



DÉVELOPPEMENT, PAR GÉNÉTIQUE D'ASSOCIATION, D'UN OUTIL MOLÉCULAIRE DE PRÉDICTION DU POIDS SPÉCIFIQUE CHEZ LE BLÉ TENDRE

❖ Partenariat

Les partenaires du programme de recherche sont Bioplante (coordinateur) et l'INRA.

❖ Fonds engagés

Les fonds engagés pour ce programme de 3 ans sont de 320 900 € dont 160 450 € d'aide FSOV.

❖ Contexte

Le poids spécifique (PS) est un critère très important, tant pour l'agriculteur puisqu'il conditionne en partie le prix de vente de sa récolte, que pour le négoce, en particulier à l'exportation. En sélection, le PS n'est mesuré que sur les dernières générations de sélection, alors qu'il serait préférable, pour plus d'efficacité, de pouvoir le sélectionner au plus tôt.

❖ Objectifs

Ce programme a pour objectif de mettre au point un outil moléculaire de prédiction du PS qui permettra de l'estimer facilement et précocement.

❖ Mise en place

Pour obtenir cet outil de prédiction, il est nécessaire de le calibrer et de le valider.

La première étape du projet (calibration de l'outil) consiste à identifier des marqueurs moléculaires DArT liés aux caractères étudiés (grâce à une étude d'association « genome-wide ». Ainsi, 5000 marqueurs DArT (présents sur une puce à ADN) seront testés sur chacun des 750 individus issus de nombreuses populations d'haploïdes doublées ou de lignées recombinantes. Le phénotypage (PS, mais également rendement, hauteur, teneur en protéines, précocité) de ce matériel sera effectué en 3 lieux (Nord, Beauce, Limagne) pour permettre un calibrage robuste.

La seconde étape (validation de l'outil) consiste à comparer les résultats de phénotypage à ceux obtenus par l'outil moléculaire de prédiction pour un nouvel ensemble de 376 lignées pour comparer le choix de sélection de l'outil de prédiction par rapport à celui du sélectionneur : cette comparaison permettra de valider la pertinence de l'utilisation d'un tel outil.



❖ Résultats escomptés

- Identification de lignées ou de variétés avec un PS élevé et stable ;
- Obtention de données moléculaires (DART) révélant la diversité génétique du matériel étudié. Ces données pourront être exploitées par exemple pour orienter le choix des géniteurs à croiser ;
- Acquisition de la méthode d'analyse « génétique d'association à l'échelle du génome » (contrôle des risques statistiques adaptés au matériel de sélection), qui pourra être réinvestie pour tout autre caractère ;
- Identification de marqueurs moléculaires liés : au PS, au rendement, à la teneur en protéine, à la précocité et à la hauteur des plantes ;
- Validation de l'outil de prédiction sur un autre panel de variétés, afin d'en évaluer sa robustesse et sa pertinence.

❖ Pistes de recherche pour le futur

Élargissement, à d'autres caractères que le PS, de cette méthode d'élaboration d'outils moléculaires prédictifs par génétique d'association.

❖ Impact et bénéfices du programme de recherche

• Pour les sélectionneurs :

Utilisation de l'outil moléculaire de prédiction par le sélectionneur pour l'aider dans ses choix de croisement et pour l'aider à sélectionner précocement les individus avec un bon PS.

• Pour les agriculteurs :

Disposer à terme d'un plus grand choix variétal de blé tendre avec un meilleur PS.

■ Coordinateur du projet ■

Olivier ROBERT – Bioplante - Cappelle en Pévèle

■ Partenaires ■

Gilles CHARMET – INRA UMR - Clermont-Ferrand

Alain CHARCOSSET – INRA - Le Moulon