

DéBAT

Analyse de Diversité d'un panel de pré-breeding de Blé tendre par une approche transcriptomique



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Mars 2019	36 mois (3 ans)	479 323,83 €	299 278,83 € (62%)

FsoV
FSOV 2018 M

► **Mots clefs** : Ressources génétiques / Pré-breeding / Blé tendre / Transcriptomique

► Résumé du programme :

Développer de nouvelles variétés de blé plus résistantes aux stressés biotiques et abiotiques est un défi majeur de la sélection d'aujourd'hui pour l'agriculture de demain. Pour cela, les ressources génétiques constituent un formidable réservoir de gènes et d'allèles encore largement inexploités. Dans le cadre du projet Investissements d'Avenir BreedWheat, un panel de 450 lignées issues de la diversité mondiale, complémentaires au panel élite utilisé dans le projet et adaptées à nos conditions de culture (type hiver, date d'épiaison et hauteur de plante) a été sélectionné afin d'être utilisé dans les programmes d'amélioration des partenaires. Ce panel, appelé BWP3, a fait l'objet de caractérisations au niveau moléculaire (génotypage avec environ 250 000 SNP) et phénotypique (résistance, rendement sous stress...) mais sa description reste encore sommaire, limitant son potentiel d'utilisation. Si le séquençage génomique constitue la caractérisation moléculaire ultime, il reste à l'heure actuelle une option trop coûteuse en raison de la taille du génome du blé tendre. Une alternative consiste à étudier le transcriptome, c'est-à-dire la fraction exprimée du génome, pour accéder à l'information du contenu génique d'un individu.

Dans le cadre du projet DéBAT, nous proposons donc de construire un catalogue de l'ensemble des gènes exprimés dans les lignées du panel BWP3 par la méthode de RNA-seq. Ce projet se divisera en deux volets. Dans le premier, un échantillon d'une douzaine de lignées représentatives du panel sera sélectionné sur la base de la diversité nucléotidique et des variations structurales observables. Les ARN seront extraits de quelques tissus contrastés et analysés indépendamment par RNA-seq afin de quantifier finement l'expression des gènes. Dans le second volet, les ARN seront extraits des mêmes tissus sur l'ensemble de 450 lignées du panel BWP3 et analysés là encore par RNA-seq mais par des approches qualitatives qui fourniront l'information de présence du gène mais pas de son niveau d'expression. Il sera ainsi possible de caractériser les gènes présents dans les lignées ainsi que leur diversité nucléotidique, leur niveau d'expression (soit directement, soit par inférence) et leur fonction potentielle. Les gènes absents de la référence, comme ceux issus d'introgressions d'espèces apparentées, seront cartographiés par déséquilibre de liaison. Des analyses d'association pourront

également être conduites, avec les SNP mais aussi les polymorphismes de type présence-absence.

Une meilleure description des gènes et allèles présents dans les lignées constitutives du panel BWP3, conjointement avec leur phénotypage fin dans le cadre du projet compagnon EX-IGE porté par Céline Duque ouvrira les portes d'une meilleure exploitation de ce panel en pré-breeding.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

Les principaux résultats attendus dans le cadre du projet DéBAT sont :

- Une caractérisation des lignées du panel BWP3 en termes de contenu génique.
- Un pantranscriptome du blé tendre annoté fonctionnellement.
- Une identification de loci impliqués dans le contrôle de caractères d'intérêt par analyses d'association.
- Une base de données de polymorphismes pour des futures analyses d'association.

Ces résultats pourront être valorisés sous forme de publication scientifique, à l'image de ce qui a été fait sur le maïs (Jin et al., 2016), et exploités par les sélectionneurs pour le choix des croisements en pré-breeding.

► Comité de pilotage :

- Etienne PAUX (Coordinateur) - INRA GDEC
- Sébastien PRAUD - Biogemma
- Pierre PIN - SECOBRA Recherche
- Mark DAVEY - BASF
- Jérôme AUZANNEAU - AgriObtentions
- Odile ARGILLIER - Syngenta
- Aurélie EVRARD - Florimond Desprez Veuve & Fils
- Philippe MOMONT - KWS Momont
- Sylvie DUTRIEZ - Caussade Semences
- Philippe DUFOR - RAGT 2n
- Céline DUQUE - Limagrain Europe
- Un représentant du GNIS pour le FSOV

ARVALIS
Institut du végétal

SECOBRA
Recherches

INRA
SCIENCE & IMPACT

Limagrain
Europe

RAGT
2n

biogemma

ao Agri Obtentions
Semences de l'agriculture durable

syngenta

CAUSSADE
semences

Momont
LA FORCE FERTILE

FLORIMOND
DESPREZ

BASF
The Chemical Company