

Hétérosis, dépression de consanguinité et diversité génétique des maïs de l'archipel guadeloupéen

Mathieu SIOL⁽¹⁾, Claude WELCKER^(2,3), Jean-Pierre CINNA⁽³⁾, Joseph FÉLICITÉ⁽³⁾, Armand BOYAT⁽¹⁾, Brigitte GOUESNARD^{(1)*}

⁽¹⁾ INRA, UMR DGPC, Domaine de Melgueil, 34130 Mauguio, France

⁽²⁾ INRA LEPSE, 2 Place Viala, 34060 Montpellier Cedex 1, France

⁽³⁾ INRA URPV, Domaine de Duclos, 97170 Petit Bourg, Guadeloupe

Abstract: Heterosis, inbreeding depression and genetic diversity of Guadeloupean archipelago maize. Some landraces of maize are still cultivated in the home gardens of the Guadeloupean archipelago and constitute an *in situ* reservoir of genetic diversity. This study aims to relate the patterns of heterosis and inbreeding depression with the parameters of genetic diversity. Twelve maize populations, belonging to different races and from different islands of the archipelago were sampled and scored for fifteen microsatellite loci. To study heterosis and inbreeding depression, we evaluated the three types of progenies of these populations (outcrossing within population, outcrossing between populations and selfing) in a field trial involving two contrasted growing seasons for several traits. The results point out that the levels of inbreeding depression experienced by the populations are quite high especially for the yield (30% for the first season and 29.4% for the second) and that the genetic diversity is important (average $H_e=0.432$). It suggests that the populations are larger than initially suspected. However, there is a strong differentiation between populations (average $F_{st}=0.158$, highly significative) and there is some heterosis between populations (on average 12.8% the first season and 6% the second for yield). Once again the character showing the biggest heterosis is the yield. Together with the preceding result it tends to show that the populations are not small but diverged long ago and are not connected by strong gene flow. We could look this as an evidence for an ancient divergence and a low migration between populations. We found that the heterosis and inbreeding depression values were more important during the first season (warm), usually considered as a stressing season. This is in agreement with the usual results. According to theoretical considerations, three kinds of relations are expected, (i) positive relation between heterosis and F_{st} ,

* Correspondance et tirés à part : gouesnard@ensam.inra.fr

(ii) negative relation between heterosis and the polymorphism index (the polymorphism itself being indirectly related to the effective size of the population), (iii) positive relation between inbreeding depression and polymorphism index. We found only the relation between the heterosis and the polymorphism index to be significant. This could be explained partly by a lack of statistical power. It seems that the breeding scheme exploiting heterosis could be applied to these populations even if the conservation of these germplasms in distinct gene pools seems to be more appropriate without further information about how the cultivators select their seeds.

heterosis / inbreeding depression / landraces / diversity / *Zea mays* L.

Résumé : Des variétés traditionnelles de maïs sont toujours cultivées dans les jardins créoles de Guadeloupe et constituent un réservoir de diversité génétique conservée *in situ*. L'objectif de cette étude est de relier l'hétérosis et la dépression de consanguinité observées au sein de ces populations avec les paramètres de diversité génétique. Douze populations de races différentes et originaires de différentes îles de l'archipel guadeloupéen ont été échantillonnées dans la collection INRA et génotypées à partir de quinze marqueurs microsatellites. Leur descendance en croisements intrapopulation, interpopulation et en autofécondation a été évaluée au champ sur deux saisons de culture contrastée pour des caractères supposés liés à la valeur sélective afin de mesurer l'hétérosis et la dépression de consanguinité. Les résultats montrent que ces populations subissent une dépression de consanguinité assez élevée, en accord avec les diversités génétiques observées, ce qui semble indiquer que la taille efficace des populations est assez importante. Cependant les populations sont fortement différenciées et on constate que les niveaux d'hétérosis obtenus sont assez élevés pour des populations traditionnelles. Il semble donc que la conservation en populations individualisées soit appropriée, dans l'attente d'informations nouvelles sur les pratiques paysannes en matière de choix variétaux et sélection des semences.

hétérosis / dépression de consanguinité / populations traditionnelles / diversité / *Zea mays* L.

1. INTRODUCTION

Aux Antilles, depuis son introduction, le maïs a été cultivé traditionnellement dans un agrosystème original, le jardin créole, caractérisé par la culture en associations complexes d'espèces en cycles imbriqués et sur plusieurs strates [4]. Les variétés traditionnelles des

Caractéristiques génétiques des maïs traditionnels de Guadeloupe

Antilles constituent un réservoir de diversité génétique précieux du fait de leur adaptation au milieu, une extrême précocité et une résistance aux insectes ayant été repérées [7], [14]. Les conditions d'évolution des variétés cultivées au sein de ces jardins sont particulières du fait du faible nombre d'individus de chaque espèce dans les parcelles. L'étude de la dépression de consanguinité et de l'hétérosis traduit l'impact et l'intensité des différentes forces évolutives agissant sur les populations. On sait d'après les nombreuses études (théoriques et expérimentales) qui ont été effectuées que ces deux phénomènes sont fonction de différents facteurs (taille des populations, système de reproduction, migration...).

Il est désormais admis que l'hypothèse qui explique le plus largement la dépression de consanguinité et l'hétérosis est celle de la dominance partielle. Selon cette hypothèse l'existence de mutations délétères récessives malgré la contre-sélection dont elles font l'objet entraîne quand elles s'expriment à l'état hétérozygote un fardeau de mutation (baisse de valeur sélective de la population par rapport à une population idéale où il n'y aurait pas de mutations délétères). L'autofécondation augmente la proportion d'homozygotes et ainsi l'expression de ces allèles délétères récessifs. Il y a donc une baisse de la valeur sélective due à l'autofécondation, c'est la dépression de consanguinité. De même, l'hétérosis résulte du fait que deux populations présentant des mutations délétères fixées vont avoir tendance à voir leurs allèles délétères complétés par les allèles de l'autre population. Il est clair que les locus superdominants peuvent engendrer de la dépression et de l'hétérosis ; cependant les exemples attestés de tels locus sont rares. La différenciation entre populations et la taille de celles-ci vont être les facteurs qui vont contrôler les niveaux de dépression et d'hétérosis. Les deux forces évolutives mises en jeu sont la dérive génétique et la migration.

L'intensité de la dérive dépend directement de la taille des populations. Quand la taille diminue, la probabilité de fixation aléatoire d'allèles faiblement délétères augmente et ainsi l'hétérosis augmente (ces mutations d'effet relativement faible génèrent un fardeau de dérive qui est responsable de la majorité de l'hétérosis entre populations) [5]. En revanche la dépression de consanguinité baisse quand la taille de la population diminue, en effet l'homozygotie augmente du fait de la fixation aléatoire des allèles et le fait de pratiquer un régime de reproduction consanguine ne va pas beaucoup augmenter l'expression des allèles délétères dont beaucoup sont déjà à l'état homozygote. Dans

un cas extrême où la population est monomorphe à un locus (fixée pour un allèle délétère), le fait de pratiquer l'autogamie ne change rien.

La migration quant à elle va avoir tendance à contrecarrer l'effet de la dérive. Elle a pour effet d'augmenter l'effectif efficace local, ce qui rend la sélection plus efficace et fait diminuer l'hétérosis (car empêche la fixation trop nombreuse d'allèles délétères). À l'inverse, le polymorphisme de chaque population est plus important et la dépression de consanguinité est plus forte.

Dans le cas des maïs de Guadeloupe la faible superficie des parcelles où il est cultivé laisse supposer que la taille efficace des populations est faible et la dérive importante. D'autre part on peut s'attendre à un patron de différenciation général entre îles et suivant un isolement par la distance avec des flux de gènes relativement réduits entre populations. On s'attend donc à observer une hétérosis importante et une faible dépression de consanguinité ainsi que des faibles niveaux de diversité génétique. Néanmoins, la méconnaissance que l'on a des pratiques des paysans concernant la gestion de la variabilité, les critères de sélection et les circulations de semences nous a poussé à examiner ces populations afin d'essayer de voir si les patrons de dépression et d'hétérosis étaient compatibles avec ce que l'on attendait.

L'objectif de cette étude est de relier l'hétérosis et la dépression de consanguinité observées au sein de douze populations de Guadeloupe avec les indices de différenciation et de diversité génétique pour mieux comprendre le fonctionnement de ces populations et aider à raisonner la conservation et la valorisation de ce patrimoine génétique (adaptations locales...).

2. MATÉRIELS ET MÉTHODES

2.1. Matériel végétal

Douze populations de maïs ont été échantillonnées dans la collection de maïs guadeloupéens collectés en 1983 par Welcker C. [13] et conservés à l'INRA de Guadeloupe. Une population représente les épis collectés sur un jardin créole. Les douze populations ont été choisies sur la base de critères d'origine géographique, de diversité, de race et d'appartenance à une même zone d'adaptation. Ces populations proviennent des quatre grandes îles de l'archipel guadeloupéen

Caractéristiques génétiques des maïs traditionnels de Guadeloupe

représentatives des régions à sécheresse marquée sur sol calcaire (tabl. I et fig. 1).

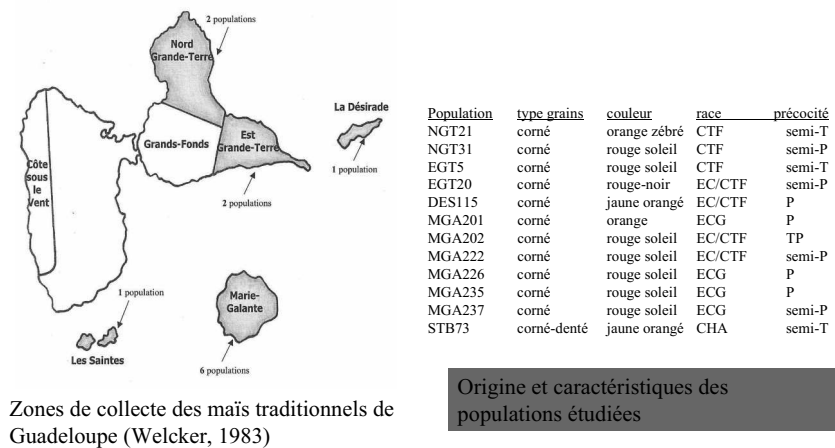


Figure 1 : Zone de récolte des 12 populations avec leurs caractéristiques de type de grains, couleur, race (CTF Coastal Tropical Flint, EC Early Caribbean, ECG Early Caribbean Guadeloupe, CHA Chandelle), précocité (TP très précoce, P précoce, semi-P semi précoce, semi-T semi tardif).

2.2. Méthodes

Vingt-quatre individus de chaque population ont été génotypés à l'aide de quinze marqueurs microsatellites (nc130, phi029, phi031, phi041, phi046, phi056, phi072, phi083, phi084, phi085, phi112, phi115, phi127, phi96100, phi108411) répartis sur l'ensemble du génome.

Les descendance en autofécondation, en croisement intrapopulation (12 croisements) et interpopulation (22 croisements) ont été réalisées et évaluées au champ (INRA à Godet en Grande Terre) lors de deux saisons de culture contrastées (saison fraîche et saison chaude). Le plan de croisement a été choisi sur la base de données RFLP [14] afin de maximiser la gamme de distances génétiques. Le dispositif expérimental est un split plot à 3 répétitions, chaque répétition comprend 3 sous-blocs correspondant au type de croisement. Les « génotypes » sont randomisés à l'intérieur de chaque sous-bloc. Les mesures effectuées concernent la vigueur, la précocité (floraisons mâle et femelle), la morphologie de la plante (hauteur totale, hauteur d'insertion de l'épi, longueur et largeur de la feuille de l'épi), des caractères liés à la productivité (longueur et largeur de l'épi, poids de 200 grains, rendement de 10 plantes).

L'hétérosis a été calculée en soustrayant la moyenne des 2 valeurs parentales du caractère à celle de l'hybride et en divisant par la moyenne des parents (*mid-parent heterosis*). C'est donc une valeur relative. La dépression de consanguinité a été calculée comme la diminution relative de la valeur des caractères des individus issus d'autofécondation par rapport aux individus issus d'allofécondation intrapopulation.

Tableau I : Liste des 12 populations étudiées avec leur origine géographique, richesse allélique, indice de diversité de Nei, indice de polymorphisme ($\theta = 4N_e\mu$) avec leur intervalle de confiance (IC) à 95 %.

Iles	Population	Richesse allélique	He	IC à 95% de He	θ	IC à 95% de θ
Désirade	Des115	2,8	0,5109	[0,4383, 0,5793]	1,231	[0,9014, 1,6037]
Est Grande Terre	Egt05	2,9	0,4727	[0,3884, 0,5524]	1,098	[0,8419, 1,5131]
Est Grande Terre	Egt20	3,1	0,4463	[0,3560, 0,5251]	0,9659	[0,6839, 1,2563]
Marie Galante	Mga201	3,5	0,5542	[0,4919, 0,6149]	1,4484	[1,0798, 1,8807]
Marie Galante	Mga202	2,9	0,4566	[0,3420, 0,5666]	1,1949	[0,7604, 1,6894]
Marie Galante	Mga222	2,8	0,4666	[0,3805, 0,5471]	1,0608	[0,7484, 1,3924]
Marie Galante	Mga226	2,9	0,4363	[0,3634, 0,5107]	0,9196	[0,6424, 1,2605]
Marie Galante	Mga235	2,3	0,2984	[0,1793, 0,4193]	0,6519	[0,3249, 1,0284]
Marie Galante	Mga237	3,2	0,3752	[0,2729, 0,4704]	0,7578	[0,5038, 1,0225]
Nord Grande Terre	Ngt21	2,7	0,4247	[0,3259, 0,5021]	0,8549	[0,6436, 1,0542]
Nord Grande Terre	Ngt31	2,5	0,3335	[0,2364, 0,4350]	0,6625	[0,3902, 0,9691]
Sainte Terre de Bas	Stb73	2,8	0,4054	[0,3040, 0,5018]	0,8773	[0,5676, 1,2201]
	Toutes populations	2,88	0,4317	-	0,9769	-

Les valeurs d'hétérosis et de dépression de consanguinité ont été testées par analyse de variance. Les fréquences alléliques ont permis de calculer l'indice d'hétérozygotie (He) de Nei [8]. Les F_{st} entre population pour chaque croisement ont été calculés grâce au logiciel Genetix [1]. À partir des hétérozygoties monocus dans une population, nous avons calculé l'indice de polymorphisme θ qui traduit le niveau de polymorphisme attendu à l'équilibre mutation-dérive et qui est relié à l'effectif efficace des populations par la relation $\theta = 4N_e\mu$. Nous avons considéré un modèle infini d'allèles (IAM) et calculé $\theta = H_e/(1-H_e)$. Les intervalles de confiance des valeurs de He et θ ont été calculés par bootstrap sur les loci (10 000 rééchantillonnages). Afin de détecter d'éventuels goulets d'étranglements ayant affecté les populations étudiées, nous avons utilisé le logiciel Bottleneck, dont le principe est de comparer l'hétérozygotie observée

connaissant les fréquences alléliques avec l'hétérozygotie attendue sous l'hypothèse que la population est de taille constante à l'équilibre mutation/dérive (l'estimateur de l'hétérozygotie se base sur le nombre d'allèles attendu) [2].

3. RÉSULTATS ET DISCUSSION

3.1. Structure des populations

La richesse allélique des populations (tabl. I) est en moyenne de 2,88 par locus et par population, ce qui indique une variabilité génétique au sein des populations. La valeur de F_{st} sur l'ensemble des populations et des loci est de 0,158 (hautement significative) indiquant une forte différenciation entre les populations. Les F_{st} calculés par paire de populations sont assez forts (de 0,053 à 0,321) et tous significatifs (voir tableau II pour certaines de ces valeurs). Au sein d'un territoire donné les populations peuvent être fortement différenciées, l'île de Marie Galante en étant une illustration parfaite (données non fournies). La population la plus différenciée est celle des Saintes (Stb73). Ceci en accord avec sa morphologie typique de la race Chandelle très différente de celle des autres populations étudiées.

Les valeurs d'hétérozygotie sont assez fortes (moyenne = 0,432 voir tableau I) ce qui est surprenant, en effet on se serait attendu à avoir des populations de faibles tailles présentant de faibles hétérozygoties. On peut penser que les populations étudiées sont plus grandes que ce qu'attendu. Cela tend à montrer que la dérive ne doit pas être trop forte, mais comme on l'a vu les valeurs de F_{st} sont importantes, ce qui peut traduire soit une forte dérive, soit peu de migration entre les populations et une divergence ancienne, dans ce contexte c'est donc cette seconde explication qui semble être la plus plausible.

Les tailles relatives des populations ont été approchées en effectuant des rapports d'indices de θ (en effet $\theta = 4N_e\mu$, on considère que le taux de mutation à un locus est constant entre populations). Les estimations de θ (tabl. I) sont peu différentes d'une population à l'autre, le rapport entre la plus petite et la plus grande n'étant que de 2,22, il semble donc qu'il n'y ait pas de différence très importante de tailles de populations.

Un excès d'hétérozygotie significatif par rapport à l'attendu sous équilibre mutation-dérive a été détecté dans 8 des 12 populations

(données non fournies). Cet excès d'hétérozygotie peut être considéré comme la signature d'un goulot d'étranglement récent dans l'histoire des populations ou comme une preuve de sélection en faveur des hétérozygotes ; cependant dans ce cas de figure, les excès d'hétérozygotie ne concerneraient que quelques locus, situés à proximité d'un gène soumis à sélection. Ici cela concerne la majorité des 15 locus, ce qui laisse à penser que c'est bien d'un goulot d'étranglement qu'il s'agit.

Tableau II : Valeur du F_{st} , et de l'hétérosis pour le poids de 200 grains (pmg), le rendement (rdt), la longueur de l'épi (longE), la longueur de la feuille de l'épi (longF), la hauteur de l'épi (Hepi), la floraison femelle (Flop). Significativité : * ($p < 0,05$), ** ($p < 0,01$), *** ($p < 0,001$).

Parent femelle	Parent mâle	F_{st}	2002		2003		2002 et 2003			
			pmg	rdt	pmg	rdt	longE	longF	Hepi	Flop
Des115	Mga235	0,274	0,074	0,071	0,065	0,110	0,036	0,035	0,076	- 0,017
Des115	Stb73	0,232	0,103	0,179	- 0,004	0,162	0,101*	0,1018*	0,090	0,017
Egt05	Mga237	0,158	0,086	- 0,121	0,040	- 0,047	- 0,002	0,060	0,048	- 0,004
Egt05	Ngt21	0,145	0,026	0,021	0,064	0,057	0,009	0,058	0,023	- 0,013
Egt05	Des115	0,137	0,036	- 0,017	- 0,051	0,003	- 0,007	0,066***	0,115	0,022
Egt20	Mga226	0,116	0,109	0,014	0,182	0,092*	- 0,011	0,056	0,087	- 0,031
Egt20	Mga235	0,203	0,040	0,227	0,012	- 0,034	- 0,002	0,023	0,092	- 0,007
Mga201	Mga237	0,108	0,055	0,101	- 0,044	0,062	0,038	0,016	0,005	- 0,023
Mga201	Des115	0,108	0,044	0,051	0,010	- 0,030	0,003	0,034	0,084	0,000
Mga202	Egt20	0,120	0,062	0,020	0,246	- 0,001	- 0,045	- 0,005	- 0,027	- 0,018
Mga202	Ngt31	0,112	0,138*	0,400	0,242	- 0,019	0,025	0,084*	- 0,017	- 0,048
Mga222	Egt05	0,113	0,010	0,013	- 0,036	0,014	- 0,001	0,025	0,086	- 0,022
Mga226	Mga201	0,070	0,081	- 0,016	0,043	0,069	- 0,023	- 0,012	0,045	- 0,023
Mga235	Ngt21	0,267	0,113*	0,199	0,161	0,058	0,036	0,020	- 0,002	- 0,024
Mga235	Mga222	0,212	0,104	0,164	0,005	- 0,094	- 0,003	0,021	0,039	- 0,042
Mga237	Ngt31	0,168	0,152	0,48***	- 0,027	0,108	0,046	0,038	0,003	- 0,042
Mga237	Mga202	0,095	0,059	0,115	0,171	- 0,081	0,149	0,047*	0,056	0,021
Ngt21	Stb73	0,212	0,093	0,043	0,150	0,236	0,078	0,077	0,073	- 0,014
Ngt21	Mga222	0,182	0,075	0,225	0,027	0,110	0,062	0,072*	0,132	- 0,017
Ngt31	Mga226	0,207	0,231*	0,308*	0,123	0,211	0,097	0,033	0,063	- 0,022
Ngt31	Des115	0,282	0,105	0,261*	- 0,010	0,185*	0,095	0,078*	0,126*	- 0,018
Stb73	Mga201	0,118	0,024	0,077	0,000	0,150	0,028	0,087*	0,091	0,002
Moyenne			0,083	0,128	0,062	0,060	0,032	0,046	0,058	- 0,015

3.2. Hétérosis et dépression de consanguinité

Les valeurs d'hétérosis (tabl. II) et de dépression de consanguinité (tabl. III) ont été évaluées après analyse de variance soit en séparant les deux années d'évaluation pour les variables présentant une importante hétéroscédasticité, soit en regroupant les deux années, l'interaction génotype * année n'étant pas significative. L'hétérosis pour le rendement est en moyenne de 12,8 % en première année (saison chaude) et 6 % en seconde année (« carême ») alors que la dépression de consanguinité est en moyenne de 30 % et 24,9 % respectivement. Le rendement est le caractère qui présente le plus d'hétérosis (ce résultat est assez classique). La performance moyenne des populations est de 57,8 quintaux/ha en saison chaude et de 64,6 quintaux/ha en saison fraîche. Pour les caractères morphologiques, l'hétérosis est inférieure à 6 % en moyenne sur les deux années. La dépression de consanguinité ne dépasse pas 18 %. Peu de valeurs de dépression de consanguinité et d'hétérosis sont significatives (tabl. II et III) ce qui peut s'expliquer par une faible puissance du dispositif qui ne permet pas de travailler sur les valeurs individuelles (les parents sont inconnus et on travaille sur les moyennes de chaque parcelle).

Tableau III : Valeurs de la dépression de consanguinité pour le poids de 200 grains (pmg), le rendement (rdt), la longueur de l'épi (longE), la longueur de la feuille de l'épi (longF), la hauteur de l'épi (Hepi), la floraison femelle (Flof). Significativité :* (p < 0,05), ** (p < 0,01),*** (p < 0,001).

Population	2002		2003		2002 et 2003			
	pmg	rdt	pmg	rdt	longE	longF	Hepi	flof
Des115	0,088	0,322*	0,057	0,270	0,114	0,099**	0,220*	- 0,118*
Egt05	0,139	0,489*	0,087	0,355	0,103	0,054	0,219*	- 0,089
Egt20	- 0,007	0,000	- 0,019	0,020	0,061	0,049	0,066	- 0,049
Mga201	0,038	0,378	0,082	0,291	0,155	0,098***	0,183	- 0,072
Mga202	- 0,025	0,228	0,061	0,244*	0,067	0,052	0,218	- 0,079
Mga222	0,037	0,258	0,041	0,199	0,072	0,073	0,155*	- 0,021
Mga226	0,001	0,386	0,011	0,285	0,088	0,115*	0,201	- 0,050
Mga235	0,085	0,393	0,056	0,314	0,136	0,075	0,172	- 0,047
Mga237	- 0,027	0,312	- 0,014	0,234	0,086	0,075	0,183*	- 0,076
Ngt21	0,142*	0,363*	0,026	0,290	0,073	0,024	0,164*	- 0,052
Ngt31	- 0,127	0,010	- 0,017	0,099	0,062	0,063	0,165	- 0,031
Stb73	- 0,134	0,501	- 0,025	0,388	0,193	0,088	0,243	- 0,064
Moyenne	0,017	0,303	0,029	0,249	0,101	0,072	0,182	- 0,062

Peu d'études analysent l'hétérosis entre populations de pays. Pour des populations brésiliennes et américaines, Parentoni *et al.* [11] trouvent 9,4 % d'hétérosis pour le rendement. Entre des populations espagnoles et françaises, Ordas *et al.* [9] trouvent 21 %. Pour la dépression de consanguinité, nous n'avons trouvé qu'une seule référence [10] qui étudie les mêmes populations que Parentoni *et al.*, [11]. Les valeurs fournies par ces auteurs varient entre 34,6 % et 59,2 %. Ces valeurs sont plus fortes que les nôtres, ce qui peut laisser penser que nos populations ont des effectifs efficaces plus faibles et sont moins polymorphes, ce qui semble bien compatible avec le caractère insulaire des populations de Guadeloupe.

Les valeurs moyennes d'hétérosis et de dépression de consanguinité varient en fonction de la saison : plus élevées en saison chaude et plus faibles (surtout l'hétérosis) en saison fraîche où les performances par type de descendance sont plus proches. La saison chaude est une saison « stressante » pour le maïs du fait notamment de la chaleur. Les rendements observés sont moindres qu'en saison fraîche. Ce fait corrobore une idée très largement répandue que l'hétérosis et la dépression de consanguinité s'expriment plus fortement en conditions de stress [3].

3.3. Relation hétérosis dépression de consanguinité avec les paramètres génétiques

Théoriquement, on s'attend à trois types de relation : une relation positive entre F_{st} et hétérosis (plus les populations sont différentes entre elles, plus l'hétérosis est forte), une relation négative entre l'hétérosis et l'indice de polymorphisme (θ) (plus les populations sont grandes, moins forte est l'hétérosis), une relation positive entre la dépression de consanguinité et l'indice de polymorphisme (θ) (plus les populations sont grandes, plus la dépression de consanguinité augmente). Au sein de notre jeu de données, seule la relation entre hétérosis et l'indice de polymorphisme (θ) moyen entre populations est significative en saison chaude ($p = 0,3$). Pour tester cette corrélation nous avons permuté les valeurs de θ moyen (des 2 populations parentes) et les valeurs d'hétérosis correspondantes afin de générer la distribution attendue sous l'hypothèse d'indépendance des valeurs d'hétérosis et de θ moyen. L'imprécision sur l'estimation des indices de polymorphisme, sur les valeurs de dépression de consanguinité et d'hétérosis est certainement importante dans la non-détection de ces relations théoriques à partir de

notre jeu de données. Ceci confirme l'idée que si les bases théoriques de la dépression de consanguinité et de l'hétérosis semblent assez bien connues [5], les données expérimentales sont souvent plus difficiles à accorder aux attendus [6]. Cependant, une étude de Richards [12] sur *Silene alba* montre que les populations isolées par la dérive présentent une forte hétérosis et celles fortement connectées par la migration montrent une dépression importante.

4. CONCLUSION

Sur un petit territoire comme l'archipel de Guadeloupe, nous nous attendions à observer une faible diversité génétique et des populations de petite taille. Les résultats expérimentaux nous indiquent cependant une diversité importante sur une échelle géographique réduite confirmant les premières observations de Welcker *et al.* [14]. Les populations sont assez fortement différenciées comme l'indiquent les F_{st} . Néanmoins, les forts niveaux de dépression de consanguinité et de diversité tendent à montrer que les populations sont plus grandes que ce que l'on pouvait attendre. En conséquence, on peut penser que les populations bien que fortement différenciées ne subissent pas une dérive tellement importante. Les F_{st} forts pourraient traduire de faibles flux de gènes et une divergence ancienne plutôt qu'une forte dérive, ce qui souligne l'importance de ces populations traditionnelles. Notre jeu de données ne permet pas de détecter les relations attendues entre dépression de consanguinité et hétérosis et entre la taille et le degré de divergence entre populations. Peut-être que le nombre de marqueurs utilisé est insuffisant pour rendre compte de la différenciation entre populations. Du fait de notre dispositif nous faisant travailler avec la valeur moyenne des populations en croisement, nous avons une assez faible puissance statistique pour détecter l'hétérosis ou la dépression de consanguinité comme significative. Enfin le fait de travailler sur un plus grand nombre de répétitions aurait augmenté la précision des estimations.

Dans un objectif de gestion des ressources génétiques, il paraît important de conserver les populations individualisées du fait de leur importante diversité génétique. Actuellement, 113 populations collectées en 1982-1983 sont conservées à l'INRA de Guadeloupe dans de bonnes conditions : renouvellement avec un nombre suffisant d'épis et stockage dans des conditions contrôlées de température et d'humidité. Il est important de comprendre le fonctionnement *in situ* de ces populations

toujours cultivées dans des jardins créoles. Des études complémentaires devraient être menées pour instruire la gestion des populations par l'agriculteur (qu'est-ce qu'une population, comment sont choisis les épis servant au semis, comment circulent les semences...). La gestion des populations dans les jardins créoles a permis de conserver un bon niveau de variabilité. Ce résultat renforce l'intérêt de préserver les jardins créoles qui sont des cultures patrimoniales en condition de faibles intrants. Ce type de système de culture devrait être étudié au niveau multi-espèces et soutenu par rapport à la place grandissante des cultures de rente.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient Joëlle RONFORT, Thomas BATAILLON, Sylvain GLÉMIN et Jacques DAVID pour leurs conseils et remarques ainsi que le Bureau des Ressources Génétiques pour avoir financé ce travail.

RÉFÉRENCES

- [1] Belkhir K., Borsa P., Chiki L., Raufaste N., Bonhomme F., Genetix 4.02 logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations, Laboratoire Génome, Populations, Interactions CNRS UMR 5000, université de Montpellier II (France), 1996.
- [2] Cornuet J.M., Luikart G., Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data, *Genetics* 144 (1996) 2001-2014.
- [3] Crnokrak P., Roff D.A., Inbreeding depression in the wild, *Heredity* 83 (1999) 260-270.
- [4] Degras L., Étude de la polyculture vivrière « jardins créoles » des Antilles et de la Guyane, in *Systèmes de production agricole caribéens et alternatives de développement. Actes de colloque, UAG-Développement agricole Caraïbe, Martinique, 1985*, pp. 599-611.
- [5] Glémin S., Patterns of inbreeding depression and architecture of the load in subdivided populations, *Genetics*, 165 (2003) 2193-2212.
- [6] Hallauer A.R., Miranda Filho J.B., *Quantitative genetics in maize breeding*, Iowa State Univ. Press, Ames, 1981.
- [7] Naves M., Welcker C., Les ressources génétiques locales : un atout pour une agriculture durable. (communication). In *Actes du colloque « L'agriculture autrement... la qualité reconnue », C. d'Agriculture Martinique, 2000*, pp. 197-202.

Caractéristiques génétiques des maïs traditionnels de Guadeloupe

- [8] Nei M., Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals, *Genetics* 89 (1978) 583-590.
- [9] Ordas A., Evaluation of the heterosis among French and Spanish populations of maize, in : Rencontre européenne sur la diversité des populations de maïs, Montpellier, 2003.
- [10] Pacheco C., Santos M.X., Cruz C.D., Parentoni S.N., Guimaraes P.E.O., Gama E.E.G., Silva A.E., Carvalho H.W.L., Junior P.A.V., Inbreeding depression of 28 maize elite open pollinated varieties, *Genetics and Molecular Biology* 25 (2002) 441-448.
- [11] Parentoni S.N., Magalhães J.V., Pacheco C.A.P., Santos M.X., Abadie T., Gama E.E.G., Guimaraes P.E.O., Meirelles W.F., Lopes M.A., Vasconcelos M.J.V., Paiva E., Heterotic groups based on yield-specific combining ability data and phylogenetic relationship determined by RAPD markers for 28 tropical maize open pollinated varieties, *Euphytica* 121 (2001) 197-208.
- [12] Richards C.M., Inbreeding depression and genetic rescue in a plant metapopulation, *The American Naturalist* 155 (2000) 383-394.
- [13] Welcker C., Prospection et description des écotypes guadeloupéens. In : Synthèse sur la sélection du maïs pour l'adaptation aux Antilles, la précocité, la résistance aux noctuelles (*Spodoptera frugiperda*, *Heliothis zea*), aux maladies foliaires (*Helminthosporium turcicum*, *H. maydis*, *Puccinia polysora*). INRA CRAG, Petit-Bourg, Guadeloupe, 1983, pp. 19-26.
- [14] Welcker C., Renard B., Cinna R., Félicité J., Rebourg C., Gouesnard B., Charcosset A., Originalité des populations traditionnelles de maïs de Guadeloupe et structuration de la diversité en milieu insulaire, in : colloque BRG Le patrimoine génétique : la diversité et la ressource, La Châtre, 2002, p. 77.