un paysan.

4.2 Comparaison des populations sur les fermes et sélection intra et inter population.

4.2.1 Comparaison des populations

L'objectif est de différencier des populations entre elles. Le modèle Bayésien permet de faire des tests de comparaisons entre populations sur les fermes. L'erreur de type I (risque de rejeter l'hypothèse H_0 : les populations sont égales) utilisée est de $0.10/\text{nombre de génotypes sur la ferme}$ par défaut. La majorité des variables mesurées sur les fermes présentent au moins deux groupes distincts avec ce seuil. Il arrive que pour une variable donnée sur une ferme, un seul groupe soit détecté. Dans ce cas, nous augmentons l'erreur de type I jusqu'à pouvoir distinguer au moins deux groupes. Ceci permet aux paysans de différencier les populations. Un des objectifs des paysans du projet est de se (ré)approprier la sélection. Nous souhaitons donc leur apporter le maximum d'information pour qu'ils puissent sélectionner ; nous leur indiquons alors le risque associé au test.

4.2.2 Sélection entre populations

Il est possible de distinguer, donc de sélectionner, les populations. En moyenne, les paysans ont re-semé 75% (2009), 82% (2010), 76% (2011) et 66% (2012) des lots de semences récoltés l'année précédente. Au fur et à mesure que le projet avance, la sélection inter population semble en moyenne devenir plus forte.

4.2.3 Sélection intra population et réponse à la sélection

Le nombre de sélection intra population sur le réseau était d'une trentaine en 2008-2009 pour passer à plus de 100 en 2011-2012 et 2012-2013. Ces sélections donnent naissance à de nouvelles populations

qui sont évaluées sur les fermes.

Tous les différentiels de sélection (différence entre sélection et vrac en 2010-2011) pour le poids de l'épi sont positifs sauf pour le paysan FRC (Figure 6). Cela s'explique car ce dernier n'a pas sélectionné sur le poids de l'épi mais sur la couleur uniquement. Parmi les différentiels positifs, 60% sont significativement supérieurs à 0.

Nous montrons également que quand la réponse à la sélection est significative, elle est positive (Figure 6). La réponse à la sélection sera d'autant plus forte que le caractère sera héritable. L'héritabilité du poids de l'épi ou de mesures s'en rapprochant est intermédiaire : inférieure à celle du poids de mille grains, de la hauteur ou de la précocité, mais supérieure à celle du nombre d'épis par plante ou du rendement (Goldringner *et al*, 1997; Sadras *et al*, 2013). C'est encourageant et donne aux paysans des résultats qui leur permettent de mieux orienter leur sélection. Cependant, tous les paysans n'ont pas suivi le protocole d'étude de la réponse à la sélection. Une majorité a semé directement la version sélectionnée sans le vrac, par manque de place sur la ferme ou suite à une mauvaise compréhension. Lors de la réunion de semis suivante, l'intérêt de suivre ce protocole a été abordé et de nombreux paysans le suivront cette année.

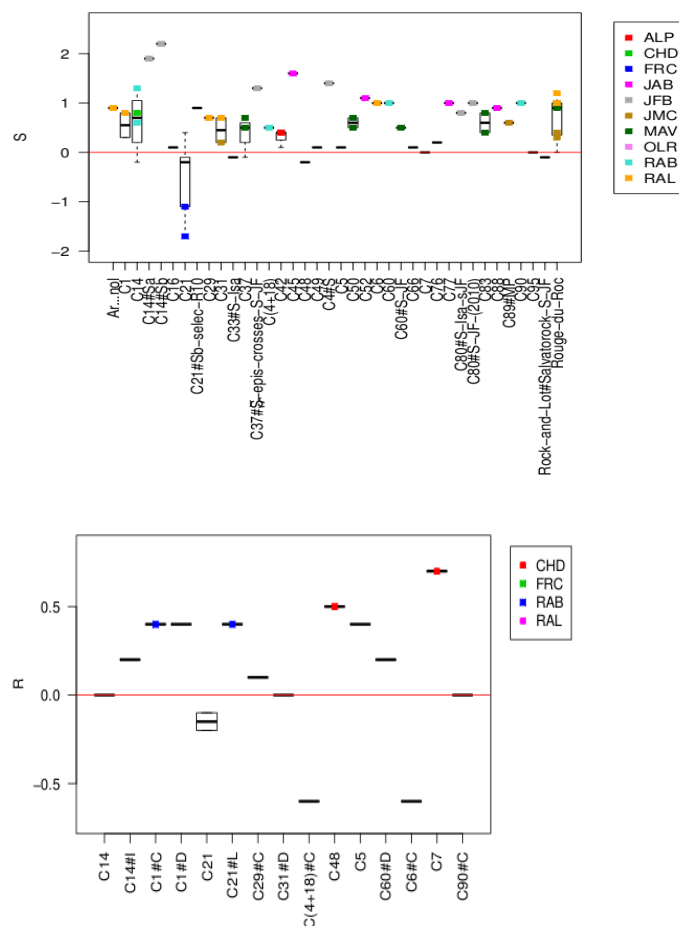


Figure 6 : Différentiel de sélection (gauche) et réponse à la sélection (droite) pour le poids de l'épi. Les génotypes sont en abscisse. Les valeurs de S (et respectivement R) sont en ordonnée. Pour une population, il peut y avoir plusieurs sélections. Les valeurs significativement différentes de 0 (au niveau 5%) sont marquées d'un carré de couleur qui correspond au paysan qui a fait la sélection.

4.3 Évolution des pratiques des paysans, des associations et de l'équipe de recherche.

Les pratiques des paysans ont évolué depuis le début du projet: augmentation des échanges (Figure 7), des sélections (inter- et intra-population) et de la création de variabilité par croisement.

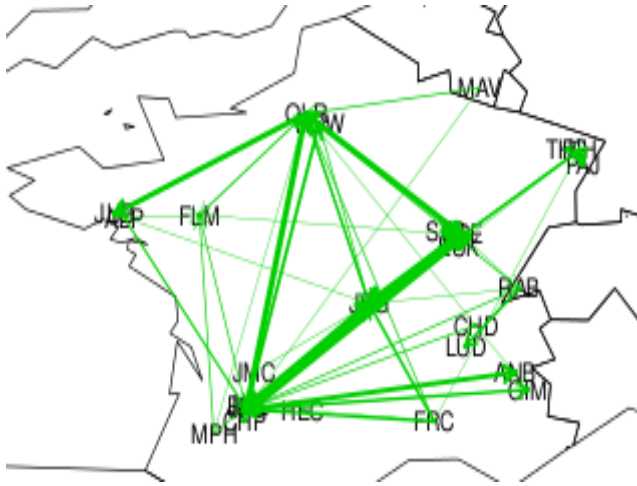


Figure 7 : Échanges entre paysans sur le réseau en 2011.

Les pratiques des chercheurs ont également évolué. Travailler avec les paysans demande plus de temps et d'organisation qu'un travail classique sur la station de recherche. Par exemple, le recueil des données implique une grande logistique et de nombreuses communications téléphoniques. La base de données ShiNeMas et les fonctions qui ont été développées sont d'une grande aide pour s'organiser.

4.4 Une approche qui permet une innovation génétique et sociétale

La stratégie mise en place est issue d'une co-construction entre paysans, associations et équipe de recherche. La réussite de ce type de projets demande du temps et requiert la confiance des différents acteurs (Storup et De Kochko, 2011).

Ce projet a trois échelles : nationale, régionale et locale (sur la ferme). Dans notre cas, les échelles nationale et régionale ne sont pas différenciées jusqu'en 2012. Depuis 2013, le processus est en cours de décentralisation dans chaque association régionale.

Dans un premier temps, le groupe a discuté les objectifs à atteindre lors de réunions. Chaque personne s'exprime lors de tours de table. Le groupe s'est mis d'accord sur les mesures à réaliser et les dispositifs expérimentaux à mettre en place. Certains paysans ont demandé des mesures supplémentaires comme la force boulangère (W). Cette demande provient de paysans intégrés dans des filières plus longues (avec un meunier qui achète les grains pour faire de la farine qui est ensuite vendue à des boulangers).

Les outils créés permettent de répondre aux objectifs de départ tout en permettant aux associations au niveau régional de s'adapter aux besoins des paysans et de répondre à leurs objectifs.

ShiNeMas permet de prendre en compte les variables que l'on souhaite. Ainsi, les groupes régionaux peuvent enregistrer des variables qui leurs sont propres. Par exemple, dans les fermes d'élevage, la quantité de paille sera plus importante que dans les fermes céréalnières où la qualité du grain sera davantage prise en compte. Dans tous les cas, il est important que le groupe se mette d'accord pour avoir certaines mesures en commun afin que tout le monde puisse profiter des résultats des autres fermes. Par exemple, le poids de mille grains, la verse, la hauteur, la distance entre la dernière feuille et

la base de l'épi, sont des critères partagés par tous les paysans. Une analyse de ces choix ainsi que de l'évolution des critères dans le groupe reste à conduire. Le « dossier retour » illustre comment le projet s'adapte individuellement à chaque paysan.

Dans un programme de sélection conventionnelle, la sélection se fait de manière très linéaire : mise en place d'un cahier des charges, création de variabilité, sélection dans cette variabilité, évaluation, multiplication, inscription au catalogue et diffusion sur le marché. Dans notre cas, nous avons repéré dix types d'activités dans notre processus de sélection : mise en place d'un cahier des charges (d'une charte dans notre cas), création de variabilité, sélection entre populations négative (i.e. choisir une population qui ne sera pas ressemée), sélection entre populations positive, sélection intra population, mélange, évaluation, multiplication, envoi de lots de semences et réception de lots de semences. Ces étapes ne s'enchaînent pas de manière successive sur les fermes (Figure 8). En effet, grâce au travail du collectif, les paysans ne passent pas forcément par toutes les étapes, notamment ils commencent rarement par l'étape de création de variabilité mais utilisent plutôt au début les populations déjà créées. De plus, toutes les fermes ne sont pas dans les mêmes activités au même moment. Par exemple, la création de variabilité par croisement a été effectuée par 10 paysans sur 25. Certains paysans se sont échangés des lots de semences, etc.

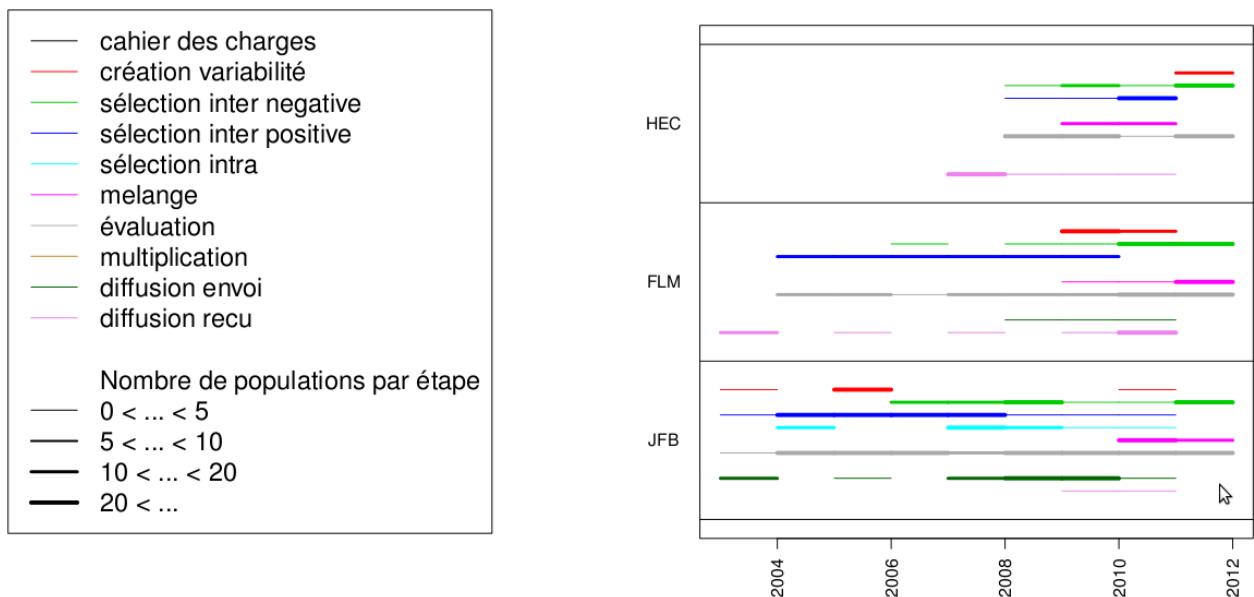


Figure 8 : Mise en place des différentes activités liées à la sélection dans le projet de SP. Trois dynamiques différentes sont représentées pour 3 paysans : HEC, FLM et JFB.

Les paysans sont acteurs de la sélection car ce sont eux qui choisissent ce qu'ils vont semer sur leurs fermes. Cette stratégie permet l'innovation au niveau individuel. Les paysans peuvent aller à leur rythme (Figure 8) et disposer des résultats concernant leurs essais sans être dépendants des autres paysans. Cependant, la mise en réseau est primordiale. C'est la mise en réseau qui permet de réaliser les statistiques et de récupérer de nouvelles populations à tester. Dans ce sens, les paysans sont dépendants entre eux. C'est cet équilibre entre indépendance/dépendance qu'il convient de trouver pour mener à bien le projet.

La diversité des pratiques de sélection permet au réseau une grande capacité de création variétale et de décentralisation de la prise de contrôle (qui fait quoi, qui sait quoi, qui envoie les semences, qui crée les nouvelles populations, etc.). Ce point est important car tous les paysans ont la possibilité de jouer le même rôle dans ce projet, ainsi les sources d'innovations sont multipliées. Deux types d'innovations émergent.

L'innovation variétale tout d'abord : les croisements qui ont été réalisés, les mélanges et les pressions

évolutives sur chaque ferme permettent de créer de nouvelles populations adaptées aux pratiques, au terroir et au débouché de chacun. Cette diversité peut être utilisée comme nouvelle base de sélection. Certains paysans utilisent ces nouvelles variétés-populations en mélange. Elles viennent en général compléter un mélange pré-existant ou créer un nouveau mélange.

L'innovation méthodologique ensuite. Le fait de décentraliser le processus de sélection permet de faire profiter le groupe des nouvelles idées venant des fermes (acteurs). Par exemple, une paysanne a proposé d'ajouter sur les fiches les informations issues des fiches précédentes. La fiche d'été mentionne maintenant les notations prises sur la fiche d'hiver et la fiche de printemps (Figure 2). Cela a été pris en compte par l'équipe de recherche, qui a pu ensuite en faire profiter tous les paysans. Un questionnaire permet de demander aux paysans leurs avis sur le « dossier retour » et sur les fiches. Pour la saison 2012-2013, il en est ressorti que l'information devait être plus synthétisée. L'équipe de recherche a donc fait évoluer le dossier.

5. Conclusion et perspectives

Notre travail est le résultat d'une interaction, d'une co-construction entre paysans, associations et équipe de recherche. Ce travail est basé sur la décentralisation de la sélection qui permet la valorisation des interactions génotypes-environnements. Ce travail a permis de développer des outils et méthodes innovants de sélection et de gestion à la ferme de la biodiversité cultivée. Un travail est en cours pour caractériser la diversité génétique produite/gérée par le programme de SP et l'impact de ces pratiques sur la diversité. Des variétés-populations sont adoptées par certains participants. Le paysan (re)prend toute sa place dans les différentes étapes du processus de sélection. Une telle approche rend les paysans plus autonomes et renforce l'appartenance à un réseau. L'équilibre entre dépendance/indépendance du paysan au réseau est important. Tout en étant très libre dans ses choix sur sa ferme, son activité se replace dans un contexte plus global. Les innovations génétiques (i.e. les variétés-populations) et organisationnelles reposent sur la mise en réseau et la possibilité pour les acteurs de s'exprimer. Depuis cette année, les associations s'autonomisent, ce qui est nécessaire pour décentraliser la sélection et l'innovation au maximum.

La méthode que nous avons créée n'est pas une méthode universelle qu'il faut appliquer telle quelle dans un autre contexte. Cette méthodologie est adaptable à chaque contexte local et transposable sur d'autres espèces. Chaque groupe doit discuter et mettre au point ses propres méthodes. Il faut beaucoup de temps de discussion et de rencontre entre les différents acteurs pour mettre en place et faire perdurer ce type de programme (Storup et De Kochko, 2011).

C'est dans cette idée qu'ont été développés les différents outils (base de données et statistiques). Les outils statistiques utilisés permettent une grande souplesse dans la mise en place des dispositifs expérimentaux à condition que le nombre d'essais reste important et que les essais partagent le même dispositif expérimental. La base de données ShiNeMas permet également une grande souplesse. Les variables et les méthodes ne sont pas fixées, chaque groupe peut donc utiliser ShiNeMas selon ses besoins.

Tout ces outils ont été développés en langage libre et open source (PostgreSQL, python, Django, R, LaTeX). Cela permet une meilleure diffusion et une meilleure adaptabilité pour les spécificités locales. En ce moment, l'équipe de recherche améliore la convivialité de ces outils et méthodes ainsi que la portabilité des approches à d'autres groupes de producteurs et sur d'autres espèces.

Ces approches sont à replacer dans le concept des maisons de la semence. Les maisons de la semence sont des lieux qui permettent de conserver les semences, mais aussi d'organiser la gestion des ressources, des programmes de SP, de fournir un soutien technique, etc. Cela ouvre de nouvelles questions concernant la place des jardiniers, de l'espace dédié à la conservation et à la sélection chez les paysans.

Remerciements

P. Rivière a été financé par une bourse DIM ASTREA (Région Ile de France). J. Dawson a été financée par une bourse postdoctorale INRA et pendant 5 mois par une bourse post-doctorale du European Community's Seventh Framework Programme (FP7/ 2007-2013) avec le Grant Agreement n245058-Solibam (Strategies for Organic and Low-input Integrated Breeding and Management). Les recherches qui ont conduit à ces résultats ont reçu un financement du programme FP7 Solibam mentionné ci-dessus.

Nous tenons à remercier les paysans qui ont participé plus ponctuellement à ce projet. Merci à L. Hazard et E. Demeulenaere pour leurs conseils sur la partie analyse de la méthodologie. Merci à F. Gauthier pour son aide dans la parallélisation des calculs sous condor. Merci enfin à l'équipe DEAP pour les nombreuses discussions enrichissantes autour de délicieux gâteaux.

Références bibliographiques

- Ali Brac de la Perrière R., de Kochko P., Neubauer C., Storup B., 2011. Visions paysannes de la Recherche dans le Contexte de la Sélection Participative: Comment co-construire et mutualiser les connaissances sur les plantes? Pour l'Emergence D'une Université Du Vivant. Document essentiellement issu des travaux du séminaire « Retour d'expériences en sélection participative » qui s'est déroulé en février 2011 à Angers, dans le cadre du projet REPERE coordonné par la Fondation Sciences Citoyennes (<http://sciencescitoyennes.org/>)
- Annicchiarico P., Chiapparino E., Perenzin M., 2010. Response of Common Wheat Varieties to Organic and Conventional Production Systems Across Italian Locations, and Implications for Selection. *Field Crops Research* 116(3): 230–238.
- Bonneuil C., Demeulenaere E., 2007. Vers Une Génétique de pair à pair ? L'émergence de la sélection participative. *In Des sciences citoyennes? La question de l'amateur dans les sciences naturalistes*. Edition de l'Aude. pp.122-147.
- Bonneuil C., Goffaux R., Bonnin I., Montalent P., Hamon C., Balfourier F., Goldringer I., 2012. A new integrative indicator to assess crop genetic diversity. *Ecological Indicators* 23, 280–289.
- Ceccarelli S., Grando S., 2007. Decentralized-Participatory Plant Breeding: An example of demand driven research. *Euphytica* 155(3), 349-360.
- Ceccarelli S., Grando S., Tutwiler R., Baha J., Martini A.M., Salahieh H., Goodchild A., Michael M., 2000. A methodological study on participatory barley breeding I. Selection phase. *Euphytica* 111, 91-104.
- Chable V., Conseil M., Serpolay E., Le Lagadec F., 2008. « Organic varieties for cauliflowers and cabbages in Brittany: from genetic resources to participatory plant breeding ». *Euphytica* 164, 521-529.
- Chateil C., Goldringer I., Tarallo L., Kerbirou C., Le Viol I., Ponge J-F, Salmon S., Gachet S., Porcher E., 2013. Crop genetic diversity benefits farmland biodiversity in cultivated fields. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 171, 25-32.
- Dawson J., Rivière P., Berthelot J.F., Mercier F., de Kochko P., Galic N., Pin S., Serpolay E., Thomas M., Giuliano S., Goldringer I., 2011. Collaborative plant breeding for organic agricultural systems in developed countries. *Sustainability* 3(8), 1206-1223.
- Desclaux D., Nolot J.M., Chiffolleau Y., Leclerc C., Gozé E., 2008. Changes in the concept of Genotype X Environment interactions to fit agriculture diversification and decentralized participatory plant breeding: A pluridisciplinary point of view. *Euphytica* 163: 533-546.
- Falconer D.S., 1952. The Problem of Environment and Selection. *American Naturalist*(86): 293–298.
- Finckh M.R., Gacek E.S, Goyeau H., Lannou C., Merz U., Mundt C.C., Munk L., Nadziak J., Newton A.C., de Vallavieille-Pope C., 2000. Cereal variety and species mixtures in practice, with emphasis on disease resistance. *Agronomie* 20, 813-837.
- Gauch H.G., Piepho H.S., Annicchiarico P., 2008. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. *Crop Sci* 48, 866-889.

- Goldringer I., Brabant P., Gallais A., 1997. Estimation of Additive and Epistatic Genetic Variances for Agronomic Traits in a Population of Doubled-haploid Lines of Wheat. *Heredity* 79(1): 60–71.
- MEA, 2005. Ecosystems and Human Well-being : General Synthesis. Island Press. Washington DC, USA: Millennium Ecosystem Assessment.
- Mendes Moreira P.M.R., Pêgo S.E., Vaz Patto C., Hallauer A.R., 2008. Comparison of selection methods on “Pigarro”, a Portuguese improved maize population with fasciation expression. *Euphytica* 163, 481-499.
- Morris M.L., Bellon M.R., 2004. Participatory plant breeding research: opportunities and challenges for the international crop improvement system. *Euphytica* 136, 21-35.
- Murphy K.M., Campbell K.G., Lyon S.R., Jones S.S., 2007. Evidence of Varietal Adaptation to Organic Farming Systems. *Field Crops Research* 102(3): 172–177.
- Nabugoomu F., Kempton R.A., Talbot M., 1999. Analysis of series of trials where varieties differ in sensitivity to locations. *Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics* 4, 310–325.
- Papaix J., Goyeau H., Du Cheyron P., Monod H., Lannou C., 2011. Influence of Cultivated Landscape Composition on Variety Resistance: An Assessment Based on Wheat Leaf Rust Epidemics. *New Phytologist* 191(4): 1095–1107.
- Réseau Semences Paysannes, 2008. Voyage autour des blés paysans. Témoignages.
- Rivière P., Goldringer I., Berthelot J-F., galic N., Pin S., de Kochko P., Dawson J.C., 2013. Response to Farmer Mass Selection in Early Generation Progeny of Bread Wheat Landrace Crosses. *Renewable Agriculture and Food Systems FirstView*: 1–12.
- Robert C.P., 2001. The Bayesian choice. Springer Texts in Statistics. 2de édition. Springer ed.
- Rolland B., Le Campion A., Oury F-X., 2012. Pourquoi Sélectionner de Nouvelles Variétés de Blé Tendre Adaptées à L’agriculture Biologique ? *Courrier de L’environnement de l’INRA*(62): 71–85.
- Roussel V., Branlard G., Vezine J.C., Bertrand D., Balfourier F., 2005. NIRS analysis reveals temporal trends in the chemical composition of French bread wheat accessions cultivated between 1800 and 2000. *J Cereal Sci.* 42, 193-203.
- Sadras V.O., Slafer G.A., 2012. Environmental Modulation of Yield Components in Cereals: eritabilities Reveal a Hierarchy of Phenotypic Plasticities. *Field Crops Research* 127: 215–224.
- Smith M.E, Fernando Castillo G., Gomez F., 2001. Participatory plant breeding with maize in Mexico and Honduras. *Euphytica* 122, 551-565.
- Storup B., de Kochko P., 2011. Suivi d’une expérience de sélection participative en cours : L’exemple du Projet Européen SOLIBAM. Association pour une Fondation Science Citoyenne.
- Thomas M., Dawson J.C., Goldringer I., Bonneuil C., 2011. Seed exchanges, a key to analyze crop diversity dynamics in farmer-led on-farm conservation. *Genetic Resources and Crop Evolution* 58, 321-338.
- Tooker J.-F., Steven D.-F., 2012. Genotypically diverse cultivar mixtures for insect pest management and increased crop yields. *Journal of Applied Ecology* 49, 974-985.
- Virk D.S., Chakraborty M., Ghosh J., Prasad S.C., Witcombe J.R., 2005. Increasing the client orientation of maize breeding using farmer participation in eastern India. *Experimental Agriculture* 41, 413-426.
- Wolfe M., Baresel J., Desclaux D., Goldringer I., Hoad S., Kovacs G., Löschenberger F., Miedaner T., Ostergard H., Lammerts van Bueren E., 2008. Developments in breeding cereals for organic agriculture. *Euphytica* 163, 323-346.