Fonds de Soutien à l'Obtention Végétale

Blé tendre | Blé dur | Orge | Seigle | Avoine | Triticale | Riz | Épeautre

NIL-N : Caractérisation de régions chromosomiques pour augmenter l'efficacité d'utilisation de l'azote et la teneur en protéines chez le blé

Mickaël THROUDE [1], Jacques LE GOUIS [2], Jérôme SALSE [2], Caroline PONT [2], Séverine ROUGEOL [2], Katia BEAUCHENE [3], Jérémy DERORY [4], Céline DUQUE [5], Didier TROPEE [6], Emmanuel HEUMEZ [7], Alain CHASSIN [8], Nadine DURANTON [1], Stéphane LAFARGE [1], Sébastien PRAUD [1]

1 - BIOGEMMA - Centre de Recherche de Chappes ; 2 - INRA, UCA - UMR 1095 GDEC - Clermont-Ferrand ; 3 - Arvalis-Institut du Végétal - Ouzouer-le-marché ; 4 - Limagrain Europe - Centre de Recherche de Chappes ; 5 - Limagrain Europe Verneuil L'Etang ; 6 - INRA, UPS, CNRS, AgroParisTech - UMR 320 GQE - Gif sur Yvette ; 7 - INRA - UE 972 GCIE - Péronne ; 8 - INRA - UE 1375 PHACC - Clermont-Ferrand

Améliorer l'efficacité de l'utilisation de l'azote du sol pour produire une grande quantité de grains de blé de bonne qualité est une préoccupation majeure pour des raisons économiques et environnementales. Les travaux de génétique conduits ces dix dernières années ont permis d'identifier de nombreuses régions ou gènes candidats à cette amélioration. Leur utilisation en sélection passe par la validation de leur impact dans un réseau d'expérimentation ainsi que par la disponibilité de marqueurs moléculaires et phénotypiques faciles à utiliser sur de grands effectifs.

NIL-N est un projet de 3,5 ans (septembre 2014 à juin 2018) financé par le FSOV (Fonds de Soutien à l'Obtention Végétale en blé tendre).

Dans le cadre du projet NIL-N, Nous avons caractérisé 16 régions chromosomiques en utilisant des lignées quasi-isogéniques (NIL). Elles correspondent à des régions d'intérêt issues de l'analyse de populations recombinantes (population diallèle Metapop et biparentale Arche x Recital), à deux gènes majeurs : le gène *NAM-B1* qui agit sur la composition en protéines du grain et le gène *TIN-1A* qui, par son effet sur le nombre de talles, modifie la gestion de l'azote par la plante. Ces lignées isogéniques ont été caractérisées génétiquement à l'aide de marqueurs SNP qui ont permis d'analyser le fond génétique, de définir la taille des introgressions et de disposer de nouveaux marqueurs pour le suivi des QTL. La caractérisation écophysiologique et agronomique des lignées s'est appuyée sur un vaste réseau expérimental de 20 essais en champs, mis en place en France sur 10 lieux, entre 2015 et 2017.

Lignées GPC, Arche x Recital, 12 couples NIL

- ✓ **2QTL** : chromosome 1B (longueur racinaire) et chromosome 7A (NUE)
- ✓ Origine : population biparentale Arche x Recital (Laperche et al., 2006)
- ✓ Type : 12 couples NIL rétro-croisement (BC)
- ✓ Fonds génétiques receveurs : Arche et Recital

Lignées GPC et composantes du rendement, Metapop, 28 couples NIL

- ✓ **12 QTL** :

QTL	Gc	Gc6	Gc9	Gn6	Gn6	Gn9	Gn9	Gn5	Gn5	Gn6	Gn6
Chr.	1A	1B	3B	3B	4A	6A	6B	4D	7A	7D	7D

- ✓ Origine : population diallèle Metapop
- ✓ Type : 7 couples NIL-BC, 21 couples NIL famille hétérozygote (HIF)
- ✓ Fonds receveurs : Apache, Cezanne (BC) ou Apache, Aztec, Autan, Cezanne et Uli (HIF)

Lignées *NAM-B1*, 12 couples NIL

- ✓ Gène : NAM-B1
- ✓ Origine : génotypes Yecora Rojo, Kern, Anza
- ✓ Type : 12 couples NIL-BC
- ✓ Fonds génétiques receveurs : Premio et Skerzzo (GPD +), Arlequin et Recital (GPD -)

Lignées *TIN-1A*, 3 couples NIL

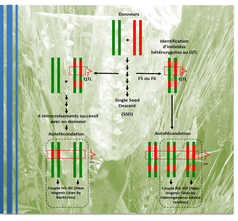
- ✓ QTL/gène : TIN-1A, chromosome 1A
- ✓ Origine : génotype Oligoculm
- ✓ Type : 3 couples NIL-BC
- ✓ Fonds génétiques receveurs : Apache, Caphorn, Korelli

Caractérisation génétique des lignées NIL

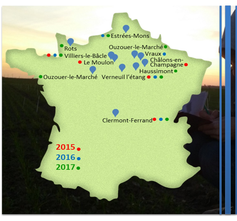
- ✓ Génotypage avec 9300 marqueurs SNP
- ✓ Développement de nouveaux marqueurs dans les QTL

Objectifs :

- Analyse du fond génétique
- Estimation de la similarité des couples NIL-BC et NIL-HIF
- Mesure de la taille des introgressions
- Cartographie fine des QTL
- Faciliter l'utilisation des lignées NIL et des QTL en sélection.

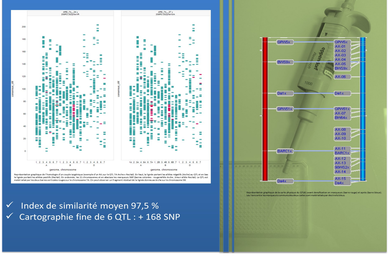


Caractérisation écophysiologique et agronomique



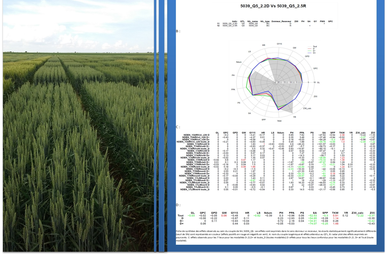
- ✓ 20 essais
- ✓ 10 lieux
- ✓ 3 années (2015 à 2017)
- ✓ 15 variables phénotypiques mesurées
- ✓ Deux dispositifs expérimentaux :
- Caractérisation du tallage et des composantes du rendement sous 3 modalités de densité de semis
- Dynamiques d'absorption / remobilisation de l'azote sous 2 à 3 modalités d'apports azotés

Carte d'identité génétique des NIL



- ✓ Index de similarité moyen 97,5 %
- ✓ Cartographie fine de 6 QTL : + 168 SNP

Carte d'identité agronomique des NIL



Le projet NIL-N a atteint ses objectifs en caractérisant un **large catalogue de QTL** liés à l'efficacité d'utilisation de l'azote et la teneur en protéines du grain chez le blé via la mise en place d'un **vaste réseau de plateformes expérimentales.** L'utilisation de **lignées quasi isogéniques** nous a permis de démontrer des **effets significatifs** pour plusieurs QTL qui **confirment les effets attendus** par les loci étudiés. La **caractérisation agronomique et génétique** des lignées NIL devrait permettre une exploitation rapide et efficace dans les **programmes de sélection.** Des lignées isogéniques pour le **gène *NAM-B1*** sont déjà en cours d'introduction dans un programme de croisement INRA et une **publication est envisagée**.

Fonds de Soutien à l'Obtention Végétale

INRA SCIENCE & IMPACT | ARVALIS Institut du végétal | biogemma | Limagrain de la terre à la vie