INRAE

Colloque « L'avenir des filières semences de légumineuses »

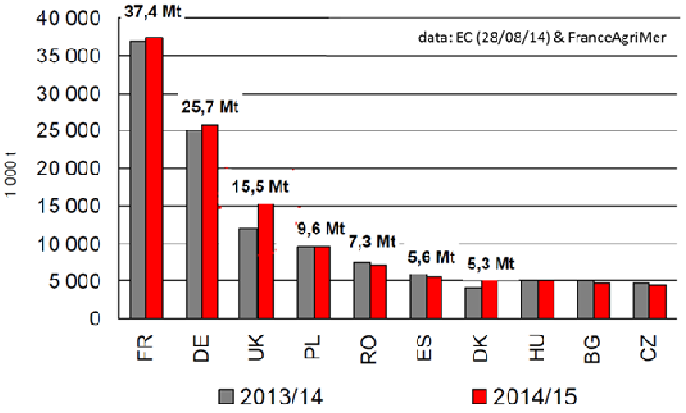
PIA BreedWheat : Développer de nouvelles variétés de blé pour une agriculture durable: une approche intégrée de la génomique à la sélection

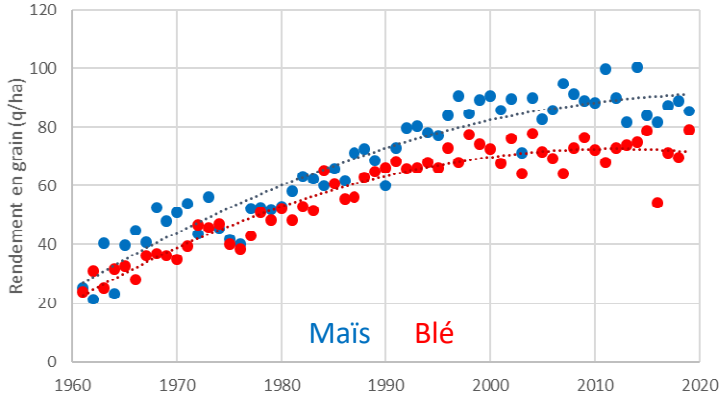
Jacques Le Gouis, INRAE, Université Clermont-Auvergne

Breed wheat

Contexte

- Production de l'ordre de 37Mt sur 5.3Mha
- Environ 50% exportés (importance % protéines)
- Utilisation principalement après transformation (panification)
- Blé d'hiver – Lignées pures
- Rendements élevés et stables en France reposant sur forte intensification
  - En moyenne : 6.3 traitements, 162 kg N / ha
  - Agriculture Biologique (2%) en augmentation
- Stagnation des rendements depuis la fin des années 1990
- Attribuée pour une large part au changement climatique (Brisson et al 2010):
  - Progrès génétique semble maintenu (0.5-0.6 q/ha/an)
  - Sécheresse durant la montaison – fortes températures durant le remplissage du grain
  - Mais aussi à la baisse des précédents légumineuses





Le partenariat BreedWheat

15 laboratoires de recherche publique

Centre INRAE Rhône-Alpes-Auvergne
UMR GDEC (INRAE-Univ. Clermont-Auvergne)
UMR GAEL (INRAE-UPMF)

Centre INRAE Angers-Nantes
UPR BIA (INRAE)

Centre INRAE Versailles-Grignon
US EPGV (INRAE)
URGI (INRAE)
UMR BIOGER-CPP (INRAE-AgroParisTech)
UMR ECOSYS (INRAE-AgroParisTech)
UMR Agronomie (INRAE-AgroParisTech)
UMR GQE (INRAE-Univ.Paris Sud-CNRS-AgroParisTech)
UMR SADAPT (INRAE-AgroParisTech)

Centre INRAE Bordeaux
UMR BFP (INRAE-Univ. Bordeaux I&II)

Centre INRAE Toulouse
UPR CNRGV (INRA)

Centre INRAE PACA
UMR EMMAH (INRAE-Université d'Avignon)

Le LIMOS (Université Clermont-Auvergne)

GEVES (Groupe d'Etude et de contrôle des Variétés Et des Semences)

1 institut technique

ARVALIS – Institut du végétal

1 pôle de compétitivité

Végépolys Valley

1 société de gestion de projet et de transfert de technologies

INRAE Transfert

10 sociétés privées

Agri-Obtentions
BASF
Biogemma
Caussade Semences
Florimond Desprez
Limagrain Europe
KWS Momont
RAGT 2n
SECOBRA Recherches
Syngenta

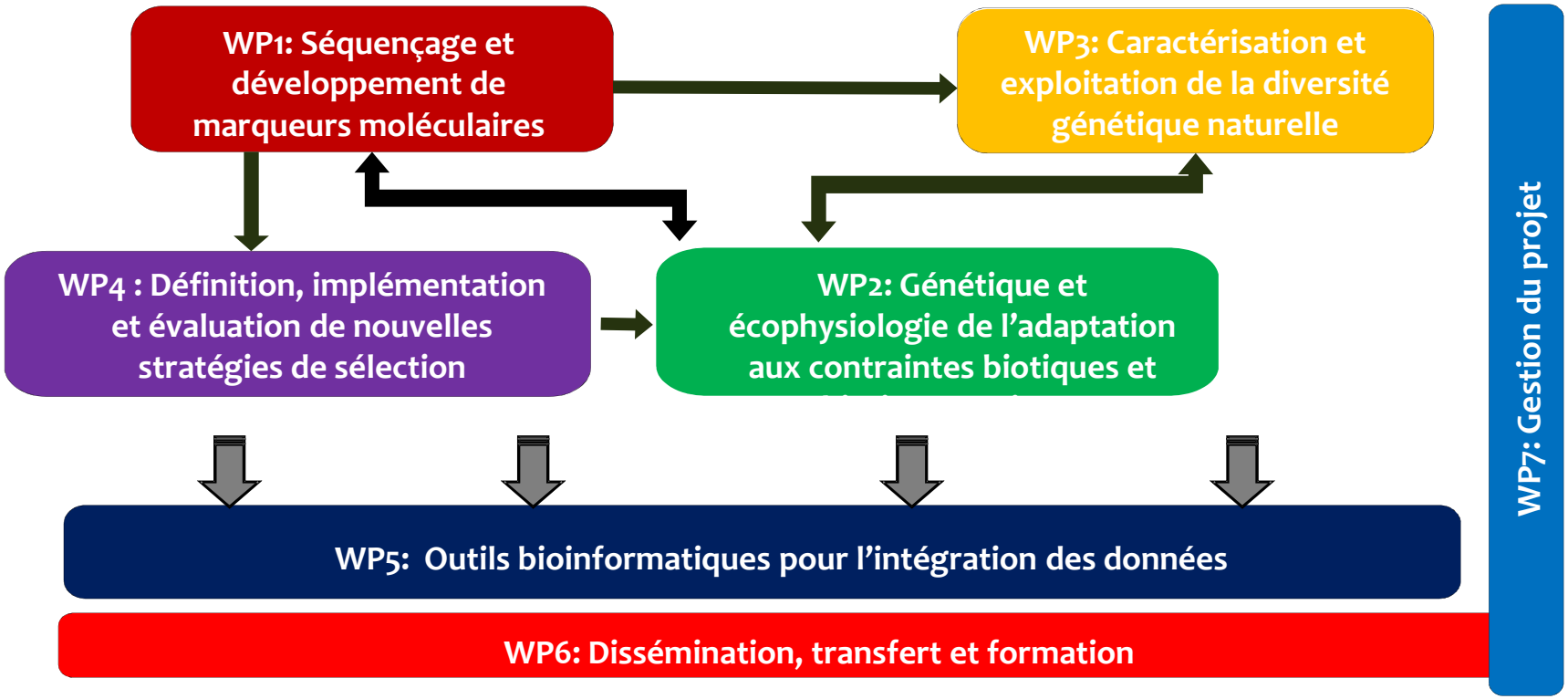
Objectifs

Combiner les nouvelles méthodes de génotypage et de phénotypage pour:

- (1) identifier les bases génétiques et écophysiologiques de caractères clés pour l'amélioration du blé,
- (2) accroitre et faciliter l'utilisation des ressources génétiques, et
- (3) développer et appliquer de nouvelles méthodes de sélection

afin de sélectionner des variétés de blé améliorées qui correspondent aux besoins des sélectionneurs, des producteurs et des consommateurs pour maintenir une production compétitive et durable

Structure du projet

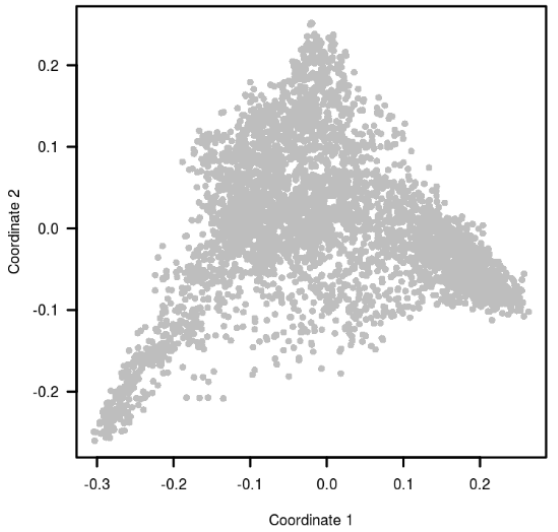


Développement d'outils moléculaires

- Participation au consortium de séquençage du génome (IWGSC, 2018)
- Puce de génotypage (Affymetrix Axiom)
- Permet de caractériser la séquence de l'ADN à différents endroits du génome (GWAS, AB-QTL)
- Permet d'analyser la variabilité génétique et comparer des variétés entre elles

Une puce de génotypage de 423 000 marqueurs

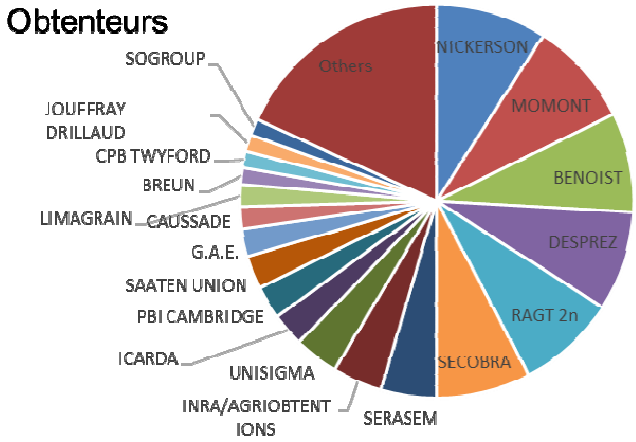
Analyse de la variabilité génétique mondiale

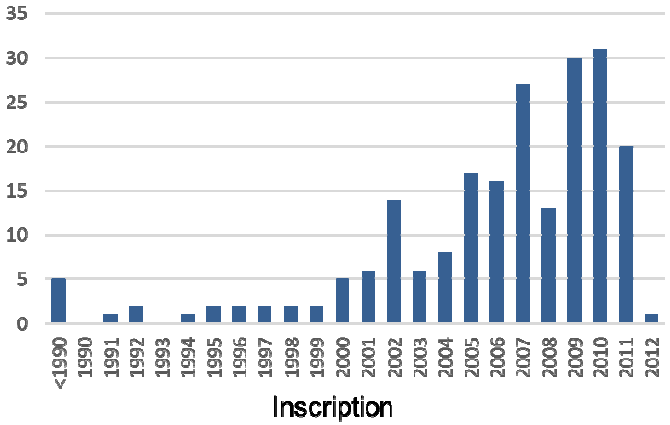


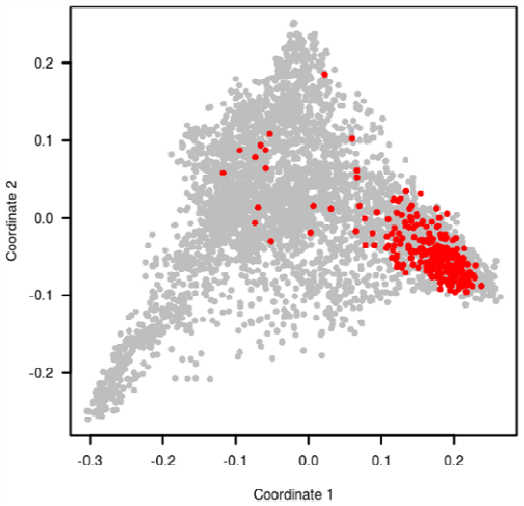
E. Paux *et al.*, Rimbert *et al*. 2018

Caractérisation des ressources élites

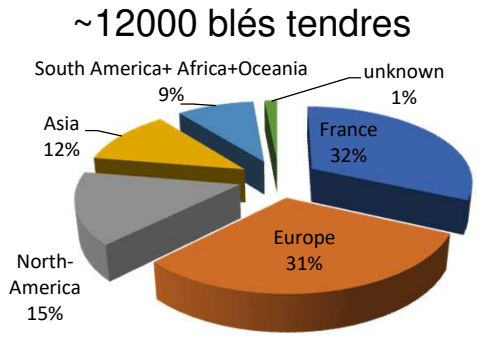
BWP2 panel élite (220)

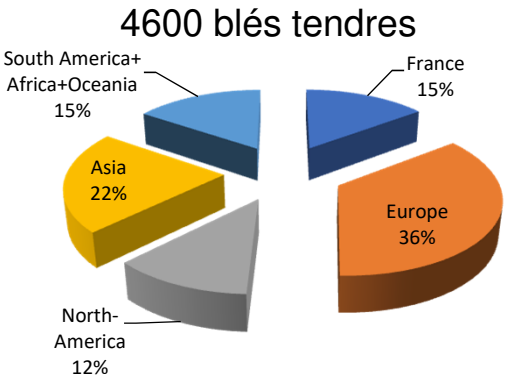


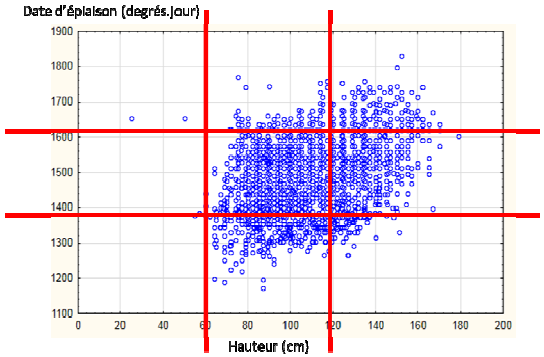




Caractérisation des ressources génétiques



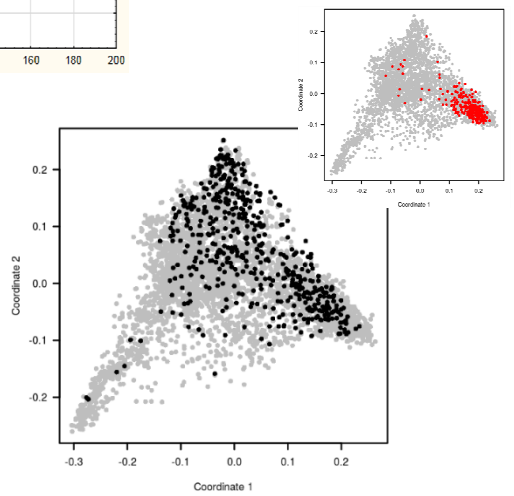




Sélection pour adaptation « agronomique »

BWP3 panel de diversité (450)

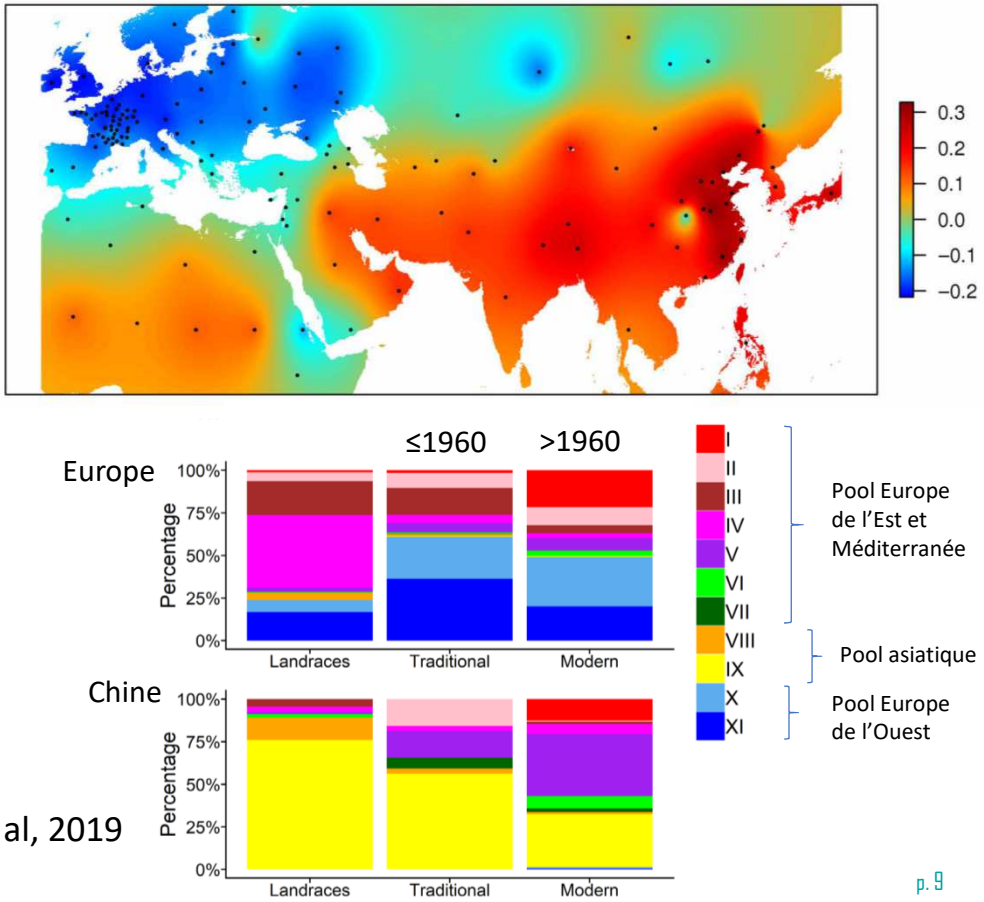
En cours de caractérisation (FSOV ExIGE, FSOV Débat)



F. Balfourier et al., CRB INRAE Clermont-Ferrand

Diversité et exploitation des landraces

- Analyse de la diversité de 632 landraces
  - 2 pôles de diversification (axe 1 ACoP) : Europe et Asie
  - À partir du Croissant Fertile
- Analyse de la diversité de 4403 accessions
  - Faible utilisation de la diversité asiatique en Chine
  - Très faible utilisation en Europe
- Réserve de diversité à introduire dans les programmes de sélection



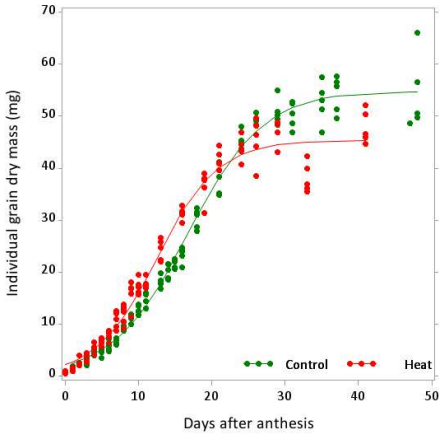
Balfourier et al, 2019

Adaptation aux contraintes biotiques et abiotiques

- Contrainte thermique
- Contrainte hydrique
- Contrainte azotée / soufrée
- Contraintes biotiques (fusariose, septorios

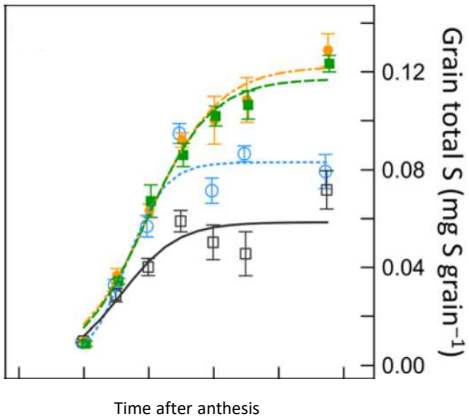
- Analyse de l'impact:
  - Sur le rendement
  - Sur la concentration et la composition en protéines

Contrainte thermique



Girousse *et al.* 2019

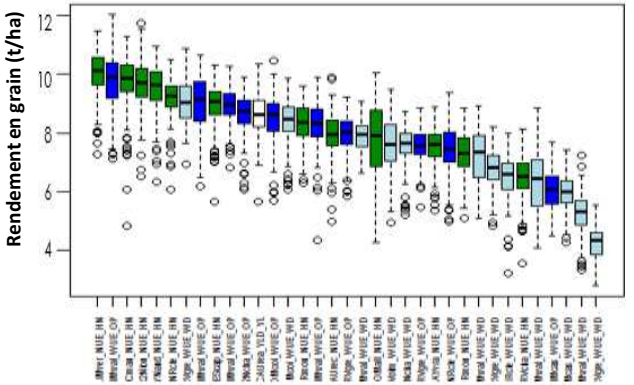
Contrainte soufrée



Bonnot *et al.* 2017

Caractérisation fine des environnements

Panel élite testé dans 25 environnements (niveaux eau et azote contrastés)

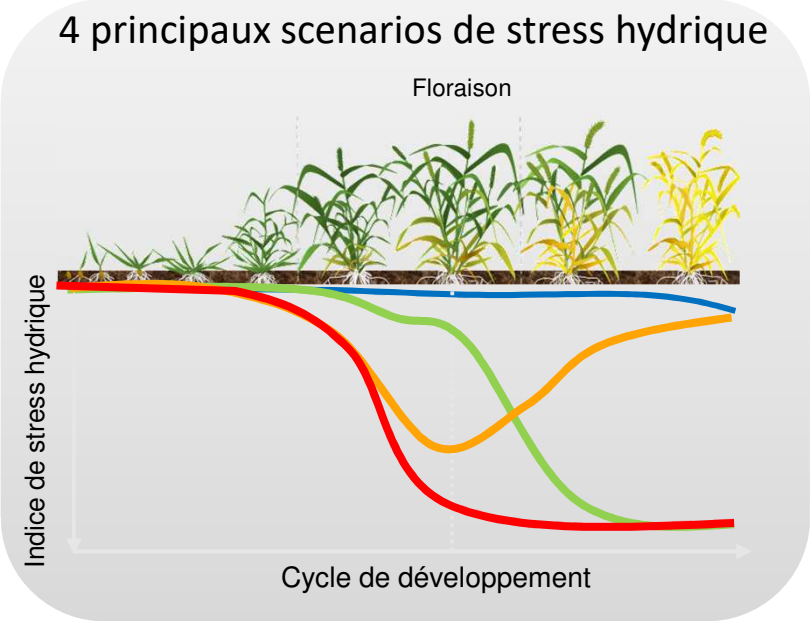


Envirotypage à l'aide d'un modèle de culture

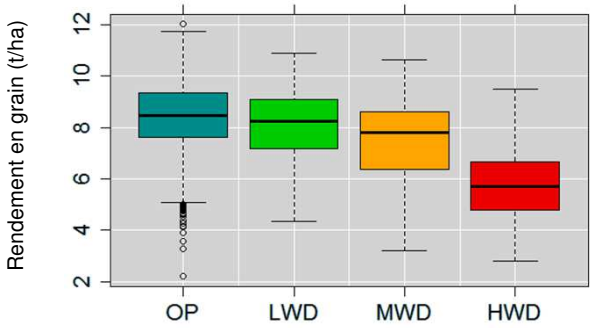
Permet de définir pour chaque environnement la période et l'intensité du stress

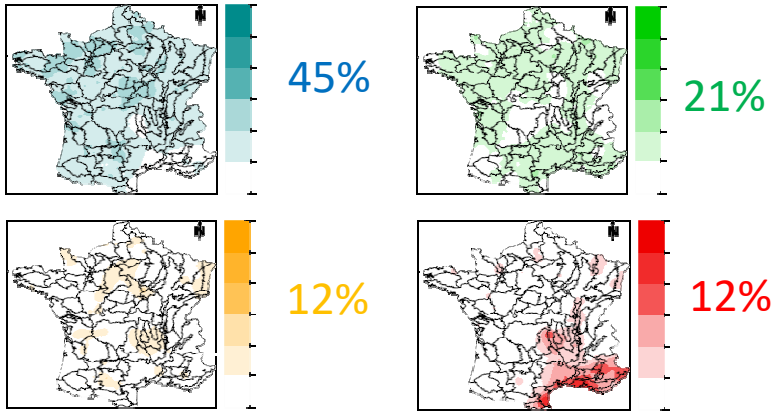
Touzy *et al*. 2019; Mini et al. (in prep)

Classification des environnements



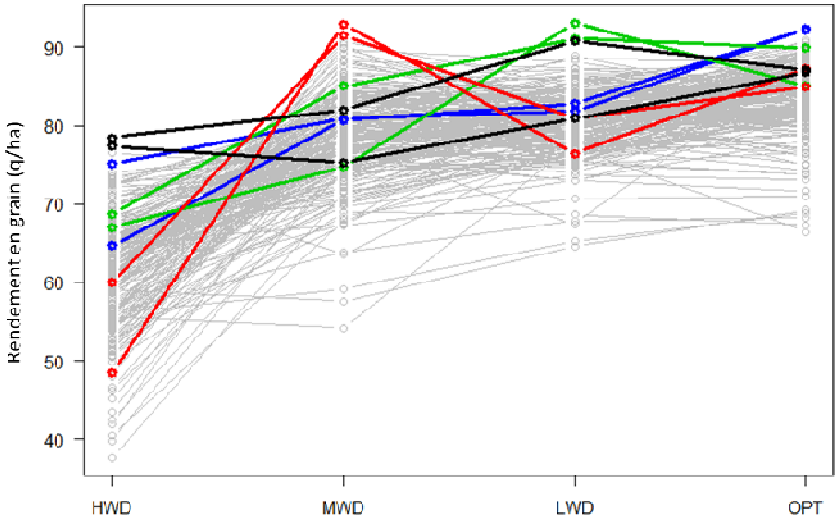
Touzy *et al*. 2019



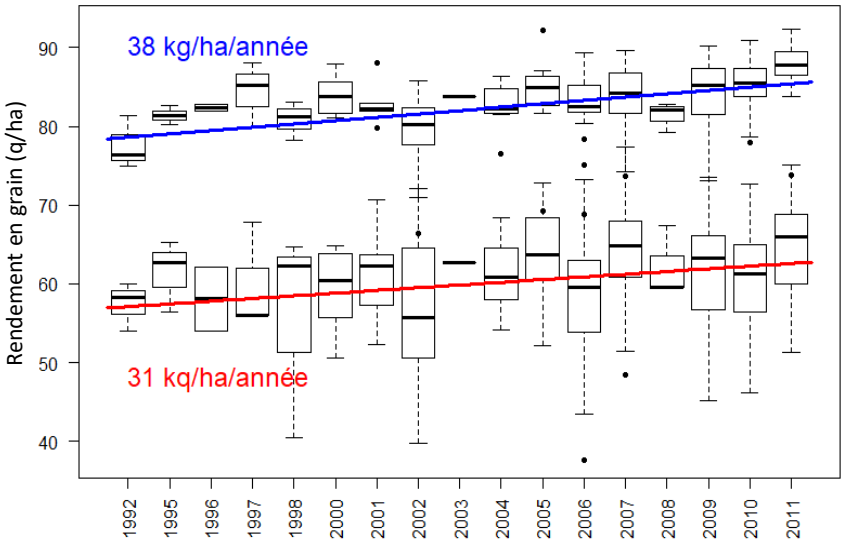


Moyenne sur les 20 dernières années

Variabilité génétique



Classification des variétés par scénario de stress hydrique

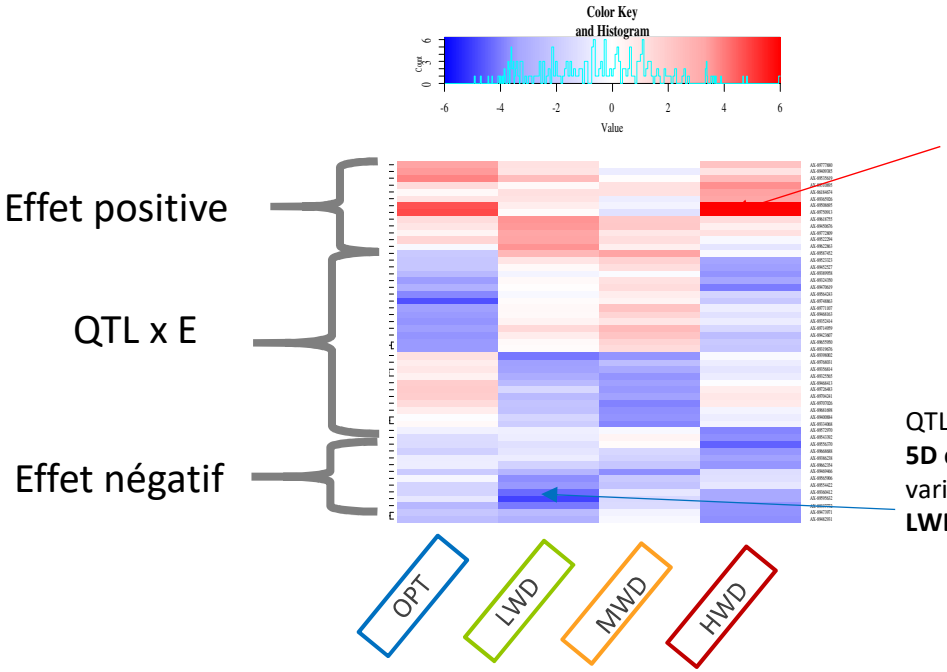


Estimation du progrès génétique par scénario de stress hydrique

Touzy *et al*. 2019

Génétique d'association

Effet de l'allèle minoritaire (q/ha)



QTL sur le chromosome **2B** explique **15%** de la variance phénotypique en **HWD** et **10%** en **OPT**

QTL sur le chromosome **5D** explique **10%** de la variance phénotypique en **LWD**

Touzy *et al*. 2019

Conclusions

Avancées importantes dans la connaissance

- De la diversité génétique
- De la construction du phénotype en réponse aux facteurs environnementaux (biotiques et abiotiques)

Transfert vers l'application

- Matériels génétiques caractérisés (panels et populations)
- Matrice de génotypage
- Jeu de données phénotypiques
- Régions associées et marqueurs moléculaires liés
- Chaine de prédiction génomique

Perspectives

- Maintenir la cohésion des communautés
- Exploiter les résultats en sélection
- Des actions complémentaires
  - Trois projets FSOV complètent la caractérisation du panel de diversité
    - DéBAT : pan-transcriptome
    - ExIGE : analyse des interactions G x E
    - QualiBlés : valeur nutritionelles
  - D'autres projets utilisent les données de génotypage / phénotypage
    - H2020 SolACE, FSOV HeatWheat, FSOV ArchiRac…
- Des pistes de recherche
  - Élargir les cibles (virus, insectes, adventices, microbiome…)
  - Travailler sur la recombinaison, la biologie florale…

Remerciements

- Ensemble des partenaires et collègues impliqués
- INRAE Transfert pour l'accompagnement
- ANR (ANR-10-BTBR-03), FranceAgrimer et FSOV pour les financements