

## Hybridation Entre les Variétés de Tomates Locales et Etrangères (*Solanum lycopersicum L.*) et Analyse Génétique des Caractères à Kisangani (Province de la Tshopo, RDC)

### [ Hybridization Between Local and Foreign Tomato Varieties (*Solanum lycopersicum L.*) and Genetic Analysis of Characters in Kisangani (Province of Tshopo, DRC) ]

O. Lokonga, D. Dhed'a, and W. Oleko

Département des sciences Biotechnologiques, Faculté des sciences, B.P. 2012, Université de Kisangani, RD Congo

---

Copyright © 2020 ISSR Journals. This is an open access article distributed under the **Creative Commons Attribution License**, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

**ABSTRACT:** As for hybridization, the Violet forms were more compatible with the foreign varieties Roma and Makis than the Red forms. The local varieties were also compatible among themselves. The success rate of crossing was on average 50%. The genetic disjunctive generation analysis F2 shows that all characters with discontinuous variation (qualitative: color and shape of the fruit) follow a simple Mendelian genetic determinism. Moreover, heritability (in the broad sense) of some quantitative characters (size, number of flowers, number of fruits and weight of fruits) by the variance decomposition method can reach relatively high values (0.8 to 0.95) for some groups of crossings. The same holds good for heritability in the restricted sense (0.56 to 0.98) for some characters and groups.

**KEYWORDS:** Hybridization, Varieties, Tomatoes, Locals, Foreigns, *Solanum lycopersicum L.*, Analysis, Genetics, Characters.

**RESUME:** Quant à l'hybridation, les formes violettes ont été plus compatibles avec les variétés étrangères Roma et Makis que les formes rouges. Les variétés locales ont été aussi compatibles entre elles. Le taux de réussite de croisement a été en moyenne de 50%.

L'analyse génétique de génération disjonctive F2 montre que tous les caractères à variation discontinue (qualitatifs): couleur et forme de fruits suivent un déterminisme génétique mendélien simple. Par ailleurs, l'héritabilité au sens large de quelques caractères quantitatifs (la taille, nombre de fleurs, nombre de fruits et poids de fruits) par la méthode de la décomposition des variances peut atteindre des valeurs relativement élevées (0,8 à 0,95) pour certains groupes de croisements. Il en est de même pour l'héritabilité au sens restreint (0,56 à 0,98) pour certains caractères et pour certains groupes.

**MOTS-CLEFS:** Hybridation, Variétés, Tomates, Locales, Etrangères, *Solanum lycopersicum L.*, Analyse, Génétique, caractères.

## 1 INTRODUCTION

Dans un contexte de préoccupation croissante des consommateurs pour la qualité des produits, et de promotion d'une alimentation saine favorisant notamment la consommation des fruits et légumes, l'amélioration de la qualité des fruits et légumes, en répondant à l'attente des consommateurs, est un enjeu stratégique de la sélection de la tomate. Cette amélioration de la qualité peut être obtenue par sélection variétale ou en optimisant les conditions de cultures. La qualité des fruits charnus (dont le modèle d'étude est la tomate) est sous contrôle du génome, de l'environnement climatique et des pratiques culturales. Cette qualité inclut de nombreuses composantes physico-chimiques, comme le calibre (taille et poids frais) du fruit, forme du fruit, couleur du fruit, contenu en sucres, acides et arômes, maturation du fruit et fermeté, la durée

de conservation, l'aspect interne (couleur, texture), les qualités nutritionnelles et la qualité organoleptique, la composition en composés antioxydants, qui sont appréhendées à l'échelle de l'organe ou du tissu [1; 2; 3; 36; 37].

La qualité d'une tomate sera perçue différemment selon qu'on s'adresse au producteur, au transformateur (production industrielle), au grossiste (production en frais) ou au consommateur. Pour le producteur, la qualité d'une variété de tomate sera liée au rendement, à l'homogénéité de la récolte ainsi qu'à l'adaptation au système cultural (résistance aux pathogènes et faible besoin en intrants). Le grossiste s'intéressera plutôt à des critères comme la résistance de la production au conditionnement et au transport, l'homogénéité de la production et les caractéristiques visuelles du produit. Pour l'industriel, ce sont les capacités à la transformation mais aussi les composantes physico-chimiques du produit qui détermineront la qualité finale du produit transformé. Le consommateur qui est le dernier maillon de la chaîne de distribution sera plus sensible à l'aspect visuel du produit ainsi qu'à sa valeur santé (pigments et vitamines) lors de l'achat. Lors de la consommation du produit, c'est la qualité organoleptique qui est retenue [1; 2; 45].

La qualité gustative a été mise de côté par l'amélioration variétale qui s'est focalisée sur le rendement, l'adaptation à différents environnements de culture et les résistances aux stress biotiques et abiotiques. La tomate répond relativement bien aux attentes nutritionnelles de l'organisme car le fruit est relativement pauvre en calories mais riche en eau et en éléments minéraux. Elle contient aussi une grande quantité d'éléments antioxydants, comme le lycopène et la vitamine C qui jouent un rôle important dans la qualité nutritionnelle [1; 2; 4; 41; 42; 43; 45; 48; 50].

La sélection de la tomate, dans le monde entier, au cours de ces trente dernières années s'est montrée particulièrement efficace et a abouti à l'obtention d'un parc variétal extrêmement diversifié. Il est vraisemblable qu'au cours des années à venir, on va assister à une explosion en matière de création variétale [5; 36; 45; 51].

D'une part, la variabilité qui existe chez les espèces sauvages de *Solanum lycopersicum* va être d'avantage exploitée et d'autre part, le développement de la biotechnologie offre des perspectives entièrement nouvelles [5; 43; 46; 48]. Le recours à l'hybridation en agriculture a considérablement augmenté dans les dernières décennies, en particulier chez les plantes potagères. En 1995, plus de 80% des variétés de tomate étaient issues d'hybrides de variétés anciennes. Dès les années 1970, les sélectionneurs ont cherché à augmenter les rendements de production en tomate par des croisements entre différentes variétés [3; 45].

Outre leurs performances accrues, les hybrides présentent une plus grande homogénéité que les variétés parentales: les plantes issues du croisement de deux lignées pures et sélectionnées du fait de leur vigueur hybride feront l'objet d'une sélection tellement intensive qu'elles seront génétiquement identiques [3]. L'amélioration de la tomate consiste à créer de nouvelles variétés à partir des variétés existantes, en les croisant entre elles et en sélectionnant les meilleures plantes issues de ces croisements. Les cultivars doivent présenter un ensemble de caractéristiques leur permettant d'être cultivés avec profit par le producteur et d'être appréciés par le consommateur [3]. Cette recherche s'oriente vers la création de nouvelles variétés de tomate en utilisant la diversité génétique et en procédant à l'hybridation, à la sélection, à la caractérisation agronomique et chimique de nouvelles variétés. En effet, l'hybridation permet, de cumuler certains caractères que l'on trouve dispersé dans des variétés ou des espèces différentes. Les hybrides possèdent un certain nombre d'avantages par rapport aux variétés fixées. Cet avantage est dit « hétérosis » ou « vigueur hybride » [6; 40].

L'exploitation de la diversité génétique des espèces sauvages dans les espèces cultivées contribue au développement de l'agriculture mondiale. C'est ainsi que les gènes transférés d'une espèce sauvage de tomate trouvée sur les rivages des Iles Galapagos ont conféré aux variétés cultivées une tolérance au sel, grâce à quoi celles-ci peuvent être irriguées en utilisant un tiers d'eau de la mer [7; 8; 40; 43; 44; 48; 50; 51].

La sélection de nouvelles variétés plus résistantes aux maladies ou plus aptes à utiliser les engrais, ou présentant de nouveaux caractères n'est possible qu'en puisant dans les ressources génétiques des plantes sauvages ou des variétés sélectionnées par l'agriculture traditionnelle.

Ce travail de sélection commence par la création de nouveaux génotypes (combinaisons génétiques) au moyen de l'hybridation, et se terminera par l'évaluation et la sélection de quelques combinaisons supérieures afin d'élaborer de nouvelles variétés pour mieux répondre aux besoins des agriculteurs et des consommateurs. On crée de nouvelles variétés de tomate pour répondre aux besoins des agriculteurs en leur fournissant des variétés plus productives, mieux adaptées au sol et au climat, mieux adaptées aux nouvelles techniques culturales et plus résistantes aux maladies. Ces nouvelles variétés sont créées également pour répondre aux exigences des marchés [9; 10]. Les nouveaux génotypes obtenus après sélection doivent être évalués selon la productivité, l'environnement et la qualité.

Avec l'importance que prend la tomate dans la consommation de fruits et légumes quotidienne, il est nécessaire que le fruit consommé présente des critères appréciés par le consommateur. Il est donc important de prendre en compte ces

caractères dans les schémas d'amélioration variétale. La place importante prise par la tomate (*solanum lycopersicum*) du point de vue économique a suscité un intérêt marqué pour ce végétal de la part des sélectionneurs. Cependant, on a trop longtemps privilégié l'adaptation aux conditions de culture et les résistances aux maladies et donc la productivité au détriment de la qualité organoleptique [1; 2; 37; 41; 42; 43; 45; 46; 48; 50]. La mise au point de méthodes culturales adaptées à chaque région et à chaque type variétal a également contribué à asseoir l'importance de cette espèce.

Actuellement, la qualité organoleptique des variétés sur le marché ne satisfait plus les consommateurs, surtout depuis le développement, il y a une douzaine d'années, de variétés à fruits de longue conservation. L'acquisition d'une bonne valeur organoleptique, associée à une bonne conservation est devenue depuis lors, un enjeu majeur pour les sélectionneurs [1; 2; 45]. L'amélioration de la qualité de la tomate est depuis longtemps un des objectifs des sélectionneurs. Cependant la qualité organoleptique qui n'était que peu ou pas prise en compte devient une préoccupation essentielle [1; 2]. La culture des variétés sélectionnées de grosses tomates étrangères importées à Kisangani est caractérisée par des faibles rendements dus à la mauvaise adaptation des variétés au climat, à leur sensibilité aux maladies et aux ravageurs. Cependant, à Kisangani, les tomates consommées sont issues de la sélection naturelle, caractérisées par de petits fruits. Ces variétés s'adaptent mieux à leur milieu naturel et présentent des bonnes qualités rustiques mais avec un faible rendement qualitatif. En outre, elles ne présentent pas toujours les caractéristiques agronomiques, nutritionnelles et organoleptiques des variétés sélectionnées. La recherche de lignées les plus intéressantes parmi les variétés locales et leur hybridation (croisement) avec les variétés de tomates étrangères peuvent aboutir à des nouvelles variétés de tomate, les mieux adaptées et répondant mieux aux exigences des producteurs et consommateurs.

L'objectif spécifique de cette étude est d'effectuer des hybridations entre les variétés locales et étrangères de tomates d'une part, et entre les variétés locales d'autre part, afin d'obtenir des nouvelles variétés de tomate plus adaptées avec des caractéristiques agronomiques, chimiques et organoleptiques améliorées par rapport à leurs parents.

D'autres parts, les espèces sauvages et leur hybridation ont été abordées par Rick [11], Grimbley [12], Saccardo et al [13], Beckman et Soller [14], Tam et al., [15], Lozano et al [17], Tam et al, [47], Tam et al [52], Lokonga [49].

## **2 MATÉRIEL VÉGÉTAL**

Le matériel utilisé dans cette recherche a été constitué de lignées de tomate issues de deux variétés étrangères (Roma et Makis) et celles dérivées des variétés locales (Rouge rond, Violet rond, Rouge aplati, Violet aplati, Rouge allongé et Violet allongé). L'analyse génétique des plantes parentales a porté sur le rythme de croissance, les nombres de fleurs, de fruits et poids de fruit par plante. Ces variétés sont illustrées par les figures 1 à 8.



**Fig. 1. Rouge rond**



**Fig. 2. Violet rond**



**Fig. 3. Rouge aplati**



**Fig. 4. Violet aplati**



**Fig. 5. Violet allongé**



**Fig. 6. Rouge allongé**

Les variétés sont illustrées par les figures 7 et 8.



**Fig. 7. Variété Makis**



**Fig. 8. Variété Roma**

### 3 MÉTHODES

#### 3.1 ESSAI D'HYBRIDATION

La pollinisation a été effectuée sur des fleurs des variétés locales par les pollens de deux variétés étrangères (Roma et Makis) et réciproquement d'une part, puis entre les variétés locales d'autre part. Le croisement a été effectué en trois étapes selon Campbell et Reece [54]:

La castration: il s'agit ici de l'enlèvement total des étamines du parent femelle, au stade gros bouton floral. Une pince désinfectée à l'alcool 70% a été utilisée à cet effet.

La récolte du pollen: Le pollen a été récolté du parent mâle au stade fleur épanouie (couleur jaune des étamines) en écrasant les anthères et en prélevant les grains de pollen à l'aide d'une pincette.

La pollinisation: Le dépôt de pollen sur le stigmate (du parent femelle était effectué le jour même de la castration du parent femelle à l'aide d'une pincette, puis l'inflorescence pollinisée était ensachée et enfin étiquetée à l'aide du papier spécial (indication se rapportant aux parents mâle et femelle, date du croisement). Après 10 jours, il était procédé à la vérification des inflorescences pollinisées (nouaison: par formation de jeunes fruits) [18; 19; 20; 36; 38; 39].

La castration des étamines, la récolte du pollen et la pollinisation sont représentées par les figures 9 à 12.



**Fig. 9. Début castration manuelle**



**Fig. 10. Fin de la castration manuelle**



**Fig. 11. Récolte du pollen**



**Fig. 12. Dépôt des pollens sur stigmate (Ensachage et étiquetage)**

La vérification d'une inflorescence pollinisée après 10 jours est illustrée par la figure 13.



Fig. 13. Vérification de la nouaison après 10 jours d'une inflorescence pollinisée

### 3.2 CARACTÉRISATION MORPHOLOGIQUE DES HYBRIDES F1

La caractérisation morphologique a été effectuée sur 14 hybrides F1 de tomates obtenus (F1/G1, F1/G2, F1/G3, F1/G4, F1/G5, F1/G6, F1/G7, F1/G8, F1/G9, F1/G10, F1/G11, F1/G12, F1/G13, F1/G14) et des lignées parentales respectives.

### 3.3 ANALYSES STATISTIQUES DES DONNÉES

L'analyse de la ségrégation de quelques caractères qualitatifs a été effectuée selon le test Chi-carré ( $\chi^2$ ) suivant le modèle de Klug *et al.*, [19]. Ce test a été utilisé pour comparer les proportions observées aux prévisions théoriques mendéliennes comme suit:

$$\chi^2 = \sum(O - t)^2/t$$

Où:

O = la valeur observée pour une catégorie particulière.

t = la valeur attendue (théorique) pour cette catégorie.

$\Sigma$  = somme des valeurs calculées pour chaque catégorie.

Avec ddl (nombre de degrés de liberté) = n-1 (n = nombre total de classes ou catégorie d'observations).

Le logiciel GENSTAT DISCOVERY 4<sup>ème</sup> édition a été utilisé pour l'analyse des données quantitatives des différentes expérimentations. L'analyse de la variance a été faite avec le même logiciel [21]. La détermination de l'héritabilité de quelques caractères quantitatifs a été rendue possible par la méthode de la décomposition des variances [19; 22; 23]

L'héritabilité au sens large ( $H^2$ ) mesure la contribution de la variance génotypique à la variation phénotypique totale. Les valeurs de l'héritabilité pour chaque caractère dans la population de tomates s'échelonnent entre 0 et 1 [19; 23]. Les valeurs proches de 1 indiquent que les conditions environnementales ont peu d'effet sur la variance phénotypique qui est alors très largement due aux différences génotypiques entre individus au sein de la population de tomate étudiée. Les valeurs proches de 0 indiquent que des facteurs environnementaux et non génétiques sont principalement responsables des différences phénotypiques observées au sein de la population étudiée [19; 23; 24].

Le calcul de l'héritabilité au sens large est donnée par l'expression suivante [19; 22; 24].

$$H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_t^2} = \frac{\sigma_t^2 - e^2}{\sigma_t^2}$$

Où:

$H^2$  = Héritabilité au sens large

$\sigma_g^2$  = Variance génotypique

$\sigma_t^2$  = Variance phénotypique de la F2 et

e = Variance environnementale

L'héritabilité au sens étroit ( $h^2$ ) est un paramètre fondamental pour décrire la transmission héréditaire des caractères quantitatifs. L'héritabilité au sens étroit, estimée uniquement sur la portion de la variance génotypique due aux effets additifs [19; 22; 23; 24; 25].

L'expression de l'héritabilité au sens étroit est donnée par la formule suivante [19; 22; 23; 24]

$$h^2 = \frac{M' - M}{M^* - M} = \frac{R}{S}$$

Où :

$h^2$  = héritabilité au sens étroit

M = Moyenne de la population de départ

M' = Moyenne des individus sélectionnés et utilisés comme parents

M\* = Moyenne de la descendance des parents sélectionnés

R = réponse à la sélection

S = différentielle de sélection

## 4 RÉSULTATS ET DISCUSSIONS

### 4.1 ESSAI D'HYBRIDATION

#### 4.1.1 LES CARACTÉRISTIQUES QUANTITATIVES DES PARENTS CROISÉS

Les résultats de valeurs moyennes des caractéristiques quantitatives des parents choisis ainsi que ceux relatifs à leur hybridation sont représentés dans les tableaux 1 à 3.

**Tableau 1. Caractéristiques quantitatives des parents choisis**

Variétés	NA	Moyenne des caractères quantitatifs						
		Taille	Fleur	Fruit	Poids	Loges	NGT	Indice de forme
Makis	30	85,06	16,96	5,16	42,23	2,13	62,86	0,99
Roma	30	46,43	8,2	5,66	30,11	2,13	47,83	1,44
APV	30	111,05	43,23	27,33	11,82	3,83	72,5	0,71
APR	30	88,35	50,5	27,36	15,33	3,1	97,3	0,67
RV	30	122,56	31,66	29,1	8,3	2,56	96,66	0,92
RR	30	115,26	51,13	28,63	14,21	3,3	64,53	0,93
ALV	30	105,76	42,13	24,03	11,44	2,93	88,66	1,22
ALR	30	122,86	35,23	21,03	10,1	2,13	70,43	1,31

Légende: APV: Violet aplati, APR: Rouge aplati, RV: Violet rond, RR: Rouge rond, ALV: Violet-allongé, ALR: Rouge-allongé.

L'observation du tableau 1 montre que pour toutes les variétés, la taille a varié en moyenne de 46,43 (variété Roma) à 122,8 cm (variété locale Rouge allongé). Ces résultats montrent que les variétés locales sont plus hautes que les 2 variétés étrangères: Makis et Roma. Par comparaison aux résultats de Moftah [26], qui a obtenu en moyenne la taille de plants de la variété Micro-Tom variant de 10 cm à 20 cm, il s'en suit que toutes nos variétés ont une hauteur supérieure.

Le tableau 1 révèle également en ce qui concerne le nombre moyen de fleurs que les variétés locales ont produit plus des fleurs que les variétés étrangères: Makis et Roma. Ces résultats montrent une bonne adaptation de ces variétés à leur milieu Lokonga [27]; Lokonga *et al* [28]. Par rapport aux descripteurs de l'International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI) utilisés pour caractériser les accessions de tomate à Avignon, le nombre d'inflorescences avant détermination (2 à 4/4 à 6 />6), il en ressort que toutes nos variétés ont formé plus de fleurs (>6). Il se dégage de ce même tableau 1 que les variétés locales ont produit plus de fruits que les variétés étrangères: Makis et Roma. Les variétés locales Violet aplati et Rouge aplati ont fourni plus de fruits que les autres. Ces résultats traduisent également une adaptation des variétés locales aux conditions environnementales de la région de Kisangani [28].

Il ressort aussi de ce tableau 1 que les 2 variétés étrangères Makis et Roma ont produit des fruits plus lourds que toutes les variétés locales. Les variétés étrangères étant améliorées produisent de fruits plus lourds que les variétés locales [29]. Les résultats du tableau 1 montrent également que les fruits des variétés locales possèdent plus des loges séminales que les 2 variétés étrangères: Makis et Roma.

Il ressort également de ce tableau 1 que la variété étrangère Roma et les variétés locales Violet allongé et Rouge allongé ont des indices moyens de forme supérieurs à 1,2 et sont allongés. La variété étrangère Makis et les locales Violet rond et Rouge rond par contre ont leur indices de forme inférieur 1,2 et sont par conséquent ronds. Les variétés locales Violet aplati et Rouge aplati ont pour leur part, l'indice de forme  $\leq 0,8$  et sont donc aplatis. Ces valeurs des indices de forme sont conformes aux données de la littérature [30; 31; 32].

L'observation de ce même tableau 1 montre que les variétés locales Rouge aplati, Violet rond, Violet allongé, Violet aplati et Violet allongé ont développé plus des graines que les autres. La variété étrangère, Roma a développé peu des graines comparativement aux autres. Ces résultats reflètent une bonne fertilité des ovules des variétés locales dans leur milieu. Ces résultats traduisent la même tendance que ceux obtenus par Tarchoun *et al* [33]. en ce qui concerne les graines formées par les variétés étudiées.

Le tableau 2 reprend les résultats des analyses statistiques des caractères quantitatifs

**Tableau 2. Synthèse d'analyses statistiques pour les caractères quantitatifs**

Caractères	Variétés		
	ALR, ALV, APR, APV, RR, RV, Makis, Roma		
	Lsd	v.r.	F.pr
Taille	8.38	73.39	<.001
Nombre de Fleur	4.891	52.64	<.001
Nombre de Fruit	2.594	90.18	<.001
Poids de fruits	2.614	180.75	<.001
Largeur de fruits	2.377	32.61	<.001
Longueur de fruits	2.559	115.06	<.001
Nombre de Loge	0.3731	22.34	<.001
Nombre de Graines	10.16	23.37	<.001
Indice de forme	0.05359	213.64	<.001

Légende: Lsd= Least Significant Differences of means; F.pr: probabilité; v.r.: rapport des variances.

Il ressort de ce tableau 2 qu'au seuil de signification de 5% ( $\alpha=0,05$ ) pour l'ensemble des caractères étudiés:  $F.pr \leq \alpha$  ce qui signifie que la différence est significative entre les variétés.

#### 4.1.2 ESSAI D'HYBRIDATION

Les résultats des différents essais d'hybridation effectués au cours de notre expérimentation sont consignés dans le tableau 3.

Tableau 3. Hybridation des fleurs

Parents croisés Femelle x Mâle	Nombre des fleurs Pollinisées	Nombre des fleurs nouées	%
Roma x RV	7	5	71,4
AL V x RR	7	0	0
AL V x RR	7	3	42,8
RR x AL V	7	6	85,7
RR x AL V	7	0	0
RR x AL V	7	4	57,1
AP R x R V	7	0	0
R V x AP R	7	3	42,8
APV x ALR	7	0	0
AP V x AL R	7	2	28,5
AL R x AP V	7	2	28,5
AL R x R V	7	5	71,4
ALR x R V	7	2	28,5
RV x ALR	7	3	42,8
AP R x RR	7	2	28,5
APV x Roma	7	4	57,1
APV x RR	7	2	28,5
Roma x RR	7	0	0
RR x Roma	7	4	57,1
Roma x APV	7	0	0
RR x RV	7	0	0
ALR x RR	7	4	57,1
AL R x Roma	7	7	100
ALV x RV	7	2	28,5
Roma x AL R	7	3	42,8
RV x AL V	7	4	57,1
APV x RV	7	7	100
Makis x ALV	7	6	85,7
APV x Makis	7	6	85,7
ALV x Roma	7	7	100
Roma x RV	7	6	85,7
Roma x APV	7	7	100
APR x APV	7	6	85,7
APV x APR	7	7	100
<b>Σ/Moyenne</b>	<b>238</b>	<b>119</b>	<b>50</b>

Les résultats du tableau 3 ci-dessus montrent que les formes violettes ont été plus compatibles avec les variétés étrangères Roma et Makis que les formes rouges. Les variétés locales ont été aussi compatibles entre elles. Le pourcentage de réussite est de 50%. Les meilleurs croisements ont été ALR x Roma, APV x RV, ALV x Roma, Roma x APV et APV x APR (100 %), RR x ALV, Makis x ALV, APV x Makis, Roma x RV et APR x APV (85,7 %) et, enfin Roma x RV et ALR x APV (71,4 %). Les hybridations les moins bonnes ont été ALV x R.R, RR x ALV, APR x RV, APV x AL R, Roma x RR, Roma x AP V, APV x ALR et APV x RR (0 %).

#### 4.2 CARACTÉRISATION MORPHOLOGIQUE DES HYBRIDES F1 ET LEURS PARENTS

Les résultats en rapport avec l'évaluation des caractères qualitatifs et quantitatifs des hybrides et leurs parents au cours des générations successives sont représentés par les tableaux 4 à 14.

#### 4.2.1 COULEUR DES FRUITS DES PARENTS ET HYBRIDES F1

**Tableau 4. Couleur des fruits des hybrides F1 et des parents**

Parents mâles	Parents femelles	Couleur des hybrides F1
Rouge rond	Rouge aplati	Rouge
Rouge allongé	Violet aplati	Rouge
Violet allongé	Rouge rond	Rouge
Rouge allongé	Violet rond	Rouge
Roma (rouge allongé)	Rouge allongé	Rouge
Rouge aplati	Violet rond	Rouge
Roma (rouge-allongé)	Violet aplati	Rouge
Rouge rond	Rouge allongé	Rouge
Roma (rouge allongé)	Rouge allongé	Rouge
Roma (rouge allongé)	Violet allongé	Rouge
Violet rond	Rouge allongé	Rouge
Violet aplati	Rouge allongé	Rouge
Rouge allongé	Roma	Rouge
Violet allongé	Makis (Rouge rond)	Rouge

Il ressort de ce tableau 4 qu'en croisant les plantes de tomate à fruits rouges entre elles, on obtient des hybrides F1 produisant des fruits rouges. Par ailleurs, l'hybridation des plantes à fruits violets avec les plantes à fruits rouges donnent des hybrides F1 aux fruits rouges. Ces résultats montrent que la couleur rouge domine la couleur violette.

Nos résultats corroborent les observations de Rick [6], qui a aussi trouvé que la couleur rouge est dominante.

#### 4.2.2 FORME DES FRUITS DES HYBRIDES F1 ET DES PARENTS

Le tableau 5 présente la transmission de la forme des fruits des parents aux hybrides F1.

**Tableau 5. Forme des fruits des parents et des hybrides F1**

Parents mâles	Parents femelles	Forme des fruits hybrides F1
Rond	Aplati	Rond
Allongé	Aplati	Rond
Allongé	Rond	Rond
Allongé	Rond	Rond
Roma (allongé)	Allongé	Allongé
Aplati	Rond	Rond
Roma (allongé)	Aplati	Rond
Rond	Allongé	Rond
Roma (allongé)	Allongé	Allongé
Roma (allongé)	Allongé	Allongé
Rond	Allongé	Rond
Aplati	Allongé	Rond
Allongé	Roma (allongé)	Allongé
Allongé	Makis (rond)	Rond

Les résultats consignés dans ce tableau 5 révèlent que l'hybridation des plantes de tomate à fruits ronds avec celles à fruits aplatis donnent des plants hybrides à fruits ronds. Le caractère forme rond est dominant et celui de la forme aplati est récessif. Cependant le croisement des plants à fruits allongés avec les plants à fruits aplatis produisent des hybrides à fruits ronds. Ces

deux caractères sont codominants et le caractère rond qui en résulte est intermédiaire. Par contre, l'hybridation des plants à fruits allongés entre eux donne des hybrides F1 à fruits allongés.

#### 4.2.3 ANALYSE GÉNÉTIQUE DE LA F2

##### 4.2.3.1 CARACTÈRES QUALITATIFS

L'Analyse génétique de la ségrégation de quelques caractères qualitatifs au cours de la génération disjonctive F2 a concerné la couleur des fruits et la forme des fruits. L'analyse de ces caractères est présentée dans les tableaux 6 et 7.

Tableau 6. Analyse génétique de la ségrégation de la couleur des fruits mûrs au cours de la génération F2

Génération	Nbre de plante	Rouge	Violet	Rapport théorique	$\chi^2$	Décision
F2/G2	30	27	3	3: 1	0,25	Ho acceptée
F2/G4	30	25	5	3: 1	0,002	Ho acceptée
F2/G6	30	26	2	3: 1	0,24	Ho acceptée
F2/G7	30	26	4	3: 1	0,013	Ho acceptée
F2/G9	30	30	-	-	-	-
F2/G10	30	26	4	3: 1	0,002	Ho acceptée
F2/G11	30	26	4	3: 1	0,032	Ho acceptée
F2/G12	30	27	3	3: 1	0,144	Ho acceptée
F2/G14	30	26	4	3: 1	0,003	Ho acceptée

Légende: -: Le test de Chi-carré n'a pas été réalisé car il n'y a qu'une seule classe phénotypique.

Au cours de la génération d'autofécondation F2, la couleur rouge des fruits mûrs se dissocie en rouge et violet. La couleur violette ne subit pas de ségrégation. Le test de  $\chi^2$  ne révèle pas des différences significatives pour les groupes suivants: F2/G2, F2/G4, F2/G6, F2/G7, F2/G9, F2/G10, F2/G11, F2/G14.

Tableau 7. Analyse génétique de la ségrégation de la forme des fruits au cours de la génération F2

Génération	Croissements		N.P.A	Type de Ségrégation			Rapport théorique	$\chi^2$	Décision
	Parent mâle (P1)	Parent femelle (P2)		Ap	Rd	Al			
F2/G2	RAL	VAP	30	6	20	4	1: 2: 1	3,59	Ho acceptée
F2/G4	RAL	VR	30	-	25	5	3: 1	0,002	Ho acceptée
F2/G6	RAP.	VR	30	-	28	2	3: 1	0,0019	Ho acceptée
F2/G7	RO	VAP	30	5	20	5	1: 2: 1	3,32	Ho acceptée
F2/G9	RO	RAL	30	-	-	18-12	1: 1	1,2	Ho acceptée
F2/G10	RO	VAL	30	-	-	16-14	1: 1	0,12	Ho acceptée
F2/G11	VR	RAL	30	-	26	4	3: 1	0,51	Ho acceptée
F2/G12	VAP	RAL	30	5	19	6	1: 2: 1	2,19	Ho acceptée
F2/G14	VAL	MA	30	-	25	5	3: 1	0,172	Ho acceptée

Légende: NPA: Nombre de plantes analysées, Ap: Aplati, Rd: Rond, Al: Allongé. RAL: Rouge allongé, RAP: Rouge aplati, RO: Roma, VR: Violet rond, VAP: Violet aplati, VAL: Violet allongé, MA: Makis

Les résultats du tableau 7 ci-haut, montrent qu'après autofécondation des plantes F1 aux fruits ronds, la F2 contient 6 plantes à fruits aplatis, 20 plantes à fruits rond et 4 plantes à fruits allongés pour le groupe F2/ G2. La F2 compte 25 plantes à fruits rond et 5 plantes à fruits allongés pour le groupe F2/G4. La F2 comporte 28 plantes à fruits rond et 2 plantes à fruits allongés pour le groupe F2/G6. Le groupe F2/G7 a 5 plantes à fruits aplatis, 20 plantes à fruits rond et 5 plantes à fruits allongés. Le groupe F2/G10 compte pour sa part 18 plantes à fruits allongé de la variété locale et 12 plantes à fruits allongé de la variété

Roma. Le groupe F2/G11 à ségréger 26 plantes à fruits rond et 4 plantes à fruits allongés. Le groupe F2/G12 contient 5 plantes à fruits aplatis, 19 plantes à fruits rond et 6 plantes à fruits allongés. Le groupe F2/G14 compte 25 plantes à fruits ronds et 5 plantes à fruits allongés.

Le test de  $\chi^2$  appliqué aux résultats des différents groupes des hybrides F2 montre des différences non significatives pour tous les groupes. En effet, selon Klug *et al.*, [19] les rapport mendéliens du type 3: 1 (monohybridisme) ou 9: 3: 3: 1 (dihybridisme) sont des rapports théoriques fondés sur des hypothèses, à savoir qu' on a (1) des couples d'allèles dont l'un est récessif vis-à-vis de l'autre et, l'autre est dominant vis-à-vis du premier, (2) qu'une ségrégation aléatoire a lieu lors de la méiose, avec (3) un assortiment indépendant entre allèles de gènes différents et (4) une fécondation au hasard. Les trois dernières hypothèses qui impliquent le hasard conduisent à l'observation de fluctuations aléatoires.

Les résultats de ségrégation, d'assortiment indépendant et de fécondation sont sujets à des déviations aléatoires par rapport aux fréquences théoriques attendues. Plus l'échantillon est grand, et plus on diminue l'impact du hasard d'échantillonnage sur le résultat de l'expérimentation. Il est crucial, dans l'analyse génétique, de pouvoir évaluer l'importance de l'écart entre ce qu'on observe et ce que l'on attend. Si on attend des rapports théoriques du type 3: 1 ou 9: 3: 3: 1, on désigne cette prédiction comme l'hypothèse nulle ( $H_0$ ). Cette hypothèse est ainsi dénommée parce qu'elle renvoie à l'idée qu'il n'y a aucune différence réelle entre ce qu'on observe, les valeurs mesurées, et ce qu'on attend, les valeurs prédites, donc une différence réelle nulle. Les différences apparentes ne sont alors attribuables qu'aux aléas du hasard. On évalue la validité de l'hypothèse nulle par une étude statistique qui va permettre, soit de la rejeter, soit de l'accepter. En cas de rejet, l'écart entre valeur observée et prévue (ou théorique) ne peut pas être attribué au seul effet du hasard. Si l'hypothèse nulle n'est pas rejetée, on peut accepter de considérer que l'écart entre les valeurs observées et prévues (théoriques) peut être attribué au seul effet du hasard, et considère l'hypothèse nulle comme valide. En rapport avec nos résultats, l'hypothèse nulle est valide c'est-à-dire les proportions observées sont conformes aux proportions mendéliennes pour le monohybridisme.

En comparant nos résultats avec ceux de Klug *et al.*, [19], qui ont obtenu au cours de leurs études que les déviations observées entre valeurs mesurées et valeurs attendues étaient seul fait du hasard et l'hypothèse nulle a été acceptée. Nos résultats s'orientent dans le même sens que celui de ces auteurs.

#### 4.2.4 HÉRITABILITÉ DES CARACTÈRES QUANTITATIFS

##### 4.2.4.1 HÉRITABILITÉ AU SENS LARGE DES CARACTÈRES QUANTITATIFS

Les valeurs des héritabilités au sens large des caractères quantitatifs des familles des hybrides F2 sont données dans le tableau 8.

Tableau 8. Héritabilité au sens large ( $H^2$ ) à la F2

Groupe d'hybride F2	Héritabilité des caractères						
	Taille	Fleur	Fruit	Poids	Loge	IF	NGT
	( $H^2$ )	( $H^2$ )	( $H^2$ )	( $H^2$ )	( $H^2$ )	( $H^2$ )	( $H^2$ )
F2/G2	0,64	0,77	0,83	0,69	0,51	0,53	0,46
F2/G4	0,53	0,57	0,59	0,79	0,32	0,81	0,35
F2/G6	0,62	0,86	0,90	0,76	0,5	0,4	0,42
F2/G7	0,43	0,68	0,79	0,26	0,6	0,91	0,57
F2/G9	0,74	0,70	0,80	0,73	0,73	0,26	0,75
F2/G10	0,80	0,88	0,93	0,77	0,34	0,75	0,42
F2/G11	0,53	0,56	0,74	0,93	0,54	0,74	0,53
F2/G12	0,69	0,89	0,95	0,49	0,57	0,78	0,78
F2/G14	0,52	0,67	0,88	0,51	0,4	0,48	0,54

Il ressort de l'analyse de ce tableau 8 que toutes nos valeurs s'y rapprochent de celles de la littérature scientifique [19; 23; 24]. En effet, l'héritabilité au sens large de la taille varie de 0,43 (pour le groupe F2/G7) à 0,80 (pour le groupe F2/G10). Celle de fleur oscille entre 0,56 (pour le groupe F2/G11) à 0,88 (groupe X). L'héritabilité de nombre de fruits se retrouve dans l'intervalle de 0,59 (groupe F2/G4) à 0,95 (pour le groupe F2/G12). Dans le même ordre, l'héritabilité de poids de fruit s'y retrouve dans l'intervalle de 0,26 (pour le groupe F2/G7) à 0,93 (pour le groupe F2/G11). Le groupe F2/G7 possède la valeur la

plus basse de l'héritabilité pour le poids de fruits. Dans ce groupe, en moyenne 26 % de la variation du poids peut être attribuée à des différences génotypiques entre plantes.

Les groupes F2/G10 et F2/G14 possèdent les valeurs les plus élevées des héritabilités au sens large pour les caractères nombre de fleurs, nombre de fruits et poids de fruits, qui sont intéressants dans le cadre de cette étude.

En comparant les valeurs des héritabilités au sens large pour la production de fruits à celles trouvées respectivement par Nuez et Tarrega [34] ( $H^2 = 0,29$ ) et Palomares *et al* [35]. ( $H^2$  en serre= 0,29 et  $H^2$  en plein –champ = 0,10), il s'en suit que toutes nos valeurs sont supérieures. Ces écarts sont attribués aux génotypes des variétés et aux conditions spécifiques de milieu. En référence aux résultats de Duffé [1] sur la caractérisation de QTL liés à la qualité de la tomate, il en ressort que les héritabilités du poids du fruit sont supérieures à la valeur ( $H^2=0,3$ ) excepté le groupe F2/G7 ( $H^2= 0,26$ ). Par rapport aussi aux résultats de Ranc [2], qui a trouvé une forte valeur ( $H^2= 0,99$ ) pour le poids de fruit. Toutes nos héritabilités au sens large sont inférieures. Cette divergence est liée aux variétés et aux conditions expérimentales.

Les héritabilités au sens large de loge, des indices de formes et de nombre de graines totales varient respectivement de (0,32 à 0,73), (0,26 à 0,91) et de (0,35 à 0,78). En comparant aux résultats de Ranc [2], qui a trouvé ( $H^2= 0,94$ ) pour les loges, nos valeurs pour les loges sont inférieures.

Les valeurs des héritabilités au sens large indiquent qu'il est raisonnable de faire une sélection sur les caractères : taille de plants de tomate, nombre de fleurs, nombre de fruits et poids de fruits car tous ces caractères sont fortement héritables entre les individus de ces croisements et dans le contexte expérimental.

#### 4.2.4.2 ANALYSE DE LA RÉPONSE À LA SÉLECTION EN F3

Les progrès génétiques réalisés dans chaque groupe sont donnés dans les tableaux 9 à 14.

**Tableau 9. Progrès génétique pour le groupe IV**

Caractères	M*	M	S	M'	R	h <sup>2</sup>
Taille	152,5	73,07	79,43	76,63	3,56	0,04
Fleur	80,5	31,8	48,7	39,37	7,56	0,16
Fruit	70; 5	18,9	51,6	20,3	1,4	0,03
Poids	24,18	14,67	10,08	15,41	0,74	0,07

La lecture du tableau 9 révèle que les réponses à la sélection (R) pour les caractères économiques retenus sont de (3,56 cm de taille), (7,56 fleurs), (1,4 fruits), (0,74 g) respectivement pour la taille de plants, pour le nombre de fleurs, pour le nombre de fruits et pour le poids de fruits. La valeur de l'héritabilité au sens étroit est plus grande pour la taille et très faible pour les autres caractères.

**Tableau 10. Progrès génétique pour le groupe IX**

Caractères	M*	M	S	M'	R	h <sup>2</sup>
Taille	120,5	77,13	43,37	120,33	43,19	1,00
Fleur	67	27,33	39,67	32,53	5,20	0,13
Fruit	43	17,43	25,57	19,83	2,40	0,09
Poids	35,18	21,95	13,23	22,80	4,67	0,06

Il ressort de l'analyse de ce tableau 10 que les réponses à la sélection sont de (43,19cm) pour la taille de plantes, (5,20 fleurs), (2,40 fruits) et (4,67 g) pour le poids de baies. Les valeurs de l'héritabilité (h<sup>2</sup>) sont très faibles pour l'ensemble de caractères d'intérêt économique excepté la taille de plantes (h<sup>2</sup>= 1).

**Tableau 11. Progrès génétique pour le groupe X**

Caractères	M*	M	S	M'	R	h <sup>2</sup>
Taille	116	74,03	41,97	97,47	23,43	0,56
Fleur	77,00	31,83	45,17	52,30	20,47	0,45
Fruit	67,33	20,73	46,60	45,07	9,33	0,52
Poids	32,28	18,38	13,90	24,05	5,67	0,41

Il se dégage de ce tableau 11 que les réponses après une génération de sélection sont de (23,43 cm) pour la taille, (20,47 fleurs), (9,33 fruits) et de (5,67 g) pour le poids de fruits. Les coefficients d'héritabilité (h<sup>2</sup>) au sens restreint sont élevés pour l'ensemble de caractères économiques.

**Tableau 12. Progrès génétique pour le groupe XI**

Caractères	M*	M	S	M'	R	h <sup>2</sup>
Taille	168,25	134,27	33,98	136,77	2,50	0,07
Fleur	61,00	31,47	29,53	31,77	0,30	0,01
Fruit	47,50	22,13	25,37	22,56	0,43	0,02
Poids	29,47	17,28	12,18	18,13	0,85	0,07

Les données inscrites dans ce tableau 12 révèlent que les progrès réalisés sont de (2,50cm) pour la hauteur de plants (0,30fleurs), (0,43fruits) et (0,85 g) pour le poids de baies. Les coefficients d'héritabilité au sens étroit varient de 0,01 (pour le nombre de fleur) à 0,07 (pour la hauteur de plants et le poids de fruit).

**Tableau 13. Réponse à la sélection pour le groupe XII**

Caractères	M*	M	S	M'	R	h <sup>2</sup>
Taille	166,00	126,17	39,83	130,93	3,97	0,10
Fleur	95,00	36,23	58,77	50,93	14,70	0,25
Fruit	68,25	11,21	48,52	26,67	6,93	0,14
Poids	16,25	11,281	5,04	15,89	4,67	0,93

L'observation de ce tableau 13 démontre que les progrès génétiques réalisés à la F3/G12 sont de (3,97 cm), (14,70 fleurs), (6,93 fruits) et (4,67g) respectivement pour la hauteur de plants, le nombre de fleurs, le nombre de fruits et le poids de fruits. Les coefficients d'héritabilité sont faibles pour l'ensemble de caractères excepté pour le poids de fruit (h<sup>2</sup>= 0,93).

**Tableau 14. Gain génétique pour le groupe XIV**

Caractères	M*	M	S	M'	R	h <sup>2</sup>
Taille	92,86	63,77	29,09	79,07	15,30	0,53
Fleur	40	20,87	19,13	38,13	17,27	0,90
Fruit	30	12,60	17,40	22,03	9,43	0,54
Poids	35,54	18,55	16,98	35,19	16,64	0,98

Il ressort de l'observation du tableau 14 que le gain génétique réalisé est de (15,30 cm) pour la hauteur de plants, (17,27 fleurs), de 3,43 fruits et de 16,64g pour le poids de baies. Les valeurs de coefficients d'héritabilité (h<sup>2</sup>) sont élevées pour l'ensemble de caractères économiques. De tous ces caractères, seul le poids de fruits a une plus grande valeur de l'héritabilité au sens étroit (h<sup>2</sup>: 0,98).

L'observation de résultats de tableaux 9 à 14 montre que les valeurs de l'héritabilité au sens étroit (h<sup>2</sup>) se retrouvent dans les valeurs de la littérature [19; 22; 23; 24]. Ces valeurs indiquent la proportion de la variance phénotypique due aux seuls

aspects additifs de la variance génotypique. L'héritabilité au sens étroit,  $h^2$ , donne une prédiction plus fiable de la réponse à la sélection que l'héritabilité au sens large,  $H^2$  [19; 22; 23; 24].

Les valeurs de l'héritabilité au sens étroit expliquent la transmission génétique de ces caractères quantitatifs dus essentiellement aux effets additifs des gènes, seuls transmissibles [19; 22; 23; 24].

Les estimations de l'héritabilité sont utilisées pour la sélection de la tomate afin d'identifier comment cette population réagit à la sélection artificielle pour chaque caractère quantitatif. Ces estimations révèlent que les groupes F2/G10 et F2/G14 présentent des valeurs d'héritabilité au sens étroit élevées pour les caractères économiques. Par contre, les valeurs d'héritabilité sont faibles pour les restes de groupes.

L'ensemble de résultats relatifs à la différentielle de sélection pour tous les groupes démontre que la différentielle de sélection est supérieure à la réponse à la sélection. La réponse à la sélection pour tous les caractères est faible que la différentielle de sélection parce qu'une partie seulement des effets qui causent les hautes valeurs des caractères des parents sont héréditaires, et une partie seulement de la composante héréditaire est retrouvée dans la descendance: la composante additive.

## 5 CONCLUSION

Les résultats relatifs à l'essai d'hybridation montrent que les formes violettes ont été plus compatibles avec les variétés étrangères Roma et Makis que les formes rouges. Les variétés locales ont été aussi compatibles entre elles. Le taux de réussite de croisement est de 50 %. Les meilleurs croisements ont été ALR X Roma, APV x RV, ALV x Roma, Roma x APV et APV x APR (100 %), RR x ALV, Makis x ALV, APV x Makis, Roma x RV et APR x APV (85,7 %), Roma x RV et ALR x APV (71,4 %). Les hybridations les moins bonnes ont été ALV x RR, RR x ALV, APR x RV, APV x ALR, Roma x RR, Roma x APV, APV x ALR et APV x RR (0 %). Ces résultats confirment partiellement l'hypothèse en rapport avec l'hybridation entre les variétés locales et étrangères est inter compatible.

La transmission de caractères qualitatifs montre que la couleur rouge domine la couleur violette. Le caractère forme rond est dominant et celui de la forme aplatie est récessif. Cependant le croisement des plants à fruits allongés avec les plants à fruits aplatis produisent des hybrides à fruits ronds. Ces deux caractères sont codominants et le caractère rond qui en résulte est intermédiaire. L'ensemble de ces résultats montrent que le croisement entre deux lignées pures non apparentées ont produit un ensemble d'individus identiques entre eux, mais différents des deux parents et fortement hétérozygotes.

L'héritabilité au sens large de la taille varie de 0,43 (pour le groupe F2/G7) à 0,71 (pour les groupes F2/G9 et F2/G14). Les groupes F2/G10 et F2/G14 possèdent les valeurs les plus élevées des héritabilités au sens large pour les caractères nombre de fleurs, nombre de fruits et poids de fruits, qui sont intéressants dans le cadre de cette étude.

Nous suggérons ce qui suit:

- L'évaluation des hybrides F1 et de leurs parents.
- Analyse génétique des hybrides (F2, F3, F4, F5 et F6) et sélection des génotypes nouveaux.
- Poursuivre l'évolution des caractères quantitatifs au cours des générations successives pour les quatorze groupes des hybrides.
- Poursuivre la sélection génétique des lignées, les plus performantes sur base des critères de sélection à savoir la taille de plants de tomate, le nombre de fruits et le poids de fruits.
- Caractérisation agronomique et évaluation de génotypes nouveaux.
- Evaluer les génotypes nouveaux par rapport aux parents respectifs.
- Faire la caractérisation chimique et organoleptique de génotypes nouveaux.

## REFERENCES

- [1] Duffé P., 2003. Caractérisation de QTL liés à la qualité de la tomate par recherche de colocalisations avec des gènes de fonction connue, mémoire, inéd. Ecole pratique des hautes études, Sciences de la Vie et de la Terre, 43 P.
- [2] Ranc N., 2010. Analyse du polymorphisme moléculaire de gènes de composantes de la qualité des fruits dans les ressources génétiques sauvages et cultivées de tomate; recherche d'associations gènes/QTL, Thèse de doctorat, Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Montpellier, 261P.
- [3] Massot C., 2010. Analyse des variations de la teneur en vitamine C dans le fruit de tomate et rôle de l'environnement lumineux, thèse de doctorat, Université D'Avignon et des Pays de Vaucluse, 192 P.

- [4] Murray, Bender, Bothan, Kennelly, Rodwell, Weil, 2011. Biochimie, 4e édition. édition De Boeck Université. PP 467-485.
- [5] Gallais A., 1990. Théorie de la sélection en amélioration des plantes. Ed. Masson. 588 p.
- [6] Rick C.P., 1978. The tomato, In Scientific American vol 239, n° 2, Pp 66-76.
- [7] FAO, sd. Valorisons la diversité de la nature, 24 p.
- [8] Bouharmont J., 1981. Amélioration des plantes. Université Catholique de Louvain, Louvain-la-neuve, Belgique. pp 56-92.
- [9] Causse M., Chaib J., Lecomte L., Buret M., Hospital F., 2007. Both additivity and epistasis control the genetic variation for fruit quality traits in tomato. Theor Appl Genet 115, pp 429-442.
- [10] Bai Y. and Lindhout P., 2007. Domestication and Breeding of Tomatoes: What have we gained and what can we gain in the future? Ann Bot 100, pp 1085-1094.
- [11] Rick C.M., 1976. Tomato, in: Simmonds N.W. (éd.), Evolution of crop plants, Longman Group, London, UK, Pp 268-273.
- [12] Grimblay P. E., 1981. Variation in the cytoplasm of wild and cultivated tomatoes. In génétique et sélection de la tomate, INRA, pp 229-233.
- [13] Saccardo F., Ancora G., Sree K., Ramulu, 1981. Transfer of useful characters from *Lycopersicon peruvianum* to *L. esculentum*. In génétique sélection de la tomate, INRA, pp 235-242.
- [14] Beckmann J.S., Soller M., 1986. Restriction fragment length polymorphisms and genetic improvement of agricultural species. Euphytica; 35: pp11-24.
- [15] Tam S.M., Faurobert, Pawlowski T., Garchery C., Burck H., Mhiri, C., Causse M., Grandbastien M-A., 2006. Caractérisation de la diversité génétique chez la tomate in Les Actes du BRG 6, pp 81-96.
- [16] Tam S.M., Mhiri C., Vogelaar A., Kerkeveld M., Pearce S., Grand Bastien M.A, 2005. Comparative analyses of genetic diversities within tomato and pepper collectons detected by retrotransposorous based SSAP, AFLP and SSR. Theor. Appl. Genet.11. pp 819-831.
- [17] Lozano R., Giménez E., Cara B., Capel J., Angosto T., 2009. Genetic analysis of reproductive development in tomato Int. J. Dev. Biol 53, pp 1635 – 1648.
- [18] Gueorguiev H., Atanassova B., 1981: New opportunities for using male sterility in the tomato. In génétique et sélection de la tomate, INRA, pp 221 – 223.
- [19] Klug W., Cummings M., Spencer C., 2006. Génétique, 8ème édition. Nouveaux Horizons.704p.
- [20] Clarissia R.M. et Christian., 2009. Amélioration génétique de la tomate (*Lycopersicon* spp.) inéd. Ecole supérieure des sciences Agronomique, 17P.
- [21] Buysse W., Stern, R. et Coe R., 2004. Genstat Edition Discovery pour usage quotidien, 4ème édition, traduit de l'anglais par Amini Mutanganda. ICRAF Nairobi, Kenya. 122p.
- [22] Stansfield W.D., 1986. Génétique, 2ème édition. ISBN: 2-7042-1126-6, Paris. 384 P.
- [23] Lints F., 1987. Génétique, éd. Technique et documentations, Paris, 580p.
- [24] Hartl DL. and Jones EW., 1999. Essential Genetics, Second Edition Copyright By Jones and Bartlett Publishers, 552 P.
- [25] Verrier E., Brabant P., Gallais A. 2001. Faits et Concepts de base en génétique quantitative, module de biologie populations et peuplements, notes de cours inéd. Institut National Agronomique paris-Grignon, 132 P.
- [26] Moftah, 2006. Caractérisation fonctionnelle de la GDP-D-Mannose-3,5-Epimerase et Galactono-1,4-Lactone déshydrogénase, enzymes de la voie de biosynthèse de la vitamine c chez la tomate, thèse de doctorat, Université Bordeaux 1, 201 P.
- [27] Lokonga O., 2008. Caractérisation de la diversité génétique et fertilité pollinique in vitro des tomates (*Lycopersicon esculentum* Mill) de la région de Kisangani (R.D CONGO), DEA, inéd. Unikis 63 P.
- [28] Lokonga O., Dhed'a D., Bosobi M., 2008. Etude de la variabilité génétique chez la tomate locale (*Lycopersicon esculentum* Mill) à Kisangani in annales de la faculté des Sciences, volume 13.
- [29] Pitrat M. et Causse M., 2002. Utilisation d'outils génomiques dans les programmes d'amélioration des plantes. Quelques exemples chez les plantes maraichères. Colloque « L'amélioration des plantes, continuités et ruptures », Montpellier, 7 P.
- [30] Conti S., Leoni C., Monti L.M., Silverstri G.P., 1981. Une méthode d'évaluation de la tomate de conserve. In génétique et sélection de la tomate, INRA, pp 65 – 74.
- [31] Fagbohoun O. et Kiki D., 1999. Aperçu sur les principales variétés de tomate locales cultivées dans le sud du Bénin. Bulletin de la recherche agronomique du Bénin, 24, 10-21 INRAB, Cotonou, République du Bénin.
- [32] Dossou J., Soule I., Montcho M., 2007. Evaluation des caractéristiques physico-chimiques et Sensorielles de la purée de tomate locale produite à petite échelle au Bénin in Tropicultura 25, 2, pp 119-125.
- [33] Tarchoun N., Chalbi, H., Harzallah H., 1993. Etude de la viabilité des gamètes et sélection de lignées pour la nouaison à haute température chez la tomate de saison (*Lycopersicon esculentum*) en tunisie Ed. AUPELF-UREF. John Libbey Eurotext, paris, pp 271- 281.
- [34] Nuez F., Tarrega J., 1981. Indices de précocité en relation avec les rendements chez la tomate. In génétique sélection de la tomate, INRA, pp 45 -55.

- [35] Palomares G., Cuartero J., Balasch S., Nuez F., 1981. L'éclatement du fruit de la tomate en serre et au plein champ I – Comparaisons phénotypiques et modalités d'hérédité. In génétique sélection de la tomate, INRA, pp 79 – 89.
- [36] Pesson et Louveaux, 1984. Pollinisation et production végétale INRA, Paris, France, pp 445-450.
- [37] Rick C.M., 1986. Germplasm resources in the wild tomato species. Acta Horticulturae, N°190.
- [38] Maisonneuve et Den nijs, 1984. In vitro pollen germination and tube growth of tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill) and its relation with plant growth. Biomedical and life sciences. Euphytica, springer Netherlands, Vol33, pp 833-840.
- [39] Scarlat A., 1978. Temperature depend pollen and pollen tube elongation in some culture plants. Ann. Univ. Bucuresti. S. Biologie, Annul. XXVII, pp 83-88.
- [40] Semel Y., Nissenbaum J., Menda N., Zinder M., Krieger U., Issman N., Plebant., Lippman Z., Gur A., Zamir D., 2006. Overdominant quantitative trait loci for yield and fitness in tomato. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 103, pp 12981-12986.
- [41] Seymour G., Poole M., Manning K., King G.J., 2008. Genetics and epigenetics of fruit development and ripening. Current Opinion in Plant Biology 11, pp 58-63.
- [42] Srivastava A. and Handa A.K., 2005. Hormonal regulation of tomato fruit development: a molecular perspective. Journal of Plant Growth Regulation 24, pp 67-82.
- [43] Stevens R., Bouzayen M., Causse M., Etienne C., Rothan C., 2007. Tomato a model plant for Solanaceae genomics, functional plant genomics, éditeurs: J.F. Morot-gandry, plea, J.F. Briat, Science publishers (USA), 708 P.
- [44] Taylor L.P. and Hepler P.K., 1997. Pollen germination and tube growth. Annual Review Of thaliana male-sterile mutants. Sexual Plant Reproduction 11 (6), pp 297-322.
- [45] Viron N., 2010. Identification et validation de nouveaux gènes candidats impliqués dans la régulation du développement du fruit de tomate, thèse inédite, université de Bordeaux 1, 124 p.
- [46] Zahra A., 2002. Altération de l'expression génétique de la tomate (*lycopersicon esculentum*) par transfert de gènes induits par la sécheresse chez *Lycopersicon Chilense*, thèse de doctorat, Université du Québec à Montréal pp 1-78.
- [47] Tam S.M., Mhiri C., Vogelaar A., Kerkeveld M., Pearce S., Grand Bastien M.A., 2005. Comparative analyses of genetic diversities within tomato and pepper collections detected by retrotransposon based SSAP, AFLP and SSR. Theor. Appl. Genet. 11. pp 819-831.
- [48] Tanksley S.D., 2004. The Genetic, Developmental, and Molecular Bases of Fruit Size and Shape Variation in Tomato. Plant Cell 16, pp181-189.
- [49] Lokonga O. 2015: Essai d'hybridation entre les formes locales et variétés introduites en vue de l'obtention de génotypes nouveaux de tomate (*Solanum lycopersicum L.*) adaptés aux conditions écologiques de la région de Kisangani (R.D.Congo), Thèse de doctorat, Unikis, 335p.
- [50] Lambeth V.N. 1974. Utilization of exotic tomato germplasm in breeding for fruit quality attributes. Genetics and bred. Tomatoes for proc., Bari, p.68-80.
- [51] Rick C.M., 1990. Perspectives from plant genetics: the Tomato Genetics stock Center. In Genetic resources at risk: Scientific issues, technologies and funding policies. Berkeley, Etats-unis, University of California, 11p.
- [52] Tam S.M., Causse M., Garchery C., Burk H., Mhiri C., Grandbastien M.A., sd. The distribution of copia-type retrotransposon and evolutionary history of tomato and related wild species, J., evolution. Biol., in revision.
- [53] Greensil, T.M., 1994. Garden in tropics London. pp 27-30.
- [54] De Leener et Dupriez H., 1983. Agriculture tropicale en milieu paysan africain. Editions terres et vie, Belgique. pp 102-155.
- [55] Campbell N.A. et Reece J.B., 2004: Biologie, 2e, éd. Pearson Education, 1364p.