



Épeautre

Laure DUCHALAIS *, Simon TEYSSÉDRE, Bruno CLAUSTRES, Christophe MICHELET, Matthieu BOGARD,
1 RAGT 2n SAS Rue Emile SINGLA, Site de Bourran – B.P. 3336 – 12033 RODEZ Cedex 9
2 ARVALIS- Institut de Végétal, 6 chemin de la côte vieille, 31450 BAZIEGES
*Coordinateur : Laure DUCHALAIS, lduchalais@ragt.fr

Depuis 1996, une stagnation des rendements de blé tendre a été observée en France. Le progrès génétique ne semble plus suffisant à lui seul pour compenser les aléas climatiques observés au cours de ces vingt dernières années. Il est donc indispensable de s'intéresser aux interactions génotype x environnement (GxE) dans l'évaluation du matériel génétique. Il est désormais possible de génotyper les lignées avec plusieurs milliers de SNPs à des coûts sans cesse décroissants. L'ensemble de l'information de marquage disponible sur le génome peut alors être utilisée en sélection génomique (SG) pour prédire la valeur génétique d'un individu pour un caractère précis, comme le rendement.

Ce projet avait pour objectif de mettre au point un outil moléculaire de prédiction du rendement dans différents environnements. Dans un premier volet, des modèles de SG pour le rendement ont été appliqués sur différentes générations de matériel génétique issues d'un programme de sélection bien tendre. SG et sélection phénotypique ont été évaluées et comparées dans le but de connaître l'intérêt et la pertinence des prédictions génomiques. Dans un second volet, la composante interaction GxE a été introduite dans les modèles de SG afin de les améliorer.

Ce projet avait pour objectif de mettre au point un outil moléculaire de prédiction du rendement dans différents environnements. Dans un premier volet, des modèles de SG pour le rendement ont été appliqués sur différentes générations de matériel génétique issues d'un programme de sélection bien tendre. SG et sélection phénotypique ont été évaluées et comparées dans le but de connaître l'intérêt et la pertinence des prédictions génomiques. Dans un second volet, la composante interaction GxE a été introduite dans les modèles de SG afin de les améliorer.

- Population d'entraînement: 264 lignées → 11 variétés et 253 lignées R2n
- Population cible n° 1: 500 lignées au stade F_n au cours de la saison 2014/2015
- Population cible n° 2: 482 lignées au stade F_{n+1} au cours de la saison 2015/2016

- Evaluation du rendement traité dans de nombreux environnements

	2013	2014	2015	2016	2017
Population d'entrainement R2n	Min. 1 lieu x 1 rep	5 lieux x 2 rep	5 lieux x 2 rep		
Population cible n°1			1 lieu x 1 rep	5 lieu x 2 rep	
Population cible n°2			1 lieu x 1 rep	5 lieux x 2 rep (pour 30 lieues)	

→ Calculs de moyennes ajustées selon un modèle linéaire mixte

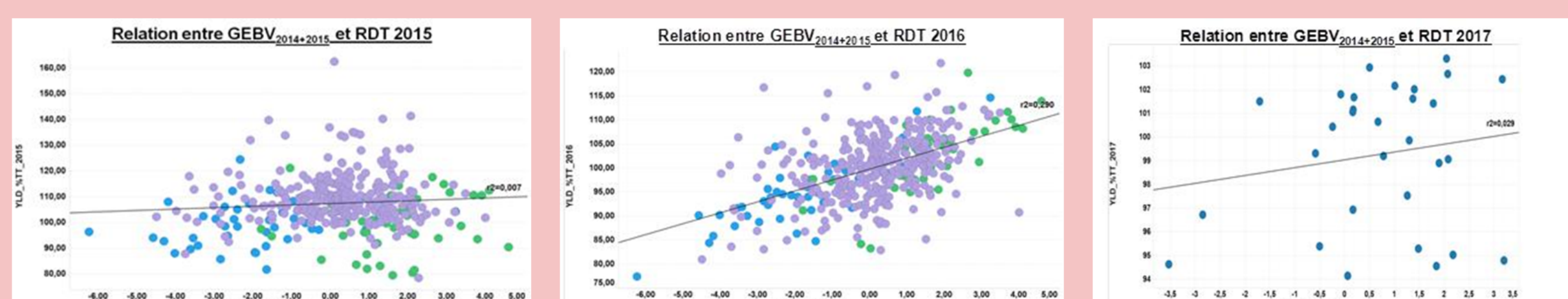
- Utilisation de la puce Axiom 35 K développée par l'université de Bristol
- Suppression des individus et marqueurs avec plus de 20% de données manquantes
- Suppression des marqueurs ayant une MAF < 1%

	Nombres d'individus
Population d'entrainement R2 <i>n</i>	246
Population cible n°1	481
Population cible n°2	479

13 793 SNPs
communs

- Sans prise en compte du GxE: 5 modèles testés par CV (90%-10%) sur la population d'entraînement: G-BLUP avec effet d'additivité, G-BLUP avec effets d'additivité et d'épistasie, RR-BLUP, RKHS et Bayésien → Modèle G-BLUP avec prise en compte des effets d'additivité et d'épistasie retenu pour travailler sur les 2 populations cibles
- Avec prise en compte du G x E suite à la caractérisation de nos lieux d'essais par des co-variables environnementales: 3 modèles G-BLUP testés par CV (85%-15%) sur la population d'entraînement pour prédire soit la valeur génétique moyenne d'une lignée soit pour prédire la valeur génétique d'une lignée dans un environnement spécifique → un modèle MA avec effet d'additivité, un modèle MAI avec effets d'additivité et d'épistasie et un modèle MAIE avec effets d'additivité, d'épistasie et prise en compte du GxE

Résultats de prédiction obtenus sur la population cible n° 2 (mêmes conclusions obtenues sur la population cible n° 1)



- Qualité de prédiction très variable d'une année sur l'autre ($0.07 < r^2 < 0.29$)
- Très bonne prédiction en 2016 mais année à très forte pression *Microdochium*

Figure 1 consists of two bar charts. The left chart, titled 'R² entre GEBV et Rendement en fonction des différents modèles pour prédire la valeur génétique moyenne d'un individu', shows R² values for three models: MA (green bar, ~0.45), MAI (yellow bar, ~0.55), and MAIE (orange bar, ~0.55). The right chart, titled 'R² entre GEBV et Rendement en fonction des différents modèles pour prédire la valeur génétique d'une lignée dans un environnement précis', shows R² values for the same models: MA (green bar, ~0.45), MAI (yellow bar, ~0.45), and MAIE (orange bar, ~0.65). Both charts have an x-axis labeled 'Modèles' and a y-axis labeled 'R²' ranging from 0 to 1.

- Le modèle G-BLUP prenant en compte à la fois les effets d'additivité et d'épistasie ressort comme étant le plus performant pour prédire la valeur génétique moyenne d'un individu
- Ajouter à ce modèle les interaction GxE grâce à l'introduction de co-variables environnementales permet d'augmenter significativement la qualité de prédiction de la valeur génétique d'une lignée dans un environnement ciblé

RDT 2016 vs Pool

YLD_%TT_2016

Median Avg

Genotype	Median YLD_%TT_2016
GS - et PS -	92,0996
GS - et PS +	96,3406
PS -	96,3752
(Empty)	98,5709
PS +	98,8513
GS +	100,287
GS + et PS -	104,329
GS + et PS +	105,456

- Les 3 meilleurs pools sont ceux composés de lignées se classant parmi les meilleurs GEBVs pour le rendement
- Les 3 plus mauvais pools sont ceux composés de lignées se classant parmi les plus mauvaises GEBVs pour le rendement
- Combiner les résultats de sélection génomique et sélection phénotypique permet de gagner en efficacité de sélection

- Effet année très important → Moins de risque de se tromper en utilisant la SG sur le rendement plutôt que de se fier à une seule année d'expérimentation
- Combiner à la fois les résultats obtenus par SG et par sélection phénotypique pour le rendement permettrait au sélectionneur d'éliminer sans risque les individus les plus mauvais et de mettre en évidence rapidement les individus les plus prometteurs
- Un modèle classique G-BLUP prenant en compte à la fois les effets d'additivité et d'épistasie semble être le plus efficace pour prédire la valeur génétique moyenne du rendement d'une lignée de blé tendre
- Un modèle classique G-BLUP prenant en compte à la fois les effets d'additivité et d'épistasie ainsi que les interactions GxE semble être le plus efficace pour prédire la valeur génétique du rendement d'une lignée de blé tendre dans un environnement spécifique



Nécessité de bien caractériser les environnements dans lesquels on travaille afin de prendre en compte les interactions GxE dans nos modèles de SG rendement et de pouvoir ainsi travailler par groupe d'environnements pour gagner en efficacité de sélection

