



Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FICHES RÉSUMÉES DES PROGRAMMES DE RECHERCHE 2018

- **RemoBle** Améliorer la remobilisation de l'azote pour augmenter la concentration en protéines du blé
- **PROsIT** Qualification des protéines d'intérêt dans la qualité brassicole des orges
- **DeliBeRe JNO** Développement de Lignées de Blé adaptées et Résistantes à la Jaunisse Nanisante (JNO)
- ■ ■ **Fus'Eye** Nouvel outil de phénotypage spectral au champ pour quantifier la fusariose de l'épi sur céréales
- **PolyBle D** Quelles nouvelles polyploïdisations réaliser pour une meilleure adaptation du blé tendre aux contraintes à venir ?
- ■ ■ ■ **ResistaMicro** Comprendre et maîtriser les infections de *Microdochium* pour améliorer la résistance du blé à la « *Microdochiose* »
- **CRACQ** Clonage et caractérisation d'un gène de maintien du rendement en conditions de stress thermique et hydrique (*Clone the RAC875 QTL*)
- **TritiRB** Caractérisation de sources de résistance durables à la rouille brune chez le Triticale
- **DeBAT** Analyse de Diversité d'un panel de pré-breeding de Blé tendre par une approche transcriptomique
- **PERSIST** Préserver et améliorer l'efficacité des gènes de résistance à la septoriose : le cas du gène *STb16q*
- ■ ■ **Phenotol** Phénotypage variétal de la tolérance et des traits associés en céréales
- **Ex IGE** Evaluation multi-environnementale de blé tendre « exotique », analyses d'association et prédictions génomiques
- ■ ■ **PlastiX** Plasticité des composantes de rendement des céréales à paille
- ■ ■ **DivR** Des outils moléculaires pour la sélection de résistances diversifiées et efficaces contre la septoriose du blé

RémoBlé

Améliorer la remobilisation de l'azote pour augmenter la concentration en protéines du blé



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Octobre 2018	36 mois (3 ans)	536 789,58 €	315 716,99 € (59%)



► **Mots clefs :** Concentration en protéines / Blé tendre / Efficacité d'utilisation de l'azote / Bas niveau d'intrants / Tolérance aux contraintes abiotiques

► Résumé du programme :

Dans un contexte d'augmentation de la demande mondiale, il existe un besoin constant d'améliorer la qualité d'utilisation des variétés. Les progrès en rendement obtenus sont souvent associés à des diminutions de la concentration en protéines des grains, restreignant alors les possibilités de valorisation de ces derniers. De plus, les exigences de protection de l'environnement limitent le recours à la fertilisation azotée qui est un outil majeur de gestion des cultures. Dans ce contexte, la compréhension de la relation négative entre le rendement et la concentration en protéines devient un enjeu primordial. Le locus GPC-B1 accroît la concentration en protéines sans affecter le rendement mais en modifiant la sénescence des plantes et donc la remobilisation de l'azote et des microéléments (notamment du fer et du zinc) des feuilles et tiges vers les grains. Son effet a été validé dans le cadre d'un projet FSOV 2014E NIL-N qui a montré un effet significatif sur la concentration en protéines. Mais l'effet du gène n'a pas été caractérisé finement ce qui permettrait notamment de mieux comprendre les fortes interactions génotype x environnement observées. Dans le projet RémoBlé, trois équipes de recherche travaillant sur les mécanismes moléculaires de la sénescence et de la remobilisation de l'azote, la variabilité génétique du blé, et la modélisation écophysiologique, un institut technique fortement impliqué dans la caractérisation phénotypique et génotypique des variétés de blé et un sélectionneur, proposent de joindre leurs forces pour comprendre finement les relations physiologiques entre la sénescence et la remobilisation des éléments azotés dans des génotypes de blé ayant des allèles fonctionnels et non fonctionnels de ce locus. Les objectifs sont la caractérisation moléculaire de ces processus chez le blé, l'analyse des flux d'azote dans la plante, l'étude de l'interaction de l'effet du locus avec l'environnement et la recherche de nouveaux partenaires moléculaires à ce locus. Les résultats produits devraient permettre de mieux exploiter la diversité génétique du blé pour améliorer la concentration en protéines sans affecter le rendement, même dans des conditions de faibles intrants azotés.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

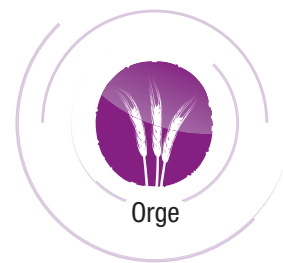
Bien que de nombreuses études chez le blé portent sur la concentration en protéines des grains, très peu d'études s'intéressent à l'origine réelle de l'azote contenu dans les grains. Ainsi, plusieurs valorisations sont identifiables dans le cadre du projet :

- Une compréhension du déterminisme génétique de la sénescence et de la remobilisation permettra le développement de marqueurs génétiques qui pourront accélérer l'amélioration variétale, et la qualification des variétés à l'inscription ou en post-inscription.
- Une description physiologique fine, quantifiée et séquencée des mécanismes d'absorption et de transfert de l'azote vers les grains pourra aboutir à des publications scientifiques d'un travail original.
- Une analyse de la stabilité de l'effet de la sénescence accélérée sur le couple rendement-protéines via la modélisation rendra possible de contextualiser les conclusions du travail à des fins de conseil et de développement au près des sélectionneurs, conseillers, et agriculteurs.

► Comité de pilotage :

- Fabien Chardon - Coordinateur - (Inra IJPB)
- Céline Duque (Limagrain Europe),
- Jean-Charles Deswarte (Arvalis-Institut du végétal),
- Pierre Martre (Inra LESPSE),
- Jacques Le-Gouis (Inra GEDEC),
- Un représentant du GNIS pour le FSOV





Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Octobre 2018	36 mois (3 ans)	403 167,38 €	241 756,89 € (60%)



► **Mots clefs :** Orges brassicoles / Qualité des protéines / Fertilisation azotée

► Résumé du programme :

La France est le premier exportateur mondial de malt (80% de la production est exportée) et le second exportateur d'orges brassicoles. Cette position de leader international s'appuie en particulier sur la qualité et la régularité des orges françaises. Cependant, dans un contexte général de réduction des intrants (dont la fertilisation azotée) et d'aléas climatiques, il est important de savoir comment la filière va pouvoir agir vis-à-vis des contraintes réglementaires et climatiques. Au-delà de la teneur quantitative en protéines des orges de brasserie, se pose la question de leur nature (ou « qualité ») et de leur impact sur le processus de maltage. Ce projet se propose d'étudier la nature et la qualité des protéines des orges brassicoles françaises en relation avec la qualité brassicole et de voir comment elle se construit. Pour ce faire, la phase initiale du projet sera de caractériser les protéines des orges issues du réseau CTPS qui ont déjà été maltées et caractérisées dans le cadre de leur inscription sur la liste A. Ces informations permettront d'identifier les classes de protéines liées à la qualité brassicole afin de mettre au point une analyse « pratique » des protéines d'intérêt qui serait moins lourde que le fractionnement et dosage différencié des albumines, globulines, hordéines et glutélines. Dans un second temps, les partenaires du projet mettront en place des essais variétaux et de fertilisation azotée sur des orges d'hiver et de printemps. Après caractérisation de leurs protéines, les orges seront maltées et les malts analysés afin de vérifier la pertinence des hypothèses sur les protéines liées à la qualité brassicole issues des analyses initiales sur les orges du réseau CTPS, et de voir comment la variété et le pilotage de la fertilisation impacte la construction de ces protéines. Une seconde année d'expérimentation permettra de valider les hypothèses ou de tester d'autres protocoles si besoin après exploitation des données de la première année d'essais.

Enfin, une validation à l'échelle pilote (maltage et brassage) sur 2 lots d'orges produits avec des itinéraires différents sera réalisée pour confirmer l'impact du type de protéines sur la qualité brassicole. Ce projet permettra aux sélectionneurs de disposer d'informations pertinentes pour orienter leurs travaux, aux malteurs et brasseurs de savoir quelles sont les protéines d'intérêt et donnera des pistes à l'amont de la filière pour essayer de piloter la qualité des protéines attendue, ce qui permettra aux orges françaises de maintenir leur niveau de compétitivité et d'excellence sur le marché mondial.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

Le projet permettra d'apporter des connaissances très importantes pour tous les acteurs de la filière brassicole française.

- Identifier les protéines d'intérêt pour les orges brassicoles et comment les quantifier de manière pratique
- Aider les obtenteurs à mieux qualifier leurs lignées et à orienter leur sélection vers les besoins des utilisateurs.
- Aider les producteurs dans le pilotage de la culture des orges brassicoles afin de sécuriser la production de lots adaptés aux objectifs qualitatifs des marchés
- Aider les malteurs et les brasseurs à définir leurs nouveaux besoins pour les protéines d'intérêt qui auront été identifiées et à maintenir la compétitivité des orges et mals français à l'international.

Cela se fera sous la forme de publications scientifiques de référence, d'articles de vulgarisation et de communications orales lors de congrès ou colloques.

► Comité de pilotage :

- Marc SCHMITT (Coordinateur) - (IFBM)
- Sophie SCHWEBEL (IFBM)
- Jean-Philippe JELU (Malteurs de France)
- Christian LEVEAU (Malteurs de France)
- Stefan RENOUX (Malteurs de France)
- Sébastien FRERE (Malteurs de France)
- Kris EYCKMANS (Malteurs de France)
- Luc DIDIERJEAN (Brasseurs de France)
- Jean-Philippe LEYGUE (Arvalis Institut du Végétal)
- Louis-Marin BOSSUET (GEVES)
- Amélie GENTY (UFS)
- Jean-François HERBOMMEZ (UFS)
- Un représentant du GNIS pour le FSOV

DéLiBeRe JNO

Développement de Lignées de Blé adaptées et Résistantes à la Jaunisse Nanisante (JNO)



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Septembre 2018	36 mois (3 ans)	307 723,00 €	215 406,10 € (70%)



► **Mots clefs :** Blé tendre / Virus / JNO / Résistance / Puceron / Linkage drag / Prebreeding / Ressources génétiques

► Résumé du programme :

La jaunisse nanisante de l'orge (JNO) est la plus grave maladie virale des céréales à paille. Causée par des virus (Barley yellow dwarf virus, BYDV) transmis exclusivement par pucerons (*Rhopalosiphum padi* et *Sitobion avenae*). Elle impacte fortement la production sans possibilité de lutter directement contre les virus. Par ailleurs, les recommandations du plan Ecophyto II (réduction de l'utilisation des pesticides) et l'interdiction des Néonicotinoïdes sur céréales à compter de l'automne 2018 imposent aux différents acteurs de la filière (de l'agriculteur à l'obteneur) la recherche de nouvelles solutions pour garantir la qualité sanitaire des cultures.

Le développement de variétés résistantes/tolérantes à la JNO représente donc une priorité. L'introgression d'une résistance partielle à la JNO chez le blé à partir d'espèces apparentées (*Thinopyrum intermedium* et *Agropyron cristatum*) s'accompagne de l'introduction de caractères délétères apportés par des allèles liés aux gènes d'intérêt (« linkage drag »). L'enjeu des programmes d'amélioration du blé pour la résistance à la JNO est donc de limiter la taille des introgressions de génomes d'espèces sauvages pour s'affranchir des conséquences du « linkage drag ».

Le projet DéLiBeRe-JNO a pour objectifs de développer des lignées de blé i) plus proches d'un matériel élite blé d'hiver employé dans les schémas de sélection et ii) présentant un niveau de résistance à la JNO satisfaisant. Il sera divisé en 3 TÂCHES sur 3 ans.

La TÂCHE 1 (années 1-2) visera à développer du matériel végétal original résistant à la JNO avec des introgressions de taille réduite en s'appuyant sur l'utilisation de lignées de blé ayant une aptitude à la recombinaison homéologue (contexte mutant pour le gène Ph1). La TÂCHE 2 (années 2-3) permettra la caractérisation phénotypique (résistant/tolérant/sensible ; inoculations calibrées au laboratoire) et moléculaire (taille et position des introgressions, marqueurs diagnostics) du matériel créé par la TÂCHE 1. Parallèle aux TÂCHES 1 et 2 et pour ne pas dépendre uniquement des sources mentionnées dans la littérature, la TÂCHE 3 (années 1-3) consistera à caractériser par phénotypage en conditions au champ un jeu de lignées 2 de blé déjà disponibles provenant de prebreeding avec des introgressions d'espèces apparentées pour la résistance à la JNO. La caractérisation phénotypique (résistant/tolérant/sensible) du matériel créé par la TÂCHE 1 sera faite au champ également.

Si des résultats positifs sont obtenus, la TÂCHE 4 (en post-projet années 4-5) s'attachera à développer 1) des lignées avec pyramidage des gènes de résistance présents dans des lignées créées en TÂCHE1&2, et 2) un matériel adapté et résistant par croisements avec du matériel élite et production de lignées stabilisées par haplodiploïdisation.

Le projet DéLiBeRe-JNO permettra aux sélectionneurs d'accéder à du matériel adapté résistant à la JNO et d'appréhender des méthodes impliquant l'utilisation de lignées de blé ayant une aptitude à la recombinaison homéologue pour l'introgression des traits de résistance aux stress biotiques et abiotiques en s'appuyant sur des ressources génétiques exotiques.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

A l'issue du projet BléRÉS-JNO, nous serons en mesure de proposer aux obtenteurs partenaires du programme, du matériel original et caractérisé (sur le plan génétique et phénotypique) permettant l'amélioration de la résistance à la jaunisse nanisante chez le blé. En l'absence de matières actives ou de solutions prophylactiques efficaces pour la lutte contre la JNO, une variété de blé présentant, en plus des caractéristiques agronomiques attendues, une résistance à la JNO occupera rapidement une place de choix dans la liste des variétés les plus déployées. Enfin, en complément de l'impact sur la gestion de la problématique 'jaunisse nanisante de l'orge', le transfert du matériel et des méthodes impliquant l'utilisation de lignées de blé ayant une aptitude à la recombinaison homéologue aux obtenteurs partenaires offre à ces derniers de nouvelles opportunités pour l'introgression des traits de résistance aux stress biotiques et abiotiques en s'appuyant sur des ressources génétiques exotiques.

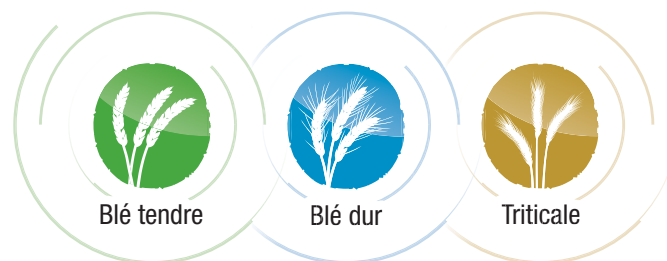
► Comité de pilotage :

- Charles SNIJDERS (Coordinateur) - CETAC
- Philippe MOMONT - CETAC / KWS Momont
- Johan TOUSSAINT - CETAC / ASUR Plant Breeding
- Paul FORGEIS - Institut de Genech
- Pierre SOURDILLE - INRA
- Un représentant du GNIS pour le FSOV



Fus'Eye

Nouvel outil de phénotypage spectral au champ pour quantifier la fusariose de l'épi sur céréales



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
15 Novembre 2018	36 mois (3 ans)	478 724,58 €	280 513,49 € (59%)

FsoV
FSOV 2018 E

► **Mots clefs** : Sélection / Résistance variétale / Céréales à paille / Phénotypage / Imagerie spectrale-Fusariose de l'épi

► Résumé du programme :

La fusariose de l'épi (FHB), causée principalement par *Fusarium graminearum*, est une maladie qui affecte de nombreuses céréales à paille en Europe, entraînant une réduction du rendement et la contamination des grains en fusariotoxines. Pour lutter contre le FHB, il est indispensable de développer des variétés résistantes. Or, la subjectivité des notations et/ou la présence d'autres pathogènes (Rouille, *Microdochium*...) rendent non robustes les méthodes de phénotypage actuelles (observations visuelles, imagerie dans le visible). L'objet de cette étude est d'utiliser l'analyse spectrale pour définir un nouvel outil de phénotypage au champ pour évaluer la résistance variétale au FHB de trois espèces : blé tendre, blé dur et triticale. L'outil développé sera basé sur une méthode non destructive permettant d'objectiver les notations sur épis et de distinguer le FHB des autres pathogènes (Rouilles, *Microdochium*...). Il devra être facile à manipuler, à l'aide d'un vecteur piéton afin de cribler un grand nombre de génotypes. Deux types de capteurs seront testés : une caméra multispectrale, intégrant les longueurs d'ondes de la fusariose identifiées sur blé tendre lors de travaux antérieurs, et une caméra hyperspectrale couplée à un traitement des données par deep learning. Le premier volet de cette étude, en années 0 (pré-action), 1 et 2, sera dédié à la conception d'un prototype pour la mesure de la fusariose sur épi en plein champ. Un cahier des charges concernant les besoins en termes de contraintes techniques et agronomiques du prototype sera défini. Puis, des études seront menées en parallèle en laboratoire et en plein champ sur un panel de 30 génotypes dans 4 sites infectés par *F. graminearum*, avec présence ou non de *Microdochium*. La partie laboratoire permettra d'étudier la potentialité des deux capteurs à révéler uniquement les symptômes de FHB sur épis. Les conditions d'acquisition des données dans des scènes de plein champ permettront de finaliser le cahier des charges du prototype. Au cours de cette étape les algorithmes d'analyses d'images multispectrales et hyperspectrales seront développés : segmentation des images, quantification de l'impact de la fusariose. Les étalonnages s'appuieront sur différentes méthodes de référence : notations visuelles sur épis et sur images, qPCR, analyses microbiologiques. Le deuxième volet de cette étude (année 3), consistera à valider le prototype sélectionné dans un réseau élargi sur un panel diversifié (une dizaine de sites, 100 variétés). L'ensemble des partenaires sera formé à l'utilisation de cet outil. Ce test à grande échelle permettra de vérifier la robustesse des algorithmes retenus par rapport à la variabilité environnementale et génétique. Fus'eye fournira à l'ensemble de la filière céréalière un nouvel outil de phénotypage transportable et piéton de FHB au champ. Cet outil sera simple d'utilisation avec un accès rapide aux données.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Mise à disposition d'un nouvel outil de phénotypage, avec un kit piéton maniable, pour évaluer le comportement de la résistance variétale à la fusariose de façon précise et spécifique.
- Cet outil aidera les sélectionneurs à screener, rapidement et de façon fiable, un grand nombre de génotypes pour leur comportement vis-à-vis de la fusariose.
- Il pourra être utilisé dans les essais fusariose du CTPS pour l'inscription des variétés au Catalogue français.
- Il sera mis à disposition pour la post inscription et pour tous les autres partenaires de la filière céréales, intéressés par des expérimentations variétales au champ.
- Possibilité de transposer la méthodologie à d'autres couples hôtes/pathogènes.
- Valorisation par des communications ou posters à des congrès européens (EFS : European Fusarium Seminar, Eucarpia) et nationaux (CIMA, réseau Fusatox...), aux expérimentateurs CTPS.

► Comité de pilotage :

- **Valérie CADOT** (Coordinateur) - GEVES
- **Jean-Philippe MAIGNIEL** - GEVES
- **Thomas BALDWIN** - GEVES
- **Isabelle SERANDAT** - GEVES
- **Frédéric SERRE** - INRA PHACC
- **Pierre ROUMET** - INRA AGAP
- **Aurélien THEBAULT** - Carbon Bee
- **David ROUSSEAU** - Université d'Angers
- **Philippe DUCHEYRON** - ARVALIS Institut du végétal
- **Jean-Pierre JAUBERTIE** - AgriObtentions
- **Sylvie DUTRIEZ** - Caussade Semences
- **Raphael VEQUAUD** - DSV
- **Camille WABINSKY DAUCHY** - Maison Florimond Desprez
- **Patrice SENELLART** - KWS Momont recherche
- **Thierry LEFEVRE** - RAGT 2n
- **Pascal GIRAudeau** - SECOBRA
- **Carine ANDRE** - Syngenta
- **Philippe LEREBOUR** - Unisigma
- **Geoffrey Perchet** - Céréales Vallée
- Un représentant du GNIS pour le FSOV

ARVALIS
Institut du végétal

Céréales
Vallée

SECOBRA
Recherches

ao Agri Obtentions
Semenciers de l'agriculture durable

INRA
SCIENCE & IMPACT

UNISIGMA

syngenta

AgTech
CarbonBee

ua
université
angers

RAGT
2n

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

DSV

Momont
LA FORCE FERTILE

CAUSSADE
semences

FLORIMOND
DESPREZ

PolyBléD

Quelles nouvelles polyploïdisations réaliser pour une meilleure adaptation du blé tendre aux contraintes à venir ?



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Octobre 2018	60 mois (5 ans)	467 331,00 €	317 309,00 € (68%)



► **Mots clefs** : Polyploïdisation / Blé tendre / Croisements interspécifiques / *Aegilops tauschii* / Ressources génétiques

► Résumé du programme :

Dans un contexte de changements multiples (climatiques, pratiques agricoles, nouveaux besoins des utilisateurs), l'objectif principal de ce projet est de répondre progressivement à la question : Quelles nouvelles polyploïdisations réaliser et comment les conduire pour une meilleure adaptation du blé tendre aux contraintes à venir ? En plus d'identifier et d'apporter une plus grande diversité génétique du génome D, il s'agit de comprendre les mécanismes activés par la polyploïdisation et les interactions entre sous-génomes A, B et D afin d'intégrer plus efficacement cette nouvelle diversité génétique dans du matériel utilisable en sélection. Le projet, qui s'étendrait sur 5 ans, se compose donc de trois volets.

Le premier volet s'appuie sur la diversité des espèces progénitrices du blé tendre et en particulier sur la collection d'*Aegilops tauschii* du Centre de Ressources Biologiques INRA qui sera caractérisée au niveau moléculaire et morphologique. Une diversité complémentaire sera recherchée par comparaison au matériel actuellement à disposition des sélectionneurs. L'origine des tétraploïdes et le sens du croisement seront aussi explorés, notamment pour le deuxième volet qui vise à la recherche des combinaisons blé tétraploïde x *Aegilops* les plus performantes. Pour cela, d'une part, les blés synthétiques issus de différents types de croisements seront étudiés. D'autre part, on s'attachera à mieux comprendre les nouvelles régulations entre sous-génomes qui se mettent en place suite à cette polyploïdisation récente. Enfin, le troisième volet utilisera les principes de gestion dynamique de populations blés synthétiques x blés élites, menées en multilocal et pluriannuel sous diverses contraintes, notamment climatiques. Les géniteurs issus de ces populations seront directement exploitables par les sélectionneurs et serviront aussi à la compréhension des mécanismes en lien avec le volet 2.

Ce projet allie sélectionneurs et recherche publique. Il s'étend de l'étude de la diversité et des mécanismes de régulation à la création de géniteurs. Pour cela, il étudie parallèlement 3 niveaux : *Aegilops*, blés synthétiques et intégration dans du matériel élite, en prenant en compte l'héritabilité d'un niveau à l'autre. Il a pour ambition de contribuer à la translation rapide et efficace de résultats de recherche vers la sélection.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Enrichissement de la base de données du Centre de Ressources Biologiques Céréales à paille de Clermont-Ferrand par la caractérisation de 154 accessions. Ces informations seront mises à disposition sur la base Siregal.
- Identification d'*Aegilops tauschii* à privilégier pour la création de blés synthétiques.
- Création de nouveaux blés synthétiques.
- Géniteurs originaux, issus de la population sous contraintes, pour les programmes de sélection blé tendre.
- Publications scientifiques : diversité comparée des *Aegilops*, expression de gènes, introgressions d'*Aegilops* dans du matériel élite.

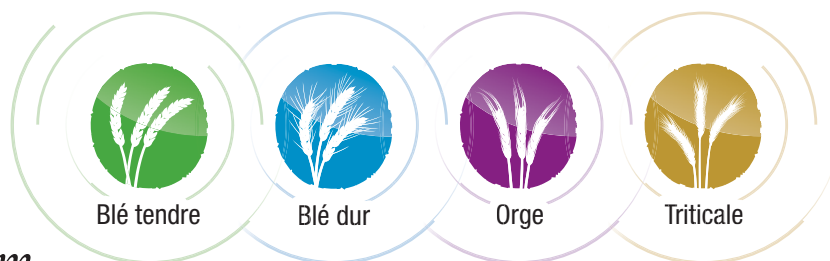
► Comité de pilotage :

- Annaïg BOUGUENNEC (Coordinateur) - INRA UMR1095 GDEC
- Jérôme SALSE - INRA UMR1095 GDEC
- Bernard ROLLAND - INRA UMR1349 IGEPP
- Dario FOSSATI - Agroscope (Changins)
- Jérôme AUZANNEAU - AgriObtentions
- Delphine TAILLIEU - Florimond Desprez Veuve et Fils
- Céline DUQUE - Limagrain Europe
- Bernard DUPERRIER - Limagrain Europe
- Laure DUCHALAIS - RAGT 2n
- Alexis OGER - Syngenta France SAS
- Clément DEBITON - Unisigma
- Alison BENTLEY - NIAB
- Un représentant du GNIS pour le FSOV



ResistaMicro

Comprendre et maîtriser les infections de *Microdochium* pour améliorer la résistance du blé à la « *Microdochiose* »



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Octobre 2018	36 mois (3 ans)	509 900,50 €	347 608,95 € (68%)

FSOV
FSOV 2018 I

► **Mots clefs :** Phytopathologie / *Microdochium* Céréales / Phénotypage / Génétique / Évaluation variétale

► Résumé du programme :

Depuis plusieurs années, *Microdochium majus* et *M. nivale*, champignons phytopathogènes pouvant infecter tous les organes des céréales, sont significativement présents en France et causent d'importantes pertes de rendements. Il devient indispensable de mieux comprendre et maîtriser ces deux espèces de *Microdochium* afin de développer des variétés tolérantes à ces agents pathogènes. Le projet « FSOV *Microdochium* », initié en 2014, a permis de mieux connaître l'occurrence de ces deux espèces en France, de mieux reconnaître les symptômes de la microdochiose sur feuilles, et a mis en évidence des comportements contrastés entre les variétés.

Ce projet a également permis de mettre en évidence des verrous méthodologiques notamment dans la maîtrise des inoculations artificielles. Ces freins sont, en partie, liés aux manques de connaissances sur la biologie de ces champignons. Afin de lever ces verrous, **ResistaMicro** sera structuré en 3 axes de recherche.

Le premier, axé sur la biologie et l'épidémiologie du champignon, consistera à caractériser génétiquement les populations de *Microdochium* spp. isolées principalement sur blé tendre mais également sur blé dur, orge et triticale, afin de regarder si il existe une structuration des populations selon l'hôte, les organes ou les régions. Parallèlement, nous identifierons les facteurs agro-climatiques à risque dans le développement de la maladie par des analyses moléculaires de lots de grains issus des enquêtes Arvalis. La connaissance de ces éléments est essentielle pour implanter des essais variétaux dans des conditions optimales de pression de maladie et proposer un modèle de prédiction du risque.

Le second volet aura l'ambition de mettre au point des protocoles d'évaluation de la sensibilité variétale (blé tendre) à *Microdochium* spp. robustes, reproductibles et transférables à tous les acteurs de la sélection française. Afin d'identifier les critères nécessaires à la réussite des essais inoculés, plusieurs variables seront évaluées (e.g. isolats, taux d'inoculum, nombre d'applications, stade d'application, ...) pour des variétés de blé tendre pertinentes identifiées lors du précédent projet. En parallèle, nous développerons un test de phénotypage en conditions contrôlées (sur feuilles et épis) pour disposer de méthodes de criblage rapide et de protocoles pour l'étude du mode d'infection de ces agents pathogènes.

Le troisième volet consistera à étudier, en conditions contrôlées, la variabilité du pouvoir pathogène des deux espèces de *Microdochium* par la caractérisation du mode d'infection sur blé tendre, par des mesures d'agressivité selon les organes de la plante (feuilles, épis) ou encore la recherche de gènes impliqués dans l'interaction blé-*Microdochium* spp.

Pour conclure, ce projet fournira des livrables et des méthodes nécessaires

et transférables à l'ensemble de la filière céréalière pour lutter efficacement contre *Microdochium*.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Caractérisation des facteurs agro-climatique à risque et mise au point d'un modèle prédictif ou d'une grille de risque.
- Mise en place de tests de phénotypage robustes en chambre de culture sur feuilles et sur épis.
- Mise en place d'un test de phénotypage robuste au champ sur feuilles et sur épis disponible pour toute la filière.
- Evaluation de la spécificité de réponse des variétés sur feuilles et sur épis vis-à-vis de différents isolats et espèces de *Microdochium*.
- Mise à disposition d'un génome de référence de haute qualité pour les deux espèces de *Microdochium*.
- Construction des bases génomiques indispensables à la compréhension de la biologie de *Microdochium* spp.
- Développement d'outils de génotypage pour la caractérisation de souche de *Microdochium* spp.
- Caractérisation de la diversité génétique des populations de *Microdochium* spp. multi-échelle.
- Evaluation du potentiel évolutif de *Microdochium* spp.
- Etude des mécanismes d'interaction en comparaison avec *F. graminearum*.

► Comité de pilotage :

- **Romain VALADE** (Coordinateur) - ARVALIS Institut du Végétal
- **Marie FOULONGNE-ORIOU** - INRA MYSCA
- **Cyrille SAINTENAC** - INRA GDEC
- **Benoît FOUCAULT** - CETAC
- **Delphine TAILLIEU** - Florimond Desprez Veuve & Fils
- **Céline DUQUE** - Limagrain Europe
- **Jérôme AUZANNEAU** - AgriObtentions
- **Philippe LEREBOUR** - Unisigma
- **Laure DUCHALAIS** - RAGT 2n
- **Laurent GERVAIS** - Syngenta
- **Valérie CADOT** - GEVES
- Un représentant du GNIS pour le FSOV

ARVALIS
Institut du végétal

GEVES
Groupe d'Étude et de contrôle
des Variétés Et des Semences

INRA
SCIENCE & IMPACT

Limagrain
Europe

RAGT
2n

ao agri Obtentions
Semenciers de l'agriculture durable

syngenta

C.E.T.A.C.
Centre d'Études Techniques pour
l'Amélioration des Céréales

UNISIGMA

**FLORIMOND
DESPREZ**

Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Janvier 2019	36 mois (3 ans)	541 327,51 €	354 446,96 € (65%)

► **Mots clefs :** Stress hydrique / Stress thermique / Clonage de QTL / Phénotypage / Génétique d'association / Variabilité allélique naturelle / Variabilité allélique induite / Lignées isogéniques / Mutants TILLING / Activité protéique

► Résumé du programme :

Dans un contexte de stagnation des rendements du blé, mis en évidence sur les 15 dernières années en France et en Europe (Brisson et al 2010), les conditions climatiques et plus particulièrement le stress hydrique et thermique ont été identifiés comme étant des causes principales de pertes de rendement (Gouache et al 2015).

Pour faire face au déficit hydrique qui devrait s'accroître d'ici 2050 (Bancal et Gate, 2010), le projet vise à identifier et utiliser un gène capable de compenser les pertes de rendement en conditions de chaleur et sécheresse.

Le locus de caractère quantitatif (ou QTL) nommé *qDHY.3BL* a été identifié sur le chromosome 3B dans une population de blé de printemps australien dans le cadre de la thèse de J. Bonneau (Bonneau et al 2013). L'Université d'Adélaïde a cartographié finement le QTL et trouvé 7 gènes dans la région sous-jacente. Seul un gène présente un polymorphisme de séquence entre les lignées parentales, RAC875 et Kukri, et une différence d'expression chez les lignées portant l'un ou l'autre allèle. Ce gène, tronqué chez le parent RAC875 qui porte l'allèle positif, serait responsable de la régulation de gènes impliqués dans le maintien du rendement en conditions de stress. De son côté, par l'utilisation de lignées isogéniques, Biogemma a confirmé l'effet positif de ce QTL sur le rendement dans un blé d'hiver élite européen, sur deux années d'essais en conditions de stress hydrique.

Le projet d'une durée de 3 ans, propose d'explorer quatre axes complémentaires qui visent à :

- 1/ Identifier la variabilité allélique naturelle du gène candidat et étudier l'effet dans des lignées de blé d'hiver,
- 2/ Démontrer que ce gène est à l'origine du QTL *qDHY.3BL* en étudiant des lignées mutées pour ce gène dans plusieurs populations TILLING,

3/ Déterminer les conditions environnementales pour lesquelles le gène a un effet positif sur le rendement en Europe et étudier les mécanismes physiologiques sous-jacents,

4/ Démontrer l'activité protéique du produit du gène et identifier les processus biochimiques impliqués ainsi que les cibles de ce gène par transcriptomique.

A terme, ce projet permettra d'améliorer la performance des blés d'hiver et de printemps au niveau de la tolérance aux stress hydriques et thermiques et de mieux appréhender les mécanismes physiologiques et génétiques de ce QTL.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

Les résultats attendus concernent en premier lieu une meilleure caractérisation phénotypique et génétique du gène UBP pour sa capacité à maintenir le rendement en conditions de stress hydrique et thermique. Ces résultats pourront être facilement valorisés dans des programmes de sélection via l'utilisation des marqueurs et du matériel génétique (mutants, NIL) développés. Ce projet ouvrira des opportunités de communications et de publications dans des colloques et revues scientifiques. Enfin, plus largement, il améliorera notre niveau de connaissance sur les méthodologies de phénotypage liées au déficit hydrique, sur l'analyse des interactions génotype avec l'environnement (G x E) et sur l'intérêt du clonage d'allèles exotiques pour améliorer la sélection des blés français en réponse aux stress biotiques et abiotiques.

► Comité de pilotage :

- Mickaël THROUDE (Coordinateur) - Biogemma
- Delphine FLEURY - Université d'Adélaïde
- Matthieu BOGARD - ARVALIS Institut du Végétal
- Un représentant du GNIS pour le FSOV



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Octobre 2018	36 mois (3 ans)	189 097,91 €	117 099,15 € (62%)



► **Mots clés :** Résistance durable aux maladies / Triticale / Rouille brune / QTL et gènes majeurs de résistance / Cartographie

► Résumé du programme :

Le triticale est sujet à des épidémies de rouille brune, qui peuvent impacter fortement le rendement (de 30 à 40% sur variété sensible en 2016) en particulier dans l'Ouest de la France. Il est donc indispensable de veiller à introduire dans le fonds génétique des sources de résistance, de préférence quantitatives et diversifiées pour assurer leur durabilité. Actuellement aucune information n'est disponible sur la base génétique de la résistance à la rouille brune chez les triticales cultivés en France. La caractérisation de sources de résistance dépend fortement de la pertinence du phénotypage, donc d'une bonne connaissance des populations pathogènes du champignon agent de la rouille brune, *Puccinia triticina*. Cette espèce attaque également le blé dur et le blé tendre, mais les quelques isolats issus de triticale analysés jusqu'ici ont révélé un phénotype et un génotype SSR uniques, et spécifiques au triticale.

L'absence de diversité observée peut être due à l'inadaptation de l'outil de phénotypage utilisé, qui est une gamme d'hôtes différentiels représentant les sources de résistances utilisées dans les programmes blé tendre. Le premier axe du programme portera donc sur la caractérisation des populations pathogènes, basée sur un échantillonnage annuel dans les réseaux d'essais obtenteurs et Arvalis, et un phénotypage des isolats sur une gamme d'hôtes différentiels spécifique triticale qu'il s'agira de mettre au point.

Le deuxième axe portera sur la caractérisation de la résistance de matériel génétique proposé par le GIE Triticale. L'évaluation du niveau de résistance sera basée sur un suivi au champ, dans des réseaux d'essais avec inoculation artificielle ou naturelle.

Le troisième axe du programme s'attachera à caractériser le déterminisme génétique de la résistance à la rouille brune de 2 géniteurs présentant un niveau de résistance intéressant, en réalisant le phénotypage de lignées descendantes de croisements avec une variété sensible. Les 2 populations,

une HD et une F6, seront disponibles dès l'année 1 du projet. Le génotypage de ces populations, prévu hors projet, sera disponible et permettra de réaliser une cartographie des facteurs de résistance de ces géniteurs.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Guide des symptômes de rouille brune sur triticale permettant d'affiner le phénotypage.
- Mise à disposition d'un protocole de production, conservation et application des inoculas de *Puccinia triticina*.
- Détermination de la spécificité d'hôtes de *Puccinia triticina* pour une meilleure gestion des systèmes de culture.
- Détection de QTL's de résistance adulte permettant la création de génotypes résistants afin de fournir aux sélectionneurs des ressources génétiques nouvelles.

Une meilleure connaissance du comportement des variétés de triticale actuelles face à cette maladie.

► Comité de pilotage :

- **Philippe LONNET** (Coordinateur) - GIE Triticale / Florimond Desprez
- **Eric DELALEAU** - GIE Triticale / Lemaire Deffontaines
- **Frédéric FANTIN** - GIE Triticale / AgriObtentions
- **Christophe JEUDI** - GIE Triticale / Florimond Desprez
- **Jean-Paul LEGOFF** - GIE Triticale / RAGT 2n
- **Henriette GOYEAU** - INRA UMR 1290 BIOGER
- **Annaig BOUGUENNEC** - INRA UMR 1095 GDEC
- **Philippe du CHEYRON** - ARVALIS Institut du Végétal
- Un représentant du GNIS pour le FSOV

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 stress 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'introgessions 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

PERSIST

Préserver et améliorer l'efficacité des gènes de résistance à la septoriose : le cas du gène *Stb16q*



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Octobre 2018	36 mois (3 ans)	434 966,33 €	295 231,58 € (68%)



► **Mots clefs :** Septoriose / Blé tendre / Résistance durable / *Stb16q* / Virulence

► Résumé du programme :

La septoriose du blé tendre, provoquée par le champignon *Zymoseptoria tritici*, est l'une des maladies les plus dommageables pour cette culture en France. La proportion grandissante de souches résistantes aux fongicides dans un contexte réglementaire de réduction des produits phytosanitaires nécessite de proposer des variétés de blé résistantes à ce champignon. Or, à l'instar des fongicides, la forte capacité adaptative de *Z. tritici* entraîne des contournements fréquents des résistances variétales mono-géniques. Il est ainsi urgent de mettre en place des stratégies de sélection de résistances qui sont efficaces et durables pour les variétés de blé de demain. En utilisant, comme modèle d'étude, le gène à large spectre de résistance *Stb16q*, identifié dans un précédent projet FSOV, nous proposons de comprendre comment préserver l'efficacité d'un gène R, mais également d'évaluer la possibilité de restaurer/modifier l'efficacité de gènes majeurs lorsqu'ils sont contournés par les populations de pathogènes.

Ainsi, nous évaluerons l'impact de différents fonds génétiques sur l'efficacité et la durabilité du gène *Stb16q* à travers l'implantation d'un panel de plusieurs dizaines d'accessions sous de fortes pressions naturelles de septoriose. Cette étude sera renforcée par l'analyse du comportement des variétés possédant *Stb16q* et présentes dans les réseaux Arvalis, Vigiculture et DEPHY sur des centaines de parcelles en France. De plus, nous cartographierons les facteurs de résistance autres que *Stb16q* qui permettent au blé synthétique TA4152-19 de ne pas être contourné à ce jour et dont l'association dans de nouvelles variétés pourrait permettre de mettre en place une résistance plus durable.

Afin de répondre au contournement rapide des gènes *Stb*, nous évaluerons le rôle de mutations aléatoires dans le gène *Stb16q* pour créer des allèles conférant une résistance à plus large spectre.

Enfin, afin de construire efficacement des résistances durables, il est indispensable de comprendre les mécanismes adaptatifs du champignon. Suite à l'introduction récente de *Stb16q* sur le territoire national, il est apparu des souches capables de contourner ce gène qui sont en cours d'expansion. Nous exploiterons cette situation unique de contournement récent de résistance en identifiant les déterminants génétiques fongiques à l'origine de

ce contournement et en étudiant leur dynamique d'évolution spatio-temporelle grâce à la mise en place d'un outil de diagnostic moléculaire.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

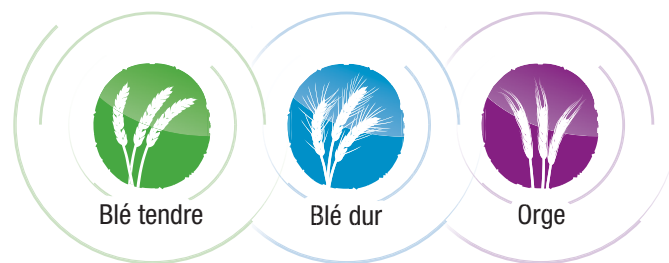
- Cartographie des gènes/QTLs de résistance présents chez le blé synthétique TA4152-19 et Nogal qui confèrent un large spectre de résistance à *Z. tritici*
- Identification de marqueurs finement associés à certains de ces gènes/QTLs.
- Identification de fonds génétiques complémentaires à *Stb16q* et conférant un large spectre de résistance.
- Identification d'itinéraires techniques améliorant la durabilité de la résistance à *Z. tritici* à travers l'étude des données des réseaux DEPHY.
- Identification du gène d'avirulence *AvrStb16q*.
- Identification des différentes versions alléliques du gène *AvrStb16q* et des SNP impliqués dans la virulence.
- Effet de la virulence *AvrStb16q* sur la fitness de l'agent pathogène.
- Distribution spatio-temporelle à l'échelle du territoire national des populations de *Z. tritici* virulentes sur le gène *Stb16q*.
- Mise en place d'un outil de diagnostic moléculaire pour suivre *AvrStb16q*.
- Evaluation de la transmission de l'allèle d'avirulence *AvrStb16q* lors de la reproduction sexuée du pathogène
- Génération de mutations aléatoires dans le gène *Stb16q* et étude de l'impact de ces mutations sur le spectre de résistance des nouveaux allèles.

► Comité de pilotage :

- **Cyrille Saintenac** (Coordinateur) - INRA GDEC
- **Marc-Henri LEBRUN** - INRA BIOGER
- **Ellen GOUEMAND DUGUE** - FLORIMOND DESPREZ
- **Laure DUCHALAIS** - RAGT 2n
- **Romain VALADE** - ARVALIS Institut du végétal
- **Gert KEMA** - Wageningen Plant Research
- Un représentant du GNIS pour le FSOV

Phénolotol

Phénotypage variétal de la tolérance et des traits associés en céréales



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Janvier 2019	36 mois (3 ans)	461 725,89 €	298 848,12 € (65%)



► **Mots clefs :** Adaptation aux aléas / Amélioration variétale / Stress / Biotique et abiotique / Céréales à paille / Blé / Orge / Tolérance / Généricité / Indicateurs phénotypiques

► Résumé du programme :

Dans le contexte ouest-européen, les parades génétiques ou culturales contre les stress biotiques ou abiotiques subis par les céréales à pailles visent essentiellement à éviter l'apparition de symptômes. Cependant à symptômes équivalents, des cultures tolérantes afficheront des pertes moindres en rendement, comportement d'intérêt pour les sélectionneurs et les producteurs (Gate, 2013).

Il ne semble pas y avoir de « trade-off » entre potentiel de rendement et tolérance (Gouache et al., 2014). Par contre la tolérance, point aveugle de l'amélioration variétale, pourrait s'opposer à d'autres voies de contournement (échappement, résistance). Des travaux menés ces dernières années (Bancal et al., 2015 ; Collin et al., 2018) ont conduit à une meilleure compréhension des mécanismes physiologiques sous-jacents, en présence de stress azoté ou de maladie du feuillage (septoriose). Pour que la tolérance (ou les traits qui la favorisent) puisse être intégrée aux programmes d'amélioration variétale, le projet se propose de répondre à 4 questions principales:

- Quels dispositifs expérimentaux à moyen/haut débit pour classer les variétés selon leur tolérance ?
- Les traits identifiés pour la tolérance à la septoriose et à l'azote sont-ils génériques à d'autres stress (stress hydrique, autres maladies) ?
- Quelle est l'ampleur de la diversité génétique et quel gain attendre de la sélection pour cette tolérance ? (gamme variétale restreinte pour débiter)
- Les traits de tolérance sont-ils transposables entre espèces de céréales à paille d'hiver (blé tendre, blé dur, orge d'hiver ou triticales) ?

Les travaux débiteraient par une valorisation de données historiques issues de phénotypage HD (qualification de la précision des mesures, réponse du couvert et du rendement à des stress). Des travaux spécifiques seraient ensuite menés sur des essais dédiés en plateforme de phénotypage pour instruire les

questions ci-dessus (dans l'ordre : généricité entre stress, diversité variétale, généricité entre espèces). Le travail de traitement et d'interprétation des essais serait complété par une analyse agro-climatique d'occurrence des stress, afin d'objectiver l'intensité et la fréquence des différents stress à l'échelle régionale (climat passé et futur).

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

D'un point de vue académique, la thématique est peu travaillée au niveau international; les possibilités de publication scientifiques sont donc réelles sous les angles suivants : généricité inter-stress de la tolérance, valorisation de dispositifs de phénotypage HD pour caractériser les comportements variétaux, généricité inter-espèce.

En termes d'application, l'objectif est d'apporter des réponses et des méthodes aux sélectionneurs pour intégrer le concept de tolérance dans leur travail : explications physiologiques, méthodologie de screening. Des modules de formation pourront également être montés (si pertinent) pour aider les acteurs de l'amélioration des plantes (pre-breeder, sélectionneurs, évaluateurs, voire étudiants) à s'approprier les concepts et les outils.

La compréhension des mécanismes pourra également être valorisée au niveau du conseil agricole (profil de la variété et état de croissance d'une culture).

► Comité de pilotage :

- Jean-Charles DESWARTE (Coordinateur) - ARVALIS Institut du Végétal
- Pierre BANCAL - INRA UMR 1405 ECOSYS
- Marie Odile BANCAL - INRA UMR 1405 ECOSYS
- Yvan CONTRAIN - AgriObtention
- Un représentant du GNIS pour le FSOV

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 ^{er} 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 recombinaisons 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 GxE.
- 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.

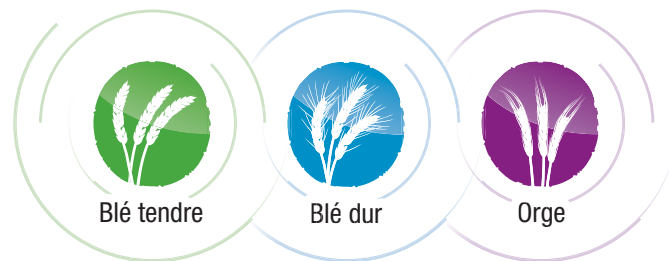
► Comité de pilotage :

- 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



PlastiX

Plasticité des composantes de rendement des céréales à paille



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Octobre 2018	36 mois (3 ans)	552 817,55 €	331 045,24 € (60%)

FSOV
FSOV 2018 R

► **Mots clefs :** Adaptation au milieu / Ecophysiologie / Phénotypage / Stress abiotiques / Plasticité / Fertilité épi / Tallage / Variabilité génétique

► Résumé du programme :

Les climats actuels et futurs sont caractérisés par une occurrence accrue d'années climatiques défavorables à la production agricole et par une variabilité inter-annuelle croissante. Le besoin de variétés de céréales tolérantes aux stress abiotiques et affichant une stabilité accrue de leurs performances agronomiques est donc plus que jamais pressant.

Classiquement, la tolérance des variétés de céréales aux stress abiotiques est évaluée sur les caractéristiques agronomiques finales (rendement, qualité). Bien entendu des travaux plus analytiques ont été réalisés pour dissocier les effets des stress climatiques sur les composantes du rendement mais ces travaux n'ont pas été déclinés en une méthode d'analyse permettant explicitement de valoriser la variabilité génétique existant pour la plasticité des variétés existantes.

Le nombre de grains par m² a clairement été identifié comme le principal facteur limitant dans le déterminisme du rendement. Ce caractère peut être décomposé en deux composantes ; le nombre d'épis par m² et le nombre de grains par épi. Or, des travaux antérieurs ont souligné l'importance de la compensation entre ces deux composantes dans le déterminisme du nombre de grains par m², en particulier lorsque surviennent des conditions climatiques défavorables qui induisent une diminution du tallage. C'est ce processus que cherche à étudier le projet PLASTIX.

L'idée générale est donc d'explorer la variabilité génétique existante dans les variétés de trois espèces de céréales à paille (blé tendre, blé dur et orge) pour leur capacité à compenser une réduction du tallage (et donc du nombre d'épis par m²) par une augmentation de la fertilité des épis (nombre de grains par épi). D'un point de vue finalisé, ce travail doit permettre de proposer une méthode d'analyse des essais variétaux permettant d'identifier explicitement les différences variétales pour la plasticité de ce caractère.

Le consortium présent dans ce projet doit permettre de travailler cette question à trois niveaux :

- Cette question et sa déclinaison opérationnelle chez les obtenteurs nécessite d'améliorer notre capacité à mesurer de manière précise et à haut débit le

nombre d'épis par m² sur des essais variétaux de grande ampleur. Le projet PlastiX mettra donc en place une tâche méthodologique dont le but est de finaliser et tester en conditions diverses un outil de phénotypage dédié.

- La compréhension de la compensation entre déficit de tallage sous contraintes climatiques et fertilité de l'épi nécessite une meilleure compréhension des processus écophysiologiques qui la contrôlent. Des travaux seront donc menés en ce sens.
- Enfin, ces avancées méthodologiques et cognitives permettront d'explorer la variabilité génétique existant pour ce caractère sur un ou des panel(s) de variétés élites présentant des différences objectives en termes de stratégie de mise en place des grains. Cette tâche pourra bénéficier de la connaissance qu'ont les obtenteurs des caractéristiques de leur matériel génétique.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

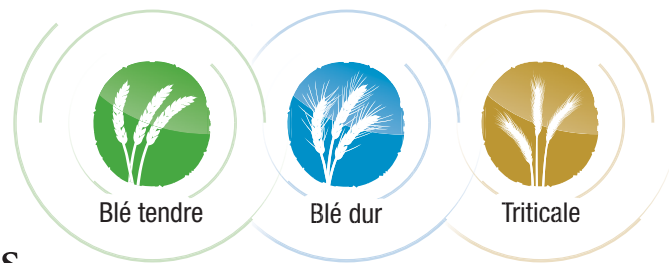
- Quantification de la variabilité génétique existante associée à la compensation entre le nombre d'épis par m² et le nombre de grains par épi.
- Identification de méthodes expérimentales et analytiques permettant d'identifier la variabilité génétique susmentionnée sur de larges panels.
- Participation au développement d'une méthode de phénotypage permettant de mesurer le nombre d'épis par m² dans des conditions de terrain expérimentales.
- Identification d'un cadre conceptuel permettant d'analyser les essais sur le terrain en termes de plasticité des composants de rendement.

► Comité de pilotage :

- Vincent ALLARD (Coordinateur) - INRA
- Jean-Charles DESWARTE - ARVALIS Institut du végétal
- Stéphanie THEPOT - BASF France
- Pascal GIRAudeau - SECOBRA
- Jérôme AUZANNEAU - AGRI-Obtentions
- Sébastien CAIVEAU - Syngenta
- Un représentant du GNIS pour le FSOV

DivR

Des outils moléculaires pour la sélection de résistances diversifiées et efficaces contre la septoriose du blé



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Janvier 2019	36 mois (3 ans)	419 616,41 €	269 757,14 € (64%)



► **Mots clefs :** Interactions gène-pour-gène / Marqueurs diagnostiques / Epidémiosurveillance / Spectres de virulence/ Méta-analyse

► Résumé du programme :

Le projet DivR a pour but d'acquérir une connaissance approfondie des gènes de résistance à la septoriose présents dans les variétés de blé tendre cultivées en France. Nos recherches précédentes ont mis en évidence que la résistance du blé à *Zymoseptoria tritici*, agent de la septoriose, est le fait d'un grand nombre de gènes de résistance qui interagissent avec les gènes d'avirulence correspondants chez l'agent pathogène. Dans le projet BREEDWHEAT, une étude de génétique d'association à l'échelle du génome (GWAS) a montré que de nombreux gènes de résistance *Stb* sont présents dans nos variétés élites. Quasiment tous les gènes *Stb* détectés ont une efficacité spécifique envers seulement certains isolats de septoriose. La spécificité d'isolat des gènes *Stb* a également été mise en évidence dans le projet ANR GANDALF au cours duquel 15 gènes d'avirulence candidats ont été identifiés par GWAS, complétant la liste des 3 gènes d'avirulence publiés. Nous proposons DivR, un projet FSOV de 3 années dans lequel les connaissances préalablement acquises sur ces gènes de résistance et d'avirulence vont être utilisées afin d'obtenir une image la plus complète possible des gènes *Stb* présents dans les variétés de blé élites. Cette étude intégrant nos connaissances sur la génétique de la résistance à la septoriose et la dynamique évolutive des populations de *Z. tritici* va permettre d'acquérir des outils déterminants pour parvenir à sélectionner des variétés de blé plus durablement résistantes à la septoriose.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

Les résultats de ce projet permettront d'améliorer l'efficacité de la sélection de cultivars de blé résistants à la septoriose et d'optimiser la gestion de l'utilisation

de ces résistances à l'échelle du territoire français, notamment par :

- Une connaissance approfondie des gènes de résistance à la septoriose présents dans les variétés de blé tendre cultivées en France.
- Le développement de marqueurs moléculaires étroitement liés aux gènes de résistance présents dans ces variétés, qui pourront être utilisés en sélection assistée par marqueurs et en sélection génomique.
- La mise à disposition d'une collection d'isolats caractérisés pour leurs virulences qui permettront le criblage et l'identification de nouvelles sources de résistance à la septoriose.
- La mise au point d'une méthode moléculaire pour le suivi de l'émergence et de l'évolution des virulences dans les populations de septoriose nécessaire à l'évaluation de l'efficacité des gènes de résistance disponibles et à la gestion de leur utilisation.

► Comité de pilotage :

- **Thierry MARCEL** (Coordinateur) - INRA BIOGER
- **Cyrille SAINTENAC** - INRA GDEC
- **Daniel CROLL** - Université de Neuchâtel
- **Andrea SANCHEZ VALLET** - ETH Zurich
- **Ellen GOUEMAND DUGUE** - FLORIMOND DESPREZ
- **Benoît FOUCAULT** - KWS Momont
- **Sébastien CAIVEAU** - Syngenta France
- Un représentant du GNIS pour le FSOV

