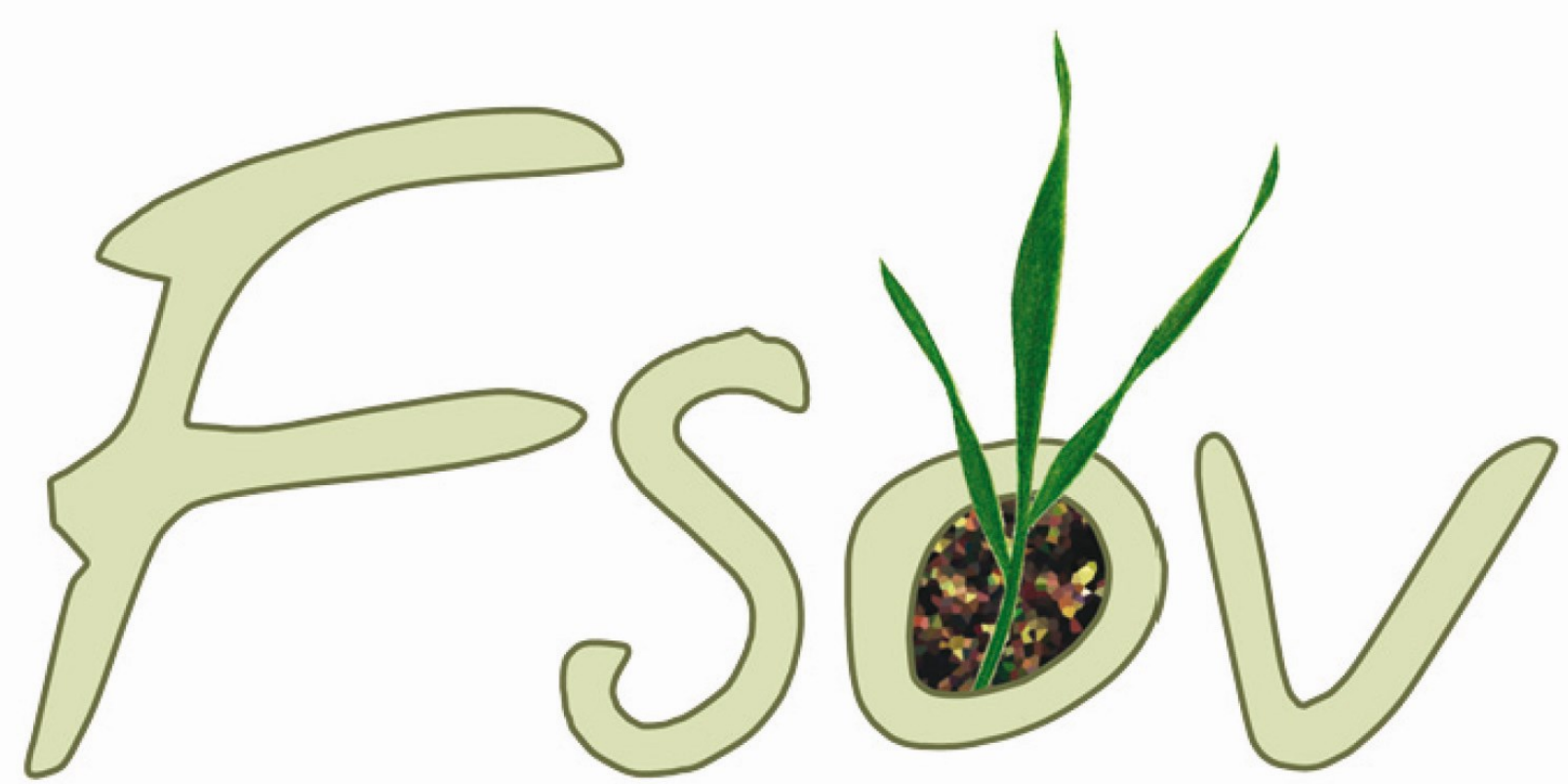




Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épeautre

Blé Durable de Qualité : Sélection de blés productifs de qualité sous contrainte de nutrition azotée

Ellen GOUEMAND-DUGUE^{1*}, Jérôme AUZANNEAU², Pierre LEMEUNIER^{1,2,3}, François-Xavier OURY³, Jacques BORDES³, Thierry DEMARQUET¹, David ALVAREZ³, Sibille PERROCHON³, Mireille DARDEVET³, Catherine RAVEL³

¹ Florimond Desprez Veuve & Fils, 59242 Cappelle-en-Pévèle

* Coordinateur : Ellen GOUEMAND-DUGUE, ellen.goudemand@florimond-desprez.fr

² AGRI OBTENTIONS, 78280 GUYANCOURT

³ INRA, UMR 1095 INRA UCA GDEC, 5 chemin de Beaulieu 63100 Clermont-Ferrand

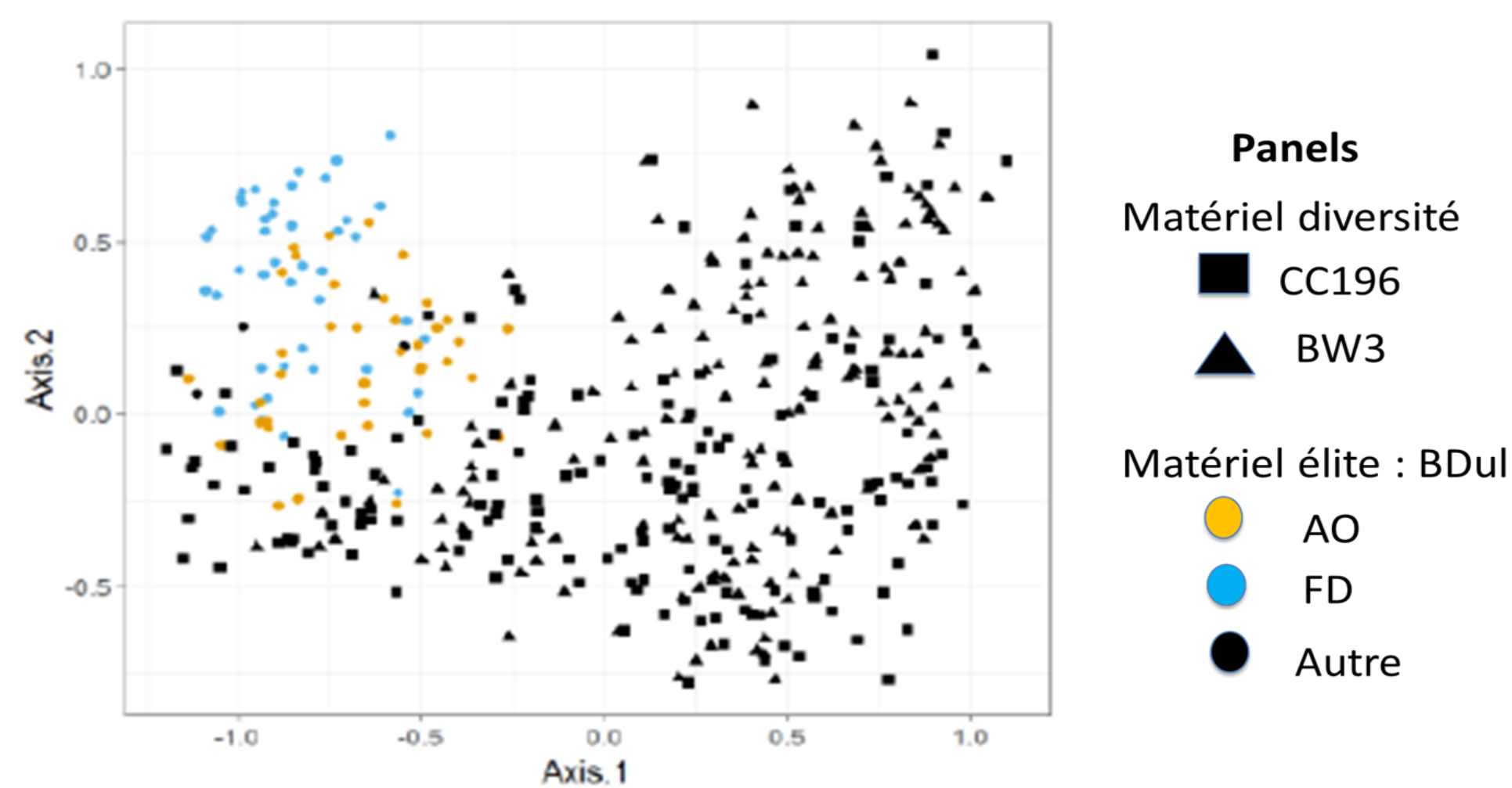
Résumé : Des marqueurs moléculaires ont été développés pour permettre aux sélectionneurs d'intégrer le rapport gliadines/gluténines dans leurs programmes de sélection. La capacité de la sélection génomique pour prédire le rapport gliadine/gluténine, important pour la qualité technologique, a été démontrée.

Introduction : La qualité d'usage de la farine de blé dépend de sa capacité à être transformée en une pâte aux propriétés rhéologiques appropriées, grâce à ses protéines de réserve, gliadines (gli) et gluténines (glu) qui forment le gluten. La qualité de la pâte résulte de la balance entre ces deux types de protéines de réserve (ratio gli/glu). Le plus souvent, des pâtes fortes (faible gli/glu) sont souhaitées pour la boulangerie et des pâtes plus visqueuses (fort gli/glu) pour la biscuiterie/pâtisserie. Cependant, la prise en compte de ce rapport dans les programmes de sélection repose sur l'utilisation de marqueurs car son phénotypage est difficile et coûteux. Comme ce caractère repose sur des QTL à effets faibles, la sélection génomique apparaît comme une alternative pour introduire ce caractère en routine en sélection.

Trois populations de blé tendre d'hiver, génotypées avec la puce Affymetrix Axiom 420k (Rimbert et al. (2018)) développée par BreedWheat et phénotypées dans des environnements différents, ont été utilisées :

- 1) **CC196**: composée de 196 génotypes issus de la core collection établie par Balfourier et al. (2007). CC196 a été phénotypé à Clermont-Ferrand en 2006 et au Moulon en 2007.
- 2) **BW3**: constituée de 186 génotypes, issus de la collection diversité du projet Breedwheat. Ces génotypes ont été phénotypés en 2017 à Clermont-Ferrand.
- 3) **BDuL**: constituée de 94 génotypes en cours de sélection fournis par les sociétés Agri-Obtentions (AO) et Florimond Desprez (FD). Ce matériel élite a été phénotypé en 2016 à Clermont-Ferrand, Cappelle-en-Pévèle et Orsonville.

Après filtrage, 101 402 SNP par lignée ont pu être utilisés.



Analyse en composantes principales des génotypes des 3 collections

Les génotypes du panel BDUL sont globalement éloignés des génotypes des collections CC196 et BW3. Cependant quelques individus de ces deux derniers panels se projettent à proximité d'individus de la collection élite.

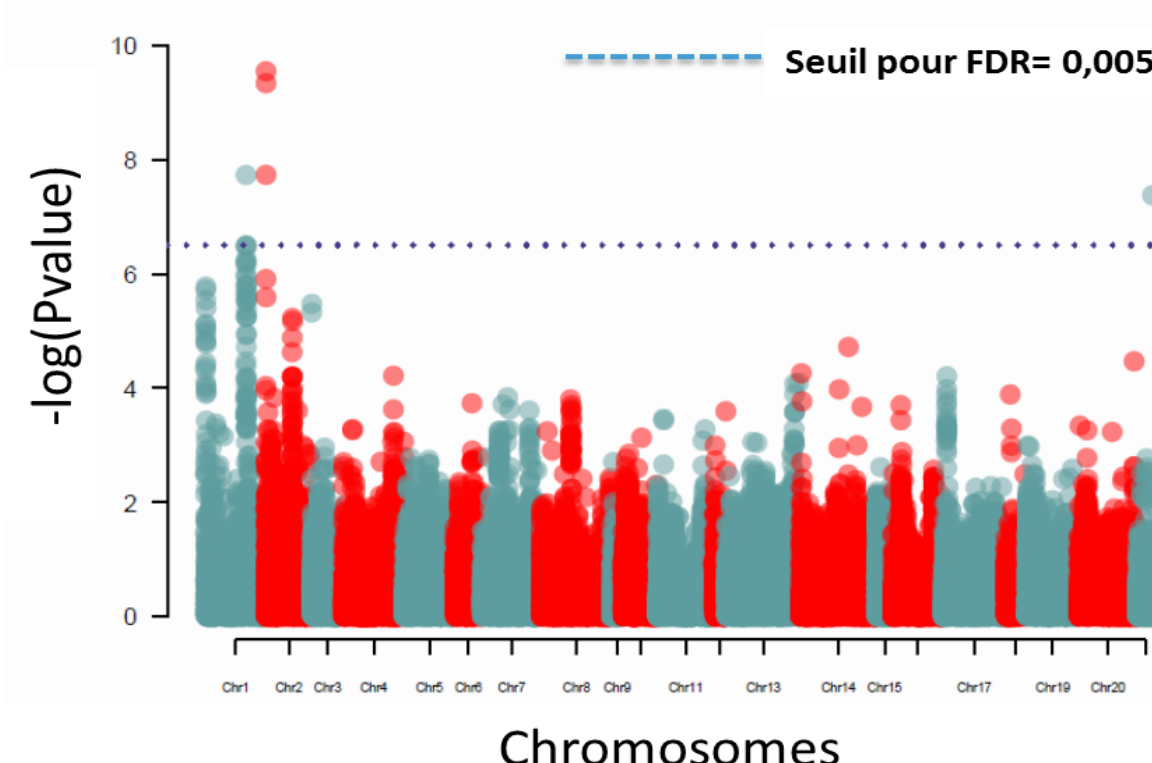
Balfourier F et al. (2007) A Worldwide Bread Wheat Core Collection Arrayed in a 384-Well Plate. Theor Appl Genet 114:1265-75 - Rimbert H et al. (2018) High Throughput SNP Discovery and Genotyping in Hexaploid Wheat. PLOS ONE 13:e0186329.

Deux modèles de sélection génomique comparés

Deux modèles de sélection génomique ont été développés. Leur qualité prédictive est mesurée par l'accuracy et le RMSE, calculés par cross-validation.

1) modèle G-BLUP

- 2) **modèle G-BLUP + de novo GWAS**, modèle précédent auquel des QTL ont été ajoutés. Ce modèle intègre entre 0 et 4 QTL dont 3, situés sur les chromosomes 1A, 1B et 7D, sont systématiquement présents.



Localisation des QTL pour le ratio gli/glu retrouvés systématiquement

	Accuracy (SD)	RMSE (SD)
G-BLUP	0.543 (0.144)	0.061 (0.0043)
G-BLUP + de novo GWAS	0.570 (0.142)	0.060 (0.0042)

SD = Standard Deviation

Comparaison des modèles G-BLUP et G-BLUP + de novo GWAS

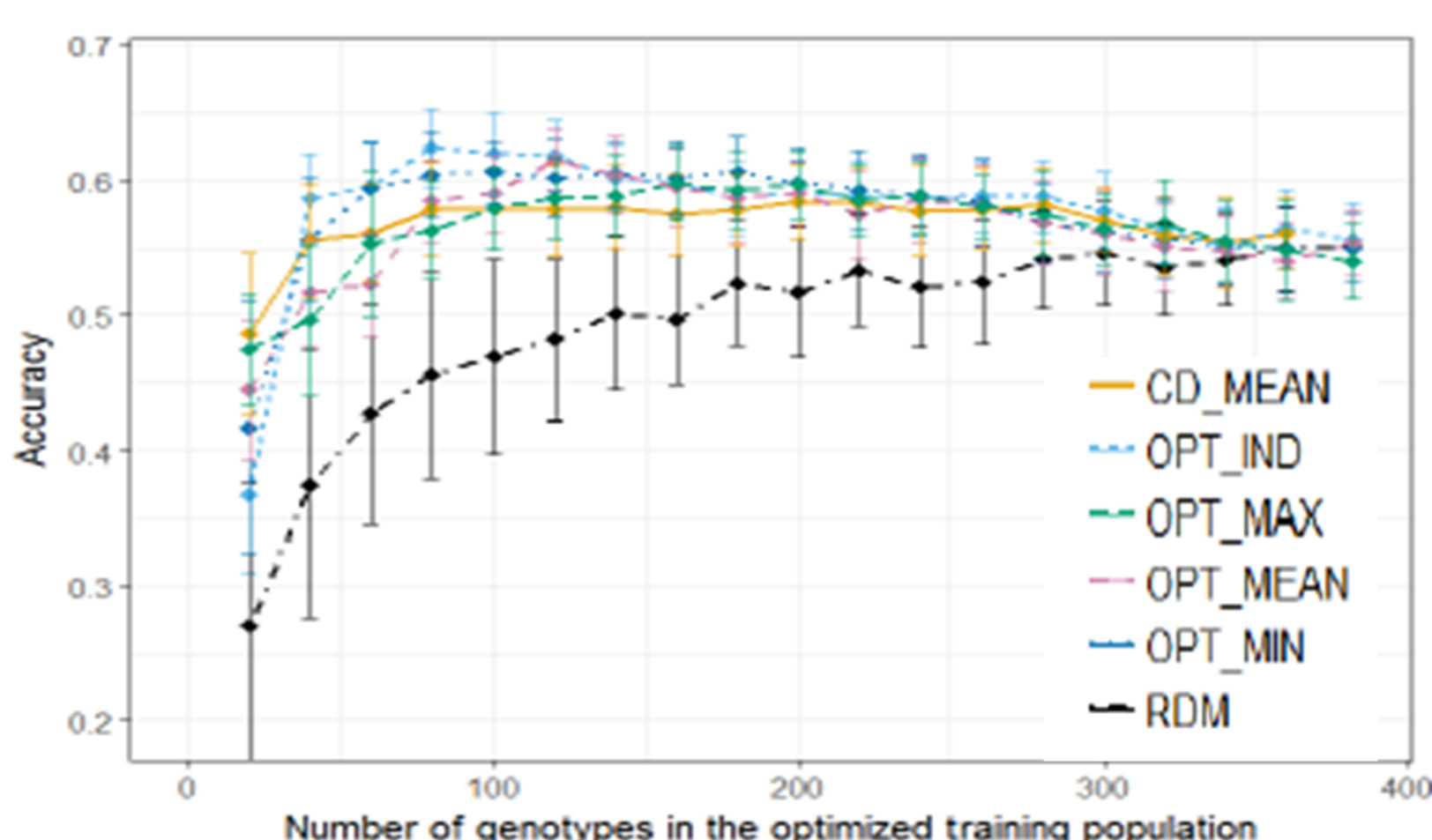
Contrairement aux attentes (Spindel et al. 2016), l'ajout de QTL n'améliore pas la qualité de prédiction.

Spindel JE et al. (2016) Genome-Wide Prediction Models That Incorporate de Novo GWAS are a powerful new tool for tropical rice improvement. Heredity 116:395-408.

Optimisation de la population d'entraînement

Un fort apparentement entre la population d'entraînement (PE) et la population à sélectionner augmente la capacité prédictive des modèles (Albrecht et al., 2011). Pour tester cette hypothèse, 5 méthodes d'optimisation de la PE ont été comparées à une méthode de sélection aléatoire des individus (RDM). Selon la méthode, on sélectionne dans la PE :

- 1) les génotypes en moyenne les plus apparentés aux génotypes de la population à sélectionner (**OPT_MEAN**)
- 2) les génotypes avec l'apparentement maximal (**OPT_MAX**)
- 3) Les génotypes avec les plus hauts apparentements minimaux (**OPT_MIN**)
- 4) Les génotypes qui donnent un CDmean élevé (Laloë, 1993; Rincet et al. 2012) (**CD_MEAN**)
- 5) les génotypes les plus apparentés à chaque individu de la population à sélectionner (**OPT_IND**)



Evolution de la précision selon la méthode de sélection de la population d'entraînement et de sa taille.

Les profils obtenus pour chacune des méthodes sont similaires : L'augmentation de la taille de la PE jusqu'à un seuil (80 à 140 génotypes) améliore la capacité de prédiction. Augmenter la taille de la PE au-delà de ce seuil diminue la performance du modèle.

Comparer les méthodes montre que RDM donne les pires résultats. Malgré de faibles différences, OPT_IND aboutit à la meilleure capacité de prédiction.

Albrecht T et al. (2011) Genome-based prediction of test - cross values in maize. Theor Appl Genet 123:339-350 - Laloë D (1993) Precision and information in linear models of genetic evaluation. Genet Sel Evol 25:557-576. - Rincet R et al. (2012) Maximizing the reliability of genomic selection by optimizing the calibration set of reference individuals: comparison of methods in two diverse groups of Maize Inbreds (*Zea mays* L.). Genetics 192:715-728.

Conclusion : Le modèle G-BLUP développé permet de prédire le rapport gli/glu de matériel élite avec des collection de diversité. Ce travail montre l'intérêt de la sélection génomique pour la prise en compte des caractères de qualité dans les programmes de sélection.

