

CN0100419
F313
SAR

1978/128
1978/124

ISRA - C.N.R.A.
Bibliothèque
BAMBAY

RESISTANCE GENETIQUE DU MIL (Pennisetum typhoides Stapf et Hubb)

A Sclerospora graminicola (Sacc.) Schroet.

Par

Aboubakry SARR (*) et Abdoul Aziz SY (**)

(*) Généticien } I.S.R.A./C.N.R.A. Bambay/Sénégal
(**) Phytopathologiste }

RESISTANCE GENETIQUE DU MIL (Pennisetum typhoides Stapf et Hubb)

A Sclerospora graminicola (Sacc.) ~~Schroet.~~

Aboubakry SARR (*) et Abdoul Aziz SY (**)

Contribution

au

Troisième Congrès international de pathologie Végétale

MUNICH, 16-23 août 1978

{(*) Généticien } I.S.R.A./C.N.R.A. Bambey/Sénégal
{(**) Phytopathologiste }

I - INTRODUCTION

La place actuelle du mil Pennisetum typhoides dans l'alimentation du Sénégal de même *que les* perspectives économiques attachées à cette céréale, justifient la mise en place d'un programme d'amélioration visant la création de variétés à haute productivité dans le cadre d'un système d'agriculture intensive,

Dans l'inventaire des facteurs défavorables à la réalisation de cet objectif, le mildiou, causé par Sclerospora graminicola, s'avère des plus importants.

Dans les conditions où seule la sélection naturelle agit, les relations hôte-parasite oscillent autour d'un point d'équilibre en fonction de la viabilité et de l'adaptativité des éléments en présence. Les modifications structurales sous-tendues par un bouleversement des assortiments génétiques au niveau de la plante hôte, ce, dans le cadre d'une stratégie d'amélioration, changent complètement la nature des relations hôte-parasite. Ainsi assiste-t-on à des "reversions" complètes de phénotypes estimés résistants à l'issue d'un processus de sélection : ex, HB3 en Inde,

Vu cette caractéristique dynamique des relations hôte-parasite, il est certes essentiel de conférer la résistance à Sclerospora graminicola aux nouvelles variétés de mil pour accroître leur productivité, mais il est surtout fondamental d'avoir une compréhension rationnelle des composantes de ces relations et des facteurs de leur évolution. Ce qui permettra de garantir l'établissement d'une RESISTANCE STABLE.

Cela implique, au niveau de l'hôte, des investigations poussées quant à l'organisation génétique correspondant aux phénotypes résistant et sensible, la stabilité des situations génétiques (linkage), les effets prépondérants dans la réalisation des génotypes correspondants - (additivité, interaction), le rôle de l'environnement dans la modulation de ces divers effets.

Au niveau du parasite, il importe également de connaître la structure génétique des populations existantes (identité, apparemment) par delà une accumulation de connaissances sur la biologie, l'infectivité, les mécanismes agressifs et les facteurs épidémiologiques.

Ces investigations bien que distinctes d'un point de vue analytique doivent en fait, dans un souci d'efficacité, être intégrées ; c'est l'esprit qui prévaut dans le travail ci-dessous présenté.

Les résultats relatifs à deux essais, l'un sous la Conduite du pathologiste, l'autre sous la conduite du sélectionneur, constituent la substance de cette note. Il sera fait référence à ces deux manipulations sous les n° 1 et 2 respectivement.

Les deux essais ont été conduits séparément pour répondre aux préoccupations suivantes :

* Tenir compte des contraintes spécifiques à chaque discipline, à savoir :

- sur le plan génétique, nécessité de brasser une quantité importante de populations dans le cadre de l'étude de la variabilité génétique ; soumettre le matériel aux conditions naturelles d'infestation ;

- sur le plan phytopathologique : pour les besoins de cette démarche cognitive, nécessité d'avoir des hôtes à comportements caractéristiques, correspondant à une gamme de formules génétiques limitées (lignée, population) en outre, amplification de l'épidémie par le semis de lignes révélatrices infestantes.

* Il nous a semblé important, pour appréhender la structure génétique des populations de Sclerospora graminicola, d'utiliser des lots distincts d'hôtes assimilés à des REVELATEURS, l'idée étant de voir les tendances convergentes ou divergentes des images obtenues au travers de ces divers REVELATEURS BIOLOGIQUES.

L'objectif de cette étude est d'estimer d'une part, le profil structural d'une série d'hôtes pour le caractère comportement vis-à-vis de Sclerospora graminicola ainsi que les relations connexes entre ces phénotypes et le niveau de production, d'autre part, au travers de

l'étude des interactions génotypes - environnement (G x E), de dégager la "stabilité" des différents phénotypes, i.e, la composante génotypique de l'expression de la résistance ou de la sensibilité à *Sclerospora graminicola*. Au niveau de l'agent phytopathogène, il s'agit d'appréhender son spectre de répartition, son organisation génétique, les variations dans l'agressivité en fonction des sites, de manière à dégager les inférences de base pour la caractérisation éventuelle de races physiologiques.

Il s'agit donc d'un travail préliminaire dans la tentative de compréhension des mécanismes de résistances et de leur utilisation rationnelle.

IX - MATERIEL ET METHODES

Trente six (36) entrées, comprenant des lignées haines (d2), en F5, FG, des lignées (D) et des populations de sounas traditionnels, ont été utilisées dans l'essai (1). Pour amplifier l'épidémie, la technique des lignes révélatrices infestantes a été employée.

L'essai (2) comprenait 63 populations traditionnelles de phénotype (û) issues d'une prospection réalisée en 1976 à travers tout le Sénégal et un témoin hybride (d2). L'évolution de ces populations est plus marquée par la composante sélection naturelle, avec par conséquent un FARDEAU GENETIQUE (Li) spécifique pour chacune d'entre elles, en fonction des facteurs divers pouvant modéliser cette caractéristique de la variabilité et de l'adaptativité, notamment, l'inbreeding, les mutations diverses, les recombinaisons, les migrations, la réduction de la dimension des populations, en relation avec les facteurs écologiques. Ainsi du point de vue réaction vis-à-vis des maladies, on peut a priori estimer que les diverses structures prospectées et ayant donc subsisté dans leur écologie étaient en équilibre avec la ou les populations parasites locales.

2.2 Dispositif expérimental

Les 2 essais ont été implantés selon un dispositif Bloc complètement randomisé avec 4 répétitions dans cinq et trois environnements pour les essais 1 et 2 respectivement.

2.3 Modèle d'analyse

L'appréciation des interactions génotypes x environnement pour deux caractères : la production et la réaction vis-à-vis de Sclerospora graminicola, constitue la substance des premiers jalons dans l'édification d'une stratégie d'étude et d'utilisation de la résistance génétique à ce pathogène. Les essais (1) et (2) ont été analysés dans cette optique, en utilisant un modèle mathématique qui, par delà l'appréciation intrinsèque des relations hôtes-parasites, permet de faire des inférences quant au profil structural, la stabilité des phénotypes et les proximités entre inocula de différents sites,

Il existe divers modèles mathématiques pour l'étude des interactions G x E ; ABOU EL FITTOUH et al (1969) définissent par une étude de corrélation un coefficient de similitude régional, permettant d'aboutir à une zonation en fonction de la réaction des génotypes ; une étude similaire a été menée par ii. LIANG et al (1966) pour l'étude de l'adaptativité de variétés de blé avec toujours en corollaire la classification des sites ; dans le même ordre d'idées, on peut citer les travaux de FINLAY et WILKINSON (1963), ALLARD et BRADSHAW (1964), HEBERHART et RUSSELL (1966).

Dans cette étude, nous avons utilisé le modèle proposé par HEBERHART et RUSSEL ; il s'adapte bien à nos préoccupations à savoir d'une part, évoluer la "stabilité" des génotypes ou leur homeostasie (LERNER, 1954), d'autre part, procéder à une classification hiérarchique des sites sous l'angle des inocules de Sclerospora graminicola qui les caractérisent.

Dans ce modèle, le caractère étudié est relié à l'environnement par la relation suivante :

$$Y_{ij} = \mu_i + \beta_{ij} + \delta_{ij}$$

avec Y_{ij} = moyenne du génotype (i) dans l'environnement (j) :

μ_i = moyenne de génotype (i) dans tous les sites.

β_i = coefficient de régression génotype/environnement.

I_j = indice d'environnement (traduit le rôle spécifique de chaque site dans l'expression du caractère).

δ_{ij} = écart par rapport à la régression.

Les interactions $G \times E$ sont subdivisées en :

- variation due à la réaction de chaque génotype au divers environnements matérialisés par leurs indices ; ce, sous l'hypothèse de linéarité de la régression G/E .

- variation due à l'écart de nature aléatoire par rapport à la régression. Son amplitude traduit le degré de stabilité (homeostasie).

Ces deux variations sont estimées respectivement par le coefficient de régression linéaire (b) et le paramètre de stabilité S^2_{di} :

$$b = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j I_j^2}$$

$$S^2_{di} = \left[\frac{\sum_j \delta_{ij}^2}{(n-2)} - S_e^2 / r \right]$$

$$\sum_j \delta_{ij}^2 = \left[\sum_j Y_{ij}^2 - \frac{Y_{i.}^2}{n} \right] - (Y_{i.} I_j)^2 / \sum_j I_j^2$$

Une analyse de variance appropriée dont le modèle est figuré au tableau 1 permet de tester les significations des différents effets liée aux interactions génotype-environnement.

Tableau n°1: Estimation des paramètres d'analyse de variance

Source	d. d. l.	S. C. E.	C. M.	F
Total	nv- 1	$\sum_i \sum_j y_{ij}^2 - C. E.$	—	—
Variétés (v)	v-1	$\frac{1}{n} \sum y_{i.}^2 - C. E.$	MS ₁	$\frac{MS_1}{MS_3}$
Environnement Vx Environnement	v(n-1)	$\sum_i \sum_j y_{ij}^2 - \sum y_{i.}^2 / n$	—	—
Environnement (linéaire)	1	$\frac{1}{v} (\sum_j y_{.j} I_j)^2 / \sum I_j^2$	—	—
Vx Environnement (linéaire)	v-1	$\sum_i \left[(\sum_j y_{ij} I_j)^2 / \sum I_j^2 \right] - SCE \text{ env. (linéaire)}$	MS ₂	$\frac{MS_2}{MS_3}$
Dév. cumulée	v(n-2)	$\sum_i \sum_j \delta_{ij}^2$	MS ₃	$\frac{MS_3}{E.C.}$
Variété 1 ! ! !	n-2	$\left[\sum_j y_{1j}^2 - \frac{(y_{1.} I_j)^2}{n} \right] - (\sum_j y_{1j} I_j)^2 / \sum I_j^2$	—	—
Variété v	n-2	$\sum_j y_{vj}^2 - \frac{y_{v.}^2}{n} - (\sum_j y_{vj} I_j)^2 / \sum I_j^2 = \sum_j \delta_{vj}^2$	—	—
Erreur totale (E. C.)	n(v-1)(v-2)	—	—	—

LEGENDE

d. d. l. = degrés de liberté ; S. C. E. = somme des carrés des écarts; C. M. = carré moyen;

Remarques : L'appréciation des interactions hôte-parasite repose sur l'évaluation de l'incidence (I) et de la sévérité (S) selon les relations :

$$I (\%) = \frac{\text{Total des plants malades}}{\text{Total des plants observés}} \times 100$$

$$S (\%) = \frac{\sum_i \frac{(x_i - 1)}{(E(i) - 1)} \times Y_i}{N} \times 100$$

i = catégorie de l'échelle d'appréciation des relations hôte-parasite : i = 1, 2, 9

E (i) = étendue de l'échelle ; 9 en l'occurrence

Yi = effectif (nombre de plants) de la catégorie i

N = nombre total de plants observés

III - RESULTATS

3.1 Effets d'environnements (cf tableau n° 2)

Tableau n° 2 : Répartition spatiale des indices d'environnement (Ij) au 46ème jour.

Essais n°	1		2		
Paramètres	1	s	I	S	R
Env.					
Bambey	10,770	9,385	- 1,030	- 0,006	39,98
Darou	4,146	13,874	-	-	-
Fanaye	- 9,728	- 7,578	- 3,882	- 0,016	- 25,06
Louga	-	-	5,712	0,021	- 14,92
Nioro	2,525	0,765	-	-	-
Thilmakha	- 7,713	- 5,998	-	-	-

Légende : 1 = incidence ; S = sévérité y R = rendement

L'examen du tableau n° 2 permet de dégager certaines informations et de soulever des questions qui seront examinées dans la discussion.

Le premier révélateur biologique (ensemble des entrées considérées dans un environnement défini) extériorise au 46ème jour d'observation, une pression de sélection (incidence et sévérité de mildiou) décroissante dans la sens Bambey, Darou, Nioro, Thilmakha et nulle pour Fanaye ; de même, le deuxième révélateur biologique permet d'établir la suprématie de Louga sur Bambey pour la pression de sélection qui se révèle nulle pour Fanaye.

Enfin, le site le plus favorable à l'expression du rendement se trouve être Bambey, suivi par Louga et Fanaye sous nos conditions expérimentales.

3.2 Interaction génotype - environnements : (cf tableau n° 3)

Tableau n° 3 : (F) des principaux effets.

Essais n°	1			2			
d.d.l., I, S, R	d.d.l.	I	S	d.d.l.	I	S	R
Sources							
Variétés	35	77,45*	85,74*	53	13,50*	46,82*	125,10*
Var. x Env. (linéaire)	35	84,70*	95,21*	63	5,93*	26,20*	195,59*
Déviaton cumulée	108	1,48*	1,90*	64	181,61*	107,21*	0,04*
Erreur cumulée	540	-	-	576	-	-	-

* Différence hautement significative à 1 %.

3.2.1 Variation liée au potentiel intrinsèque des hôtes.

La différence très hautement significative tant pour l'incidence que pour la sévérité de mildiou de même que pour le rendement (essai n° 2) exprime que les différentes structures d'entrée diffèrent significativement de par leur réaction génétique.

3.2.2 Variation liée à la réaction différentielle des structures d'entrée par rapport au gradient d'environnement

La réponse linéaire des populations au gradient d'indices (Ij) s'avère être une composante génotypique intrinsèque.

3.2.3 Variation de nature aléatoire traduisant un écart par rapport à la réponse linéaire (S^2_{di})

Cette composante de la variation est significativement différente de zéro pour l'ensemble du matériel végétal ; ce qui traduit l'implication de certains génotypes caractérisés par une homéostasie faible ; cependant, un examen précis, réalisé à la lumière des critères de choix qui seront strictement définis dans la suite de notre étude, permettra de ne retenir que les génotypes dotés d'une bonne stabilité de (i.e. S^2_{di} statistiquement très peu différent de zéro).

3.3 Critères de choix

3.3.1 Critères :

L'examen exhaustif des tableaux comparatifs des hôtes révèle l'existence de différents groupes de similitude sur la base desquels nous avons édifié un PROFIL OPTIMUM défini conformément à la codification ci-après.

Tableau n°4 : Profil optimum

OBJET	MILDIOU					Rdt. (2)	
<i>I, S, R</i> Profil Param.	<i>I</i> ₍₁₎	<i>S</i> ₍₁₎	<i>I</i> ₍₂₎	<i>S</i> ₍₂₎	Profil	<i>R</i>	Profil
$\bar{y}_i$	$\leq 4,86 < \bar{y}_{..}$	$\leq 3,79 < \bar{y}_{..}$	$\leq 10 < \bar{y}_{..}$	$\leq 0,02 < \bar{y}_{..}$	(-)	$> \bar{y}_{..}$	(+)
<i>b</i>	$\leq 0,54 < \bar{b}$	$\leq 0,45 < \bar{b}$	$\leq 0,20 < \bar{b}$	$\leq 0,20 < \bar{b}$	(-)	$> \bar{b} = 1$	(+)
s^2_{di}	$\neq 0 \leq \bar{s}^2_{di}/2$	$\neq 0 \leq \bar{s}^2_{di}/2$	$\neq 0 < \bar{s}^2_{di}$	$\neq 0 < \bar{s}^2_{di}$	(-)	$\neq 0$	(-)
$\bar{y}_{..}$	9,73	7,58	3,91	0,02		2506	
$\bar{b}$	1,03	0,90	1,01	0,70		1,00	
$\bar{s}^2_{di}$	64,77	39,82	61,66	0,00		3,39	

* Le signe moins (-) exprime les relations suivantes :

$$\sum_i y_{i..}/n < \sum_i \sum_j y_{ij}/vn$$

$$b < \bar{b}$$

$$s^2_{di} < \bar{s}^2_{di}$$

* Le signe plus (+) traduit les relations inverses

3.3.2 Choix (cf tableau n° 5 et 6)

* Tableau n° 5 : Situation paramétrique des meilleures entrées (12)
de l'essai n° 1.

$\bar{Y}_i$; b ; S^2_{di}		$\bar{Y}_i$		b		S^2_{di}	
n°	I, S.	I	S	I	S	I	S
	Nom						
13	16576 AF C/S 77	2,98	2,02	0,31	0,22	4,34	6,06
15	16703 AF C/S 77	4,41	3,62	0,44	0,42	9,32	11,36
16	16660 AF C/S 77	0,44	0,42	0,02	0,02	1,24	1,24
17	16567 AF C/S 77	4,86	2,80	0,50	0,30	9,92	9,71
25	13676 AF C/S 77	1,51	0,65	0,11	0,07	8,60	1,20
26	15401 AF C/S 77	3,48	2,18	0,32	0,19	19,45	18,35
27	700516	0,14	0,05	0,01	0,00	0,38	0,05
28	SN 29/9	1,85	1,64	0,23	0,29	1,13	2,34
33	114 - 1 - R	0,33	0,22	0,06	0,05	1,09	0,43
34	SN 305	0,34	0,14	0,03	0,02	0,19	0,02
35	SDN 634	4,01	2,61	0,53	0,45	12,50	3,69
36	SDN 347-I	0,69	0,47	0,07	0,01	0,41	0,75

Les douze (12) hôtes précités constituent un excellent matériel tant du point de vue résistance que stabilité par rapport à Scleurospora graminicola ; ce matériel se révèle être le plus approprié pour ce qui a trait à la résistance au mildiou dans le cadre soit d'un programme de sélection, soit de pré vulgarisation, étant entendu que l'on ne doit, à aucun prix, perdre de vue les autres dimensions du problème : résistance à la sécheresse, précocité, productivité, qualités technologiques du grain, etc...

Remarquer les valeurs paramétriques particulièrement faibles voire nulle (cf b pour la sévérité affectant l'hôte '700516) des cinq entrées soulignées qui démontrent ainsi leur très nette supériorité.

Tableau n°6 : Situation paramétrique des meilleures entrées (36)
de l'essai n°2.

$\bar{Y}_i$; b ; S^2_{di}			$\bar{Y}_i$			b			S^2_{di}		
n°	I, S		I	S	R (g/parc)	I	S	R	I	S	R
	Nom										
54	SL	219	1,42	0,00	3265	0,48	0,29	1,42	0,50	0,00	19,71
43	SL	662	1,23	0,00	3256	0,41	0,29	1,29	0,37	0,00	0,18
34	SL	64	1,62	0,00	3202	0,47	0,22	1,30	0,09	0,00	0,49
27	SL	169	2,63	0,01	3154	0,88	0,66	1,30	1,71	0,00	2,49
28	SL	187	1,92	0,00	3153	0,65	0,44	1,34	0,92	"	9,971
49	SL	208	1,44	0,00	3152	0,48	0,37	1,34	0,51	"	9,63
63	Souna III	2,26	0,00	3148	0,76	0,37	1,22	1,26	"	2,34	
46	SL	96	3,15	0,02	3146	0,90	1,17	1,291	0,33	"	1,39
51	St	232	3,17	0,01	3123	1,06	0,51	1,23	2,48	"	0,43
55	SL	664	1,61	0,00	3113	0,54	0,37	1,30	0,64	"	4,62
37	SL	146	0,56	0,00	3096	0,19	0,22	1,19	0,08	"	5,18
22	SL	162	1,45	0,01	3090	0,33	0,99	1,27	0,08	"	2,33
20	SL	206	2,57	0,01	3041	0,86	1,03	1,15	1,63	"	0,87
17	St	264	3,11	0,01	2977	1,04	0,66	1,28	2,39	"	13,69
47	SL	60	3,04	0,01	2955	1,02	0,88	1,18	2,28	"	0,00
15	SL	258	0,52	0,00	2944	0,17	0,07	1,18	0,07	"	0,03
30	SL	261	2,16	0,01	2931	0,73	0,66	1,16	1,16	"	0,06
26	SL	236	3,94	0,01	2923	1,32	0,95	1,14	3,85	"	0,81
23	SL	249	1,45	0,00	2915	0,33	0,11	1,17	0,08	"	0,151
19	SL	154	4,42	0,01	2888	1,48	1,25	1,20	4,83	"	3,741
48	SL	79	1,62	0,00	2872	0,47	0,35	1,21	0,10	"	5,86
57	SL	666	2,11	0,01	2857	0,63	0,59	1,21	0,29	"	6,87
16	SL	243	2,07	0,01	2759	0,69	0,81	1,08	1,06	"	0,74
45	SL	94	2,45	0,01	2752	0,82	0,73	1,11	1,49	"	0,27
50	SL	153	3,41	0,01	2727	1,14	0,81	1,05	2,88	"	1,88
58	SL	131	0,52	0,01	2716	0,18	0,67	1,01	0,07	"	9,48
36	SL	66	1,80	0,00	2712	0,61	0,44	1,14	0,80	"	5,18
40	SL	883	2,32	0,01	2695	0,78	0,95	1,03	1,33	"	2,57
02	SL	113	6,90	0,02	2649	2,24	2,03	1,04	8,48	"	0,57
32	SL	256	0,35	0,00	2631	0,12	0,07	0,99	0,03	"	5,74
25	SL	152	1,49	0,00	2615	0,50	0,15	0,011	0,55	"	2,05
24	SL	214	1,26	0,00	2603	0,04	0,02	0,95	3,34	"	12,87
52	SL	165	3,64	0,00	2598	1,22	1,03	1,061	3,29	"	1,101
11	EL	2976	1,74	0,00	2596	0,58	0,29	1,08	0,75	"	2,411
31	SL	325	2,29	0,01	2560	0,77	0,59	1,06	1,30	"	2,51
38	SL	654	2,27	0,00	2558	0,76	0,37	1,08	1,28	"	5,13
53	SL	159	3,43	0,01	2521	1,15	0,73	1,03	2,91	"	0,95
Témoin											
Hybride nain											
(d2)											
15356 x 3/4EB											
			0,00	0,00	1651	0,00	0,00	0,54	0,00	0,00	22,51

L'examen du tableau (6) révèle des écarts par rapport au profil optimal défini dans le tableau (4), notamment pour le paramètre (b) ; par contre pour l'expression intrinsèque ($\bar{Y}_i$), les profils optimaux sont atteints aussi bien pour l'incidence que pour la sévérité. Le critère de choix prédominant dans l'établissement du tableau (6) est la production intrinsèque et sa stabilité (b, S^2_{di}). Le rendement étant la cible finale, on peut considérer les divers profils attachés à chaque entrée comme des stratégies de développement également efficaces mais sélectivement différenciées ; ainsi la situation de l'hybride nain : résistance parfaite dans tous les sites, production faible et peu stable, indique la possibilité d'associations variables entre les caractères réaction au mildiou et production.

Le tableau (7) indique les corrélations entre la production intrinsèque, la réponse linéaire et les paramètres d'appréciation de la réaction à Sclerospora graminicola (incidence et sévérité).

Tableau (7) : Corrélation de rang (ρ rendement/incidence et sévérité ; b. rendement/b incidence, b sévérité)

ρ R/INC	ρ R/SEV	NS = non significatif à 5 %
- 0,083 NS	- 0,090 NS	
$\rho(bR/bINC)$	$\rho(b.R/bSEV)$	
- 0,149 NS	- 0,089 NS	

Les corrélations entre le rendement et les valeurs d'incidence et sévérité sont toutes négatives; ce qui traduit une tendance inverse entre le rendement et la réaction vis-e-vis du mildiou. Cette association est lâche dans l'ensemble (ρ petit) et pas significativement différente de (0) ; il en est de même pour l'association entre la linéarité des réponses pour le rendement et pour le mildiou.

IV - DISCUSSIONS-PERSPECTIVES

L'adaptativité des génotypes étudiés tant dans l'essai (1) que dans l'essai (2) est mise en évidence par les paramètres de régression et le (S^2_{di}). Du point de vue production, les 36 entrées qui ont été retenues et qui proviennent de régions diverses du Sénégal, se caractérisent par un niveau de production relativement élevé pour des structures de population non améliorées ; elles se répartissent cependant en 5 groupes de similitude selon leur profil de stabilité (SARR, 1978).

Du point de vue mildiou, on note également un niveau d'attaques (1, S) relativement faible. Les 48 génotypes retenus (12 + 36) se rapprochent presque tous des profils **optimums** définis plus haut ; on note cependant une variabilité étendue des associations incidence sévérité, ce qui traduit des réactions différenciées, i.e. des réponses **spécifiques de chaque situation génétique (individu, population)** aux **ATTRACTEURS** constitutifs de "L'ESPACE PATHOLOGIQUE".

En effet si l'on considère les divers niveaux d'organisation de la plante (cellule, tissu, individu, population) comme des espaces hiérarchisés et emboîtés soumis à des attracteurs organisés et dynamiques, les relations hôtes-parasites peuvent être conçues comme les **FLUCTUATIONS** de l'espace temps résultant du "DIALOGUE" continu entre les attracteurs **Situations** épigénétiques, et le **programme génétique** de la situation considérée (individu et population). Chaque génotype réagissant en fonction de sa charge génétique : cette idée rejoint la notion de **PATHOSYSTEME** (ROBINSON, 1976).

Dans cet espace pathologique, la pathogénie de S. graminicola constitue l'attracteur **fondamental** dont les autres facteurs (biotiques et cosmiques) modulent les effets ; aussi, l'étude des **interactions** génotype-environnement peut, avec quelques restrictions, s'identifier à l'étude des relations hôte-parasite.

L'ensemble des structures d'entrée étudiées appartenant à la même espèce (Pennisetum typhoides), on peut les assimiler à une population (H) dont la réaction moyenne constitue le "REVELATEUR" de l'action de la Population pathogène (P) dans un site donné.

A la lumière de cette notion, les divers paramètres de l'interaction G x E i.e. Hôte-parasite notamment l'indice (Ij), décrivent les fibrations induites par cet attracteur et permettent par conséquent de la caractériser.

Ainsi, au vu des résultats sus-mentionnés et de l'étude évolutive de l'incidence et la sévérité jusqu'à la maturité, on peut formuler les inférences suivantes :

* Si nous partons de l'hypothèse initiale d'identité des inocula de S.graminicola dans les différents sites d'expérimentation avec l'idée énoncée ci-dessus de prépondérance de la pathogénie par rapport aux autres attracteurs, les valeurs (ij) de tous les sites devraient être identiques ; or l'examen du tableau (2) nous indique une certaine hiérarchie entre les sites ; l'existence de ces relations hiérarchiques entre indices (Ij) conduit donc à d'autres hypothèses :

- Si l'hypothèse initiale reste vraie (identité des inocula), nous devons admettre pour expliquer cette hiérarchisation un rôle spécifique des autres attracteurs de l'espace pathologique (facteurs biotiques et cosmiques), ce faisant, les sites les mieux favorisés pour ce qui est de l'importance et l'efficacité de ces attracteurs dans le modelage de l'attracteur fondamental, devraient avoir un indice (1 j) supérieur.

Dans le cas des sites expérimentaux de l'essai (1), la suprématie de Bambey (Ij) par rapport à des sites comme Nioro, Darou amène à se poser des questions en relation notamment avec ce qui précède ; de même que la suprématie de Louga dans l'installation et l'explosion précoces du mildiou par rapport à Bambey dans le cadre de l'essai (2).

Pour rester dans le cadre de l'hypothèse de base, force nous est de faire appel à des hypothèses subsidiaires :

~ Que les échantillons d'inoculum rencontrés dans les différents Sites expérimentaux appartiennent à la même population de départ implique l'existence d'une variabilité génétique spécifique à chaque échantillon compte tenu des pressions de sélection qui se sont exercées dans son espace évolutif.

~ Dans les sites comme Bambey et Louga où une longue période de sécheresse a sévi juste après l'installation de la culture, le mildiou se trouvait en situation désavantageuse par rapport à ses conditions optimales d'expression. Ce choc du milieu aura pu être détecté par les organes percepteurs du champignon, transmis et modifié

avec des résonances successives jusqu'au contexte nucléaire, aboutissant à la DEREPRESSION de formes alléliques de GENES NEUTRES ou la mise en activité de ZONES REDONDANTES, conduisant à des synthèses enzymatiques qui minimisent la CHARGE GENETIQUE à l'instant considéré (coût faible pour l'abaissement de l'entropie i.e stabilité par rapport au milieu).

Cette souplesse adaptative des populations du pathogène dans les deux (2) sites considérés expliquerait leur suprématie par rapport aux autres ; au niveau de ces derniers sites, la stabilité des conditions aura conduit à une maximisation de la valeur adaptative moyenne des populations de pathogène, avec comme conséquence des déformations plastiques et démographiques qui diminuent la fréquence de certaines formes alléliques notamment les facteurs de variabilité (gènes neutres, redondances). Qualitativement, la même opposition peut être faite entre les sites Bambey et Louga ; le fond de variabilité des populations du pathogène au niveau de Louga étant supposé supérieur à celui de Bambey. Du reste, la charge génétique moyenne au niveau des populations de Bambey est théoriquement plus élevée, compte tenu de la diversité génétique des hôtes et leur fréquence (culture en hivernage et contre-saison).

Le "DIALOGUE" entre l'hôte et le parasite se perçoit différemment selon l'angle d'observation. Du point de vue du pathogène, l'attraction exercée par certains hôtes selon leur assortiment génétique induit des déformations plastiques et démographiques ; ainsi, des entrées aussi sensibles que le Tifton 239 d_2B_2 ou le Thiotandé agissent comme des attracteurs dont la fréquence commande un coût trop élevé au niveau du champignon, dépassant souvent ses potentialités adaptatives, ce qui se traduit par un "EFFET SUICIDE". La mort précoce de l'hôte ne permet pas au pathogène d'accomplir son cycle, d'où une élimination progressive d'individus et partant de combinaisons génétiques du fait de la confrontation avec ce type d'hôte. Ce phénomène serait plus accentué à Bambey qu'à Louga, ce qui expliquerait la hiérarchie observée entre ces deux sites, qui cependant sont plus officiants (leurs populations de pathogène respectives) pour l'explosion précoce de la maladie et son maintien tout au long du cycle de la planta (cf. essai 1).

* Pour être complet, il nous faut envisager une dernière hypothèse explicative des différences d'efficacité et d'infectivité d'inoculum observée : dans la mesure où nous avons identifié chaque site caractérisé par son indice (Ij) à l'attracteur mildiou qui y sévit, on peut expliquer les différences constatées par des différences génotypiques entre les populations de Sclerospora graminicola caractéristiques de e chacun des sites : autrement dit, l'attracteur

d'existence d'une **population** mère génératrice d'échantillons dont les seules différences tiendraient à des fluctuations d'échantillonnage ne compterait plus. Nous aurions à faire à **des POPULATIONS DIFFERENCIEES AYANT UNE STRUCTURATION SPECIFIQUE** se traduisant par des différences d'agressivité dans le temps et dans l'espace.

* Par contre, l'indice d'environnement le plus faible est observé à Fanaye qui extériorise une moyenne générale nulle tant pour l'incidence que pour la sévérité. Ce qui traduit **une absence de mildiou** sous les conditions qui ont prévalu à Fanaye au cours de notre expérimentation et nous amène à faire les inférences suivantes quant à l'explication de cette situation singulière :

• **Absence totale d'inoculum primaire** dans l'environnement considéré : il faudra alors éviter toute contamination à partir d'environnements déjà infestés ;

• L'inoculum primaire, quoique présent à Fanaye n'a pu se manifester en raison notamment des facteurs cosmiques drastiques ne coïncidant pas avec les exigences biologiques de S. graminicola : PHENOMENE D'INHIBITION.

Dans une expérience préliminaire, nous avons conduit un test de révélation de l'inoculum primaire sur substrat caractéristique des sites d'implantation de l'essai variabilité ; à titre indicatif, on note une incidence de 22,50 % pour le substrat de Bambeu, 0 % pour celui de Fanaye et 0 % pour le témoin absolu (sable de plage stérilisé 2 fois à 120 °C à l'autoclave). Ces observations tendent à confirmer l'hypothèse précitée ; cependant, dans un souci de fiabilité, la manipulation sera répétée dans le temps et les résultats y afférents feront l'objet d'une communication ultérieure.

• Enfin, **absence de spécificité** entre INOCULUM PRIMAIRE caractéristique de Fanaye et REVELATEURS BIOLOGIQUES utilisés de sorte que les interactions hôte-parasite ne traduisent aucune manifestation pathologique perceptible : RACES PHYSIOLOGIQUES.

De la vérification de ces différentes hypothèses dépend l'éventualité de la preuve de l'existence de races physiologiques et partant l'établissement d'une zonation précise des aires de cultures du mil selon leur caractéristique mildiou. La compréhension intégrée de cet aspect, de même que celui lié à l'organisation génétique des structures d'entrée (notamment dans les conditions génétiques de réalisation de phénotypes résistants), permettra d'incorporer une RESISTANCE STABLE à Sclerospora graminicola. L'état actuel des connaissances ne permet pas à priori de se rattacher à une théorie de

la résistance ; cependant, sans entrer dans le conflit déontologique de la résistance verticale ou horizontale, nous préférons parler de RESISTANCE STABLE en n'oubliant pas la relativité de cette stabilité.

Dans les perspectives subséquentes à ce travail, il est prévu de tester les aptitudes à la combinaison et les différents effets génétiques impliqués dans la réalisation de phénotype résistant à Sclerospora graminicola (additivité, dominance, épistasie) de même que l'hérédité et la détermination du nombre minimum de gènes par le biais de schémas orthogonaux de croisement du type diallèle suivis de générations de Back-cross et de F2 (F1 ; F1 P1 ; F1 P2 ; F2). Eu égard aux raisons évoquées dans l'introduction, deux (2) manipulations sont en cours : une de pathologie, une de génétique selon le même modèle avec des entrées issues des essais (1) et (2) respectivement 6 et 10 ; dans le cas du diallèle génétique, il sera étudié entre autre l'impact du gène de nanisme (d_2) sur les aptitudes à la combinaison de divers caractères dont le rendement et la réaction au mildiou.

L'étude des corrélations rendement-mildiou, révèle une liaison négative relativement lâche ; ce qui suggère l'existence d'une association plus forte à partir d'un certain seuil des variables considérées.

Pour déterminer ce seuil et surtout, tenir compte de la nature de stratégie de développement qui transparaît à l'examen des profils structuraux, nous nous proposons de REAJUSTER l'échelle de notation utilisée (cf tableau n°8).

Le DEPLOIEMENT UNIVERSEL d'un génotype (THOM, 1974) traduit l'ensemble des expressions potentiellement connues dans l'espace temps ; il matérialise la résultante de l'effet des différents attracteurs sur la réalisation du programme génétique de la plante. Les différentes situations épigéniques déterminent des FLUX CENTRIPETES qui sont transmis jusqu'à la SITUATION NUCLEAIRE qui réagit par l'émission d'un FLUX CENTRIFUGE ; ainsi, se crée des FIBRATIONS DE L'ESPACE TEMPS, et chaque situation liée à cette fibration en un instant donné, peut être considérée comme le CONE D'AVENIR des situations suivantes (DEMARLY, 1974). Il s'installe donc un phénomène de sillage lorsqu'on remonte les étapes récurrentes. Les corrélations entre les points de la situation aux différents instants traduisent la MEMOIRE à l'instant $(t + n)$ de la fibration acquise à l'instant (t) . Cette mémoire se manifeste par la persistance d'une

cinétique biochimique, d'une structuration, d'une complexité topologique, d'une forme etc..,

L'interférence des flux centripète et centrifuge en un temps donne sur un point sensible du végétal permet une construction polymorphe d'organes variés et accommodés. Dans le cas où il s'agit d'une bifurcation de la CHREODE qui est un élément particulier du déploiement on assiste à l'avènement d'une CATASTROPHE (THOM, 1974). Ainsi, le passage de la phase végétative à la phase reproductrice peut être considéré comme une CATASTROPHE dans la réalisation du programme génétique de la plante.

Dans le cas qui nous préoccupe, où nous mettons l'accent sur l'attracteur mildiou et dans la mesure où son action n'aboutit pas à l'arrêt du programme génétique (c'est-à-dire à la mort de l'individu ou des génotypes constitutifs d'une population) on peut se demander le devenir des fibrations dues à Sclerospora graminicola avant la catastrophe au cas où leur action aurait engendré une mémoire. Autrement dit, il importe de savoir l'étendue des mémoires génétiques : corrélation entre les fibrations au temps (t) de contact avec la maladie et au temps $(t+n) + (x)$ i.e au temps x écoulé à partir du temps $(t+n)$ point de bifurcation, ici l'épiaison.

Les mémoires génétiques ne sont en général pas héréditaires, mais les pressions d'un attracteur peuvent engendrer des sous-morphologies intermédiaires déclenchant une ZONE OMBILICALE dans la chreode ; la plante échappe par une SOUS-CHREODE ; il s'agit du PHENOMENE DE COMPENSATION ; par exemple en cas de destruction du méristème reproducteur pendant la phase végétative par une attaque de S. graminicola, la plante peut échapper à la mort par émission de talles secondaires importantes.

NOUS ESTIMONS DONC QUE L'APPRECIATION DU PHENOTYPE MALADIF DOIT TENIR COMPTE DE LA SITUATION DYNAMIQUE SUS-DEFINIE POUR INTEGRER LA STRATEGIE DE DEVELOPPEMENT SPECIFIQUE A CHAQUE GENOTYPE DONT LE FONDEMENT EST LA REALISATION DU PROGRAMME GENETIQUE QUI ABOUTIT A LA CIBLE FINALE : LA PRODUCTION.

Tableau n°8 : Nouvelle échelle d'appréciation de la réaction du mil à S. graminicola

Catégorie	Phase végétative	Phase reproductive
1	Absence de symptômes perceptibles	Absence de symptômes perceptibles
2	Une ou plusieurs talles axillaires attaquées	Une ou plusieurs chandelles axillaires attaquées
3	Talles principales attaquées dans une proportion $\leq 5\%$	Chandelles principales attaquées dans une proportion $\leq 5\%$
4	Talles principales attaquées dans une proportion $> 5\%$ mais $\leq 25\%$	Chandelles principales attaquées dans une proportion $> 5\%$ mais $\leq 25\%$
5	Talles principales attaquées dans une proportion $> 25\%$ mais $\leq 50\%$	Chandelles principales attaquées dans une proportion $> 25\%$ mais $\leq 50\%$
6	Talles principales attaquées dans une proportion $> 50\%$ ou totalement détruites	Chandelles principales attaquées dans une proportion $> 50\%$ ou totalement absentes.

La nouvelle échelle dont le détail est codifié au tableau N°8 permettra d'apprécier de manière dynamique les relations hôte-pathogène et Surtout de circonscrire les seuils de liaison entre la production et la réaction vis-à-vis du mildiou ; ainsi l'on pourra définir les corrélations suivantes :

1/ - Rendement/pression de sélection exercée lors de la phase végétative ;

2/ - Rendement pression de sélection exercée lors de la phase reproductive ;

3/ - Corrélation (perennité de la mémoire génétique) entre pression de sélection au cours de la phase végétative et pression de sélection au cours de la phase reproductive pour un même sujet (individu ou groupe d'individus).

La compréhension rationnelle qui découlera du tout de ces différentes hypothèses, nous permettra d'aboutir à une caractérisation des stratégies de développement les plus efficaces pour la création de phénotypes résistants, stables, dotés de variabilité suffisante pour garantir l'accroissement de la productivité du mil dans le cadre d'un système d'agriculture intensive compte tenu par ailleurs de la notion de SECURITE et de REGULARITE des RENDEMENTS.

R E M E R C I E M E N T S

Nous voudrions exprimer nos sincères remerciements au Dr. G. YACIUK (CRDI), pour son aide inestimable dans la traduction informatique du modèle mathématique utilisé.

Nos vifs remerciements également à M^{lle}. J. C. - GIRARD, S. ANNE, ainsi qu' à l' ensemble du personnel des services GAM/Amél. et SN/Patho, pour leur contribution scientifique et technique appréciable à l'aboutissement de ce travail.

B I B L I O G R A P H I E

- ABOU EL FITTOUH, H.A. RAWLING, (1969 a). Classification of environments to control genotype X environment interaction and application to cotton. crop Sci., 9, 377 - 381.
- R.W. ALLARD, A.D. BRADSHAW, (1964). Implications of genotype - environment interaction. Crop. Sci., 4, 503-508
- H. BANNEROT, C.M. MESSIAEN, (1975). Compte rendu du colloque sur la résistance des plantes aux maladies, nématodes et insectes. Annales de phytopathologie, 252-287.
- J.F. CROW, M. KIMURA, (1970). An introduction to population genetics theory. Harper and Row Edition, N.Y., Evanston, London.
- P.R. DAY, (1973). Genetics of host-parasite interaction. W.H. Freeman and Company San Francisco
- Y. DENARLY, (1974). Les systèmes génétiques. Document interne, Laboratoire Amélioration des Plantes Orsay
- S.A. EBERHART, W.A. RUSSEL, (1966). Stability parameters for comparing varieties. Crop Sci., 6, 36-40
- K.W. FINLAY, G.N. WILKINSON, (1963). The analysis of adaptation in a plant breeding program. Aust. J. Agric. Res., 14, 742 - 754
- G.H. FREEMAN, (1973). Statistical methods for the analysis of genotype-environment interaction. Heredity, 31 (3), 339-354
- I.M. LERNER, (1954). Genetic "Homeostasis". Oliver and Boyd, London
- H.L. LIANG, E.G. HEYNE, T. WALTER, (1966). Estimates of variety X environmental interaction in yield tests of three small grains and their significance on the breeding programs. Crop Sci., 6, 135-139
- R.A. ROBINSON, (1976). Plant pathosystem. Advanced series in agricultural Sciences 3, Spring Verlag, Berlin, Heidelberg, N.Y.
- A. SARR, (1978). Amélioration du mil (P. typhoides) ; programme entrées dynamiques : Résultats HV. 1977. Doc multigraphié, ISRA/CNRA, Bambey/Sénégal.
- A.A. SY, (1978). Recherche sur le mildiou du mil (S. graminicola) : Résultats de la campagne agricole 1977. Doc multigraphié, ISRA/CNRA, Bambey/Sénégal.
- R. THOM, (1974). Modèles mathématiques de la morphogénèse, Union