



MÉTHODES D'AMÉLIORATION ET DE SÉLECTION VARIÉTALE

en ferme biologique pour adapter les espèces cultivées aux conditions de culture locales ou spécifiques.



CENTRE WALLON DE RECHERCHES AGRONOMIQUES

VERSION : MAI 2026

AUTEUR : JULIAN MARTENS

RELECTURE : LAURENT JAMAR

CRÉDIT PHOTO : LAURENT MINET

Remerciements : l'auteur tient à remercier toutes les personnes ayant participé aux entretiens, les personnes ayant contribué aux réflexions contenues dans ce document et les partenaires du projet.

Financement : ce document est financé par l'Union européenne dans le cadre du Plan national pour la reprise et la résilience, avec le soutien de la Wallonie.



Financé par
l'Union européenne
NextGenerationEU



Semences d'Ici est un projet qui a pour but de favoriser la production de semences et la sélection de variétés potagères en Wallonie et en Belgique, avec une affinité pour l'agriculture biologique. Le projet a été initié par l'ASBL Les Marequiers et regroupe aujourd'hui les partenaires suivants : Biowallonie, Hortiforum ASBL (Centre Technique Horticole de Gembloux), le CRA-W, l'ASBL Les Marequiers et Sytra, une équipe de recherche de l'UCLouvain.

Table des matières

1	Introduction	4
2	Concepts clés	5
2.1	Phénotype, génotype et génome	5
2.2	Héritabilité des caractères	5
2.3	Dérive génétique et taille de population	6
2.4	Le mode de reproduction	6
2.5	Sélection directe et indirecte	6
2.6	Sélection en conditions réelles et en conditions contrôlées	4
2.7	Types de sélection selon l'information utilisée	7
2.7.1	La sélection phénotypique	7
2.7.2	Sélection génotypique	7
2.7.3	Sélection génomique	8
3	Méthodes de sélection et d'amélioration variétale	9
3.1	Sélection massale	9
3.1.1	Sélection de conservation	10
3.1.2	L'approche de l' « Organic Seed Alliance »	11
3.2	Sélection généalogique ou Pedigree	11
3.2.1	Alternatives	13
3.3	Amélioration de population par la sélection familiale	13
3.3.1	Famille <i>half-sib</i> et espèces allogames	14
3.3.2	Familles autofécondées et espèces autogames	15
3.4	Rétrocroisement	17
3.5	Stabilisation d'hybride F1	18
3.6	Création de grex et de populations évolutives présélectionnées (PEPs)	18
3.7	Sélection participative	19
3.8	Création d'hybrides et aptitude combinatoire	20
3.9	Synthèse des méthodes de sélection	21
4	Méthodes adéquates par famille botanique	24
4.1	Alliacées	24
4.2	Apiacées	25
4.3	Astéracées (cas de la laitue)	26
4.4	Brassicacées	27
4.5	Chénopodiacées	28
4.6	Cucurbitacées	29
4.7	Fabacées	30
4.8	Solanacées	31
4.9	Récapitulatif des méthodes	32
5	Conclusion	33
6	Bibliographie	34

1. Introduction

L'amélioration variétale est un processus par lequel les variétés cultivées sont améliorées par rapport aux objectifs et aux besoins définis, par exemple rendre une variété plus tolérante ou résistante contre une maladie relève de « l'amélioration variétale ».

Le processus d'amélioration variétale est composé de plusieurs étapes :

- Premièrement la définition des **objectifs d'amélioration** (meilleure résistance, goût, rendement, créneau de récolte, etc.).
- Deuxièmement a lieu la **création de la variabilité génétique** selon différentes méthodes telles que les croisements de variétés ou de populations
- Dans les générations suivantes a lieu la **sélection variétale** à proprement dit qui décrit la méthode par laquelle les individus aux caractères supérieurs sont conservés, ce sont ces techniques qui sont décrites dans ce document.
- Après **fixation et évaluation de variétés**, celles-ci peuvent être inscrites au catalogue officiel européen des variétés en vue d'être commercialisées.

Dans le cadre du projet « Semences d'ici », les techniques de sélection mises en avant sont des techniques à l'échelle de la plante. De nombreuses autres techniques travaillant à l'échelle de la cellule ou de l'ADN existent mais ne sont pas aisément applicables à de la sélection en ferme et ne sont pas détaillées dans ce document.

2. Concepts clés

La sélection variétale repose sur la variabilité des individus au sein d'une population. C'est la variabilité, ou les différences entre différents individus, qui permet de sélectionner les individus plutôt que d'autres sur la base des caractères jugés désirables. En effectuant une sélection, celle-ci influence la fréquence des caractères d'intérêts, les génotypes, dans les générations suivantes.

Cette section décrit certains concepts clés pour la suite de la lecture. Cependant les bases de la génétique ne sont pas revues. L'ouvrage de Zahour (1992)¹ couvre des bases biologiques et génétiques ainsi que des aspects forts détaillés et techniques. Cet ouvrage peut servir pour la compréhension détaillée de ces concepts. D'autre part, des ressources plus pédagogique, publié par la Khan Academy, expliquent aisément les bases de génétique classique et mendélienne² de manière synthétique.

2.1 Phénotype, génotype et génome

L'identification des individus supérieurs peut se faire de plusieurs manières. Elle peut être basée sur le phénotype, le génotype ou sur le génome à l'aide de marqueurs génétiques (Lammerts Van Bueren 2002).

Le phénotype est l'ensemble des caractères observables d'une plante en interaction avec un environnement donné ($G \times E$) : ce que l'on voit ou mesure au champ (hauteur, couleur, rendement, susceptibilité à une maladie, etc.).

Le génotype correspond à la constitution génétique de la plante, c'est-à-dire la combinaison d'allèles qu'elle porte pour chaque gène.

Le génome désigne l'ensemble du matériel génétique d'un individu ou d'une espèce, que l'on peut décrire finement à l'aide de marqueurs moléculaires ou de séquençage.

2.2 Héritabilité des caractères

La transmission de caractères de génération en génération n'est pas égale pour tout type de caractères. Certains sont plus hérissables que d'autres car ils peuvent être dépendants d'un ou de plusieurs gènes et être plus ou moins influencés par l'environnement. L'hérissabilité est décrite au sens large et au sens étroit. Ces paramètres varient entre 0 et 1.

L'hérissabilité au sens large (H^2) est la proportion de la variance phénotypique totale attribuable à l'ensemble des effets génétiques. Elle s'estime en comparant des individus de plusieurs variétés (génétiquement différentes) dans un même environnement pour lesquelles les conditions sont égales. La variance entre les variétés est attribuée à la génétique, la variance à l'intérieur d'une variété est attribuée à l'environnement. Concrètement, si la variance entre variétés est grande (H^2 élevé) et faible au sein d'une même variété, alors le caractère étudié est expliqué par la génétique et inversement (H^2 faible).

L'hérissabilité au sens étroit (h^2) ne retient que la part due aux effets génétiques additifs, qui se transmettent directement et de façon prédictible à la descendance. C'est ce paramètre qui prédit la réponse attendue à la sélection. Elle s'estime en évaluant la ressemblance entre parents et descendants ou entre différentes familles apparentées (demi-frères et frères pleins, soit *half-sib* et *full-sib*), où la variance entre familles reflète la part additive de la variance génétique. Concrètement, plus les descendants ressemblent à leurs parents pour un caractère donné, plus h^2 est élevé, alors qu'une faible ressemblance se traduit par un h^2 faible et une forte influence de l'environnement.

¹ https://www.agrimaroc.org/books/Zahour_elements_amelioration_genetique_plantes.pdf

² <https://fr.khanacademy.org/science/biology/x324d1dcc:metabolism>

Certains caractères sont à :

- Héritabilité élevée (au sens étroit), signifiant qu'ils sont peu influencés par l'environnement. Ces caractères sont généralement monogéniques et sont par exemple les couleurs, les formes de différents organes, l'architecture des plantes ou encore certaines résistances aux maladies.
- Héritabilité faible (au sens étroit), signifiant que l'environnement influence fortement l'expression du caractère en question. De nombreux gènes sont généralement impliqués dans le contrôle de ceux-ci. Des caractères faiblement héréditaires sont par exemple le rendement, la teneur en éléments nutritionnels, la résistance aux stress environnementaux. Ce sont généralement des caractères où la variation est continue.

2.3 Dérive génétique et taille de population

À chaque génération, le fait de ne conserver qu'un nombre limité de plantes pour produire les semences peut entraîner **la dérive génétique**, c'est-à-dire des modifications aléatoires des fréquences d'allèles, donc des caractères, jusqu'à la perte potentielle de ceux-ci dans une population. Ce phénomène est d'autant plus prononcé que la taille d'une population est faible. Pour cette raison, en sélection variétale, il est important de maintenir un nombre suffisant de plantes lors de la reproduction de semences et d'éviter les sélections trop sévères. Le guide de Seed Savers Exchange (2017) suggère des nombres de plantes à conserver pour éviter la dérive et ainsi la perte d'une variété et de ses caractères.

2.4 Le mode de reproduction

Le mode de reproduction d'une espèce est déterminant dans le choix, l'application des méthodes de sélection, la manière de gérer la diversité et le type variétal obtenu. Le mode de reproduction désigne la manière dont la fécondation est privilégiée, par autofécondation ou fécondation croisée. Les espèces potagères se regroupent en deux grandes catégories, bien que l'appartenance ne soit pas stricte. Les deux modes de reproduction sont :

- L'autogamie. Ces espèces sont fécondées principalement par autopolinisation. C'est-à-dire que le pollen et l'ovule proviennent du même individu. Des espèces autogames sont par exemple les tomates, les haricots et les salades. Elles évoluent naturellement vers l'homozygotie, l'état où un individu possède deux allèles identiques d'un même gène, par exemple « AA » ou « aa ».
- L'allogamie. Ces espèces sont fécondées principalement par pollinisation croisée. Le pollen et l'ovule proviennent d'individus différents. Des espèces allogames sont par exemple les choux, les courges et les carottes. Elles maintiennent une part d'hétérozygotie au sein de la population. Un individu possède deux allèles différents pour un même gène, par exemple « Aa ».

Les implications des différents modes de reproduction sont précisées dans la description des méthodes de sélection et dans l'adéquation des méthodes appliquées à différentes familles botaniques.

2.5 Sélection directe et indirecte

La manière dont un caractère est observé et utilisé pour choisir les individus supérieurs influence la stratégie de sélection. Dans un programme d'amélioration, on distingue ainsi :

- **La sélection directe** qui consiste à choisir les individus sur le caractère même que l'on souhaite améliorer, par exemple le rendement, la résistance à une maladie ou la teneur en sucre. Le caractère d'intérêt est mesuré sur chaque plante ou famille, et la décision de sélection se base directement sur cette mesure.
- **La sélection indirecte** vise un caractère d'intérêt en sélectionnant un autre caractère, dit « indicateur », qui lui est génétiquement corrélé, par exemple un caractère morphologique, la vigueur ou une date de floraison. Le caractère indicateur est choisi parce qu'il est plus facile, non destructif, plus précoce ou moins coûteux à mesurer que le caractère objectif.

Les implications de ces deux types de sélection concernent principalement l'efficacité et le coût de la sélection. La sélection directe est simple et adaptée aux caractères bien mesurables et suffisamment héritable. La sélection indirecte est intéressante pour des caractères difficiles, tardifs ou faiblement héritable, à condition que le caractère indicateur soit bien corrélé au caractère objectif et que sa mesure soit fiable sur un grand nombre d'individus.

2.6 Sélection en conditions réelles et en conditions contrôlées

Le contexte environnemental dans lequel la sélection est réalisée influence les caractères exprimés et donc ceux qui peuvent être retenus. Il est ainsi utile de distinguer la sélection effectuée en conditions réelles de culture et la sélection réalisée en conditions contrôlées, plus standardisées.

- **La sélection en conditions réelles** se déroule directement dans les champs ou les systèmes de culture pour lesquels la variété est destinée. Les plantes y sont exposées aux pratiques agricoles, aux stress abiotiques, aux maladies et ravageurs tels qu'ils se présentent dans les exploitations. Les caractères observés (rendement, adaptation, état sanitaire, comportement face aux aléas climatiques, etc.) reflètent donc l'adaptation effective du matériel aux contextes d'usage.
- **La sélection en conditions contrôlées** est réalisée en station, en serre ou en laboratoire, dans des environnements définis et reproductibles (sol, irrigation, fertilisation, pression de maladie, photopériode...). Ceci permet d'évaluer des caractères ciblés (résistance à un pathogène, tolérance à un stress, comportement physiologique) avec une forte maîtrise des facteurs extérieurs. Elle permet également de sélectionner des caractères fortement héritable.

Les implications de ces deux approches concernent l'adaptation et la transférabilité des résultats. La sélection en conditions réelles permet de capturer l'adaptation locale et l'intégration des critères des utilisateurs, mais elle est plus difficile à répliquer. La sélection en conditions contrôlées offre une meilleure répétabilité des essais et une évaluation fine de certains caractères, mais nécessite ensuite de vérifier en conditions réelles la pertinence des résultats obtenus.

2.7 Types de sélection selon l'information utilisée

Les méthodes présentées dans ce document peuvent être vues comme différentes manières d'exploiter trois niveaux d'information : ce que l'on observe sur la plante (phénotype), ce que l'on observe sur sa descendance ou sa famille (génotype estimé) et, dans certains cas plus institutionnels, l'information moléculaire (génomique).

2.7.1 La sélection phénotypique

La sélection phénotypique repose sur l'observation de l'individu et l'expression de ses caractères dans un environnement donné. Le phénotype est l'ensemble des caractères observables influencés par le génome ainsi que l'environnement.

La sélection basée sur le phénotype a l'avantage d'être simple, intuitive, rapide à mettre en œuvre et peu coûteuse. Elle permet également la sélection dans un environnement spécifique (*in situ*). Elle est surtout efficace pour les caractères à haute hérabilité. C'est la méthode privilégiée par Deppe (2021) et l'Organic Seed Alliance.

En revanche, la sélection phénotypique présente aussi certaines limites. Les caractères observés peuvent être fortement influencés par l'environnement, ce qui réduit la précision de la sélection. Elle est également moins efficace pour les caractères complexes, qui dépendent de plusieurs gènes, ainsi que pour les caractères faiblement héritable.

2.7.2 La sélection génotypique

La sélection génotypique repose sur l'étude de la descendance d'un individu afin d'estimer sa valeur génétique, c'est-à-dire sa capacité à transmettre des caractères d'intérêt. Les performances phénotypiques des descendants sont évaluées, puis utilisées pour estimer le potentiel génétique des parents. Lorsque la descendance présente de bonnes performances, cela suggère que la supériorité du parent est liée à son génotype plutôt qu'à l'influence de l'environnement. Celui-ci est alors utilisé pour la suite de la sélection.

L'un des principaux avantages de cette approche est qu'elle permet de mieux distinguer l'effet du génotype de celui de l'environnement, ce qui donne un meilleur contrôle sur les caractères transmis de génération en génération. En contrepartie, elle demande davantage de temps et de moyens : il faut mettre en place et évaluer une descendance qui ne sera pas nécessairement utilisée directement pour la production de semences de la génération suivante. Dans de nombreux schémas, on repart ainsi des parents identifiés comme supérieurs grâce à l'évaluation de leur descendance, en particulier lorsque les caractères d'intérêt ne peuvent être évalués qu'après la pollinisation.

RECONNAÎTRE LE GÉNOTYPE.

Dans le cas de caractères qualitatifs contrôlés par un gène, le génotype d'un individu peut être identifié grâce à ces deux méthodes : le « *test-cross* » et le « *test de descendance* ». Ces méthodes sont également applicables pour trouver le génotype de plusieurs gènes simultanément. Cependant, à partir de trois caractères ou plus, la gestion de la descendance devient peu pratique et nécessite une grande population de descendants.

Dans le cas d'un caractère monogénique avec un allèle dominant et un allèle récessif, un individu au phénotype dominant peut être homozygote ou hétérozygote.

Le test-cross consiste à croiser la variété au génotype inconnu avec une variété dont le génotype est connu et homozygote récessif pour le ou les gènes étudiés. Dans le cas d'un caractère monogénique, si tous les descendants présentent le phénotype dominant, la variété testée est homozygote dominante, tandis que l'apparition de descendants au phénotype récessif indique qu'elle est hétérozygote.

Dans le cas de *test-cross* évaluant deux gènes, si la descendance présente des proportions égales de phénotypes (1 : 1 : 1 : 1), alors le parent est hétérozygote pour les deux gènes. Si le parent est dominant pour un allèle, alors ce phénotype sera présent pour tous les descendants.

Le test de descendance consiste à, lorsque la biologie le permet, autopoliniser un individu et à observer les phénotypes de la descendance. Si tous les descendants présentent le phénotype dominant, le parent autopolinisé est homozygote dominant. À l'inverse, si environ un quart de la descendance présente le phénotype récessif, le parent autopolinisé est hétérozygote.

Dans le cas de deux gènes étudiés, l'autopolinisation d'un individu homozygote dominant pour les deux gènes présentera une descendance du même phénotype et ainsi, du génotype. Si le parent est hétérozygote, la descendance présentera alors les proportions suivantes : 9, 3, 3, 1 : 9/16 de phénotypes dominants pour les deux caractères, 3/16 de phénotype à un caractère dominant et un récessif, 3/16 de phénotype à un caractère dominant et un récessif (combinaison inverse du précédent) et 1/16 de phénotypes récessif pour les deux caractères. Si le parent est hétérozygote pour un seul des deux gènes, alors la descendance présentera des proportions phénotypiques égales pour ce gène.

2.7.3 La sélection génomique

La sélection génomique repose sur l'information contenue dans l'ADN, notamment grâce à l'utilisation de marqueurs moléculaires répartis sur l'ensemble du génome. Elle permet d'estimer très tôt la valeur génétique d'un individu, sans devoir attendre son expression phénotypique complète ou celle de sa descendance (Lammerts Van Bueren 2002).

Cette méthode est particulièrement utilisée pour accélérer le progrès génétique et pour améliorer la sélection de caractères complexes. Cependant elle nécessite toutefois des outils de génotypage performants, ainsi qu'une population de référence bien caractérisée génétiquement. Comme cité ci-dessus, ces techniques ne sont pas décrites dans ce document.



3. Méthodes de sélection et d'amélioration variétale

Les méthodes de sélection et d'amélioration variétale présentées dans cette section sont applicables à de nombreuses espèces potagères et s'inscrivent dans les principes de l'agriculture biologique, en privilégiant le travail à l'échelle de la plante, la reproduction sexuée et le maintien de la diversité génétique (Wyss et al. 2001). Elles visent à améliorer les variétés dans leurs conditions de culture, en s'appuyant sur la variabilité génétique existante ou générée par croisements.

Chaque méthode est d'abord présentée par son principe général, ses objectifs et à quels modes de reproduction et espèces elle s'applique. Ensuite est décrit le déroulement pratique de la méthode, le type variétal produit et la diversité maintenue ainsi que les principaux avantages, limites et contraintes de la mise en œuvre.

3.1 Sélection massale

La sélection massale est l'une des méthodes de sélection variétale les plus anciennes, sinon la plus ancienne (Bannerot, 1985). Elle repose sur la sélection des individus sur base de leur phénotype, soit les caractères observables exprimés dans un environnement donné. Les plantes présentant les meilleures performances pour un ou plusieurs caractères d'intérêts sont conservées pour la production de semences (White et Connolly 2011). Cependant, le phénotype résultant de l'interaction entre le génotype et l'environnement, il peut être difficile de distinguer l'effet de chaque élément.

L'objectif de la sélection massale est d'améliorer progressivement une population en augmentant la fréquence des caractères souhaités. Cette méthode, illustrée par la figure 1, s'applique à l'ensemble des espèces à reproduction sexuée, qu'elles soient autogames ou allogames. Elle est surtout efficace pour les caractères à forte héritabilité, c'est-à-dire peu influencés par l'environnement, tels que la couleur ou la forme des organes ou l'architecture de la plante (Deppe 2000).

La procédure consiste à observer les plantes en culture, à sélectionner les individus jugés les plus intéressants, soit en conservant les meilleurs (sélection positive), soit en éliminant les moins performants ou les hors-types (sélection négative ou de conservation), puis à les laisser se reproduire librement avant de récolter leurs semences en un lot commun (White et Connolly 2011; Wyss et al. 2001). Ce mélange constitue la nouvelle population et peut servir de base d'un éventuel autre cycle de sélection.

La sélection peut intervenir à différents stades du cycle de la plante, depuis la levée jusqu'à la production de semences, en fonction des caractères à améliorer. Les caractères évalués avant la phase de pollinisation peuvent être améliorés plus efficacement, car ils permettent un meilleur contrôle des individus contribuant à la reproduction. En revanche, dans le cas des légumes à fruits, lorsque les caractères d'intérêt concernent le fruit, la pollinisation a déjà eu lieu au moment de l'évaluation, ce qui limite la possibilité de contrôler les croisements et donc l'efficacité de la sélection.

Les résultats obtenus diffèrent selon le mode de reproduction de l'espèce. Chez les espèces allogames, la sélection massale conduit à une population dont la composition génétique évolue progressivement, avec des individus généralement hétérozygotes et hétérogènes. Chez les espèces autogames, la répétition des cycles de sélection peut aboutir à une population constituée de lignées homozygotes, la population globale reste hétérogène (White et Connolly 2011). Dans tous les cas, les cultivars (variétés cultivées) obtenus sont reproductibles par semences.

La durée d'un programme de sélection massale est variable. Elle peut se limiter à une seule saison dans le cadre d'une sélection de conservation, ou s'étendre sur plusieurs cycles pour une amélioration progressive. Lorsque la sélection massale est répétée, elle devient la « **sélection massale récurrente** ». La durée dépend notamment du cycle biologique de l'espèce (annuel ou bisannuel), de la variabilité initiale de la population, de l'intensité de la sélection, de l'héritabilité des caractères ciblés et des objectifs de sélection.

La sélection massale présente plusieurs avantages. Elle est simple à mettre en œuvre, peu coûteuse et ne nécessite pas d'équipements spécifiques. Elle permet également de maintenir une diversité génétique relativement élevée, ce qui favorise l'adaptation des populations à des conditions pédoclimatiques spécifiques.

En revanche, elle présente aussi des limites importantes. La forte influence de l'environnement peut biaiser la sélection, notamment pour les caractères complexes. Afin d'éviter le biais de sélection dû à l'environnement, la sélection quadrillée est appliquée. Elle consiste à diviser la parcelle en plusieurs morceaux et à sélectionner un nombre égal d'individus par morceau.

La pollinisation n'est pas contrôlée, en particulier chez les espèces de « légumes-fruit » allogames. Dans ce cas, lorsqu'un individu est sélectionné, c'est uniquement la contribution des gamètes femelles qui est contrôlée. Les gamètes mâles peuvent provenir de tout autre individu et des allèles récessifs indésirables peuvent persister dans la population. L'élimination d'individus non désirés, avant qu'ils puissent contribuer par leur pollen, permet d'améliorer l'efficacité de la sélection.

Enfin, cette méthode est relativement lente et ne permet pas d'obtenir des variétés parfaitement uniformes. Elle permet cependant de maintenir une diversité génétique élevée, à condition que la sélection ne soit pas trop restrictive (Navazio et Zystro, 2014 ; Singh et al., 2023).

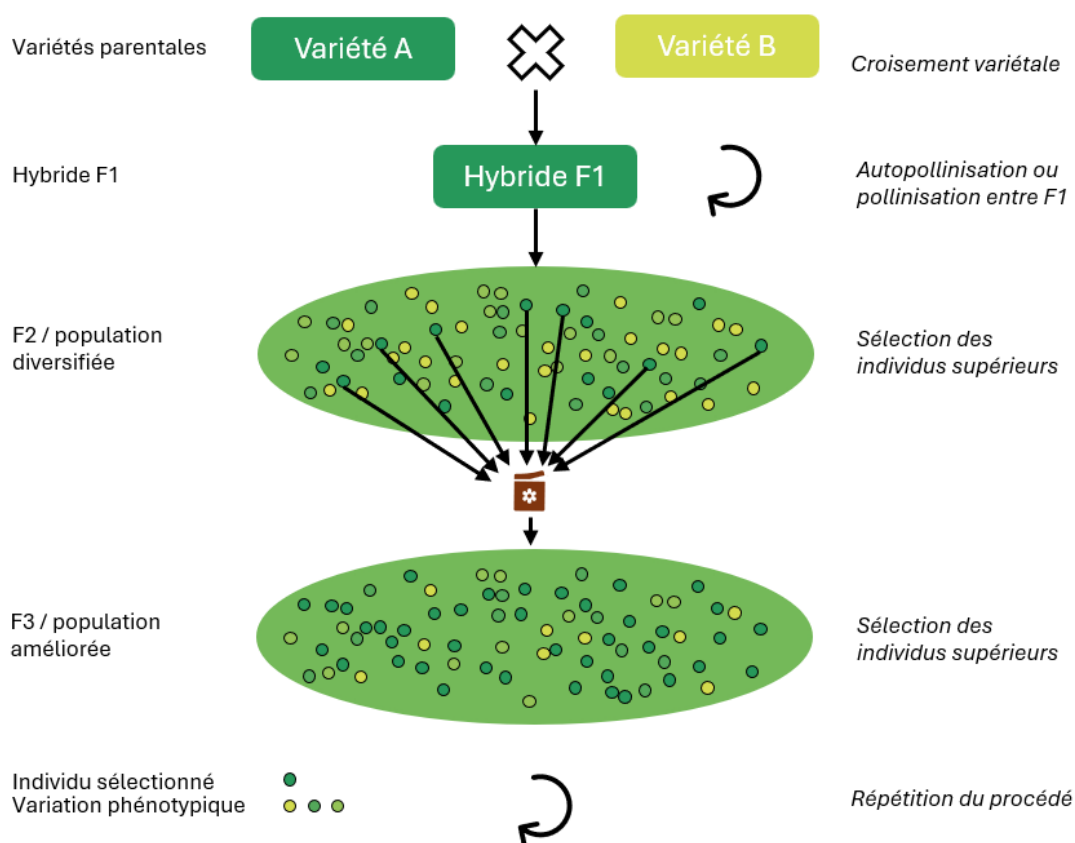


Figure 1. Sélection massale

3.1.1 Sélection de conservation

La sélection de conservation a pour but de maintenir l'identité générale et la diversité d'une variété ou d'une population, plutôt que de la modifier rapidement. Elle repose sur une sélection massale négative où seuls les individus hors type (qui ne correspondent pas aux caractères de la variété) sont éliminés tout en laissant la grande majorité des plantes contribuer à la production de semences.

En pratique, elle se met en œuvre lors de la culture et de la multiplication de variétés populations. Au champ, les plantes sont observées à différents stades, et celles qui s'écartent nettement du type recherché (couleur, forme, précocité, port), qui présentent des défauts majeurs (maladies graves, très faible vigueur) ou des signes de contamination sont arrachées ou castrées avant la reproduction. Les semences sont ensuite récoltées en mélange sur l'ensemble des plantes restantes, en veillant à garder un nombre suffisant d'individus reproducteurs pour éviter un resserrement génétique excessif.

Cette approche permet de limiter la dérive génétique et les contaminations tout en maintenant une variabilité interne utile à l'adaptation locale. Elle est particulièrement adaptée à la conservation à long terme de variétés et populations cultivées en ferme. De plus, elle peut être répétée chaque année comme un simple « entretien » de la population.

3.1.2 L'approche de l'« Organic Seed Alliance »

L'« Organic Seed Alliance » et les auteurs J. Navazio et Zystro (2014) proposent une approche de sélection qui combine brassage génétique et sélection naturelle. Cette approche peut s'appliquer aux espèces autogames comme aux espèces allogames selon des modalités différentes.

Chez les espèces autogames, deux parents sont premièrement croisés, ensuite la descendance est cultivée pendant plusieurs générations sans sélection intense afin de fixer une partie des caractères. Seuls les individus délétères ou non désirés sont éliminés. Par la suite, le programme peut évoluer vers une sélection massale ou généalogique (décrite ci-dessous).

Chez les espèces allogames, les premières générations, jusqu'à la 3^e ou 4^e génération, sont cultivées avec une sélection limitée afin de conserver le brassage génétique. À partir de la 4^e ou 5^e génération, la sélection peut ensuite être intensifiée selon une approche massale ou familiale (décrite ci-dessous).

3.2 Sélection généalogique ou Pedigree

La sélection généalogique, également appelée méthode Pedigree (prononcé pédigré en français), est une méthode principalement utilisée chez les espèces autogames. Elle repose sur le suivi individuel des lignées et de leurs performances au fil des générations de sélection, ce qui permet de conserver un historique précis, la généalogie. C'est ce suivi qui constitue la caractéristique fondamentale qui distingue cette méthode des autres approches de sélection (J. Navazio et Zystro 2014; White et Connolly 2011). La sélection généalogique s'applique davantage aux espèces autogames mais elle peut s'appliquer aux espèces allogames, ceci est généralement fait pour obtenir des lignées à recombinaison pour la création d'hybride F1. Cette méthode est illustrée par la figure 2.

L'objectif de la sélection généalogique est l'obtention de lignées homozygotes qui combinent les caractères d'intérêt des variétés parentales, à l'origine du croisement. Ces lignées peuvent devenir des variétés ou à nouveau être réutilisées en création variétale, par exemple pour la production d'hybrides F1 ou de nouvelles populations.

La sélection généalogique commence généralement par le croisement de deux parents choisis pour leurs caractéristiques complémentaires. Du croisement résulte l'hybride F1, qui est entièrement hétérozygote et phénotypiquement homogène, il n'y a pas de sélection de plantes supérieures dans cette génération. L'hybride F1 est alors autofécondé (autopollinisé) pour produire la F2 (2^e génération) dans laquelle commencera la ségrégation, la séparation des caractères dans les différentes lignées. À partir de la F2, chaque plante sélectionnée est autofécondée pour produire la F3. Les semences sont récoltées et conservées séparément par plante. À partir de la F3, les semences sont plantées en lignes familiales, où chaque famille provient d'une autofécondation de plante F2. Parmi les meilleures familles, les meilleurs individus sont sélectionnés, autofécondés et conservés pour produire la F4 qui sera également plantée en lignées familiales, les familles non performantes sont éliminées. Ce procédé est répété jusqu'à la F6 ou F7, à ce stade l'homozygotie approche 100% (96,875% en F6). Les lignées résultantes peuvent être évaluées et multipliées en vue d'inscrire une variété ou elle peuvent être recombinées pour produire un mélange de lignées (White et Connolly 2011).

La sélection généalogique présente plusieurs avantages. Grâce au suivi rigoureux des lignées, elle permet de sélectionner les meilleurs génotypes en conservant les meilleurs individus au sein des meilleures lignées. Comparée à la sélection massale, elle permet de fixer les génotypes d'intérêt plus rapidement, ce qui constitue un avantage. Elle est d'avantage efficace pour les caractères fortement héritables que les caractères complexes et peu héritable (White et Connolly 2011).

L'uniformité génétique élevée des lignées obtenues représente quant à elle un avantage ou un inconvénient selon les objectifs poursuivis. D'un côté, elle garantit des variétés homogènes et stables, répondant aux exigences des systèmes d'inscription variétale. De l'autre, elle réduit fortement la diversité génétique au sein de chaque lignée, ce qui peut limiter leur capacité d'adaptation à des conditions variables. Cette diversité peut néanmoins être restaurée en recombinant plusieurs lignées entre elles ou en les mélangeant pour former des variétés multilignes.

Les principaux inconvénients de la sélection généalogique sont liés à la complexité et aux exigences de sa mise en œuvre. Le suivi rigoureux des lignées mobilise des ressources importantes en surface, en main-d'œuvre et en gestion de données, ce qui rend cette méthode plus contraignante que des méthodes alternatives menant également à des lignées pures, telles que les méthodes de « Single Seed Descent » ou de « Bulking » décrites ci-dessous. La durée du programme constitue également une limite, puisqu'il faut compter sept à dix ans pour obtenir une variété uniforme. Des erreurs de sélection peuvent en outre survenir dès les premières générations : en F2, la sélection repose uniquement sur l'individu sans information sur la lignée, et en F3, bien que les lignées soient formées, l'hétérogénéité interne reste élevée et peut conduire à l'élimination prématurée de familles prometteuses. Enfin, bien que la méthode soit réservée aux espèces autogames, des croisements involontaires restent possibles, les espèces potagères étant rarement strictement autogames (Ceccarelli et Grando 2022; Deppe 2000), ce qui impose des précautions d'isolement entre lignées adaptées à chaque espèce.

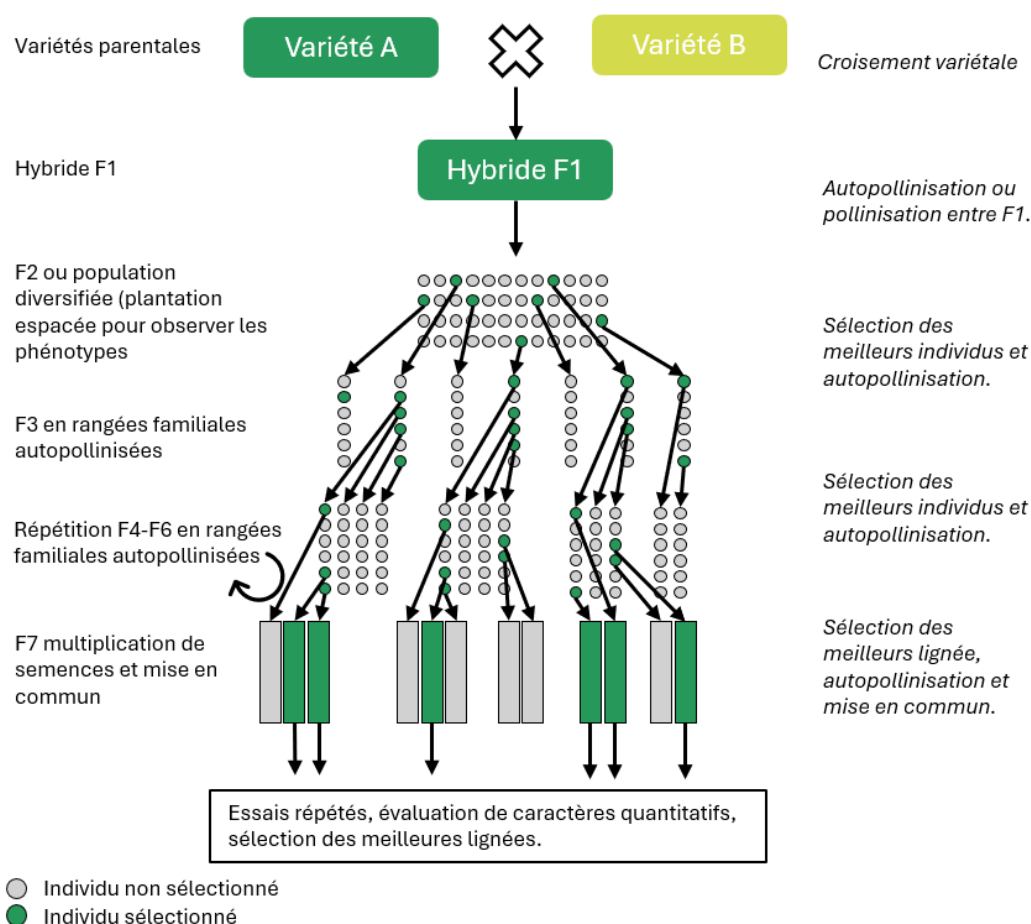


Figure 2. Sélection généalogique / Pedigree

3.2.1 Alternatives

La méthode de la sélection généalogique étant fortement exigeante en suivi et en ressources, il existe des méthodes alternatives produisant des lignées pures. Celles-ci sont également basées sur l'autofécondation des plantes de génération en génération et tendent vers l'homozygotie.

SÉLECTION PAR FILIATION MONOGRaine (SINGLE SEED DESCENT)

La méthode de sélection par filiation monograine, également appelée Single Seed Descent (SSD), s'applique, comme la sélection généalogique, aux espèces autogames. Les étapes menant jusqu'à la génération F2 sont identiques. À partir de la F2, chaque plante est autofécondée et les semences récoltées sont conservées de manière séparée par individu. À la génération suivante, un seul individu est replanté par individu précédemment conservé. Soit « une seule graine » par individu conservé fait partie de la génération suivante (Singh et al. 2023). Ce processus est répété pendant plusieurs générations successives sans qu'aucune sélection ne soit appliquée, l'unique objectif étant d'atteindre un niveau d'homozygotie suffisant pour obtenir des lignées fixées.

Cette méthode permet ainsi d'obtenir des lignées fixées tout en conservant un nombre constant de plantes à chaque génération et sans nécessiter de suivi généalogique. Par rapport à la sélection généalogique, elle est donc moins exigeante en espace de culture, en main-d'œuvre et en gestion des données.

Pour les espèces annuelles autogames, il est possible d'accélérer davantage le processus en cultivant plusieurs générations par an. Dans la mesure où aucune évaluation ni sélection n'est réalisée entre les générations, les plantes n'ont pas besoin d'être conduites jusqu'à leur maturité complète : leur reproduction peut être induite artificiellement grâce aux conditions artificielles contrôlées, en serre par exemple. La sélection n'intervient qu'une fois les lignées suffisamment fixées.

LA MÉTHODE DE MASSE (« BULK METHOD »)

La méthode « de masse » (« *Bulk method* »), aussi appelée la « sélection généalogique différée », a pour objectif d'obtenir des lignées homozygotes supérieures grâce à la sélection naturelle. Les premières étapes sont identiques à la méthode généalogique. À partir de la génération F2, les plantes sont cultivées « en masse » (en vrac en un seul bloc) où aucune sélection n'est appliquée sauf la sélection naturelle. À chaque génération, les semences sont récoltées et conservées en un seul lot et le même nombre de plantes est cultivé à la génération suivante.

À partir de la F5, les plantes sont disposées en rangs pour permettre l'observation individuelle et la sélection des individus supérieurs. Les semences de ceux-ci sont récoltées séparément et constituent les lignées de la F6. Les semences des meilleures lignées sont récoltées par lignée et replantées dans un nouvel essai répété pour évaluer leurs performances. Les lignées obtenues par cette méthode présentent généralement une plus grande diversité que celles issues de la méthode généalogique stricte. Cette diversité peut être exploitée pour les adapter à des conditions de culture spécifiques tout en améliorant leur homogénéité.

La méthode « de masse » est surtout utilisée pour les cultures de céréales, mais elle s'applique aussi aux haricots et à d'autres légumineuses. Bien qu'elle soit en théorie applicable aux légumes-fruits autogames comme le poivron ou la tomate, son usage pratique est souvent limité, car ces espèces nécessitent davantage d'espace pour un même nombre de plantes. D'autres méthodes de sélection sont donc généralement mieux adaptées à ces cultures.

3.3 Amélioration de population par la sélection familiale

La sélection familiale repose sur l'évaluation de groupes d'individus apparentés, plutôt que sur celle d'individus au sein d'une population (méthode massale). Cette méthode a pour but d'améliorer une population en changeant la fréquence des caractères, c'est-à-dire des allèles, dans celle-ci à travers l'évaluation des familles et le recroisement des familles sélectionnées. À l'inverse de la sélection généalogique (Pedigree), la sélection familiale est plutôt d'application pour les espèces allogames (J. Navazio et Zystro 2014). L'approche décrite ci-dessous est phénotypique. La sélection familiale peut également être utilisée dans une optique plus génotypique (estimation de la valeur génétique des parents), mais

cet aspect n'est pas détaillé dans ce document.

Trois types de familles sont utilisées : la famille de frères et sœurs complète (« *Full sib* »), la famille de demi-frères (« *Half sib* ») et la famille autofécondée (S1 pour « *selfed* »). Elles se différencient par la connaissance précise d'un ou des deux parents et le contrôle de la pollinisation.

En famille **full-sib**, le père et la mère sont connus et la pollinisation est contrôlée. Pour créer une famille full-sib, on croise deux parents choisis ($A \times B$) et l'on regroupe leurs descendants. Les familles full-sib sont plus uniformes que les familles half-sib et moins uniformes que les familles autofécondées, mais ne subissent pas autant la dépression de consanguinité (Zystro 2014; Singh et al. 2023). Les full-sib peuvent être utiles pour estimer la valeur génétique des parents et trouver les meilleures combinaisons. La valeur génétique d'un parent est la valeur moyenne attendue de ses descendants pour un caractère donné, représentant sa capacité réelle à transmettre des traits héréditaires à la génération suivante indépendamment des influences de l'environnement.

En famille **half-sib**, un seul des deux parents est connu, soit le père via la dispersion contrôlée de son pollen, soit la mère lorsque les descendants proviennent de la même plante et que la pollinisation n'est pas contrôlée (Singh et al. 2023). Les familles half-sib maintiennent la plus grande diversité génétique et par conséquent sont moins uniformes que les familles full-sib et autofécondées.

En famille **autofécondée (S1)**, le pollen et l'ovule proviennent de la même plante et la pollinisation est contrôlée. Cette méthode produit les familles les plus uniformes et permet de mettre en lumière des caractères récessifs d'intérêts ou délétères apportant une information précieuse sur l'intégration ou non de cette famille dans la suite du programme de sélection. Cependant ces familles sont à risque de dépression de consanguinité.

3.3.1 Famille *half-sib* et espèces allogames

Dans le cadre de la sélection en ferme sur espèces allogames, le schéma le plus adapté, qui reste simple à mettre en œuvre et maintient une population diversifiée, repose sur les familles half-sib. Cette méthode est illustrée par la figure 3. À partir d'une population diversifiée ou d'une F2, deuxième génération suivant le croisement de deux variétés, les individus supérieurs sont sélectionnés et leurs semences sont récoltées séparément. Chaque lot constitue une famille half-sib.

En fonction du moment de l'évaluation des caractères, avant ou après la pollinisation, cela implique une gestion différente des semences et des familles. Lorsque l'évaluation et la sélection ont lieu avant la pollinisation, les familles restantes pourront se reproduire librement et les semences seront récoltées par famille (White et Connolly 2011). Lorsque l'évaluation et la sélection ont lieu après la pollinisation, il revient de conserver une partie des semences originales, utilisées en début de saison, et de les cultiver la saison suivante en ne laissant que les semences produisant de « bonnes » familles se reproduire librement (J. Navazio et Zystro 2014). Ceci implique deux saisons pour un cycle d'amélioration. Toute sélection pouvant être faite avant la pollinisation permettra une amélioration plus rapide.

Le nombre de familles initiales dépend principalement du temps et des ressources disponibles pour la sélection. Selon l'« Organic Seed Alliance », dans un programme contenant 20 familles, 20-25% de celles-ci passeront à la génération suivante (J. Navazio et Zystro 2014; John Navazio 2014). Un plus grand nombre de familles (40-60) permet d'appliquer la sélection de manière plus intense et plus longue pouvant améliorer d'avantage la population.

Le choix d'éliminer et de conserver une famille se fait sur la performance des individus de la famille. Selon l'« Organic Seed Alliance », si une famille présente au moins 60% d'individus performants, selon les objectifs d'amélioration, elle sera conservée (John Navazio 2014). Les autres familles non performantes sont entièrement éliminées. Ensuite au sein de chaque famille, 25-35% des individus moins performants sont éliminés. Les individus restant se reproduisent librement et les semences sont récoltées par familles. Ce processus est répété jusqu'à obtenir une ou plusieurs familles supérieures (pouvant être recombinaisons ou non). Cette nouvelle population peut être poursuivie en sélection massale.

La sélection familiale half-sib est particulièrement adaptée à des caractères d'héritabilité moyenne à faible (par exemple rendement, tolérance à des stress complexes), pour lesquels la sélection massale simple est moins efficace. La sélection familiale half-sib présente les avantages similaires à la sélection massale : simplicité de mise en place et maintien de

la diversité génétique. Elle a surtout l'avantage d'améliorer la variété de manière plus précise et rapide que la sélection massale. Cependant elle présente certains inconvénients comme le manque d'uniformité (si elle fait partie des objectifs) et la difficulté de fixation durable des caractères récessifs. Cette méthode nécessite également un espace ainsi qu'une gestion plus importante. Dans certains cas, en particulier lorsque la sélection est réalisée après pollinisation, un cycle d'amélioration peut s'étendre sur plusieurs années.

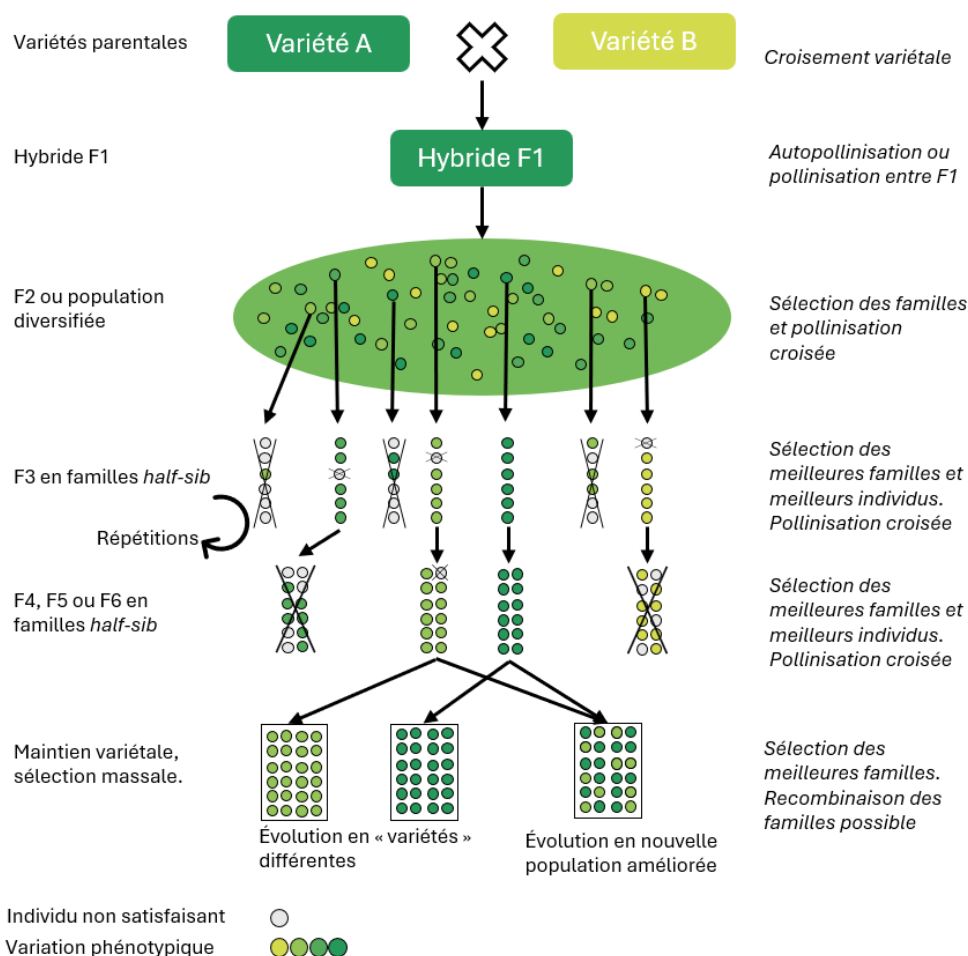


Figure 3. Amélioration variétale par sélection familiale (half-sib)

3.3.2 Familles autofécondées et espèces autogames

Dans le cadre de la sélection en ferme sur espèces autogames, un schéma adapté est la sélection familiale autofécondées (selfed). L'approche de la Organic Seed Alliance commence en croisant plusieurs variétés parentales différentes avec des caractères d'intérêts semblables (J. Navazio et Zystro 2014; McKenzie 2014). Au lieu d'un seul croisement initial, c'est par exemple trois paires de parents différents qui sont croisés, ceci constitue une différence majeure par rapport à la méthode généalogique. Suivant la création de la variabilité initiale, ont lieu les autofécondations successives des descendants et l'évaluation de familles issues de plantes individuelles. Cette approche vise l'obtention de variétés contenant de la diversité et adaptables aux conditions de culture. Cette méthode est illustrée par la figure 4.

La génération F1, issue de ces croisements, est en général assez homogène et ne fait pas l'objet d'une sélection intense ; elle est surtout multipliée par autofécondation afin de produire la F2, ou première génération autofécondée S1 (selfed), dans laquelle la ségrégation des caractères devient visible.

À partir de la F2/S1, la population exprime une variabilité importante, mais les caractères ne sont pas encore stabilisés. À ce stade, il est recommandé d'éviter une sélection trop sévère et de retenir surtout des caractères fortement héréditaires, comme certains traits morphologiques, la précocité, la couleur, la forme ou certaines résistances simples. Les plantes jugées intéressantes sont autofécondées, et les semences de chaque plante sont conservées séparément afin de constituer, la génération suivante, des familles autofécondées (selfed) distinctes. L'objectif est alors de travailler sur un

nombre relativement élevé de familles, avec un effectif modéré par famille (10-20), plutôt que sur peu de familles très nombreuses, afin de préserver l'étendue de la diversité génétique disponible.

Dans les générations suivantes, généralement de F3/S2 à F4/S3, les familles sont cultivées en rangs ou en petites unités familiales de plusieurs individus. La sélection porte d'abord sur les caractères qualitatifs ou hautement héritables, tandis que les plantes manifestement défectueuses, sensibles ou hors objectif sont éliminées. Au fur et à mesure des autofécondations successives, les individus d'une même famille tendent à devenir plus semblables entre eux, tandis que les différences entre familles deviennent plus nettes. Cela permet non seulement de sélectionner les meilleurs individus au sein des meilleures familles, mais aussi d'éliminer des familles entières lorsqu'elles ne répondent pas aux objectifs du programme. Une famille est jugée intéressante lorsque au moins 60% d'individus performants, selon les objectifs d'amélioration. Ensuite au sein de chaque famille, 25-35% des individus moins performants sont éliminés.

À partir des générations plus avancées, lorsque l'homozygotie est plus élevée et que le matériel devient plus stable, la sélection peut être renforcée sur des caractères plus complexes et moins héritables, tels que le rendement, certaines résistances quantitatives, la qualité gustative ou la tenue des fruits. Des essais répétés peuvent alors être mis en place, par exemple avec plusieurs répétitions de familles, afin de comparer plus rigoureusement leurs performances moyennes et, si nécessaire, d'appuyer l'évaluation par une analyse statistique. À ce stade, les familles les moins performantes sont éliminées, tandis que les meilleures peuvent être maintenues séparément, multipliées comme lignées ou recombinaées sous la forme d'une variété multiligne.

Cette méthode présente plusieurs intérêts dans un cadre de sélection en ferme ou de sélection décentralisée. Elle permet de conserver davantage de diversité dans les premières générations qu'une sélection généalogique classique, tout en introduisant progressivement une évaluation familiale qui améliore la fiabilité des choix. Elle est particulièrement pertinente lorsque l'on cherche à combiner adaptation locale, qualité agronomique et qualité organoleptique, sans viser immédiatement une uniformité maximale. Comme pour les autres méthodes appliquées aux espèces autogames, elle conduit progressivement vers des lignées plus homogènes, mais laisse aussi la possibilité de conserver ou de recombinaer plusieurs lignées lorsque le maintien d'une certaine diversité fait partie des objectifs.

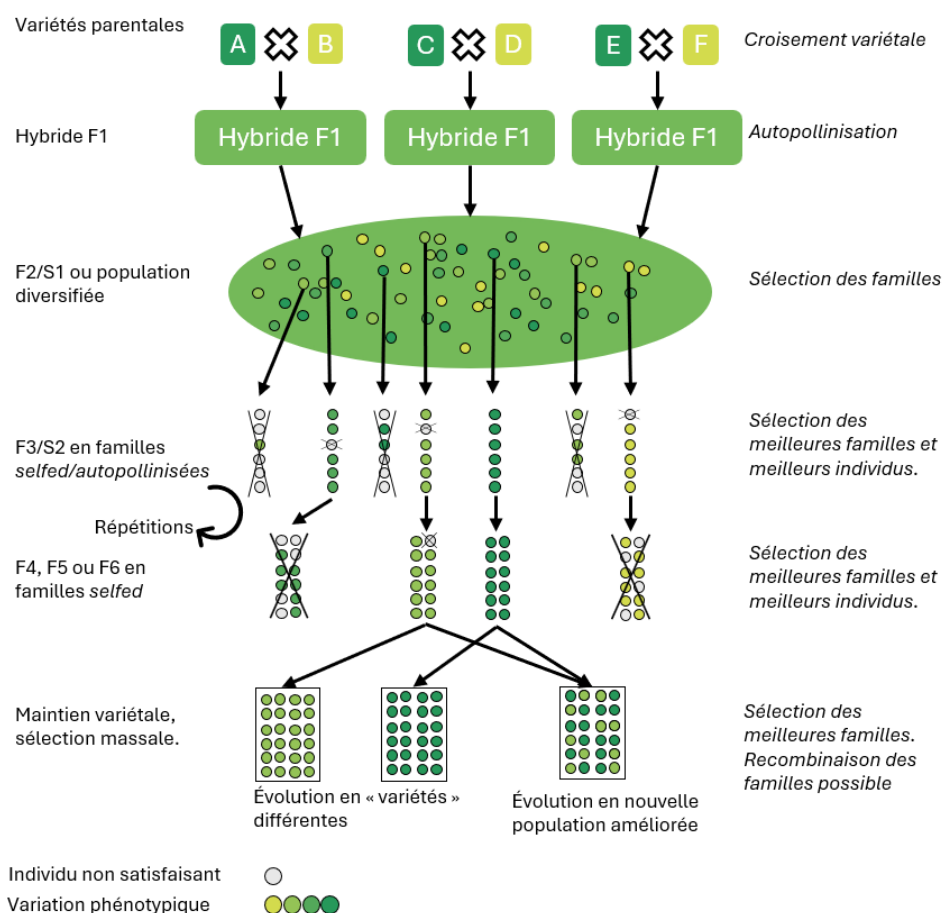


Figure 4. Amélioration variétale par sélection familiale autofécondée (selfed)

3.4 Rétrocroisement

Le rétrocroisement (*backcross*) est une méthode utilisée lorsque l'objectif est d'introduire un ou quelques caractères spécifiques dans une variété déjà bien adaptée, tout en conservant au maximum ses autres qualités.

Le principe repose sur deux types de parents : **le parent donneur**, qui possède le caractère recherché (par exemple une résistance monogénique à une maladie, ou un caractère spécifique), mais qui n'est pas forcément adapté agronomiquement, **et le parent récurrent**, qui est une lignée ou une variété déjà bien adaptée au système de culture, mais qui ne possède pas le caractère à introduire.

Le rétrocroisement commence par réaliser un croisement entre le parent récurrent et le parent donneur. Les descendants qui expriment le caractère d'intérêt sont ensuite croisés à nouveau avec le parent récurrent. Cette étape de rétrocroisement est répétée plusieurs fois (par exemple 3 à 6 générations), en sélectionnant à chaque génération les individus qui portent le caractère recherché et qui ressemblent le plus possible au parent récurrent pour les autres traits. Au fil des cycles, la proportion du génome du parent récurrent augmente, alors que celle du parent donneur diminue. Après le troisième rétrocroisement, la proportion du génome du parent récurrent est de 93,75%. Après le sixième, il est de 99,22%. On obtient ainsi une lignée ou population très proche de la lignée ou population de départ, mais qui contient en plus le caractère introduit. Le rétrocroisement est particulièrement adapté aux caractères monogéniques (contrôlé par un gène). Cependant, la méthode diffère légèrement selon la nature dominante ou récessive du caractère introduit. Dans le cas d'un caractère **dominant**, la sélection des individus porteurs du gène d'intérêt est relativement simple, car le caractère s'exprime dès la première génération d'hybrides. Après le premier croisement entre le parent récurrent et le parent donneur (porteur du caractère dominant), on repère les individus exprimant le caractère. Ces individus sont ensuite rétrocroisés avec le parent récurrent, les autres sont éliminés. Ce processus est répété sur plusieurs générations jusqu'à obtenir une lignée ou population présentant le caractère dominant tout en ayant retrouvé la majorité du génome du parent récurrent.

La difficulté associée au caractère dominant est que les individus présentant le caractère peuvent également contenir l'allèle récessif. Celui-ci peut donc réapparaître dans la génération suivante. Pour déterminer si un individu est homozygote ou hétérozygote, il convient d'effectuer un test cross (avec un individu homozygote récessif) ou une autofécondation et d'observer la descendance. Dans le cas du test cross, si 100% des individus présentent le caractère, alors le parent était homozygote. Si 50% sont concernées, le parent était hétérozygote. Dans le cas de l'autofécondation, un individu homozygote donnera une descendance où tous les individus présentent le caractère. S'il est hétérozygote, 25% des descendants présenteront le caractère récessif et le reste le caractère dominant.

Obtenir une lignée homozygote peut cependant réduire la diversité génétique, entraînant chez les espèces allogames un risque de dépression de consanguinité. Si l'objectif est de conserver une certaine variabilité, le caractère récessif restera présent dans la population, nécessitant l'élimination régulière des individus qui l'expriment.

Dans le cas d'un **caractère récessif**, la sélection nécessite une étape supplémentaire, car le caractère n'apparaît qu'à l'état homozygote. Après le croisement initial entre le parent récurrent et le parent donneur (homozygote récessif), la génération F_1 est entièrement hétérozygote et n'exprime pas le caractère. Une autofécondation de cette génération produit une descendance ségrégeante dont environ 25 % présentent le phénotype récessif. Ces individus sont rétrocroisés avec le parent récurrent, et les cycles successifs permettent d'obtenir progressivement des lignées homozygotes pour le gène d'intérêt dans un fond génétique très proche du parent récurrent.

Cette méthode est plus exigeante que les approches précitées : elle demande de maîtriser les croisements et la pollinisation contrôlée à chaque génération, et de disposer d'un dispositif d'observation fiable pour vérifier que le caractère est bien transmis et que le fond génétique du parent récurrent est conservé. Dans la pratique, le rétrocroisement est surtout utilisé par des programmes d'amélioration structurés (instituts, entreprises).

3.5 Stabilisation d'hybride F1

La stabilisation d'une variété hybride F1 a pour but de retrouver et de fixer les caractéristiques variétales de l'hybride F1 d'origine. En d'autres termes « rendre la F1 reproductible », bien qu'il puisse être difficile d'égaler le rendement de la F1. Le but peut être également de fixer des caractéristiques de l'hybride afin d'utiliser celles-ci dans un croisement ultérieur. La stabilisation est également utile lorsqu'une variété hybride F1 commerciale appréciée risque d'être abandonnée. C'est l'exemple, décrit en fin de section, du poivron « Gypsy Queens ».

La stabilisation de la F1 peut suivre différentes méthodes en fonction de son mode de pollinisation (allogame, autogame) et du maintien de la diversité. Selon John Navazio (2012), « les hybrides F1 ne sont que des variétés populations pour lesquelles la sélection n'est pas finie ». Les méthodes présentées ci-dessus commencent d'une population hétérogène ou du croisement de deux variétés parentales, soit une F1. Pour cette raison, les différentes méthodes peuvent être appliquées à la stabilisation de la F1.

Cette méthode évite donc la première année d'un programme de sélection, celle du croisement, et commence directement avec la culture de la F1. Les semences sont récoltées d'une ou plusieurs plantes F1, elles peuvent être mélangées. La saison suivante, dans la génération F2, où la ségrégation des caractères commence, le but est de cultiver autant d'individus que possible afin d'obtenir la plus grande diversité possible et de soit retrouver les caractéristiques de la F1 originale, soit de mener la sélection dans une direction différente dans le cas où des plantes présentent d'autres caractéristiques intéressantes. Ensuite la stabilisation suit l'une des méthodes présentées. Afin de retrouver les caractéristiques de la F1 originale, il est recommandé de cultiver celle-ci à chaque répétition pour aider la comparaison (White et Connolly 2011).

De la même manière que les autres méthodes de sélection, elle nécessite plusieurs années avant d'obtenir l'homogénéité souhaitée. L'inconvénient principal de la stabilisation d'hybride est l'ignorance des variétés parentales de l'hybride F1. Celles-ci ne sont pas nécessairement phénotypiquement éloignées, dans ce cas la diversité de la F2 peut être limitée. D'autre part, les lignées parentales des hybrides F1 sont généralement des lignées pures (entièrement homozygotes) afin de garantir l'homogénéité de la F1. Ceci implique potentiellement une base génétique étroite pour les générations suivantes.

Un exemple de cette méthode est la stabilisation de l'hybride F1 Gypsy en population Gypsy Queens³. La Gypsy F1 a été sélectionnée par « Peto Seed Company », qui s'est plus tard fait acquérir par Seminis, qui ensuite a été acquis par Monsanto. Lorsque des acquisitions ont lieu certaines variétés peuvent être abandonnées. Gypsy F1 était appréciée par les maraîchers étatsuniens, mais par peur que la variété soit abandonnée, un semencier a commencé un processus de stabilisation de cet hybride (Hultengren 2019). La variété a ensuite été enregistrée dans l'« Open Source Seed Initiative » aux États-Unis.

3.6 Création de grex et de populations évolutives présélectionnées (PEPs)

La création de « grex » ou populations métissées s'inscrit dans une approche de sélection qui privilégie le brassage génétique et l'évolution continue des populations au champ plutôt que la fixation rapide de variétés homogènes. Elle est décrite et mise en pratique notamment par Ceccarelli et Grando (2022) (principes généraux et appliqués aux céréales), Deppe (2021, 2000) et (Lofthouse 2021), en France, par le groupe des PEPs⁴ (Populations Évolutives Présélectionnées).

Le terme « grex » provient du latin *gregis* signifiant « troupeau ». Ce terme est principalement utilisé dans la sélection des orchidées. Il est aujourd'hui utilisé par certains auteurs et des initiatives de sélection variétale européennes et britanniques⁵. Grex désigne la population issue du croisement de deux ou plusieurs parents présélectionnés pour leurs

³ https://osseeds.org/ossi_variety/gypsy-queens/

⁴ <https://nx63461.your-storageshare.de/>

⁵ <https://seedsovereignty.info/home/what-is-seed-sovereignty/seed-policy-and-trials/crowd-breeding/>

caractères d'intérêt. Deppe (2021) utilise le terme pour la population issue du croisement de deux parents, alors que Lofthouse (2021) l'utilise pour caractériser la population issue d'un croisement massif de 5 à 50 parents.

L'objectif de cette méthode est de constituer une population très diversifiée à partir de plusieurs variétés, lignées ou populations, qui pourront se croiser librement et évoluer sous l'effet simultané de la sélection naturelle et de la sélection humaine. Cette approche vise à créer des populations robustes, adaptables à des contextes pédoclimatiques variés, et pouvant servir à la fois de base de production et de « pool génétique » pour d'autres méthodes de sélection (massale, familiale, généalogique). Elle s'applique principalement aux espèces à reproduction sexuée, avec des modalités légèrement différentes selon que l'espèce est autogame ou allogame.

La procédure de création d'un grex commence par le choix de plusieurs parents présentant des caractéristiques complémentaires (précocité, qualité gustative, résistance aux bioagresseurs, adaptation locale, etc.). Chez les espèces allogames, ces variétés ou populations sont cultivées ensemble, en mélange ou en bandes rapprochées, dans une parcelle isolée des autres populations de la même espèce afin de favoriser les croisements entre elles. Chez les espèces autogames, des croisements manuels entre plusieurs couples de parents peuvent être réalisés, puis les descendances ségrégeantes (F2, F3) issues de ces différents croisements sont mélangées pour constituer une population de base métissée.

Au champ, les premières générations sont conduites avec une sélection relativement légère, comme le recommandent Deppe et Lofthouse : seuls les individus clairement non désirés (plantes très faibles, malades, non adaptés au système de culture ou présentant des défauts rédhibitoires) sont éliminés, tandis qu'un large éventail de phénotypes est conservé. L'un des principes centraux est de maintenir de nombreux individus, afin de limiter la dérive génétique et de conserver une base génétique aussi large que possible. Les semences des plantes retenues sont récoltées et mélangées en un lot commun, au sein d'une ferme ou entre plusieurs fermes, ce mélange constituant le grex proprement dit.

Dans la démarche des Population Evolutives Présélectionnées (PEPs), ce grex est ensuite cultivé dans différents contextes où il continue d'évoluer sous l'effet des conditions locales et de la sélection pratiquée par les producteur·rice·s. Chaque cycle de culture se conclut par la récolte des semences sur un grand nombre de plantes, avec la possibilité de remélanger des lots issus de plusieurs sites ou d'intégrer ponctuellement des semences d'années antérieures si une saison a été particulièrement sélective. La population obtenue peut être maintenue comme population évolutive, ou servir de point de départ à des schémas de sélection plus ciblés, par exemple une sélection massale ou familiale visant à créer des variétés plus homogènes à partir du grex.

Dans le cadre réglementaire européen de l'agriculture biologique, ce type de population métissée et évolutive peut, lorsqu'il répond à certains critères, être reconnu comme « matériel hétérogène biologique » (MHB) au sens du règlement (UE) 2018/848⁶. Le MHB constitue une catégorie juridique spécifique permettant la mise sur le marché de semences de population génétiquement et phénotypiquement diversifiées, qui ne satisfont pas aux exigences d'homogénéité et de stabilité des variétés inscrites au catalogue (critères DHS), mais présentent des caractéristiques communes et une capacité d'évolution au champ. Dans ce cadre, un grex ou une population issue du processus PEPs peut être notifié comme MHB dès lors que sont documentés son origine (parents et méthode de création), ses principaux traits agronomiques observables, ainsi que les conditions de production et de sélection en agriculture biologique.

3.7 Sélection participative

La sélection participative désigne des dispositifs de sélection variétale où les producteurs, productrices et autres acteurs de la chaîne de valeur sont impliqués dans les décisions d'un programme de sélection variétale. Elle vise à obtenir des variétés mieux adaptées aux environnements de cultures, répondant aux préférences et critères d'usage locaux, et une diversité cultivée renforcée, notamment en agriculture biologique et à faible intrants (Ceccarelli 2012; Dawson et al. 2008).

⁶ (Regulation (EU) 2018/848 of the European Parliament and of the Council of 30 May 2018 on Organic Production and Labelling of Organic Products and Repealing Council Regulation (EC) No 834/2007 2018)

La sélection peut être qualifiée de participative dès lors qu'au moins deux acteurs distincts sont impliqués dans les décisions concernant les objectifs, les critères ou le choix des génotypes, par exemple un chercheur et un producteur travaillant conjointement sur un même dispositif (Ceccarelli et Grando 2020). La caractéristique clé est le partage des responsabilités et des décisions au cours du processus de sélection.

De manière générale, une large diversité d'acteurs peut être associée à ce processus. Il peut s'agir de personnes directement en charge de la production agricole, de structures semencières ou pépiniéristes, d'équipes de recherche et de sélection, mais aussi d'acteurs de la transformation et de la commercialisation et des consommateurs eux-mêmes. Selon les contextes, ces actrices et acteurs interviennent à différents niveaux : définition des objectifs, choix des critères d'évaluation, observation et notation au champ, sélection des lots de semences à conserver, validation de variétés candidates ou à la mise en marché éventuelle.

Plutôt qu'une méthode de sélection au sens strict, la sélection participative est un mode d'organisation de programmes de sélection mobilisant les méthodes de sélection variétale. Celles-ci sont généralement mises en œuvre dans un cadre décentralisé, qui permet le lien avec les producteurs et les conditions réelles de cultures, plutôt qu'un programme centralisé en station de recherche.

La sélection participative peut fonctionner selon plusieurs modalités, en fonction de l'implication de différents acteurs à différentes étapes du processus de sélection variétale. Morris et Bellon (2004) présentent plusieurs modèles, ceux-ci illustrent une collaboration plus ou moins importante entre agriculteur (producteur) et scientifique. Les étapes concernées sont : le choix des ressources génétiques de départ, le développement de caractères, le développement variétal (croisement et sélection) et finalement l'évaluation variétale.

La sélection participative tend à produire des variétés mieux adaptées aux conditions réelles, plus stables et plus diversifiées, avec des taux d'adoption et une sécurité alimentaire améliorés, tout en renforçant l'autonomie et les connaissances semencières des communautés (Lyon 2015; Colley et al. 2021; Witcombe et al. 1996). En contrepartie, elle demande plus de coordination, de temps et de gestion logistique, complique la gestion des essais et des données, et se heurte parfois à des cadres réglementaires et institutionnels. Colley et al. (2021) explorent de nombreux exemples autour de cultures légumières et céréalières en Europe et en Amérique du Nord.

3.8 Création d'hybrides et aptitude combinatoire

Les méthodes décrites dans ce document permettent d'obtenir des lignées ou des populations améliorées, qui peuvent être utilisées directement comme « variétés » ou servir de base à de nouveaux croisements. Dans les programmes de création de variétés hybrides F1, ces lignées sont utilisées comme variétés parentales de l'hybride (Gallais 2025). La logique qui guide le choix des parents d'hybrides F1 repose sur le concept d'aptitude combinatoire.

L'aptitude combinatoire générale (GCA, pour « *General Combining Ability* ») décrit la capacité moyenne d'une lignée ou d'une population à produire de bons descendants lorsqu'elle est croisée avec différents partenaires. Une lignée avec une bonne aptitude combinatoire générale tend à donner des descendance performantes avec un grand nombre d'autres lignées. Cette aptitude combinatoire générale est associée aux effets additifs des gènes, c'est-à-dire à la partie du potentiel génétique qui se transmet de manière relativement régulière aux générations suivantes mesurée par l'héritabilité au sens strict (Henderson 1952; Fasahat et al. 2016).

L'aptitude combinatoire spécifique (SCA, pour « *Specific Combining Ability* ») désigne la performance particulière d'un croisement donné entre deux parents, par rapport à ce que l'on pourrait attendre en se basant uniquement sur leurs aptitudes combinatoires générales. Un croisement A × B peut ainsi présenter une performance exceptionnellement élevée (ou faible) par rapport à la moyenne des croisements impliquant A et B. Cette aptitude combinatoire spécifique reflète davantage des effets d'interaction entre les gènes propres à cette combinaison particulière (Henderson 1952; Fasahat et al. 2016). Ces effets d'interactions entre gènes contribuent à l'effet *hétérosis*, où les performances de l'hybride F1 dépassent la moyenne de ses parents.

Dans les schémas de création d'hybrides F1, ces deux notions sont étroitement liées à l'organisation de la sélection. Pour améliorer la GCA, des cycles de sélection récurrente sont mis en place au sein de populations allogames. L'objectif

est d'augmenter progressivement la fréquence des allèles favorables, de façon à ce que les lignées ou populations issues de ces cycles produisent en moyenne de meilleures descendances lorsqu'elles sont croisées. Parallèlement, des essais de combinaisons permettent d'évaluer les SCA, c'est-à-dire d'identifier les couples de parents qui produisent les hybrides F1 les plus intéressants.

Les lignées pures obtenues par sélection généalogique ou par filiation monograine (*single seed descent*) peuvent servir de parents d'hybrides précisément parce qu'elles sont génétiquement bien définies. Une lignée dont l'aptitude combinatoire générale est bonne et qui présente une aptitude combinatoire spécifique élevée avec une autre lignée constitue un parent de choix pour la production d'hybrides performants.

Du point de vue de la sélection en ferme ou décentralisée, la mise en œuvre de schémas d'estimation de GCA et SCA est généralement complexe : elle nécessite de nombreux croisements contrôlés, des essais comparatifs sur plusieurs années et une gestion importante des données. Cependant, comprendre l'idée d'aptitude combinatoire reste utile. D'une part, cela éclaire la manière dont sont construits les hybrides F1 commerciaux utilisés. D'autre part, pour des projets de création variétale, ces notions invitent à observer non seulement la valeur de chaque parent pris isolément, mais aussi la qualité des combinaisons qu'ils produisent entre eux.

Enfin, dans une démarche de stabilisation d'hybrides F1, avoir conscience de l'aptitude combinatoire permet de mieux comprendre les raisons pour lesquelles certaines descendances issues d'un hybride donné conservent une partie de ses performances et d'autres non. La performance initiale de l'hybride reflète justement une combinaison particulière d'allèles favorable, difficile à retrouver et à fixer complètement dans une seule lignée, mais dont certains aspects peuvent être captés et recombinaés dans de nouvelles populations ou variétés.

3.9 Synthèse des méthodes de sélection

Le tableau 1 présente une synthèse des méthodes décrites ci-dessus. Seule la sélection participative n'est pas reprise étant donné que c'est une méthode d'organisation plutôt qu'une méthode de sélection au sens stricte. La sélection participative peut inclure toutes ces méthodes dans sa mise en place.

(Tableau 1 : page suivante)

Tableau 1. Synthèse des méthodes de sélection présentées

Méthode	Principe général	Objectif principal	Mode de reproduction	Type variétal obtenu	Diversité génétique	Complexité de mise en œuvre	Durée typique	Points forts	Principales limites
Sélection massale	Sélection de nombreux individus sur leur phénotype, récolte et mélange des semences en un seul lot	Amélioration progressive d'une population en augmentant la réquence de certains caractères	Autogames et allogames	Population / variété population reproductible	Maintenue relativement élevée si la sélection n'est pas trop stricte	Faible à moyenne (observation au champ, peu de matériel)	1 à plusieurs cycles selon l'objectif	Simplicité, faible coût, bonne adaptation locale, maintien de diversité	Forte influence de l'environnement, peu adaptée aux caractères complexes, lente, uniformité limitée
Sélection de conservation	Élimination des hors-types, maintien du « type variétal » sans modifier fortement la population	Conserver l'identité et la diversité d'une variété ou population	Autogames et allogames	Population conservée, reproductible	Maintenue	Faible, intégrable à la multiplication de semences	Continue, répétée chaque génération	Limite la dérive génétique et les contaminations, simple en pratique	N'améliore pas ou peu la variété, dépend d'un bon jugement des hors-types
Approche Organic Seed Alliance (OSA)	Phase de brassage génétique avec sélection faible, puis sélection massale ou familiale plus intense	Combiner brassage génétique, sélection naturelle et sélection humaine	Autogames (croisements puis auto), allogames (brassage initial)	Populations ou lignes, selon la suite du schéma	Maintenue élevée dans les premières générations	Faible à moyenne	Plusieurs générations	Maintien de la diversité, adaptation et progrès génétique	Forte influence de l'environnement, besoin de gestion, uniformité limitée
Sélection généalogique (Pedigree)	Suivi individuel des plantes et des familles au fil des générations, avec enregistrement du Pedigree	Obtenir des lignes homozygotes combinant des caractères d'intérêt	Surtout autogames ; parfois allogames pour créer des lignes parentales	Lignes pures, variétés homogènes, parents d'hybrides	Très réduite au sein d'une ligne, diversité entre lignes	Élevée (surface, main-d'œuvre, suivi des données)	7 à 10 ans pour une variété uniforme	Permet une sélection fine, fixation rapide des génotypes d'intérêt	Très exigeante en ressources, risque d'éliminer trop tôt des familles utiles, forte réduction de diversité
Filiation monograine (SSD)	Autofécondation répétée en ne conservant qu'une graine par plante, sans sélection jusqu'à homozygotie	Obtenir rapidement des lignes fixées sans suivi généalogique détaillé	Autogames	Lignes pures à évaluer ensuite	Faible au sein de chaque ligne, diversité globale maintenue par le nombre de lignes	Moyenne (organisation, mais moins de suivi que Pedigree)	Raccourcie si plusieurs générations par an (serre, conditions contrôlées)	Moins coûteuse en surface et en gestion que le Pedigree, accélérable en conditions contrôlées	Aucune sélection avant fixation, risque de conserver des lignes médiocres, sélection reportée à la fin

Tableau 1. Synthèse des méthodes de sélection présentées (suite)

Méthode	Principe général	Objectif principal	Mode de reproduction	Type variétal obtenu	Diversité génétique	Complexité de mise en œuvre	Durée typique	Points forts	Principales limites
Méthode de masse (Bulk method)	Culture en vrac des générations précoces (F2, F3...), s'appuyant sur la sélection naturelle, puis sélection de lignes	Laisser agir la sélection naturelle, puis sélectionner des lignes adaptables quand l'homozygotie est atteinte	Autogame. Principalement céréales, légumineuses ; possible mais peu pratique chez certains légumes fruits	Lignes ou populations avec diversité résiduelle	Plus élevée que Pedigree strict, diversité interne exploitable	Moyenne	Plusieurs générations avant sélection individuelle (à partir de F5)	Simple à conduire au début, exploite la sélection naturelle et favorise l'adaptation	Moins adaptée si besoin d'un contrôle fin des croisements ; peu pratique pour cultures très volumineuses
Sélection familiale (half-sib, full-sib, S1)	Évaluation et sélection de familles apparentées (half-sib, full-sib, familles autofécondes) plutôt que d'individus isolés	Améliorer une population en modifiant la fréquence d'allèles à partir de familles	Surtout allogames ; schéma half-sib recommandé en ferme	Population améliorée	Moyenne surtout avec half-sib ; plus réduite en S1	Moyenne à élevée (gestion de lots de familles, surface)	Plusieurs générations. Un cycle peut prendre plusieurs années, surtout si sélection après pollinisation	Plus efficace que la massale pour caractères peu ou moyennement héréditaires, tout en gardant diversité	Besoin de gestion, uniformité limitée, fixation des caractères récessifs plus difficile
Rétrocroisement (backcross)	Croisements répétés avec un parent récurrent pour introduire un caractère précis tout en gardant le reste du génome	Intégrer un ou quelques caractères (souvent monogéniques) dans une variété déjà adaptée	Autogames ou allogames	Lignes ou populations proches du parent récurrent, avec le caractère introduit	Réduite autour du gène introgressé, dépend de la diversité du parent récurrent et du schéma de sélection	Élevée (pollinisation contrôlée, tests, suivi)	Plusieurs générations de backcross (3-6) plus phases de test	Permet de garder la variété connue tout en ajoutant un caractère clé	Demande un contrôle strict des croisements, plus adapté à des structures dédiées à la sélection
Stabilisation d'hybride F1	Partir d'une F1, cultiver F2 et suivantes, puis appliquer une méthode de sélection (massale, Pedigree, etc.) pour « fixer » le type	Rendre reproductibles des caractéristiques d'un hybride F1 apprécié	Autogames ou allogames selon l'hybride de départ	Lignes ou populations approchant le type F1, mais rarement identiques	Variable, souvent réduite si on vise homogénéité forte	Moyenne à élevée selon la méthode utilisée ensuite	Plusieurs années, comme les autres méthodes de création de variété	Permet de « sauvegarder » un hybride menacé d'abandon, ou d'en dériver de nouvelles variétés	Parents d'origine inconnus, rendement souvent inférieur à la F1 initiale, long processus
Création de grex et populations évolutives présélectionnées (PEPs)	Mélange de nombreux phénotypes (croisements multiples), puis sélection en conditions réelles pour laisser évoluer la population	Créer des populations très diversifiées et évolutives, adaptées localement	Principalement allogames, mais adaptable	Populations évolutives, non uniformes, reproductibles	Très élevée	Moyenne (mise en place, suivi au champ)	Long terme, sélection itérative sur plusieurs saisons	Forte capacité d'adaptation, résilience, coévolution avec les pratiques et le milieu	Peu compatible avec exigences d'uniformité réglementaire, gestion au champ parfois complexe

4. Méthodes adéquates par famille botanique

4.1 Alliées

La famille des Alliées comprend notamment l'oignon (*Allium cepa*), l'échalote (*A. cepa* var. *aggregatum*), l'ail (*A. sativum*), le poireau (*A. ampeloprasum* var. *porrum*) et la ciboulette (*A. schoenoprasum*). En général, ces espèces sont essentiellement allogames, à forte dépression de consanguinité ; seul l'ail cultivé est souvent multiplié végétativement. Les méthodes de sélection adaptées à cette famille, comprenant les atouts et les limites de chaque approche, sont présentés dans le tableau 2.



Famille principalement allogame, souffre de la dépression de consanguinité.
Plantes bisannuelles ou vivaces
Pollinisation entomophile, fleurs hermaphrodites
Légumes « bulbe », produit des semences la seconde année de culture sous formes nues, sèches en capsules.

Figure 5. Oignon et caractéristiques générales des alliées. Photo : Laurent Jamar

Tableau 2. Adéquation des méthodes de sélection appliquées à des espèces de la famille des Alliées, avantages principaux et limites principales

Méthode de sélection	Adaptation aux Alliées, avantages et inconvénients spécifiques
Sélection massale (simple / récurrente)	Adaptée pour améliorer progressivement des populations d'oignon ou de poireau en allogamie. Avantage : bonne prise en compte des conditions réelles et de la vigueur. Limites : besoin de grands effectifs et d'isolements.
Sélection de conservation (massale négative)	Adaptée pour maintenir des populations d'Alliées tout en limitant la dérive et les contaminations entre variétés. Limites : peu d'amélioration active, demande un tri rigoureux des hors types.
Approche Organic Seed Alliance (brassage + sélection graduelle)	Adaptée pour créer des populations diversifiées et les faire évoluer en conditions réelles. Avantage : bonne capacité d'adaptation locale. Limite : gestion lourde des isolements et des surfaces du fait de l'allogamie forte.
Sélection généalogique (Pedigree)	Peu adaptée à long terme à cause de la dépression de consanguinité marquée chez les Alliées ; utile surtout pour constituer des lignées parentales pour hybrides. Limites : autopolinisation difficile, pertes de vigueur, coûts élevés.
Filiation monogaine (SSD)	Peu adaptée, même raison que le Pedigree (allogamie, forte dépression de consanguinité). Limite : fixation potentielle de lignées faibles.
Méthode de masse (Bulk method)	Peu adaptée, possible sur descendance de croisements en oignon mais compliquée par la taille des plantes et la gestion des populations allogames. Limites : peu de contrôle des croisements, gain limité par rapport à la massale classique.
Sélection familiale (half sib, full sib, S1)	Adapté : schémas half sib / full sib cohérents avec l'allogamie pour améliorer rendement, calibre et tenue au champ. Limites : demande des isolements, un suivi familial et des surfaces importantes.
Rétrocroisement (backcross)	Adapté pour introduire des résistances ou caractères de qualité dans des populations. Limites : pollinisations contrôlées difficiles, plusieurs générations, plutôt mené en centre de recherche.
Stabilisation d'hybride	Adaptée ponctuellement pour dériver des populations ou parents à partir d'hybrides F1 d'Allium. Limites : processus long, performances généralement inférieures à l'hybride commercial.
Création de grex et populations évolutives (PEPs)	Adaptée pour projets de semences paysannes sur les oignons et poireaux en conditions bio. Avantage : forte capacité d'adaptation. Limite : faible homogénéité.

4.2 Apiacées

La famille des Apiacées comprend la carotte (*Daucus carota*), le céleri (*Apium graveolens*), le panais (*Pastinaca sativa*), le persil (*Petroselinum crispum*), le fenouil (*Foeniculum vulgare*) et diverses plantes aromatiques (coriandre, aneth...).



Famille allogame souffrant de la dépression de consanguinité
Plantes généralement bisannuelles, parfois vivaces.
Pollinisation entomophile
Fleurs hermaphrodite
Légumes racines, tiges et feuilles dont les semences sont nues et sèches.

Figure 6. carottes et caractéristiques générales des apiacées. Photo : Julian Martens

Tableau 3. Adéquation des méthodes de sélection appliquées à des espèces de la famille des Apiacées, avantages principaux et limites principales

Méthode de sélection	Adaptation aux Apiacées, avantages et inconvénients spécifiques
Sélection massale (simple / récurrente)	Adaptée à cette famille très allogame. Avantage : amélioration progressive de populations en conditions réelles. Limites : isolements larges, risques de croisement avec formes sauvages (carotte).
Sélection de conservation (massale négative)	Adaptée pour maintenir l'identité de variétés populations de carotte et d'aromatiques tout en limitant la contamination par d'autres types ou par les sauvages. Limites : peu de progrès, exige un tri fin sur racines et plante montée.
Approche Organic Seed Alliance (brassage + sélection graduelle)	Adaptée pour carottes et autres apiacées, en combinant diverses variétés puis en sélectionnant sous pression locale (climat, maladies). Limites : plusieurs cycles (bisannuels) et isolements importants à gérer.
Sélection généalogique (Pedigree)	Peu adaptée car plus lourde à cause de l'allogamie et du cycle bisannuel; utilisée surtout dans des programmes structurés pour créer des parents d'hybrides ou des populations améliorées. Limites : durée longue et contrôle important de pollinisation.
Filiation monograine (SSD)	Peu adaptée en pratique (plantes allogames, bisannuelles, forte dépression de consanguinité). Limites : méthodes lourdes et peu compatibles avec la biologie des Apiacées.
Méthode de masse (Bulk method)	Peu adaptée : culture en vrac de générations précoces possible mais compliquée par le cycle bisannuel et l'allogamie ; intérêt limité par rapport à la sélection massale.
Sélection familiale (half sib, full sib, S1)	Adaptée, notamment en half sib, pour exploiter l'allogamie tout en structurant la sélection. Limites : gestion complexe des familles et des isolements sur deux années.
Rétrocroisement (backcross)	Adapté pour introduire des résistances particulières dans des populations ou parents d'hybrides. Limites: demande un fort contrôle de la pollinisation et plusieurs cycles bisannuels.
Stabilisation d'hybride	Adaptée, possible à partir d'hybrides pour dériver des populations. Limites : long, résultats généralement plus hétérogènes et moins performants que la F1.
Création de grex et populations évolutives (PEPs)	Adaptée, profite de l'allogamie et de la diversité pour la création de populations résilientes. Limites : forte hétérogénéité et isolements exigeants des types non désirés ou plantes sauvages.

4.3 Astéracées (cas de la laitue)

La famille des Astéracées comprend, parmi les légumes, la laitue (*Lactuca sativa*), les chicorées (*Cichorium intybus*, *C. endivia*), les artichauts (*Cynara cardunculus*), le topinambour (*Helianthus tuberosus*) ainsi que le tournesol (*Helianthus annuus*) parmi les plantes oléagineuses.

Règle générale : famille souvent allogame avec pollinisation entomophile, mais la laitue cultivée est majoritairement autogame (fleurs cléistogames) et fait exception à la tendance à l'allogamie observée chez de nombreuses Astéracées cultivées.



Famille allogame sauf la laitue

Plantes annuelles (laitue), bisannuelles (chicorée) et pérenne (artichaut)

Pollinisation entomophile sauf la laitue

Fleurs hermaphrodites

Légumes feuilles (sauf tournesol et artichaut) dont les semences sont nues et sèches.

Figure 7. Laitues et caractéristiques générales des astéracées. Photo : Julian Martens

Tableau 4. Adéquation des méthodes de sélection appliquées à des espèces de la famille des Astéracées, avantages principaux et limites principales

Méthode de sélection	Adaptation aux Astéracées (cas de la laitue), avantages et inconvénients spécifiques
Sélection massale (simple / récurrente)	Adaptée pour laitue (autogame) et populations de chicorée (allogame). Avantages : simplicité, adaptation locale. Limites : besoin d'isolements en espèces allogames.
Sélection de conservation (massale négative)	Adaptée pour maintenir l'identité de variétés de laitue et de chicorée sans trop modifier le type. Limite : peu de progrès génétique, dépend d'une bonne reconnaissance des hors types (formes foliaires, montaison).
Approche Organic Seed Alliance (brassage + sélection graduelle)	Adaptée pour chicorées allogames et mélanges de laitues, en combinant diversité et sélection progressive. Limites : demande plusieurs cycles, isolements et surfaces suffisantes.
Sélection généalogique (Pedigree)	Adaptée pour laitue (autogamie stricte, cleistogamie) pour créer des lignées très homogènes. Limites : réduction de diversité intra variété. Peu adaptée à la chicorée (allogame)
Filiation monograine (SSD)	Adaptée à la laitue pour aller obtenir des lignées fixes après croisement. Limites : aucune sélection avant homozygotie, risque de garder de nombreuses lignées faibles.
Méthode de masse (Bulk method)	Adaptée à laitue : culture en vrac des premières générations puis sélection de lignées. Limites : peu de contrôle, maintien de lignées médiocres.
Sélection familiale (half sib, full sib, S1)	Adaptée : S1 pour laitue, schémas à base de familles half-sib pour chicorée allogame afin d'exploiter la variabilité entre familles tout en gardant de la diversité. Limites : gestion plus lourde que la massale. La sélection généalogique est plus adaptée à la laitue.
Rétrocroisement (backcross)	Adapté pour introduire des résistances (maladies foliaires, virus) dans des lignées de laitue ou des fonds de chicorée. Limites : croisements difficiles répétés, nécessitant des tests fiables pour vérifier l'introgession.
Stabilisation d'hybride	Adaptée ponctuellement pour récupérer des types intéressants à partir d'hybrides de chicorée quand les parents ne sont pas disponibles. Limites : résultat difficilement équivalent à la F1. Hybride F1 de laitue n'est pas courant.
Création de grex et populations évolutives (PEPs)	Adaptée pour mélanges de laitues/chicorées, afin de laisser évoluer des populations très diversifiées et adaptables. Limite : homogénéité faible.

4.4 Brassicacées

La famille des Brassicacées comprend les choux de l'espèce *Brassica oleracea* (chou cabus, choux-raves, choux-fleurs, brocolis, choux-kale, chou de Bruxelles), les choux asiatiques (pé-tsai, pak-choï, etc.) et navets (*Brassica rapa*), le colza (*B. napus*), le radis (*Raphanus sativus*) et diverses moutardes et roquettes.



Famille allogame, souffre de la dépression de consanguinité.
Plantes annuelles et bisannuelles
Pollinisation entomophile
Fleurs hermaphrodite avec système d'auto-incompatibilité.
Légumes feuilles, racines, inflorescences et fleurs contenant les semences sèches enveloppées dans des siliques

Figure 8. Choux et caractéristiques générales des Brassicacées. Photo : Julian Martens

Tableau 5. Adéquation des méthodes de sélection appliquées à des espèces de la famille des Brassicacées, avantages principaux et limites principales.

Méthode de sélection	Adaptation aux Brassicacées, avantages et inconvénients spécifiques
Sélection massale (simple / récurrente)	Adaptée aux brassicacées Permet d'améliorer des populations en conditions réelles. Limites : nécessite grands effectifs, isolements importants, hivernage des porte-graines.
Sélection de conservation (massale négative)	Adaptée pour maintenir des variétés populations de brassicacées en limitant la dérive et les contaminations. Limites : peu d'amélioration active, tri sur plantes montées souvent long et exigeant.
Approche Organic Seed Alliance (brassage + sélection graduelle)	Adaptée pour brassicacées allogames en combinant brassage et sélection progressive. Limites : isolements stricts, attention à l'auto incompatibilité.
Sélection généalogique (Pedigree)	Peu adaptée en général, adaptée surtout pour lignées auto compatibles de Brassicacées, et pour la création de parents d'hybrides F1. Limites : complexe à conduire, nécessite de gérer ou contourner l'auto incompatibilité ; forte réduction de diversité dans les lignées et dépression de consanguinité.
Filiation monograine (SSD)	Peu adaptée en général, adaptée principalement aux formes auto compatibles (colza, certaines B. rapa) pour fixer rapidement des lignées. Limites : peu applicable aux choux auto incompatibles ; risque de consanguinité marquée si l'on force l'autogamie.
Méthode de masse (Bulk method)	Peu adaptée généralement. Adaptée à quelques schémas de colza ou brassicacées auto-compatibles, en laissant agir la sélection naturelle avant de trier des lignées. Limite : intérêt limité pour les légumes volumineux allogames, moins de contrôle que le Pedigree.
Sélection familiale (half sib, full sib, S1)	Adaptée aux Brassicacées allogames : half sib/full sib permettent une sélection efficace sur rendement et tolérance. Limite : gestion lourde des familles et des isolements.
Rétrocroisement (backcross)	Adaptée pour introduire des résistances ou caractères monogéniques. Limite : croisements difficiles répétés, nécessitant des tests fiables pour vérifier l'introgression.
Stabilisation d'hybride	Adaptée ponctuellement pour dériver des populations ou lignées à partir d'hybrides. Limites : processus long, résultats généralement moins performants et plus hétérogènes que la F1.
Création de grex et populations évolutives (PEPs)	Adaptée pour brassicacées en semences paysannes, en exploitant l'allogamie pour des populations évolutives. Limites : faible homogénéité.

4.5 Chénopodiacées

La famille des chénopodiacées présente une diversité de structures florales. Parmi les espèces potagères, les bettes (ou blettes) et betteraves (*Beta vulgaris*) possèdent de petites fleurs hermaphrodites fonctionnellement allogames (protandrie), tandis que l'épinard (*Spinacia oleracea*) est majoritairement dioïque avec des pieds mâles et femelles distincts.



Famille principalement allogame
Plantes annuelles et bisannuelles
Pollinisation anémophile (par le vent)
Organisations florales divers
Légumes racines (betteraves) ou légumes feuilles (épinard, bette). Produit des semences nues sèches.

Figure 9. Épinard et caractéristiques générales des chénopodiacées. Photo : Julian Martens

Tableau 6. Adéquation des méthodes de sélection appliquées à des espèces de la famille des Chénopodiacées, avantages principaux et limites principales

Méthode de sélection	Adaptation aux Chénopodiacées, avantages et inconvénients spécifiques
Sélection massale (simple / récurrente)	Adaptée aux populations de betterave/blette et d'épinard, toutes fortement allogames. Avantage : amélioration progressive en conditions réelles. Limites : pollinisation anémophile et isolements très importants.
Sélection de conservation (massale négative)	Adaptée pour maintenir des types de betterave ou d'épinard en limitant les contaminations par d'autres variétés. Limites : apporte peu de progrès, nécessite un contrôle strict des montées à graines indésirables.
Approche Organic Seed Alliance (brassage + sélection graduelle)	Adaptée pour créer des populations diversifiées de betteraves, blettes ou épinards, pour les adapter localement. Limites : la pollinisation par le vent rend le contrôle des zones d'isolement particulièrement exigeant, gestion de la synchronisation de la floraison.
Sélection généalogique (Pedigree)	Peu adaptée du fait de l'allogamie et de la dépression de consanguinité, mais possible en schémas structurés pour créer des lignées parentales (betterave). Limites : autopolinisation difficile, isolement et dépression de consanguinité.
Filiation monograine (SSD)	Peu adaptée pour betterave/épinard allogames. Limites : autopolinisation difficile, isolement et dépression de consanguinité.
Méthode de masse (Bulk method)	Peu adaptée : espèces allogames et intérêt limité par rapport à la sélection massale.
Sélection familiale (half sib, full sib, S1)	Adaptée, notamment les schémas half sib pour betterave et épinard afin d'exploiter l'allogamie tout en structurant la sélection. Limite : demande une bonne organisation des parcelles d'isolement.
Rétrocroisement (backcross)	Adapté dans des programmes structurés pour introduire des résistances ou tolérances spécifiques. Limite : complexe à conduire en ferme.
Stabilisation d'hybride	Peu adaptée en pratique en contexte de ferme ; peut servir à dériver des populations à partir d'hybrides d'épinard ou de betterave. Limites : longue durée, difficultés de pollinisation et performances inférieures à la F1.
Création de grex et populations évolutives (PEPs)	Adaptée pour constituer de larges populations mélangées de betteraves/épinards adaptées localement. Limite : homogénéité faible.

4.6 Cucurbitacées

La famille des Cucurbitacées comprend, parmi les espèces cultivées, notamment les courges (*Cucurbita pepo*, *C. maxima*, *C. moschata*), le concombre (*Cucumis sativus*), le melon (*Cucumis melo*), la pastèque (*Citrullus lanatus*). Il existe également d'autres espèces sauvages, ornementales ou non cultivées en Europe de l'Ouest.



Famille allogame, souffre légèrement de la dépression de consanguinité.
Plantes annuelles
Pollinisation entomophile
Fleurs monoïque, certaines espèces ou variétés sont andromonoïques (certains concombres, *Cucumis sativus*, et surtout les melons, *Cucumis melo*).
Légumes fruits contenant les semences enveloppées de chair.

Figure 10. Potimarron et caractéristiques générales des cucurbitacées. Photo : Julian Martens

Tableau 7. Adéquation des méthodes de sélection appliquées à des espèces de la famille des cucurbitacées, avantages principaux et limites principales

Méthode de sélection	Adaptation aux cucurbitacées, avantages et inconvénients spécifiques
Sélection massale (simple / récurrente)	Adaptée. Exploite l'allogamie et la pollinisation entomophile pour faire évoluer des populations en conditions réelles. Limites principales : contrôle limité du pollen pour les caractères évalués sur fruits, nécessitant isolements et effectifs suffisants.
Sélection de conservation (massale négative)	Adaptée. Maintient le type variétal et la diversité interne tout en limitant dérive génétique et contaminations. Limites : apporte peu d'amélioration active et demande une bonne capacité à distinguer variation normale et hors types.
Approche Organic Seed Alliance (brassage + sélection graduelle)	Adaptée. Combine brassage génétique et sélection progressive en tirant parti de la forte diversité et de la pollinisation croisée. Limites principales : caractères du fruit évalués après pollinisation et gestion de l'isolement.
Sélection généalogique (Pedigree)	Peu adaptée. Permet d'obtenir des lignes homogènes exploitables comme parents. Limites principales : risque de dépression de consanguinité (bien que modérée) et forte exigence en surface, main-d'œuvre et isolements.
Filiation monograine (SSD)	Peu adaptée en pratique. Permettrait théoriquement de fixer des lignées. Limites principales : méthode conçue pour des autogames, accentuant la consanguinité et peu compatible avec des populations allogames à grand développement.
Méthode de masse (Bulk method)	Peu adaptée. S'appuie sur la sélection naturelle en culture de masse. Limites principales : culture en vrac difficile à organiser avec des plantes encombrantes, forte demande en surface et isolements pour un gain limité par rapport à la massale ou à la familiale.
Sélection familiale (half sib, full sib, S1)	Adaptée (surtout half sib). Améliore efficacement des caractères de rendement ou de tolérance dans des populations allogames en utilisant l'information au niveau des familles. Limites principales : gestion complexe de nombreuses familles et besoin de surface importante.
Rétrocroisement (backcross)	Adaptée pour introduire des caractères spécifiques. Limites principales : requiert une bonne maîtrise de la pollinisation contrôlée et répétée et l'identification fiable du génotype porteur du caractère.
Stabilisation d'hybride	Adaptée. Permet de dériver des populations ou lignes à partir d'un hybride existant lorsque les parents ne sont pas accessibles. Limites principales : processus long, rendement et homogénéité généralement inférieurs à la F1 initiale.
Création de grex et populations évolutives (PEPs)	Adaptée. Valorise la diversité et la dynamique évolutive sous sélection en conditions réelles. Limite principale : populations peu homogènes.

4.7 Fabacées

La famille des Fabacées comprend les pois (*Pisum sativum*), haricots (*Phaseolus vulgaris*), lentilles (*Lens culinaris*), fèves/féveroles (*Vicia faba*), soja (*Glycine max*) et nombreuses fourragères (luzerne, trèfles). Les légumineuses à graines sont majoritairement autogames (pois, lentille, haricot, soja) alors que d'autres Fabacées (féverole, luzerne, trèfles) sont partiellement ou fortement allogames



Famille principalement autogame

Plantes annuelles dans le cas des espèces potagère, pluriannuelles dans le cas de la luzerne et de certains trèfles.

Pollinisation autogame (allogame pour luzerne et trèfle)

Flours hermaphrodites

Légumes fruit dont les semences nues sèches en gousses.

Figure 11. Haricots à écosser et caractéristiques générales des fabacées. Photo : Julian Martens

Tableau 8. Adéquation des méthodes de sélection appliquées à des espèces de la famille des Fabacées, avantages principaux et limites principales

Méthode de sélection	Adaptation aux Fabacées, avantages et inconvénients spécifiques
Sélection massale (simple / récurrente)	Adaptée. Amélioration progressive en conditions réelles. Limites : autogamie forte, donc peu de brassage spontané, faible taux de multiplication.
Sélection de conservation (massale négative)	Adaptée pour maintenir l'identité de variétés, populations ou lignées de légumineuses. Limites : peu d'amélioration active, besoin de description précise de la variété et dépend de la capacité à repérer les hors types.
Approche Organic Seed Alliance (brassage + sélection graduelle)	Adaptée pour créer des populations diversifiées puis les ajuster localement (bio, participatif). Limites : croisement difficile, organisation de familles et surfaces suffisantes.
Sélection généalogique (Pedigree)	Adaptée aux espèces autogames pour obtenir des lignées homogènes. Limites : forte réduction de diversité intra variété, organisation rigoureuse des lignées.
Filiation monograine (SSD)	Adaptée aux fabacées autogames pour fixer des lignées. Limites : aucune sélection avant homozygotie, risque de conserver beaucoup de lignées médiocres.
Méthode de masse (Bulk method)	Adaptée pour pois, lentille, soja, haricot à partir de croisements, en laissant agir la sélection naturelle puis en triant les lignes. Limite : moins de contrôle fin.
Sélection familiale (half sib, full sib, S1)	Adaptée : S1 pour autogames, cela correspond alors à la méthode généalogique. Limites : gestion de nombreuses familles, besoin de surface et de suivi.
Rétrocroisement (backcross)	Adapté pour introduire un caractère précis (résistance, qualité) dans des lignées de pois, soja, haricot, lentille. Limites : pollinisations contrôlées et répétées.
Stabilisation d'hybride	Adaptée mais peu courante Limite : peu de variétés sont hybrides.
Création de grex et populations évolutives (PEPs)	Adaptée pour constituer des populations très diversifiées de Fabacées, évolutives sous sélection en fermes. Limites : faible homogénéité, peu compatible avec standardisation et inscription catalogue.

4.8 Solanacées

La famille des Solanacées comprend notamment la tomate, le poivron/piment, l'aubergine et la pomme de terre (reproduite par tubercule, non développée dans ce document).



Famille principalement autogame,
Plantes annuelles
Autopollinisation et pollinisation entomophile possible
Fleurs hermaphrodites Légumes fruits contenant les semences enveloppées de chair.

Figure 12. Tomates et caractéristiques générales des solanacées. Photo : Julian Martens

Tableau 9. Adéquation des méthodes de sélection appliquées à des espèces de la famille des Solanacées, avantages principaux et limites principales

Méthode de sélection	Adaptation aux Solanacées, avantages et inconvénients spécifiques
Sélection massale (simple / récurrente)	Adaptée pour populations de tomate, piment, poivron et aubergine. Permet une amélioration progressive en ferme. Limite : peu de brassage spontané (autogamie).
Sélection de conservation (massale négative)	Adaptée pour maintenir l'identité de variétés populations de solanacées. Limites : apporte peu d'amélioration active, dépend d'un bon repérage des hors types.
Approche Organic Seed Alliance (brassage + sélection graduelle)	Adaptée pour créer des populations diversifiées de solanacées puis les ajuster localement (bio, participatif). Limites : organisation de familles et surfaces suffisantes.
Sélection généalogique (Pedigree)	Adaptée, méthode de base pour tomate, piment, poivron et aubergine pour obtenir des lignées homogènes. Limites : forte réduction de diversité intra variété, gestion des lignées.
Filiation monograine (SSD)	Adaptée aux Solanacées autogames pour fixer des lignées. Limites : aucune sélection avant homozygotie, nombreuses lignées médiocres à éliminer ensuite.
Méthode de masse (Bulk method)	Peu adaptée : culture en vrac des générations précoces puis sélection de lignées. Limites : moins de contrôle que le Pedigree ou SSD, mise en pratique difficile
Sélection familiale (half sib, full sib, S1)	Adaptée : S1 et half-sib pour tomate et piment/poivron, full sib possible ; permet d'utiliser l'information de famille. Limite : gestion des familles.
Rétrocroisement (backcross)	Adaptée pour introduire des résistances ou caractères spécifiques dans des lignées de tomate, piment ou aubergine. Limite : pollinisations contrôlées et répétées.
Stabilisation d'hybride	Adaptée ponctuellement pour dériver des populations ou lignées à partir d'hybrides F1 existants. Limite : performances et homogénéité généralement inférieures à la F1 initiale.
Création de grex et populations évolutives (PEPs)	Adaptée pour projets sur tomate, piment, aubergine, en valorisant la diversité et l'adaptation locale. Limites : populations peu homogènes, peu compatibles avec standardisation ou inscription au catalogue.

4.9 Récapitulatif des méthodes

Le tableau 10 reprend les méthodes de sélection décrites dans ce document et représente l'adaptation des méthodes aux familles botaniques et la complexité de la mise en place en ferme maraîchère.

Tableau 10. Récapitulatif des méthodes de sélection applicables aux familles botaniques et la complexité de sa mise en place dans le contexte d'une ferme maraîchère. Les cases vertes sont les méthodes adaptées aux familles botaniques, les cases rouges sont les méthodes peu adaptées. Les points représentent la complexité de la mise en œuvre :

- faible
- moyenne
- élevée

Méthode de sélection	Alliacées	Apiacées	Astéracées (cas de la laitue)	Brassicacées	Chénopodiacées	Cucurbitacées	Fabacées	Solanacées
Sélection massale (simple / récurrente)	•	•	•	•	•	•	•	•
Sélection de conservation (massale négative)	•	•	•	•	•	•	•	•
Approche Organic Seed Alliance (brassage + sélection graduelle)	•	•	•	•	•	•	•	•
Sélection généalogique (Pedigree)	●	●	●	●	●	●	•	•
Filiation monograine (SSD)	●	●	•	●	●	●	•	•
Méthode de masse (Bulk method)	●	●	●	●	●	●	•	●
Sélection familiale (half sib, full sib, S1)	•	•	●	•	•	•	●	•
Rétrocroisement (backcross)	•	•	•	•	•	•	•	•
Stabilisation d'hybride	•	•	•	●	●	•	•	•
Création de grex et populations évolutives (PEPs)	•	•	•	•	•	•	•	•

5. Conclusion

Ce dossier a pour but de soutenir le développement de l'amélioration et de la sélection variétale en ferme à travers la description des méthodes travaillant à l'échelle de la plante, tirant bénéfice de la sélection en conditions réelles et locales et de la diversité intra-variétale afin d'adapter les espèces cultivées aux conditions de culture locales ou spécifiques. Dans un premier temps, plusieurs concepts clés qui influencent le choix des méthodes de sélection en fonction des espèces sont présentés.

Les méthodes de sélection, création et d'amélioration variétale sont ensuite décrites, selon leur principe général. Elles tiennent compte de l'objectif recherché, du type variétal à obtenir, et de la diversité génétique à maintenir. Elles prennent également compte de leur adéquation avec les différents modes de reproduction des espèces cultivées considérées. Les avantages et limites de chaque méthode sont abordés. Finalement les aspects liés à la complexité de la mise en œuvre de ces méthodes dans le contexte de fermes maraîchères est analysé précisément.

Les méthodes décrites sont : la sélection massale, la sélection de conservation, l'approche de l'« Organic Seed Alliance », la sélection généalogique/Pedigree, la filiation monograine, la méthode de masse, la sélection familiale, le rétrocroisement, la stabilisation d'hybride F1 et finalement la création de grex et populations évolutives présélectionnées. Ensuite ces méthodes sont représentées par famille botanique de manière à mettre en évidence l'adaptation de la méthode à la famille, et les avantages et limites spécifiques afin de faciliter le choix de méthodes de sélection en fonction de l'espèce concernée.

Il est donc difficile de résumer en quelques mots, quelles sont les méthodes les plus adéquates pour la réalisation de programmes de sélection participatif tant les approches sont diversifiées selon les familles et espèces botaniques. Ce dossier montre toutefois qu'il est concrètement et techniquement possible de mettre en place des programmes d'amélioration et de sélection variétale des espèces potagères applicables en fermes maraîchères. Il montre tout l'intérêt de le faire, spécifiquement pour l'agriculture biologique, mais aussi au vu de l'évolution des aléas biotiques et abiotiques. Il met aussi en évidence en raison du temps, des ressources et de l'espace requis pour ce faire, la valeur d'un accompagnement scientifique bien solide.



6. Bibliographie

Ceccarelli, Salvatore. 2012. *Plant breeding with farmers: A technical manual.*
<https://www.academia.edu/download/94561916/154914883.pdf>.

Ceccarelli, Salvatore, et Stefania Grando. 2020. « Participatory Plant Breeding: Who Did It, Who Does It and Where? » *Experimental Agriculture* 56 (1): 1-11. <https://doi.org/10.1017/S0014479719000127>.

Ceccarelli, Salvatore, et Stefania Grando. 2022. *Evolutionary Plant Breeding with an Introduction to Participatory Plant Breeding.* Mimesis. https://www.researchgate.net/publication/361545173_Evolutionary_Plant_Breeding_with_an_Introduction_to_Participatory_Plant_Breeding.

Colley, M. R., J. C. Dawson, C. McCluskey, J. R. Myers, W. F. Tracy, et ET Lammerts Van Bueren. 2021. « Exploring the emergence of participatory plant breeding in countries of the Global North—a review ». *The Journal of Agricultural Science* 159 (5-6): 320-38.

Dawson, Julie C., Kevin M. Murphy, et Stephen S. Jones. 2008. « Decentralized Selection and Participatory Approaches in Plant Breeding for Low-Input Systems ». *Euphytica* 160 (2): 143-54.
<https://doi.org/10.1007/s10681-007-9533-0>.

Deppe, Carol. 2000. *Breed Your Own Vegetable Varieties: The Gardener's and Farmer's Guide to Plant Breeding and Seed Saving, 2nd Edition.* Rizzoli.

Deppe, Carol. 2021. *Freelance Plant Breeding.* <https://doi.org/10.1002/9781119717003.ch5>.

Fasahat, P., A. Rajabi, J. Mohseni Rad, et JJBBIJ Derera. 2016. « Principles and utilization of combining ability in plant breeding ». *Biometrics & Biostatistics International Journal* 4 (1): 1-24.

Gallais, André. 2025. *Création variétale chez les plantes cultivées. Des méthodes conventionnelles aux outils modernes.* Éditions Quae. <https://doi.org/10.35690/978-2-7592-3951-1>.

Henderson, Charles R. 1952. « Specific and general combining ability ». In *Heterosis*. Iowa State College Press Ames. <https://www.iastatedigitalpress.com/plugins/books/35/format/277/download/>.

Hultengren, Rachel, réal. 2019. « S2E1 Gypsy Queens ». *Free The Seed! Podcast - Open Source Seed Initiative.* janvier 22. <https://osseeds.org/free-the-seed-podcast-s2e1-gypsy-queens/>.

Lammerts Van Bueren, E. T. 2002. « Organic Plant Breeding and Propagation : Concepts and Strategies ». Wageningen University. <https://doi.org/10.18174/121365>.

Lofthouse, Joseph. 2021. *Landrace Gardening Food Security through Biodiversity and Promiscuous Pollination.* Première édition. Father of Peace Ministry.

Lyon, Alexandra H. 2015. *Evaluating for Resilience: Participatory Variety Trials and Seed Systems for Wisconsin's Organic Vegetable Farms.* The University of Wisconsin-Madison. <https://search.proquest.com/openview/18b1edea2361cb4546c342e314dcbc8f/1?pq-origsite=gscholar&cbl=18750>.

McKenzie, Laurie. 2014. *How to breed tomatoes for Organic Agriculture.* Organic Seed Alliance.

Morris, Michael L., et Mauricio R. Bellon. 2004. « Participatory plant breeding research: opportunities and challenges for the international crop improvement system ». *Euphytica* 136 (1): 21-35.

Navazio, J., et J. Zystro. 2014. « Introduction to on-farm organic plant breeding ». *Port Townsend (US): Organic Seed Alliance.*

Navazio, John. 2012. *The Organic Seed Grower: A Farmer's Guide to Vegetable Seed Production.* Chelsea Green Publishing.

Navazio, John. 2014. *How to breed carrots for Organic Agriculture.* Organic Seed Alliance.

Regulation (EU) 2018/848 of the European Parliament and of the Council of 30 May 2018 on Organic Production and Labelling of Organic Products and Repealing Council Regulation (EC) No 834/2007, 150 OJ L (2018). <http://data.europa.eu/eli/reg/2018/848/oj>.

Seed Savers Exchange. 2017. « Seed Saving Guide ». SeedSavers. <https://seedsavers.org/learn/seed-saving/>.

Singh, Asheesh, Arti Singh, Anthony A. Mahama, et Walter Suza. 2023. *Chapter 6: Breeding Methods.* juin 14. <https://iastate.pressbooks.pub/cropimprovement/chapter/breeding-methods/>.

White, Rowen, et Bryan Connolly. 2011. *Breeding Organic Vegetables: A Step-by-Step Guide for Growers.* Édité par Elizabeth Dyck. NOFA-NY, Northeast Organic Farming Association of New York.

Witcombe, J. R., A. Joshi, K. D. Joshi, et B. R. Sthapit. 1996. « Farmer Participatory Crop Improvement. I. Varietal Selection and Breeding Methods and Their Impact on Biodiversity ». *Experimental Agriculture* 32 (4): 445-60. <https://doi.org/10.1017/S0014479700001526>.

Wyss, Eric, Edith Lammerts Van Bueren, Marjolein Hulsher, et Michel Haring. 2001. « Techniques de sélection végétale: Evaluation pour l'agriculture biologique ». FiBL.

Zahour, A. 1992. *GENETIQUE DES PLANTES.* Editions Actes. Rabat. https://www.agrimaroc.org/books/Zahour_elements_amelioration_genetique_plantes.pdf.

Zystro, Jared. 2014. *How to breed sweet corn for Organic Agriculture.* Organic Seed Alliance.



