Fonds de Soutien à l'Obtention Végétale

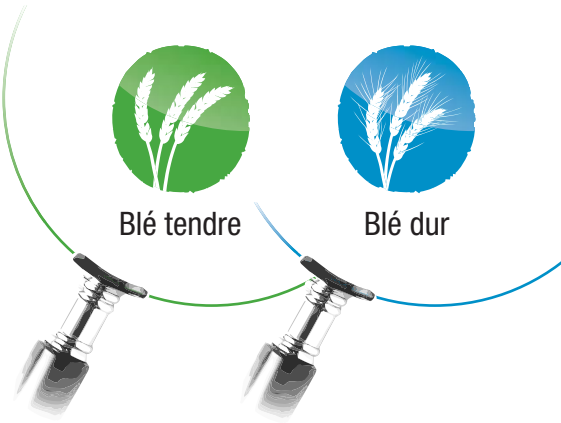
FICHES RÉSUMÉES DES PROGRAMMES DE RECHERCHE **2016**

RenKSeq	Développement d'un outil (RenKSeq) innovant de criblage de gènes à haut débit pour identifier rapidement de nouveaux gènes de résistance à la septoriose.
MOSAIC	Développement d'outils phénotypique et génotypique pour améliorer la sélection de la résistance du blé dur à deux virus des mosaïques du blé.
PadiJNO	Identification de nouvelles résistances à la jaunisse nanisante et à son vecteur, *Rhopalosiphum padi* chez le blé.
Rouille BD-T	Recherche de résistances durables à la rouille jaune chez le blé dur et le triticale.
Archirac	Analyse de la diversité d'architecture racinaire chez le blé tendre et le blé dur en lien avec la tolérance au stress hydrique
PROSYN	Apport des blés synthétiques à l'amélioration conjointe de la productivité, de la teneur en protéines et l'efficience d'utilisation de l'azote.
GIEC	Génotypes issus d'Idéotypes : Sélection assistée par marqueurs et modèles du stade Épi 1 cm pour des blés tendres adaptés au Changement Climatique.
SÉPYA	SÉlection pour la résistance à la PYriculariose et l'utilisation efficace de l'Azote.
TakeNOTAII	Caractérisation de la résistance variétale des céréales à paille au Piétin-Échaudage et prédiction du risque.
Genomalt	Sélection génomique pour prédire rendement et qualité brassicole en orge d'hiver six rangs.
JNOrge	De nouvelles résistances/tolérances contre la jaunisse nanisante chez l'orge : caractérisation et impacts épidémiologiques.
MaBrune	Marqueurs diagnostiques des résistances à la rouille brune dans le blé tendre.
Germination Hagberg	Caractérisation phénotypique et génotypique de la résistance à la germination sur pied et aux bas temps de chute de Hagberg sur blé tendre et triticale.
GlutNsafe	Vers la sélection de variétés de blés au gluten plus digestible.
GPDur	Génétique et Phénotypage du blé Dur pour l'amélioration conjointe du rendement et de la protéine.

Les fiches résumées de l'ensemble des programmes de recherche financés par le FSOV sont consultables sur le site ***fsov.org***

RenKSeq

Développement d'un outil (RenKSeq) innovant de criblage de gènes à haut débit pour identifier rapidement de nouveaux gènes de résistance à la septoriose.



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er octobre 2016	36 mois (3 ans)	428 746 €	300 000 € (70 %)

FSOV 2016 A

Mots clefs : Résistance aux maladies / Blés tendre et dur / Septorioses / RenSeq

Résumé du programme :

Même si la sélection pour la résistance à la septoriose est un enjeu majeur pour le sélectionneur, il a très peu d'outils en sa possession lui permettant de sélectionner ce caractère. En effet, seulement 21 gènes ont été identifiés (dont trois grâce au programme FSOV 2008B) et pour les autres, le programme FSOV 2010H a clairement montré que les marqueurs associés aux gènes n'étaient pas exploitables en sélection car trop éloignés de chaque gène.

Partant de cette constatation, nous avons décidé d'identifier (dans le FSOV 2012F) la séquence du gène *Stb16q* pour trouver des marqueurs parfaits. Grâce à ce programme, la séquence du gène *Stb16q* a été identifiée et nous avons découvert qu'il s'agissait d'un gène (différent des gènes de résistance de type NBS-LRR) qui code pour une protéine assignée dans les mécanismes de défense et qui doit être probablement spécifique de la septoriose du blé. Cette avancée dans la connaissance du type de gène responsable de la résistance à la septoriose nous permet maintenant de rechercher plus facilement les gènes de résistance à la septoriose par une approche gène candidat.

De plus, notre partenaire (JIC) a développé une technologie nommée RenSeq qui permet d'effectuer un criblage à haut débit de gènes candidats de type NBS-LRR sur les céréales. Ainsi, grâce à cette technologie, ils ont réussi à identifier, en quelques mois, plusieurs gènes de résistance aux rouilles alors qu'il fallait des années (voire des décennies) pour arriver au même résultat !

Par ailleurs, l'équipe de Gert Kema (PRI) a tout récemment identifié *AvrStb6*, le premier gène d'avirulence chez Z. *tritici*. Cette découverte permet d'envisager, l'utilisation de la protèine d'avirulence pour diagnostiquer la présence de *Stb6* mais également la mise en place d'une stratégie identifique pour suivre d'autres gènes majeurs de résistance à la septoriose.

Ainsi, plusieurs stratégies innovantes et complémentaires s'offrent à la communauté pour l'identification et le suivi de gènes de résistance. Dans ce projet, nous proposons de développer un outil à haut débit de type RenSeq, mais adapté à la recherche de gènes de résistance à la septoriose. Une fois développé, nous utiliserons notre outil pour identifier les gènes de résistance aux septorioses d'une lignée de blé dur et de plusieurs lignées de blé tendre de manière à fournir aux sélectionneurs de nouvelles solutions efficaces pour améliorer la résistance aux septorioses de leur matériel en sélection. En parallèle, nous proposons d'identifier plusieurs gènes *Avr* pour suivre certains gènes majeurs de résistance à la septoriose.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

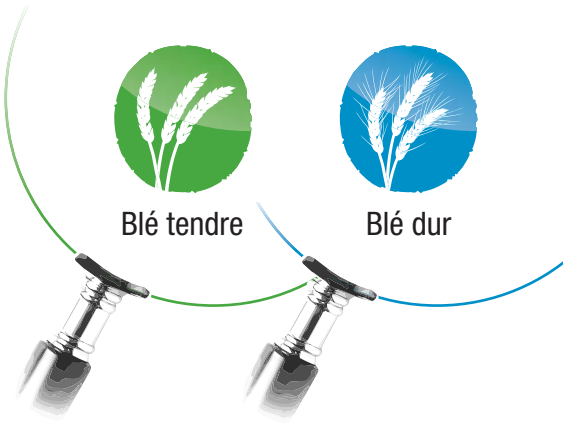
- Caractérisation du répertoire de gènes kinase du blé.
- Développement d'un outil haut débit (RenKSeq) facilitant l'identification de gènes de résistance à la septoriose.
- Production de populations EMS de lignées de blé tendre et blé dur pouvant être utilisées pour la détection de gènes de résistance (dans ce projet), mais également pour d'autres études de gènes candidats.
- Identifier la séquence d'ADN de la résistance à la septoriose dans des lignées de blé dur et le blé tendre.
- Identification de gènes conférant une sensibilité à des toxines spécifiques de l'hôte chez le blé tendre.
- Identification de marqueurs moléculaires physiquement liés aux principaux gènes *Stb* pour une utilisation en sélection.
- Identification, clonage et production d'effecteurs Z. *tritici* permettant le développement de protocoles de phénotypages rapides (basés les effecteurs), pour la résistance *Stb*.

Comité de pilotage

- **Olivier ROBERT** (Coordinateur) † - FLORIMOND DESPREZ
- **Cyrille SAINTENAC** - INRA GDEC (UMR 1095)
- **Gert KEMA** - DLO PPO/PRI (THE FOUNDATION STICHTING DIENST LANDBOUWKUNDIG ONDERZOEK, IN PARTICULAR THE RESEARCH INSTITUTE PRAKTIJKONDERZOEK PLANT & OMGEVING / PLANT RESEARCH INTERNATIONAL)
- **Justin FARIS** - USDA-ARS (UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE-AGRICULTURAL RESEARCH SERVICE)
- **Brande WULFF** - JOHN INNES CENTRE
- **Delphine HOURCADE** - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Olivier PINAY** - FSOV

MOSAIC

Développement d'outils phénotypique et génotypique pour améliorer la sélection de la résistance du blé dur à deux virus des mosaïques du blé.



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er janvier 2017	36 mois (3 ans)	421 556 €	295 088 € (70 %)

FSOV 2016 C

Mots clefs : Résistance aux maladies / Blés tendre et dur / Mosaïque / SBCMV / RenSeq / Sbm2 / QTL

Résumé du programme :

Le virus de la mosaïque des céréales (SBCMV) et le virus de la mosaïque striée en fuseaux du blé (WSSMV) sont deux virus, présents en France, qui impactent significativement le rendement du blé tendre comme celui du blé dur. Plusieurs gènes de résistance procurant une amélioration de la résistance au SBCMV ou au WSSMV ont été identifiés pour le blé tendre mais pas dans le blé dur. Ainsi, les sélectionneurs sont actuellement relativement démunis pour sélectionner des variétés de blé dur résistantes à ces deux virus.

Ce projet vise donc à offrir plusieurs solutions au sélectionneur :

- Le projet a pour objectif principal de mettre au point un test de résistance à ces deux virus en conditions contrôlées. Une fois ce test au point, le sélectionneur pourra sélectionner son matériel de manière plus efficace car l'expression de la maladie est difficile à maîtriser au champ.
- Le projet améliorera également la localisation des régions chromosomiques (QTL) de la lignée de blé dur 'Dic2' impliquées dans la résistance à SBCMV et WSSMV. Des marqueurs Kaspar liés à ces QTL seront développés pour rendre ces QTL plus facilement utilisables en sélection.
- Enfin, le projet propose d'identifier des marqueurs moléculaires étroitement liés au gène *Sbm2* de résistance à SBCMV dans la variété de blé dur 'Meridiano' par une nouvelle approche de séquençage à haut débit sur des familles de gènes NBS LRR (RenSeq) ainsi que par une approche par cartographie fine. Les marqueurs du gène seront validés sur des variétés de blé dur et de blé tendre connues pour avoir *Sbm2*. Grâce à ces marqueurs moléculaires liés à Sbm2, le sélectionneur pourra facilement utiliser le gène *Sbm2* en sélection et produire de nouvelles variétés de blé tendre et de blé dur plus résistantes au SBCMV.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Développement d'un outil de phénotype (PheTool) permettant l'étude de résistance à WSSMV et SBCMV chez le blé dur, sans biais "effet environnement".
- Le développement de 4000 nouveaux marqueurs SNP par stratégie de capture allélique.
- La carte génétique consensus chez le blé dur, basée sur la fusion 3 cartes génétiques du blé dur.
- Le développement de nouveaux marqueurs Kaspar liés aux QTL de résistance à WSSMV (Dic2) pour une utilisation en sélection.
- L'identification de nouveaux QTL de résistance à SBCMV dans la lignée exotique Dic2 et cv. Soldur.
- L'identification de nouveaux QTL de résistance à WSSMV dans cv. Soldur
- La séquence d'ADN du gène de résistance à SBCMV *Sbm2.*
- L'identification de marqueurs moléculaires SNP physiquement liées à *Sbm2* en vue d'une utilisation en sélection.

Les résultats produits dans le projet seront publiés (PheTool, les marqueurs SNP liés à *Sbm2*, QTL, carte génétique), mais l'identité du gène candidat de *Sbm2* restera confidentielle, s'il n'a pas été validé, ou si un partenaire décide de le breveter.

Comité de pilotage

- **Olivier ROBERT** (Coordinateur) † - FLORIMOND DESPREZ
- **Dragan PEROVIC** - JULIUS KÜHN INSTITUT
- **Roberto TUBEROSA** - UNIVERSITY OF BOLOGNA
- **Ruth BRYANT** - RAGT 2n
- **Delphine HOURCADE** - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Jacques DAVID** - MONTPELLIER SUPAGRO
- **Brande WULFF** - JOHN INNES CENTER
- **Cyrille SAINTENAC** - INRA GDEC
- **Olivier PINAY** - FSOV

PadiJNO

Identification de nouvelles résistances à la jaunisse nanisante et à son vecteur, *Rhopalosiphum padi* chez le blé.

Blé tendre

Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er septembre 2016	36 mois (3 ans)	380 005 €	261 467 € (69 %)

FSOV 2016 D

Mots clefs : Résistance aux maladies / Blé tendre / Jaunisse nanisante / BYDV / *R. padi*

Résumé du programme :

Transmise par les pucerons à l'automne, la jaunisse nanisante (BYDV) sur blé peut provoquer des pertes de rendement conséquentes en blé d'hivers. Les pertes dues au virus de la jaunisse nanisante peuvent atteindre 30 q/ha. Et ce problème s'étend vers le nord avec le changement climatique. Le principal vecteur du virus à l'automne est le puceron *Rhopalosiphum padi*. Ce puceron, en plus de la transmission du virus, provoque des dégâts directs aux céréales. La combinaison de résistance partielle au BYDV et de résistance à R. padi pourrait être une solution pour diminuer l'impact de la jaunisse nanisante de l'orge.

Quatre gènes de résistance au BYDV ont été identifiés, un d'entre eux (*Bdv1*) a été trouvé dans le cultivar Anza de *Triticum aestivun* et les 3 autres, *Bdv2*, *Bdv3* et *Bdv4*, sont dérivés de *Thinopyrum intermedium*. Ces gènes sont plus ou moins efficaces dans différentes variétés australiennes (McKellar et Glover) et chinoise (Lingkang 11) (Barloy et al., 2003), mais ne sont pas présents dans les variétés européennes car l'introgression de Th. *intermedium* impacte trop négativement d'autres caractères comme le rendement.

En blé de printemps, quatre QTL de résistances au *R. padi* ont été mis en évidence sur la population de blé synthétique SHW CWI76364 x Seri (Crespo-Herrera et *al.*, 2014). Il y a aussi quelques résistances à *R. padi* dans des lignées de blé portant des translocations de seigle, mais aucune variété résistante à *R. padi* n'est disponible sur le marché.

Le but de ce projet est d'identifier, parmi un panel de ressources génétiques de blé, des résistances à la jaunisse nanisante et des tolérances à son vecteur automnal : le puceron *R. padi*. Cette recherche de résistance sera également menée sur des variétés de blés synthétiques afin de bénéficier d'éventuelle résistance de l'ancêtre sauvage du blé, *Aegilops tauschii*. Comme les ressources génétiques retenues sont en partie déjà génotypées avec des SNP, le génotypage sera étendu à toutes les accessions retenues et une étude de génétique d'association sera menée pour identifier les marqueurs de ces résistances afin de fournir un outil économique à haut débit pour la sélection de ces deux caractères.

Des croisements seront initiés entre les différentes sources de résistances identifiées de façon à combiner résistance à la jaunisse et tolérance au puceron *R. padi* dans un fonds génétique Elite.

La combinaison des résistances au virus et au puceron est une nouvelle voie d'amélioration de la lutte contre le BYDV. Par les résultats obtenus dans ce projet, nous espérons prouver l'intérêt du cumul de résistances à la jaunisse et au puceron *R. padi* en création variétale. Nous pensons qu'il est possible d'obtenir une meilleure résistance au virus de la jaunisse nanisante de l'orge en cumulant résistances partielles au virus et en limitant la quantité de vecteur du virus présent au champ par une résistance accrue au *R. padi*. L'identification de nouvelles sources de résistance à ces deux parasites dans du matériel original, mais restant facilement exploitable par le sélectionneur grâce aux marqueurs qui auront été développés, est, selon nous, un gage de réussite pour l'intégration de ces sources de résistance dans de futures variétés.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Identification de nouvelles sources de résistances à BYDV et *R. padi*.
- Développement de nouveaux marqueurs Kaspar liés aux résistances à BYDV et *R. padi*.
- Production de plantes résistantes, directement utilisable dans des programmes de sélection.

Tous ces résultats seront publiés.

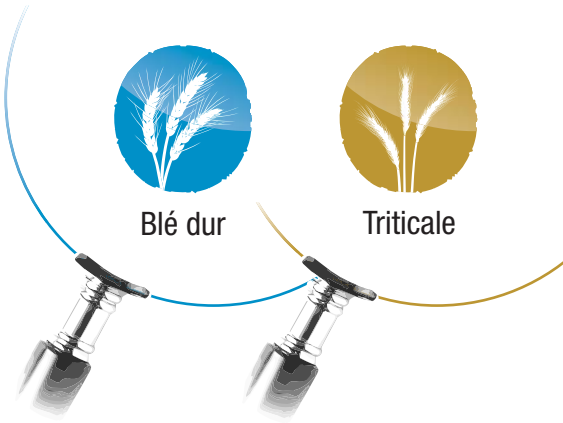
Comité de pilotage

- **Valérie LAURENT** (Coordinatrice) - FLORIMOND DESPREZ
- **Inger ÅHMAN** - SLU (SWEDISH UNIVERSITY OF AGRICULTURAL SCIENCES, DEPT OF PLANT BREEDING)
- **Antje HABEKUß** - JULIUS KÜHN INSTITUT
- **Olivier PINAY** - FSOV

FLORIMOND DESPREZ — JKI Julius Kühn-Institut — SLU

Rouille BD-T

Recherche de résistances durables à la rouille jaune chez le blé dur et le triticale.



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er octobre 2016	36 mois (3 ans)	550 320 €	350 000 € (64 %)

FSOV 2016 F

Mots clefs : Sélection de variétés résistantes / Résistance durable / Diversité de la population parasite / Spécificité d'hôte / Blé dur, triticales / Épidémiologie / Rouille jaune / Émergence

Résumé du programme :

La rouille jaune causée par le champignon biotrophe *Puccinia striiformis* (*Pst*) est l'une des maladies les plus répandues et dévastatrices des céréales. Récemment, plusieurs races invasives (Warrior et triticale agressive) se sont développées en Europe et sont à l'origine d'épidémies sous des conditions climatiques particulièrement favorables sur des espèces de céréales telles que le blé dur et le triticale qui, jusqu'alors, étaient peu touchées par cette maladie. Il est alors indispensable d'introduire dans les programmes d'amélioration variétale des géniteurs de résistance adulte partielle considérée comme plus durable que les seules résistances totales s'exprimant dès le stade jeune plante. Le projet, qui s'appuie sur les connaissances accumulées sur le blé tendre, est organisé en trois parties et étudiera (i) le déterminisme génétique de la résistance de variétés résistantes à partir de 4 populations recombinantes de blé dur et de 6 populations de triticale issues de 'single seed descents' ou d'haplodiploïdes. Le génotypage et le phénotypage au champ et en conditions contrôlées de ces populations permettront de repérer des QTL de résistance. De plus, les gènes de résistance de blés, seigles, triticales et triticales primaires seront postulés vis-à-vis de plusieurs races de *Pst*. (ii) En parallèle, l'INRA caractérisera les populations de *Pst* inféodées aux différentes espèces de céréales pour leurs spectres de virulences et leur diversité génétique à l'aide de marqueurs microsatellites. Des isolats de *Pst* issus des différentes espèces hôtes seront caractérisés également pour une composante du cycle infectieux, la durée de la période de latence, en fonction de la température de façon à améliorer le modèle prédictif de sévérité de rouille jaune basé sur ce paramètre et la température moyenne journalière. (iii) Enfin, Arvalis Institut du Végétal et les obtenteurs testeront le niveau de résistance de variétés élites et de lignées en préinscription de blé dur, blé tendre et triticale dans des champs inoculés. Des coopératives du réseau Agrosolutions évalueront la stabilité des résistances de variétés cultivées, en conditions d'inoculum naturel caractérisé par l'implantation de génotypes révélateurs de gènes de résistance. Ce projet a l'ambition de détecter des QTL de résistance pour le blé dur et le triticale et de préciser les conditions épidémiques de la rouille jaune sur plusieurs espèces de céréales et la stabilité des résistances.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Un observatoire des races de rouille jaune de différentes espèces de céréales qui seront interprétées au niveau européen.
- La détection et caractérisation de résistance adulte avec des marqueurs moléculaires associés à la résistance sur feuilles et épis utilisables dans des programmes de sélection assistée par marqueurs. Recherche de gènes ou combinaisons de gènes de résistance en vue de créer des résistances durables.
- Validation ou non d'efficacité de résistances issues de blé tendre dans un contexte triticale ou blé dur.
- L'étude des populations de *P. striiformis* issues de plusieurs espèces hôtes et l'étude de ségrégation de résistance adulte de blé dur et triticale feront l'objet de publications scientifiques.
- L'évaluation des résistances des variétés ainsi que la prédiction de l'intensité de l'épidémie seront publiées dans une revue de vulgarisation agricole.

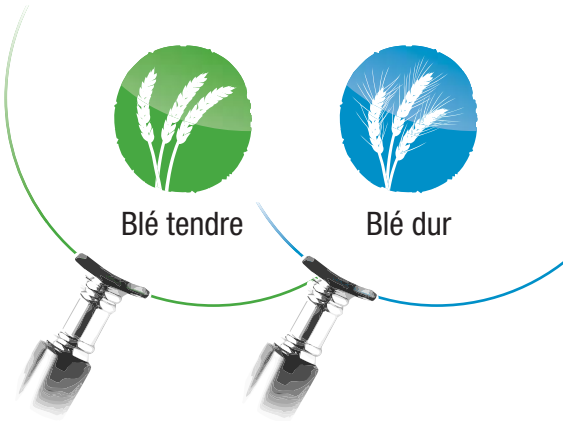
Comité de pilotage

- **Philippe LONNET** (Coordinateur) - GIE Blé Dur
- **Michaël COCHARD** - GIE Blé Dur
- **Franck LACOUDRE** - GIE Blé Dur
- **Thierry LEFEVRE** - GIE Blé Dur
- **Carine ANDRE** - GIE Blé Dur
- **Jean-Paul LE GOFF** - GIE Triticale
- **Christophe JEUDI** - GIE Triticale
- **Eric DELALEAU** - GIE Triticale
- **Frédéric FANTIN** - GIE Triticale
- **Claude POPE** - INRA BIOGER (UMR 1290)
- **Annaig BOUGUENNEC** - INRA GDEC (UMR 1095)
- **Philippe Du CHEYRON** - ARVALIS - Institut du végétal
- **Simon LEFEVRE** - Agrosolutions
- **Olivier PINAY** - FSOV

GIE Blé Dur · ARVALIS Institut du végétal · GIE TRITICALE · INRA SCIENCE & IMPACT · agrosolutions

Archirac

Analyse de la diversité d'architecture racinaire chez le blé tendre et le blé dur en lien avec la tolérance au stress hydrique.



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er janvier 2017	36 mois (3 ans)	609 342 €	335 724 € (55 %)

FSOV 2016 K

Mots clefs : Architecture racinaire / Phénotypage / QTL / Blé tendre et blé dur

Résumé du programme :

Le changement climatique a d'ores et déjà un effet sur la culture du blé en France à travers des épisodes de stress thermique et hydrique plus forts et plus fréquents. Ceci doit être pris en compte en amélioration des plantes de manière à développer des variétés adaptées à ces nouvelles conditions. Jusqu'à présent l'essentiel de l'effort de phénotypage et de sélection a porté sur la partie aérienne des plantes. Or les caractéristiques de l'architecture racinaire peuvent être déterminantes, notamment dans des conditions stressantes, puisqu'elles peuvent permettre d'accéder à plus de ressources en eau et en nutriments. Le développement d'outils de phénotypage haut-débit sur plateforme rend possible la caractérisation fine de l'architecture racinaire sur un grand nombre de génotypes au stade juvénile. Nous proposons de (1) quantifier la diversité du blé tendre et du blé dur en particulier pour des caractéristiques de l'architecture racinaire sur la plateforme de rhizotrons de l'JNRA de Dijon. Les panels que nous utiliserons, spécialement conçus pour exploiter la diversité existante, ont déjà été intensément génotypés (puce 420k SNP) et phénotypés pour des caractères aériens sur réseau d'essais (incluant des essais sécheresses au champ et bientôt sous abris-roulant). Le criblage racinaire se fera à des stades précoces. Ces résultats permettront de (2) déterminer les régions du génome ayant un effet sur ces caractères d'architecture par des approches de génétique d'association. Les mesures réalisées sur plateforme seront utilisées pour définir des grands types d'architecture racinaire, et seront confrontées aux performances de pleins champs (notamment celles qui seront obtenues sous abri-roulant en 2016 dans le cadre du projet BreedWheat). Enfin, un réseau d'essais contrastés pour leur type de sol et de réserve utile sera défini et utilisé pour (3) valider des génotypes extrêmes en condition témoin, de sécheresse et d'ennoiement. Ceci permettra également de confronter la pertinence des mesures faites sur plateforme à des mesures réalisées en conditions de plein champ. Ce travail devrait aboutir à de nombreuses applications pour les sélectionneurs, notamment l'identification de traits racinaires pertinents mesurables en haut-débit, de QTL d'intérêt pour ces caractéristiques, et l'utilisation de modèles génétiques afin de prédire les performances au champ à partir des mesures de plateforme.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Caractérisation de la variabilité génétique de l'architecture racinaire du blé tendre/dur.
- Identification de matériel d'intérêt directement utilisable en sélection.
- Détection de QTL de caractères racinaires utilisables en sélection.
- Calibration de modèles de sélection génomique.
- Evaluation de la transposabilité du comportement sur plateforme au comportement au champ.
- Amélioration et connaissance des méthodes de phénotypage de l'architecture racinaire sur plateforme.

Comité de pilotage

- **Renaud RINCENT** (Coordinateur) - INRA - GDEC (UMR 1095)
- **Jacques LE GOUIS** - INRA - GDEC (UMR 1095)
- **Christophe SALON** - INRA - Agroécologie (UMR 1347)
- **Pierre ROUMET** - INRA - Montpellier SupAgro
- **Katia BEAUCHENE** - ARVALIS - Institut du végétal
- **Stéphane LAFARGE** - BIOGEMMA
- **Olivier PINAY** - FSOV

PROSYN

Apport des blés synthétiques à l'amélioration conjointe de la productivité, de la teneur en protéines et l'efficience d'utilisation de l'azote.

Blé tendre

Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er octobre 2016	36 mois (3 ans)	449 650 €	314 755 € (70 %)

FSOV 2016 L

Mots clefs : Blés synthétiques / Amélioration productivité / Teneur en protéines / Valorisation de l'azote / Blé tendre / Ressources génétiques et prebreeding (présélection) / Valorisation de l'azote et GPD

Résumé du programme :

Le projet s'inscrit dans le cadre des travaux de recherche visant à améliorer le potentiel de productivité du blé tendre. Il vise plus précisément à l'amélioration conjointe du rendement, de la teneur en protéines et de l'efficience d'utilisation de l'azote, via l'étude d'une collection originale de 370 lignées d'introgression, produites par le croisement de la lignée *Robigus* avec des blés AB (*T. durum*, *T. dicoccum* et *T. diccocoïdes*) et des Blés synthétiques originaux. La collection a été développée par le NIAB dans le cadre du projet WISP. Elle fait suite à une première collection XI19-SHW étudiée conjointement par le NIAB, LIMAGRAIN, KWS et RAGT dans le programme WISH, laquelle indique que les blés synthétiques peuvent accroitre le taux de protéines sans perte de rendement, permettant ainsi une amélioration de la GPD (pour Grain Protein Deviation).

La première année du projet sera consacrée à la multiplication et l'observation du matériel pour sélectionner les lignées de bonne valeur agronomique. Les 150 à 200 meilleures lignées seront retenues pour conduire des essais en conditions optimales de culture mais aussi en conditions limitantes d'azote (de zéro à apports réduits). Ces essais seront réalisés en France et en Angleterre en années 2 et 3 du projet. Les 30 à 40 meilleures lignées d'introgression seront expertisées en troisième année par ARVALIS et le NIAB, pour déterminer si la variabilité génétique originale apportée par les génomes AB et D des blés synthétiques peut être favorable à l'absorption d'azote post-floraison et à l'amélioration du GPD.

Enfin, les facteurs génétiques sous-jacents apportés par les introgressions seront localisés génétiquement, par l'exploitation conjointe du phénotypage réalisé dans le projet et d'un génotypage de la collection. Les génotypes les plus performants vis-à-vis de l'azote et du GPD seront exploitables dans les programmes de sélection des partenaires visant à introduire les introgressions à l'aide de marqueurs moléculaire.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

Le projet propose l'étude d'une collection de lignées d'introgression de blés AB et SHW dans *Robigus*, dans un réseau multilocal pour plusieurs caractères dont le GPD. Il permettra ainsi de mesurer un potentiel d'amélioration apporté par ces origines et aussi de confirmer quelques pistes d'amélioration de l'efficacité d'utilisation de l'azote. A l'issue du projet, les lignées améliorantes seront exploitables en création variétale. Les zones génomiques amélioratrices pourront être directement valorisées en sélection assistée par marqueurs dans des programmes visant à les introduire dans divers élites. Il est fort probable que ces zones feront l'objet de recherches complémentaires dans de nouveaux projets visant à réduire la taille des segments introgressés. Ce matériel créé par le NIAB dans le cadre du programme WISP est accessible à toutes les sociétés semencières et équipes académiques, souhaitant l'étudier. Cependant un accord de collaboration sera rédigé entre les partenaires si le projet est accepté. Cette accord définira les règles d'exploitation et de communication des résultats issus du projet (confidentialité des résultats, durée de confidentialité, règles pour publications, projet avec un nouveau partenaire…).

Comité de pilotage

- **Jérémy DERORY** (Coordinateur) - LIMAGRAIN EUROPE
- **Ed FLATMAN** - LIMAGRAIN EUROPE
- **Matthieu BOGARD** - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Katia BEAUCHÊNE** - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Philippe MOMONT** - KWS MOMONT RECHERCHE SARL
- **Jacob LAGE** - KWS MOMONT RECHERCHE SARL
- **Pauline BANSEPT** - SYNGENTA
- **David FEUERHELM** - SYNGENTA
- **Phil HOWELL** - NIAB
- **Olivier PINAY** - FSOV

GIEC

Génotypes issus d'Idéotypes : Sélection assistée par marqueurs et modèles du stade Épi 1 cm pour des blés tendres adaptés au Changement Climatique.

Blé tendre

Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er août 2016	36 mois (3 ans)	484 591 €	339 214 € (70 %)

FSOV 2016 N

Mots clefs : Précocité / Plasticité/stabilité / Blé tendre / Changement climatique / Montaison / Stress abiotiques / Echaudage / Gel d'épis / Rendement

Résumé du programme :

Le changement climatique impacte négativement, depuis 20 ans, les rendements du blé et France. Les simulations réalisées par Arvalis indiquent qu'une adaptation de la phénologie des blés contribuerait à éviter que cette situation ne s'aggrave. L'évitement des stress de fin de cycle requiert un avancement des dates d'épiaison de l'ordre d'une semaine à horizon de 20 ans. Réalisé seul, cet évitement aurait pour conséquence probable une baisse des potentiels de rendement. Heureusement, les simulations indiquent une opportunité d'avancer le stade Épi 1 cm : on pourrait ainsi maintenir, voire augmenter, la durée de la montaison, déterminant clé du potentiel. Avancer le stade Épi 1 cm conduit toutefois à un risque d'exposition au gel d'épi. Or, les analyses d'Arvalis montrent que les variétés les plus précoces à Épi 1 cm sont souvent les plus instables : leur stade Épi 1 cm avance d'autant plus que l'année est elle-même précoce. Créer des blés adaptés via une amélioration de leur phénologie requiert donc de s'attaquer à deux corrélations : celle entre stade épiaison et stade Épi 1 cm, et celle entre précocité à Épi 1 cm et stabilité.

Arvalis a mis au point des modèles de prédiction, basés sur un nombre restreint de marqueurs (issus de gènes candidats et puce 420 K), pour l'ensemble des paramètres et composantes de la précocité. Le projet se propose de réaliser une preuve de concept de l'intérêt de ces modèles, en effectuant des sélections dans des populations en ségrégation mises à disposition par chaque partenaire. En première année, les résultats des modèles seront partagés et chaque partenaire identifiera une population ségrégeant pour un maximum de loci d'intérêt. Ces populations seront génotypées, et une quinzaine de génotypes, « témoins » et « idéotype », seront sélectionnés. En année 2, le panel ainsi constitué sera phénotypé pour les stades Épi 1 cm et Epiaison sur un réseau multilocal. En année 3, ce phénotypage sera répété et complété par de premières évaluations de rendement. A l'issue du projet, nous aurons ainsi évalué si les comportements prédits des génotypes sont conformes aux observations au champ. Les partenaires auront partagé les protocoles de marquage permettant de sélectionner des variétés à la phénologie adaptée au climat futur, et disposera de lignées correspondant à ces idéotypes.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

Le projet permettra :

- À l'ensemble des partenaires, en particulier sélectionneurs, de disposer d'un ensemble de protocoles de marquage moléculaire leur permettant de manipuler le stade Épi 1 cm indépendamment du stade Epiaison.
- À la communauté française, sélectionneurs comme producteurs, d'avoir mis en œuvre une 1ère approche d'adaptation au changement climatique.
- Si l'approche s'avère valide, aux partenaires, en particulier sélectionneurs, de disposer de lignées de sélection issues de leurs propres programmes répondant aux cahier des charges de précocité des 20 années à venir, ainsi que de protocoles de marquage permettant de continuer à implémenter l'approche.
- Si l'hypothèse sur le rendement se confirme, à l'ensemble de la communauté française, sélectionneurs puis producteurs, de disposer de lignées avancées et de méthodes facilitant l'obtention de variétés à plus fort potentiel de production.
- À la communauté technique et scientifique intéressée par l'élaboration du rendement et l'accroissement du potentiel de rendement du blé, de pouvoir demander accès à des lignées contrastées pour la durée de montaison pour des études approfondies.

Comité de pilotage

- **Matthieu BOGARD** (Coordinateur) - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Jérôme AUZANEAU** - AGRI OBTENTIONS
- **Céline ZIMMERLI** - BAYER CROP SCIENCE
- **Ellen GOUDEMAND** - FLORIMOND DESPREZ VEUVE ET FILS (FD)
- **Simon GRIFFITHS** - JOHN INNES CENTRE
- **Patrice SENNELLART** - SARL ADRIEN MOMONT ET FILS
- **Jayne STRAGLIATI** - LIMAGRAIN EUROPE
- **Alison BENTLEY** - NIAB
- **Pascal GIRAUDEAU** - SECOBRA RECHERCHES
- **Sébastien CAIVEAU** - SYNGENTA
- **Jacques LE GOUIS** - INRA - UMR GDEC Clermont-Ferrand
- **Jérôme ENJALBERT** - INRA - UMR GQE Le Moulon
- **Philippe LEREBOUR** - UNISIGMA
- **Olivier PINAY** - FSOV

SÉPYA

SÉlection pour la résistance à la PYriculariose et l'utilisation efficace de l'Azote.

Riz

Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er décembre 2016	36 mois (3 ans)	391 781 €	199 999 € (51 %)

FSOV 2016 Q

Mots clefs : Riz, Résistance à la pyriculariose / Sensibilité induite par l'azote (Nitrogen-induced susceptibility, NIS) / Efficience d'utilisation de l'azote (Nitrogen Use Efficiency, NUE) / Sélection variétale / Camargue / Agriculture raisonnée / Interactions G x E

Résumé du programme :

La pyriculariose du riz, causée par le champignon *Magnaporthe oryzae*, est la principale maladie des cultures de riz. En Camargue, ses dommages peuvent être localement sévères, mais la manifestation aléatoire des épidémies rend difficile l'identification au champ du matériel végétal résistant. Cette difficulté a malheureusement conduit à l'inscription de variétés qui se sont avérées très sensibles dans des conditions particulièrement favorables à la maladie, comme une disponibilité élevée en azote. Ce phénomène, appelé *Nitrogen-Induced Susceptibility* (NIS), est en partie corrélé à l'efficacité d'utilisation de l'azote (*Nitrogen* Use *Efficiency*, NUE). Ce projet vise à identifier des variétés de riz tempéré combinant une bonne résistance à la pyriculariose et une NIS réduite, tout en présentant une NUE élevée. Dans un contexte de réduction des intrants, leur utilisation permettrait d'optimiser la fertilisation azotée et de limiter les infestations de pyriculariose.

Un panel de 50 variétés de riz tempéré constitué de géniteurs, de lignées en fin de sélection du programme de création variétale camarguais, et de variétés représentatives de la diversité des riz tempérés, servira de matériel au projet. La résistance à une combinaison de souches locales de pyriculariose sera évaluée en station expérimentale et en conditions contrôlées grâce à des protocoles d'infestation déjà validés par les partenaires. En parallèle, la NIS sera caractérisée et des marqueurs métaboliques potentiels seront quantifiés. La NUE et les différentes composantes du rendement seront déterminées au champ et en serre à partir de deux conditions de fertilisation azotée, la référence du CFR et un niveau plus faible. Les données de génotypage déjà disponibles sur le panel permettront d'explorer la diversité génétique de gènes candidats pour la résistance à la pyriculariose, la NIS et la NUE et d'éventuelles corrélations entre haplotypes et les valeurs de ces caractères. Dans un second temps, la NIS, la NUE et leur interaction seront caractérisées plus précisément au champ dans un sous-panel de 12 accessions sélectionnées à partir des premières expérimentations.

Les résultats obtenus (caractérisation des variétés récemment inscrites, identification de futurs géniteurs et validation d'outils d'aide à la sélection) constitueront un appui au programme de création variétale du riz en Camargue. En outre, les références et les outils acquis, tel qu'un marqueur prédictif de la NIS et/ou de la NUE, pourraient trouver une application sur d'autres espèces de céréales.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

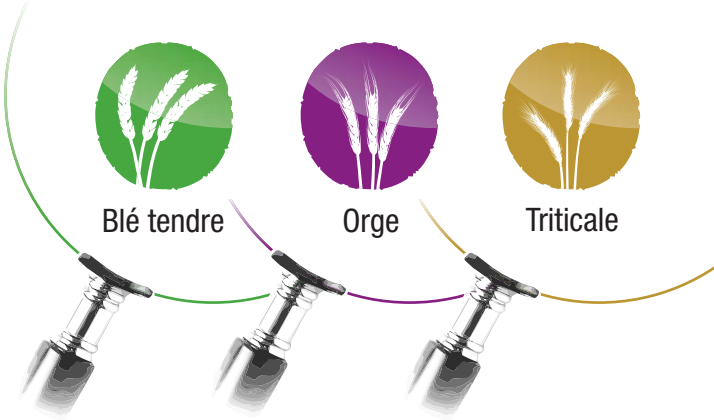
- Obtention de nouvelles variétés de riz tempéré en adéquation avec les évolutions agronomiques, économiques, réglementaires et sociétales. Leur utilisation permettrait d'optimiser la fertilisation azotée et de limiter les infestations de pyriculariose.
- Identification d'haplotypes candidats pour améliorer la résistance à la pyriculariose, la NIS et la NUE chez les riz tempérés.
- Identification de marqueurs de la NIS et/ou de la NUE, qui pourront être évalués dans le futur sur d'autres céréales à paille. Par exemple, un protocole NIS est déjà validé par BGPI sur le blé pour la septoriose.
- En parallèle de leur pertinence pratique, les résultats de ces travaux sont destinés à être publiés des journaux scientifiques internationaux à comité de lecture.

Comité de pilotage

- **Arnaud BOISNARD** (Coordinateur) - Centre Français du Riz
- **Jean-Benoît MOREL** - INRA - BGPI
- **Tanguy LAFARGE** - CIRAD - AGAP
- **Denis VILLENAVE** - Semences de Provence
- **Olivier PINAY** - FSOV

TakeNOTAII

Caractérisation de la résistance variétale des céréales à paille au Piétin-Échaudage et prédiction du risque.



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er septembre 2016	36 mois (3 ans)	208 879 €	146 215 € (70 %)

FSOV 2016 R

Mots clefs : Résistance variétale / Céréales à pailles / Piétin-Échaudage / Méthodologie / Transfert / Aide à la sélection / Prédiction du risque

Résumé du programme :

Le piétin-échaudage (Take-all), causé par le champignon tellurique *Gaeumannomyces graminis* var. *tritici* (Ggt), est la maladie racinaire des céréales à paille causant les plus importantes pertes économiques en France et dans le monde entier. Le champignon contamine les racines séminales des plantes hôtes à l'automne et envahit le système vasculaire. La colonisation fongique se propage au système racinaire secondaire après tallage, va entraîner un déficit d'alimentation de la plante et engendrer, au printemps, la formation d'épis blancs, symptômes caractéristiques de cette maladie.

Plusieurs leviers bien connus permettent de lutter contre cette maladie. Le principal levier est la rotation. En effet, le Ggt est un champignon saprophyte peu compétitif dont l'inoculum primaire décline rapidement sans la présence de plantes hôtes. Ainsi, il est communément admis qu'un assolement sans céréales hôtes (ex : Colza, Pomme de terre, Pois) pendant une année suffit pour diminuer l'inoculum à un niveau acceptable. Néanmoins, les attaques importantes constatées en rotation Colza/Blé/Orge (rotation française majoritaire), Colza/Blé/Blé (situations particulières) ou Maïs/Blé (rotation majoritaire dans l'ouest) montrent que ce levier a des limites.

La lutte génétique serait un levier complémentaire pour diminuer l'impact de cette maladie. Des données préliminaires, obtenues dans le réseau d'expérimentation d'Arvalis, montrent des niveaux de sensibilités potentiellement différents selon les variétés de blé tendre. Néanmoins, les méthodes actuelles ne permettent pas aux sélectionneurs de pouvoir caractériser facilement leurs matériels vis à vis de cette maladie. En effet, il est difficile de trouver des parcelles contaminées de façon homogène et faire de la monoculture de blé ne permet pas non plus d'avoir un niveau d'attaque homogène et stable dans le temps (Take-all decline).

Ainsi, dans ce projet, nous proposons de développer différentes méthodes permettant d'améliorer la caractérisation variétale des céréales à paille vis-à-vis du Ggt et mieux comprendre le risque piétin-échaudage.

Le premier volet portera sur la caractérisation du risque piétin-échaudage selon le précédent en utilisant et évaluant des méthodes déjà publiées dans la littérature scientifique (test biologique sol, qPCR) et ainsi identifier les espèces et les variétés les plus à risques dans la constitution de l'inoculum.

Le second volet de cette étude consistera en la mise au point et l'évaluation d'une méthode de phénotypage de la tolérance variétale par l'apport d'un inoculum artificiel au champ et la mise en place d'essais en conditions favorables pour 3 espèces de céréales à paille sensibles (Blé tendre, Orge et Triticale). La méthode la plus efficace sera ensuite utilisée pour caractériser les variétés.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Mise à disposition aux sélectionneurs d'une méthode efficace pour caractériser les tolérances variétales au champ vis-à-vis du piétin-échaudage.
- Internalisation et évaluation de deux méthodes (qPCR, test biologique sol) pour prédire le risque piétin-échaudage en seconde paille.
- Publication et valorisation des variétés les plus appropriées en première paille.
- Acquisition de nouvelles références sur l'épidémiologie du piétin-échaudage afin, à moyen terme, de pouvoir proposer un modèle de risque.
- Publications dans des revues spécialisées (Perspectives agricoles, Phytoma…) et possibilité d'une publication dans une revue à comité de lecture si les résultats obtenus sont novateurs.

Comité de pilotage

- **Romain VALADE** (Coordinateur) - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Philippe Du CHEYRON** - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Éric MASSON** - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Pascal GIRAUDEAU** - SECOBRA RECHERCHES
- **Laure DUCHALAIS** - RAGT 2n
- **Stephen SUNDERWIRTH** - KWS MOMONT RECHERCHE SARL
- **Alain SARNIGUET** - INRA
- **Olivier PINAY** - FSOV

ARVALIS Institut du végétal — SECOBRA Recherches — R·A·G·T 2n — Momont LA FORCE FERTILE

Genomalt

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

Orge

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

FSOV 2016 T

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 notoirement 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, R2, 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

JNOrge

De nouvelles résistances/tolérances contre la jaunisse nanisante chez l'orge : caractérisation et impacts épidémiologiques.

Orge

Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er septembre 2016	36 mois (3 ans)	420 824 €	243 452 € (58 %)

FSOV 2016 U

Mots clefs : Interactions hôte (orge *Ryd*) / Virus (jaunisse nanisante de l'orge (JNO) ; B/CYDV), évaluation de résistances/tolérances, Orge / JNO / Hordeum vulgare / Orges d'hiver 6R et 2R, Tolérance, résistance, spécificité, dynamique d'infection et accumulation virale, latence virale et dispersion, Epidémiologie, gènes *Ryd*, durabilité

Résumé du programme :

Le complexe viral de la jaunisse nanisante de l'orge (B/CYDV; Barley/Cereal yellow dwarf virus) occupe une place importante dans la hiérarchie des problèmes sanitaires sur céréales. Ce statut résulte en partie du fait que les moyens de lutte disponibles contre les B/CYDV sont extrêmement limités et, qu'en l'absence de protection adaptée, les épidémies de « jaunisse » peuvent conduire à des pertes de rendement pouvant atteindre 80%. La rareté des sources de résistance efficaces chez le blé et l'orge et l'inexistence de matières actives capables d'agir sur les virus ont conduit les agriculteurs à mettre en place des méthodes de lutte indirectes pour protéger leurs cultures. Les B/CYDV sont transmis de plante à plante par pucerons. Ainsi, en complément de certaines pratiques culturales (e.g. gestion des repousses et décalage de la date de semis), la principale méthode de lutte contre ces virus s'appuie sur l'utilisation d'insecticides (e.g. néonicotinoïdes). En effet, l'élimination des insectes avant que ces derniers ne s'installent dans les parcelles permet de limiter les infections. Toutefois, l'utilisation de produits phytosanitaires est associée à des coûts directs (prix de la matière active et de ses applications) et indirects (coût pour l'environnement et sélection potentielle d'insectes résistants). De manière à limiter ces coûts (voir Plan Ecophyto II), il convient de développer des solutions alternatives permettant de faire face aux épidémies liées à ces virus. En cas d'interdiction des néonicotinoïdes (i.e. traitements sur semences), la culture d'orge pourrait être fortement remise en cause en cas de pression virale sur les premiers stades de développement des plantes. Ce scénario pourrait alors contraindre les agriculteurs à utiliser des insecticides en végétation plus systématiquement au cours de l'automne ou à stopper la culture d'orge d'hiver.

Aussi, pour anticiper les conséquences de décisions réglementaires ciblant l'utilisation d'insecticides, il est important de mobiliser des efforts de recherche sur les sources de tolérance et/ou de résistance à ce complexe viral identifiées au sein des graminées, et d'évaluer leur potentiel comme alternative(s) aux interventions chimiques. C'est dans ce contexte que des génotypes d'orge présentant moins de symptômes que des témoins sensibles à la jaunisse nanisante ont été identifiés. Il convient à présent i) de mieux caractériser ces ressources génétiques, ii) d'étudier les interactions virus/vecteur/hôte sous-tendant ces résistances/tolérances et iii) d'évaluer l'impact de leur déploiement sur l'épidémiologie de cette maladie virale. Le programme proposé a pour ambition de progresser sur ces axes afin de pourvoir décider de l'avenir de ces ressources génétiques dans les programmes d'amélioration de l'orge.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

Pour les aspects cognitifs : les travaux prévus dans le cadre de ce projet ont vocation à produire des données relatives à la caractérisation fine des R/T portées par les différents gènes *Ryd*. Ces données seront valorisées à travers des publications dans des journaux académiques de rang A. Ainsi, il est possible d'envisager les articles suivants :

- *Characterization of resistance/tolerance patterns against B/CYDV associated to Ryd genes in barley.*
- *Potential impacts of Ryd genes on epidemiological parameters of yellow dwarf disease in barley.*

Pour les aspects appliqués : la synthèse des données produites nous permettra de statuer sur l'intérêt d'utiliser les différents gènes *Ryd* dans les étapes de création variétale chez l'orge.

Ainsi, des recommandations, basées sur le comportement, au laboratoire et au champ, de génotypes porteurs des différents gènes, seront formulées auprès des sélectionneurs et des agriculteurs de manière i) à qualifier ces gènes quant à leurs différences d'efficacité, de spécificité, leur mode de fonctionnement contre la JNO et ii) à apprécier l'intérêt de pyramider ces gènes pour augmenter les qualités des lignées sélectionnées face à la JNO. Enfin, Arvalis, dans sa mission au service de tous les acteurs de la filière orge, diffusera par différents moyens (presse, Internet, messagerie, réunions techniciens et agriculteurs…) les informations relatives aux nouvelles variétés portant un ou des gènes de R/T à la JNO.

Comité de pilotage

- **Amélie GENTY** (Coordinatrice) - SECOBRA RECHERCHES
- **Émmanuel JACQUOT** - INRA (UMR BGPI)
- **Jean-Baptiste THIBORD** - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Valérie CADOT** - GEVES
- **Claire PERROT** - FLORIMOND DESPREZ VEUVE ET FILS (FD)
- **Lieven DEVLIES** - LIMAGRAIN EUROPE
- **Olivier PINAY** - FSOV

MaBrune

Marqueurs diagnostiques des résistances à la rouille brune dans le blé tendre.

Blé tendre

Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
15 octobre 2016	36 mois (3 ans)	407 412 €	200 000 € (49 %)

FSOV 2016 W

Mots clefs : Blé tendre / Rouille brune / QTL et gènes majeurs de résistance / Cartographie fine / Marqueurs KASP-SNP

Résumé du programme :

La recherche de résistance durable aux maladies est un enjeu majeur en agriculture, qui motive une collaboration étroite entre sélectionneurs et pathologistes. Les précédents projets FSOV conduits sur la résistance durable à la rouille brune du blé ont permis de cartographier 15 QTLs de résistance à cette maladie, à partir de 6 parents donneurs. L'objectif du présent projet est de fournir des marqueurs, utilisables en sélection génomique et en sélection assistée par marqueurs, d'une sélection de QTLs et de gènes majeurs Lr de résistance à la rouille brune du blé. Les acquis des programmes précédents et les collaborations réunies nous permettent maintenant de proposer un projet dont les étapes sont :

1. Actualisation des méthodologies de phénotypage et de génotypage :
   - la pertinence du phénotypage repose sur la mise à jour permanente d'une collection d'isolats adaptés au contexte épidémiologique (résistances des variétés dans le paysage cultivé), réalisée grâce à un suivi annuel des populations pathogènes.
   - les marqueurs SNP recouvrant les intervalles de confiance des QTL cartographiés dans le précédent projet seront convertis en marqueurs KASP utilisables en cartographie fine.
2. Cartographie fine et production de marqueurs diagnostiques des QTLs de résistance partielle : réalisation de rétrocroisements entre lignées porteuses des QTLs d'intérêt (identifiés dans les populations phénotypées et génotypées dans le FSOV 2012) et parent sensible, suivie de l'identification de recombinants dans les générations BC1S2 à l'aide de marqueurs KASP.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

Les marqueurs identifiés pourront être utilisés directement en SAM et en sélection génomique par les sélectionneurs, pour identifier des génotypes porteurs de combinaisons diversifiées de QTLs et de gènes majeurs Lrde résistance à la rouille brune.

Par ailleurs chaque année les sélectionneurs disposeront de l'information précise sur l'évolution des combinaisons de virulences dans les populations de rouille brune, ainsi que des gènes de résistance postulés dans les variétés cultivées. Ce travail est indispensable pour pouvoir fournir au GEVES les isolats pertinents pour conduire les essais inoculés CTPS de pré-inscription : en effet vu l'évolution des populations pathogènes, nous sommes amenés à modifier régulièrement les isolats proposés au GEVES pour ces essais.

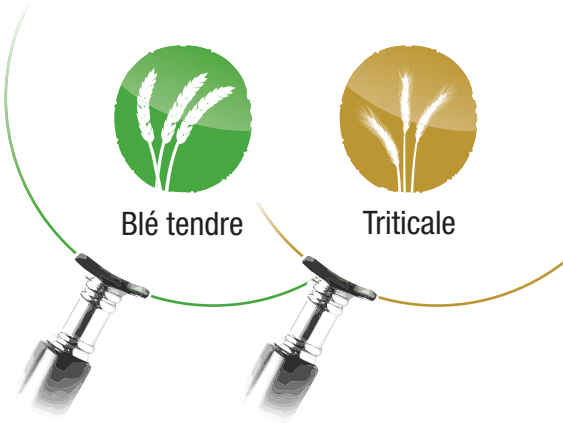
Comité de pilotage

- **Henriette GOYEAU** (Coordinatrice) - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Philippe LEREBOUR** - GIE RECHERCHES GÉNÉTIQUES CÉRÉALES
- **Stephen SUNDERWIRTH** - CETAC
- **Philippe du CHEYRON** - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Bernard ROLLAND** - INRA (UMR IGEPP Le Rheu)
- **Pierre SOURDILLE** - INRA (GDEC Clermont-Ferrand)
- **Olivier PINAY** - FSOV

ARVALIS Institut du végétal — INRA SCIENCE & IMPACT — GIE RGC Recherches Génétiques Céréales — C.E.T.A.C. Centre d'Etudes Techniques pour l'Amélioration des Céréales

Germination Hagberg

Caractérisation phénotypique et génotypique de la résistance à la germination sur pied et aux bas temps de chute de Hagberg sur blé tendre et triticale.



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
20 juillet 2016	36 mois (3 ans)	335 467 €	220 657 € (66 %)

FSOV 2016 X

Mots clefs : Qualité technologique / Blé tendre / Triticale

Résumé du programme :

Le temps de chute de Hagberg (TCH) est un paramètre technologique pouvant influer très fortement sur la qualité des farines et par voie de conséquence sur la qualité des pains produits. Un blé tendre présentant un TCH trop bas sera difficilement panifiable et verra son prix de vente chuter provoquant des pertes économiques à plusieurs niveaux de la filière. Quatre voies de dégradation du TCH sont identifiées dans la littérature. Parmi celles-ci, la principale cause de dégradation du TCH est la germination sur pied, phénomène qui constitue également un problème majeur dans le domaine de la production de semences. D'autres espèces présentent également une sensibilité accrue à la germination sur pied et par voie de conséquence à la dégradation du TCH telles que le triticale qui fera partie intégrante de ce projet. Les enseignements tirés de la récolte 2014 marquée par de bas TCH, conséquences d'un taux important de blés germés soulignent 3 difficultés : i) la caractérisation de la sensibilité à la germination sur pied réalisée à inscription est peu représentative du comportement moyen des variétés sur le terrain et complique fortement le choix variétal, ii) les variétés de blé tendre considérées comme résistantes sont peu utilisées et la résistance du triticale demeure faible et iii) il n'existe pas d'outil permettant de monitorer la dégradation de la dormance, ni celle du TCH pour prioriser les chantiers de récolte.

En conséquence, en s'appuyant sur les acquis scientifiques et technologiques des partenaires issus des travaux antérieurs prometteurs ainsi que sur la littérature scientifique récente, ce présent projet propose de développer des solutions à ces difficultés en s'appuyant sur un travail en 3 axes : i) améliorer la caractérisation de la sensibilité à la germination sur pied en définissant des indicateurs au champ pertinents et stables, ii) développer des marqueurs moléculaires permettant de qualifier précocement du matériel végétal dans l'objectif d'améliorer la résistance à la germination sur pied et iii) développer des outils permettant de monitorer la dormance et/ou la dégradation du TCH. Ces outils et protocoles développés dans un objectif opérationnel seront à la disposition des principaux acteurs de la filière céréalière que sont les obtenteurs, les évaluateurs de variétés, ainsi que les préconisateurs et les utilisateurs et permettront de garantir la qualité des semences ainsi que des denrées alimentaires.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

La valorisation opérationnelle et efficace des résultats du présent projet mais également du projet précédent est un objectif prioritaire. Cette volonté est notamment renforcée par la participation active du GEVES. Les résultats attendus viendront conforter les résultats du précédent projet FSOV et permettront de mieux caractériser les variétés sur leur sensibilité à la germination sur pied dans l'optique de mieux gérer le risque de dégradation du temps de chute de Hagberg.

Les outils génétiques développés pour la sélection, permettront aux obtenteurs de caractériser plus facilement leurs variétés en s'appuyant notamment sur la sélection assistée par marqueurs moléculaires afin de qualifier précocement leur matériel génétique. Ces outils inclus dans un programme de sélection garantiront un processus de création variétale efficient et performant grâce aux économies de temps et d'argent que ces méthodes permettent et renforceront les chances de succès à l'inscription.

Les évaluateurs se doteront également d'un protocole robuste permettant d'évaluer de façon juste, rapide et stable le matériel végétal avant et après inscription au catalogue français permettant ainsi à l'exploitant agricole de guider son choix variétal, seul levier de gestion du risque de dégradation du temps de chute de Hagberg.

Les préconisateurs seront également en capacité de prodiguer un conseil aux acteurs de la filière et aux semenciers en monitorant notamment l'évolution de la dormance en cours de campagne grâce au modèle développé dans ce présent projet, garantissant ainsi un produit agricole de bonne qualité.

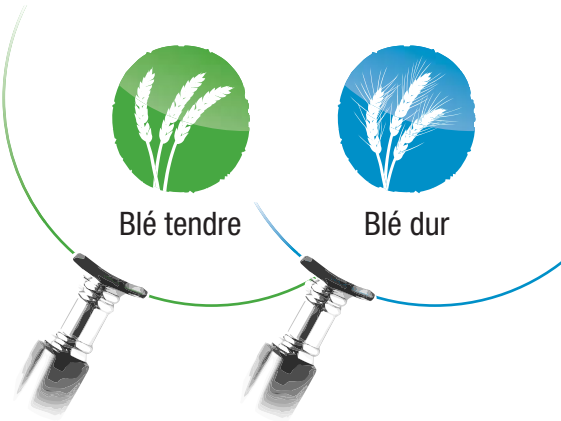
Après accord avec nos partenaires, les résultats seront aussi valorisés par la réalisation de publications dans des journaux de la profession et dans des journaux à comité de lecture.

Comité de pilotage

- **Guénolé GRIGNON** (Coordinateur) - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Delphine HOURCADE** - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Pierre SOURDILLE** - INRA
- **Coraline RAVENEL** - FNAMS
- **Louis-Martin BOSSUET** - GEVES
- **Pascal GIRAUDEAU** - SECOBRA RECHERCHES
- **Jean-Pierre JAUBERTIE** - AGRI OBTENTIONS
- **Frédéric FANTIN** - AGRI OBTENTIONS
- **Jérôme AUZANNEAU** - AGRI OBTENTIONS
- **Marie-Hélène WAGNER** - SNES
- **Olivier PINAY** - FSOV

GlutNsafe

Vers la sélection de variétés de blés au gluten plus digestible.



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er octobre 2016	36 mois (3 ans)	762 756 €	282 412 € (37 %)

FSOV 2016 Y

Mots clefs : Qualité / Protéines / Blé tendre / Blé dur / Amélioration des plantes / Digestibilité du gluten / Taille des polymères

Résumé du programme :

Le projet présenté souhaite répondre aux inquiétudes sociétales grandissantes concernant la consommation de produits avec du gluten, réseau formé par les protéines de réserve du grain de blé et l'eau. Plusieurs pathologies sont associées à sa consommation : allergies et maladie cœliaque bien décrites contrairement à la sensibilité non cœliaque au gluten. Une des hypothèses avancées pour expliquer cette sensibilité concerne la taille des polymères qui impacterait fortement la digestibilité du gluten et favoriserait les symptômes. Le développement de variétés pouvant être mieux supportées devient donc un enjeu de sélection. Ainsi, le projet vise à analyser la variabilité génétique et l'interaction avec l'environnement agro-climatique de la taille des polymères chez le blé tendre et le blé dur et propose :

1. D'évaluer la qualité technologique, les caractéristiques du gluten, et la taille des polymères des protéines de réserve mesurée dans la farine et celle des polymères de gluten pour cinquante lignées de blé tendre et de blé dur représentatives de la diversité dont du matériel scientifique (lignées isogéniques variables pour des gènes impactant la synthèse des protéines de réserve) cultivées en deux lieux contrastés pour la température ;
2. De choisir à partir de ces résultats du matériel contrasté pour la taille des polymères ;
3. De caractériser les polymères et le réseau de gluten dans le produit transformé avant digestion ;
4. D'étudier la dégradation des produits transformés (pain, pâtes) avec un outil simulant la digestion gastro-intestinale de l'homme *in vitro* (digesteur). Il s'agira d'analyser la taille et la composition des produits de dégradation à deux niveaux du processus de digestion.

Ce projet innovant favorisera la sélection de variétés mieux tolérées via la description de la protéolyse du gluten dans des produits transformés. Il fournira des méthodes de caractérisation de cette protéolyse et de solides indications sur l'incidence de la variabilité génétique des blés. Les premiers éléments de compréhension des relations entre taille des polymères et digestibilité du gluten serviront pour des études plus en lien avec la santé humaine.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

Ce projet apportera des éléments pour la compréhension de l'hypersensibilité non coeliaque au gluten et fournira des critères de sélection objectifs pour la création de variétés plus digestibles, qui seront mis à disposition de la profession. Trois publications sont prévues (Tableau 3) :

- Variabilité des caractéristiques du gluten ;
- Influence de la taille des polymères de gluten sur la digestibilité ;
- Caractérisation d'épitopes de protéines de réserve et d'IAA dans des blés contrastés pour leur gluten.

En perspectives, les résultats permettront de sélectionner des variétés au gluten plus digestible. Les connaissances acquises et le matériel produit serviront à répondre à de nouveaux appels d'offres pour étudier par exemple le rôle des procédés de transformation sur les phénomènes d'hypersensibilité.

Comité de pilotage

- **Catherine GRAND-RAVEL** (Coordinatrice) - INRA GDEC (UMR 1095)
- **Sandra DENERY** - INRA BIA Nantes
- **Michel HEBRAUD** - INRA, PFEM
- **Guilhem PAGES** - INRA - RMSB / AgroRésonance
- **Larbi RHAZI** - IPLB
- **Sylvain DENIS** - UDA - MEDIS
- **Marie-Françoise SAMSON** - IATE / DIASCOPE
- **Bernard VALLUIS** - ANMF
- **Pierre-Yves DYMARSKI** - CERELAB
- **Pascal GIRAUDEAU** - UFS
- **Olivier PINAY** - FSOV

GPDur

Génétique et Phénotypage du blé Dur pour l'amélioration conjointe du rendement et de la protéine.

Blé dur

Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1er septembre 2016	36 mois (3 ans)	400 000 €	280 000 € (70 %)

FSOV 2016 Z

Mots clefs : Taux de protéines / Grain Protein Deviation / Blé dur / Qualité / Valorisation des intrants / Phénotypage / Diversité génétique

Résumé du programme :

Entre 2010 et 2014, les surfaces françaises emblavées en blé dur sont passées de 500 000 ha à 287 000 ha, ce qui a stimulé la mise en place d'un plan de relance de la filière. Un des verrous à lever est dû à la corrélation négative rendement-protéines.

Les résultats des dernières années d'inscription de variétés montrent que les gains de rendement se font au détriment du taux de protéine. Ce second critère étant majeur pour l'accès au marché, le progrès génétique en matière de rendement est de fait réduit. Or, la faiblesse de progrès en rendement met à mal la compétitivité du blé dur vis-à-vis des autres cultures pouvant intégrer les rotations.

La relation négative entre rendement et protéine n'est pas une spécificité du blé dur. En blé tendre, les travaux récents sur le critère de « Grain Protein Deviation » (GPD) montrent qu'il est possible de rompre cette relation. Celui-ci est suffisamment robuste pour faire l'objet d'une amélioration variétale, et son déterminisme, lié à l'absorption post-floraison, commence à être connu.

Notre projet se propose d'élaborer un panel de diversité élite mondiale de blé dur, et d'en faire une intense évaluation phénotypique. A l'issue du projet, les sélectionneurs disposeront d'informations permettant d'intégrer dans leurs programmes de sélection des géniteurs susceptibles d'augmenter rapidement le GPD. Le panel sera constitué grâce aux données préalables des partenaires (données phénotypiques et génotypiques - puce BreedWheat 420K) sur différentes sources de diversité : variétés élites françaises (sélectionneurs et Arvalis), variétés élites mondiales (collaboration Arvalis - Université de Bologne), variétés récentes CIMMYT (sélectionneurs), panel EPO (Evolutionnary Pre-breeding Population - UMR AGAP). Le panel sera testé dans un réseau multi-local pour le GPD. Il sera phénotypé sur deux dispositifs haute résolution au champ (Diaphen - Mauguio - INRA et Gréoux - Arvalis) pour affiner les hypothèses de déterminisme du GPD établies sur blé tendre.

Enfin, il sera testé dans différentes pépinières pour évaluer sa résistance aux maladies, et évalué pour différents critères de qualité technologique. Les données phénotypiques permettront de réaliser des analyses de génétique d'association pour identifier des marqueurs d'intérêt et comparer l'architecture génétique de ces traits aux résultats en blé tendre, dans l'optique d'accélérer les transferts de connaissances entre les deux espèces.

Perspectives de résultats ou de valorisation :

L'ensemble des résultats du projet seront directement mobilisables par les sélectionneurs participants, du fait de leur participation au projet, notamment au phénotypage. L'utilisation des outils génomiques blé tendre permettra de faire le lien entre les résultats des 2 espèces de manière durable. Les données utiles disponibles via le projet seront :

- une caractérisation complète, sur maladies, rendement, protéines, GPD, d'une diversité élite élargie, rapidement mobilisable par la selection francaise,
- une liste des meilleurs genotypes pour l'amélioration du GPD, tout en disposant d'autres traits (maladies notamment) acceptables pour une exploitation rapide en sélection,
- la définition de zones genetiques et marqueurs associes permettant d'augmenter la fréquence d'alleles favorables au GPD,
- la faisabilité de l'utilisation de méthodes de sélection indirecte basées sur des marqueurs physiologiques (croissance en hauteur dans les 250°C-jours post floraison ; teneur en nitrates à floraison).

Comité de pilotage

- **Delphine HOURCADE** (Coordinatrice) - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Franck LACOUDRE** - LIMAGRAIN EUROPE
- **Thierry LEFÈVRE** - RAGT 2n
- **Carine ANDRÉ** - SYNGENTA FRANCE
- **Pierre ROUMET** - INRA (UMR AGAP)
- **Jacques DAVID** - INRA (UMR AGAP)
- **Olivier PINAY** - FSOV