

# Ex-IGE

## Evaluation multi-environnementale de blé tendre « exotique », analyses d'association et prédictions génomiques



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 <sup>er</sup> Octobre 2018	36 mois (3 ans)	483 240,36 €	309 227,51 € (64%)



► **Mots clefs :** Prédications génomiques / Valeur génétique per se / Valeur génétique en croisement / GWAS / Blé tendre / Septoriose / Fusariose / Rouille / Stress hydrique / Stress azoté / Profil protéique / Gluténines / Gliadines / Qualité boulangère

### ► Résumé du programme :

Face à l'instabilité et la stagnation des rendements en blé tendre, les sélectionneurs ont plus que jamais besoin de réintroduire de la diversité utile pour augmenter la tolérance aux stress biotiques et abiotiques et augmenter la qualité boulangère dans les programmes de sélection.

Dans le cadre du projet d'investissement d'avenir BREEDWHEAT, un panel de 4600 lignées a été génotypé avec une puce 420K SNPs. Un sous-ensemble de 450 lignées (panel BWP3) représentatives de la diversité mondiale et présentant une valeur agronomique satisfaisante (gamme de variation de hauteur de plante et de date d'épiaison compatible avec une expérimentation), a été sélectionné pour une évaluation agronomique chez 9 partenaires sélectionneurs publics et privés. Dans ce cadre, la sensibilité à la septoriose, à la fusariose ainsi que le rendement en conditions optimales mais également sous stress hydrique ou azoté ont été mesurés. Cette évaluation agronomique a été limitée à une année d'essai et deux environnements, avec trois essais « maladie » et sept essais « rendements ». Les interactions Génétique x Environnement étant très importantes chez le blé, le premier objectif est d'évaluer ces lignées deux années supplémentaires pour ces caractères, afin de constituer un modèle de prédiction des valeurs génétiques per se et en croisement. En cumulant ces données avec les données acquises dans BREEDWHEAT, il sera possible d'établir des modèles qui prennent en compte les interactions GXE.

Par ailleurs, les analyses de diversité sur ces 4600 lignées ont confirmé la présence de deux groupes génétiques distincts, les européens et les asiatiques, chacun d'entre eux présentant une diversité géographique continue. Ces analyses ont également montré que la diversité asiatique semble très peu présente dans les lignées modernes. Le premier objectif est d'évaluer quelques lignées asiatiques pour estimer leur potentiel en croisement avec les lignées européennes. Grâce aux équations de prédiction précédemment construites dans le cadre de BREEDWHEAT, les valeurs génétiques des 4600 lignées pourront être estimées pour les caractères rendement et maladies et une cinquantaine de lignées à valeur génétique élevée, et/ou issues de groupes génétiques sous-représentés dans le panel de 450 lignées, seront ajoutées au panel.

Le deuxième objectif est d'évaluer ces 500 lignées pour établir des modèles de prédiction des croisements qui maximisent le gain génétique pour le rendement. Le troisième objectif est d'identifier de nouveaux allèles ou des recombinants intéressants pour la qualité boulangère. Pour ceci, un séquençage des six gènes de gluténine de haut poids moléculaire chez les 500 lignées est proposé, ainsi qu'un dosage des gluténines et gliadines et une mesure des variables d'alvéographe pour un échantillon de 50 lignées représentatives des différentes classes de gluténines. Notons qu'un projet compagnon (FSOV 2018 DÉBAT mené par E. PAUX) est soumis, visant à caractériser la diversité des lignées du panel de diversité

BWP3 par une approche transcriptomique afin de faciliter leur exploitation dans les programmes de sélection.

### ► Perspectives de résultats ou de valorisation :

#### Délivrables :

- Résultats bruts issus du phénotypage de 500 lignées du panel de diversité BWP3 augmenté pour deux années consécutives et sous différents environnements biotiques et abiotiques.
- Liste de QTLs et d'allèles favorables estimés lieu par lieu et pour chaque condition expérimentale, ou en prenant en compte les interactions GxÉ.
- Valeurs génétiques des 500 lignées pour chaque lieu/modalité et valeurs de tous les croisements possibles.
- Set de marqueurs Kaspar pour la discrimination des différentes classes de gluténines de haut poids moléculaire pour assister la sélection de lignées pour qualité boulangère.

#### Valorisations :

- Prédiction des meilleurs croisements à initier dans les programmes de sélection pour différents caractères.
- Utilisation optimisée des ressources génétiques dans les programmes de sélection par les sélectionneurs dans le cadre de Pré-Breeding.
- Evaluation exhaustive des allèles de gluténines pour la qualité boulangère, en regard des dosages de gluténines et des variables d'alvéographe.
- Publications dans des journaux à comité de lecture.

Les résultats générés dans le cadre de ce projet Ex-IGE pourront être utilisés gratuitement par les partenaires et leurs sociétés affiliées à des fins de recherche et de sélection variétale.

### ► Comité de pilotage :

- Céline DUQUE (Coordinateur) - LIMAGRAIN Europe
- Sophie BOUCHET - INRA GDEC
- Philippe MOMONT - KWS Momont
- Alexis OGER - SYNGENTA
- Thierry DEMARQUET - FLORIMOND DESPREZ
- Sylvie DUTRIEZ - CAUSSADE Semences
- Pascal GIRAudeau - SECOBRA
- Stéphane LAFARGE - BIOGEMMA
- Christophe MICHELET - RAGT 2n
- Un représentant du GNIS pour le FSOV

