

# Genomalt

## Sélection génomique pour prédire rendement et qualité brassicole en orge d'hiver six rangs.



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
11 avril 2017	36 mois (3 ans)	563 268 €	324 250 € (58 %)

► **Mots clefs** : Escourgeon / Maltage / NIRS / Prédiction génomique / Génotypage haut-débit

### ► Résumé du programme :

L'orge d'hiver est la céréale à paille la plus cultivée en France après le blé tendre avec une surface de culture d'environ 1.2 Mha. La culture de l'orge d'hiver 6 rangs à des fins brassicoles est une particularité française qui est grandement responsable de la compétitivité de la filière Orge-Malt-Bière en France, premier exportateur mondial de grains d'orge. La plupart des schémas de sélection variétale 6RH utilise la production d'haploïdes doublés (HD) comme méthode d'accélération. Déjà développée dans l'espèce voisine blé tendre, la sélection génomique peut rendre la création de nouvelles variétés 6RH encore plus rapide et efficace. En effet, elle permettrait de prédire des caractères importants très difficiles à mesurer sur de jeunes générations tels que la qualité brassicole, qui est notamment très coûteuse à évaluer et nécessite une grande quantité de grains. Par ailleurs, le génotypage SNP à haute densité qu'implique la sélection génomique est rendu plus facile quand appliqué sur des plantes fixées comme des HDs.

S'inscrivant dans ce contexte, ce projet FSOV a pour objectif d'évaluer le potentiel de la sélection génomique pour prédire le rendement et la qualité brassicole en 6R d'hiver. Ce projet comportera plusieurs volets, incluant : i) la mise en place d'un panel de référence de 800 orges d'hiver (variétés inscrites et lignées avancées de sélection), ii) son évaluation pour le rendement et la qualité brassicole dans un réseau d'essais multi-locaux et pluri-annuels, iii) son génotypage à l'aide d'une puce Illumina de 50 000 SNPs et iv) la calibration sur le panel de modèles de prédiction génomique développés notamment chez le blé tendre.

L'outil de prédiction mis en place permettra aux obtenteurs de sélectionner pour le rendement et la qualité brassicole plus précisément et à un stade plus précoce dans leur programme de sélection. A plus long terme, cet outil pourra également permettre d'optimiser le choix des croisements.

### ► Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Démontrer la pertinence de l'utilisation de la sélection génomique pour prédire les caractères de rendement et de qualité brassicole.
- Identifier des QTL et des gènes candidats liés aux caractères de rendement et de qualité brassicole.
- Constitution d'une base de données contenant les caractères phénotypiques et les marqueurs moléculaires SNP d'un large panel de variétés pour calibrer les modèles de sélection génomique et d'association génétique.
- Les résultats des modèles et les caractéristiques de la base de calibration (nombre d'individus, héritabilité des caractères, nombre de marqueurs...) sur les précisions des modèles et les résultats des tests d'association (significativité, effet, R<sup>2</sup>, chromosome) seront publiés.

### ► Comité de pilotage

- **Amélie GENTY** (Coordinatrice) - SECOBRA RECHERCHES
- **Christopher BURT** - RAGT 2n
- **Pierre-Marie LE ROUX** - SECOBRA RECHERCHES
- **Nathalie LEROY** - RAGT 2n
- **Marc SCHMITT** - IFBM
- **Bruno CLAUSTRES** - RAGT 2n
- **Gilles CHARMET** - INRA
- **Olivier PINAY** - FSOV

