

Identification des déterminismes génétiques permettant une élaboration optimale du rendement sous contraintes (climatique, azote et maladies)

Introduction

L'amélioration de la productivité est et restera toujours un objectif essentiel de la sélection et de la culture de céréales, mais ce dernier doit se conjuguer avec un objectif d'économie d'intrants et d'adaptation à des situations de contraintes multiples (température, disponibilité en eau, nutrition azotée, pression parasitaire, etc...). Associé à un phénotypage précis réalisé au champ, nous avons cherché à mettre clairement en évidence les facteurs génétiques impliqués dans l'élaboration du rendement (avec ou sous contraintes de stress hydrique, azoté ou maladies) en développant des approches innovantes mettant en jeu des outils modernes de la génomique tels que le génotypage haut-débit, ainsi que des analyses statistiques menant à la mise en évidence d'associations génétiques entre marqueurs moléculaires et variations phénotypiques.

Matériel et Méthodes

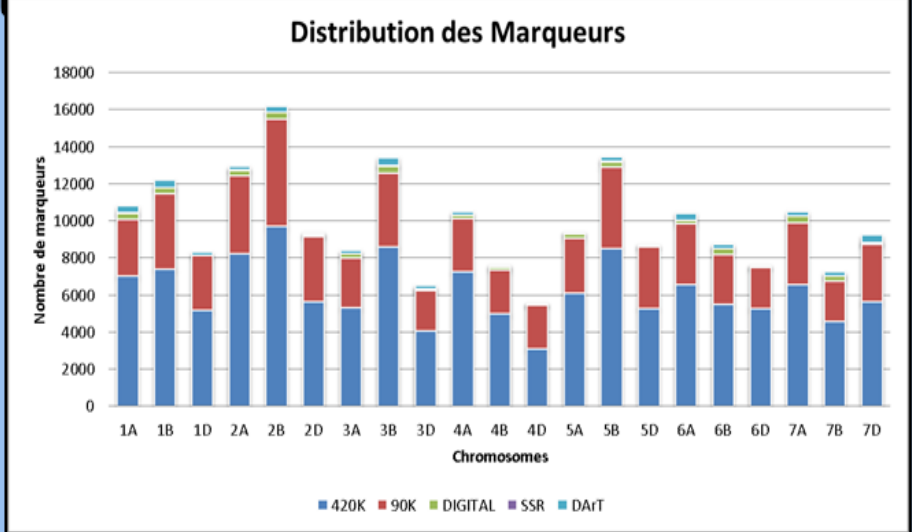
Phénotypage du matériel végétal

- **Matériel végétal**
 - 148 variétés issues d'un panel élite Arvalis
 - 58 lignées issues des programmes de sélection R2n et Bioplante
- **Tests au champ**
 - En condition de stress hydrique sur 2 ans sur un site Arvalis à Gréoux-les-bains: 2 répétitions irriguées et 2 répétitions non irriguées
 - En condition de stress azoté et de faible pression maladies sur 2 ans sur un site Bioplante (Prêmesques en 2011 et Cappel en 2012) et sur un site R2n (Louville-la-Chenard en 2011 et 2012): 2 répétitions menées en conduite optimale N+F+ et 2 répétitions menées avec limitation des intrants N-F-



Génotypage du matériel végétal

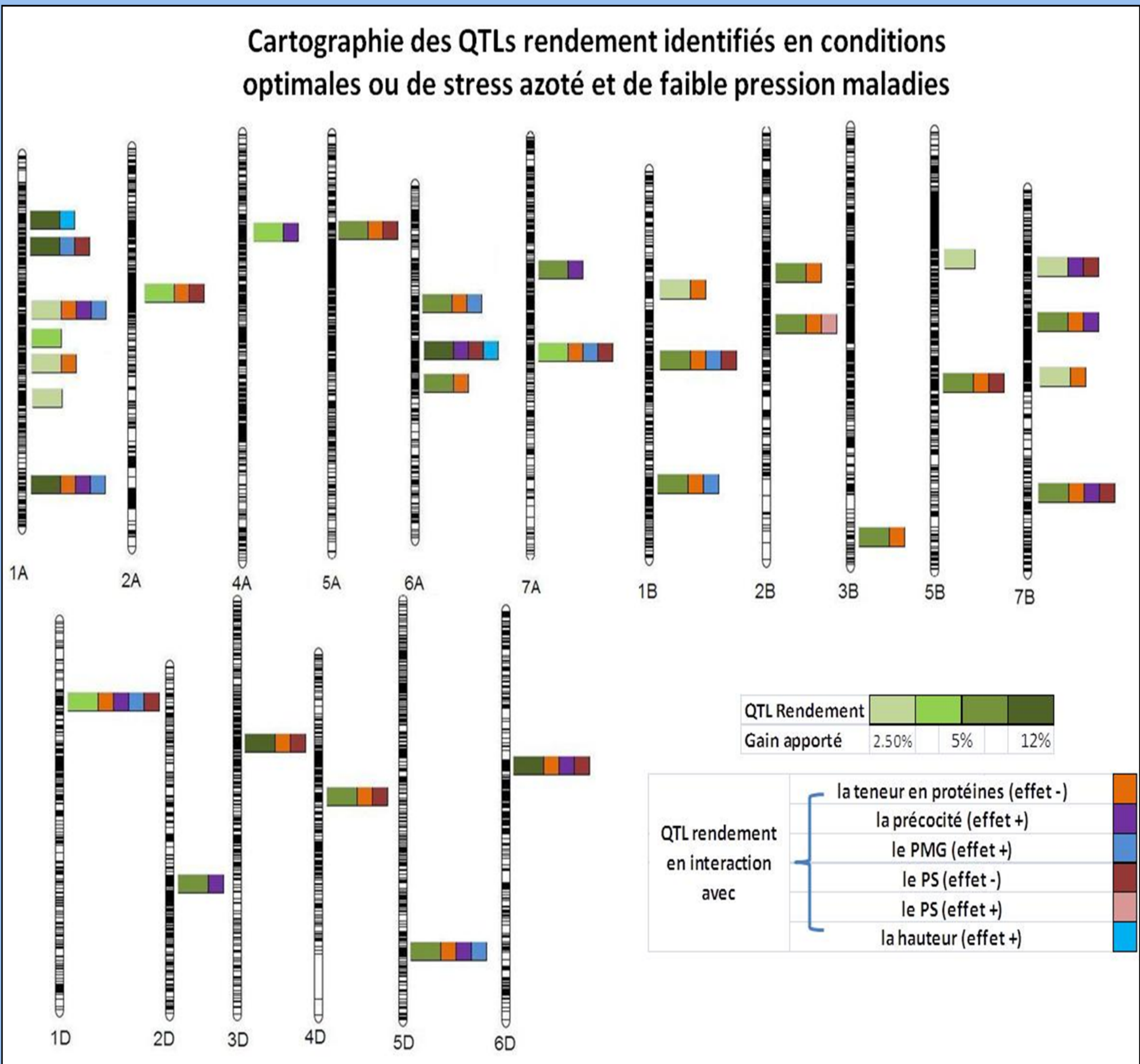
- 1 572 marqueurs DArT (Triticarte Pty Ltd)
- 439 marqueurs SSR (INRA-GDEC)
- 1 734 SNPs issus du projet Digital (INRA-GDEC)
- 35 867 SNPs issus de la puce 90K (Illumina)
- 104 727 SNPs issus de la puce TaBW420 développée dans le cadre du projet Breadboost (INRA-GDEC)



Analyses des données

- Des moyennes ajustées ont été calculées à partir d'un modèle mixte linéaire
- Les marqueurs ayant une MAF (Minimum Allele Frequency) < 5% et ayant plus de 20% de données manquantes ont été exclus
- Les analyses de génétique d'association ont été réalisées à l'aide d'un modèle MLM (Mixte Linear Model) grâce au package EMMA sous R

Résultats



QTLs de rendement identifiés

- Une multitude de QTLs de rendement « environnement spécifique » a été identifiée
- Un seul QTL stable de rendement a été identifié en condition de stress hydrique sur le chromosome 5B
- Trente trois QTLs de rendement ont été identifiés dans l'ensemble des environnements testés en conditions optimales ou de stress azoté et de faible pression maladies

Interactions entre QTLs de rendement et autres caractères

- Plus d'1/3 des QTLs rendement identifiés sont liés à la précocité
- Un tiers des QTLs rendement identifiés sont liés à une diminution du Poids Spécifique
- Plus d'1/4 des QTLs rendement identifiés sont liés à une augmentation du Poids de Mille Grains.
- Deux tiers des QTLs rendement identifiés sont liés à une diminution de la teneur en protéines

Conclusions et perspectives

- L'environnement a une importance considérable dans la détection des QTLs identifiés
- Trente quatre QTLs de rendement stables d'un environnement à un autre ont pu être identifiés grâce à un phénotypage précis réalisé dans le cadre de ce projet
- De nombreuses interactions négatives entre ces QTLs et d'autres caractères (précocité, PS, PMG, teneur en protéines...) ont pu être mises en évidence



L'utilisation en SAM (Sélection Assistée par Marqueurs) de ces QTLs s'avère donc complexe



Le développement de modèles de sélection génomique prenant en compte les interactions G x E serait utile pour améliorer la productivité de nos variétés de blé tendre

Christophe MICHELET¹, Laure DUCHALAIS¹, Bruno CLAUSTRES¹, Delphine HOURCADE², Katia Beauchêne², Stéphane Jezequel², Xavier LACAZE², Olivier ROBERT³, Ellen GOUEMAND³, Denis BEGHIN³

¹ RAGT 2n SAS Rue Emile SINGLA, Site de Bourran – B.P. 3336 – 12033 RODEZ Cedex 9
² ARVALIS – Institut de Végétal 3 rue Joseph et Marie Hackin, 75116 PARIS
³ BIOPLANTE, Bioplante Florimond Desprez, BP41, 59242 CAPPELLE EN PEVELE

* Coordinateur : Christophe MICHELET, cmichelet@ragt.fr



Partenaires

