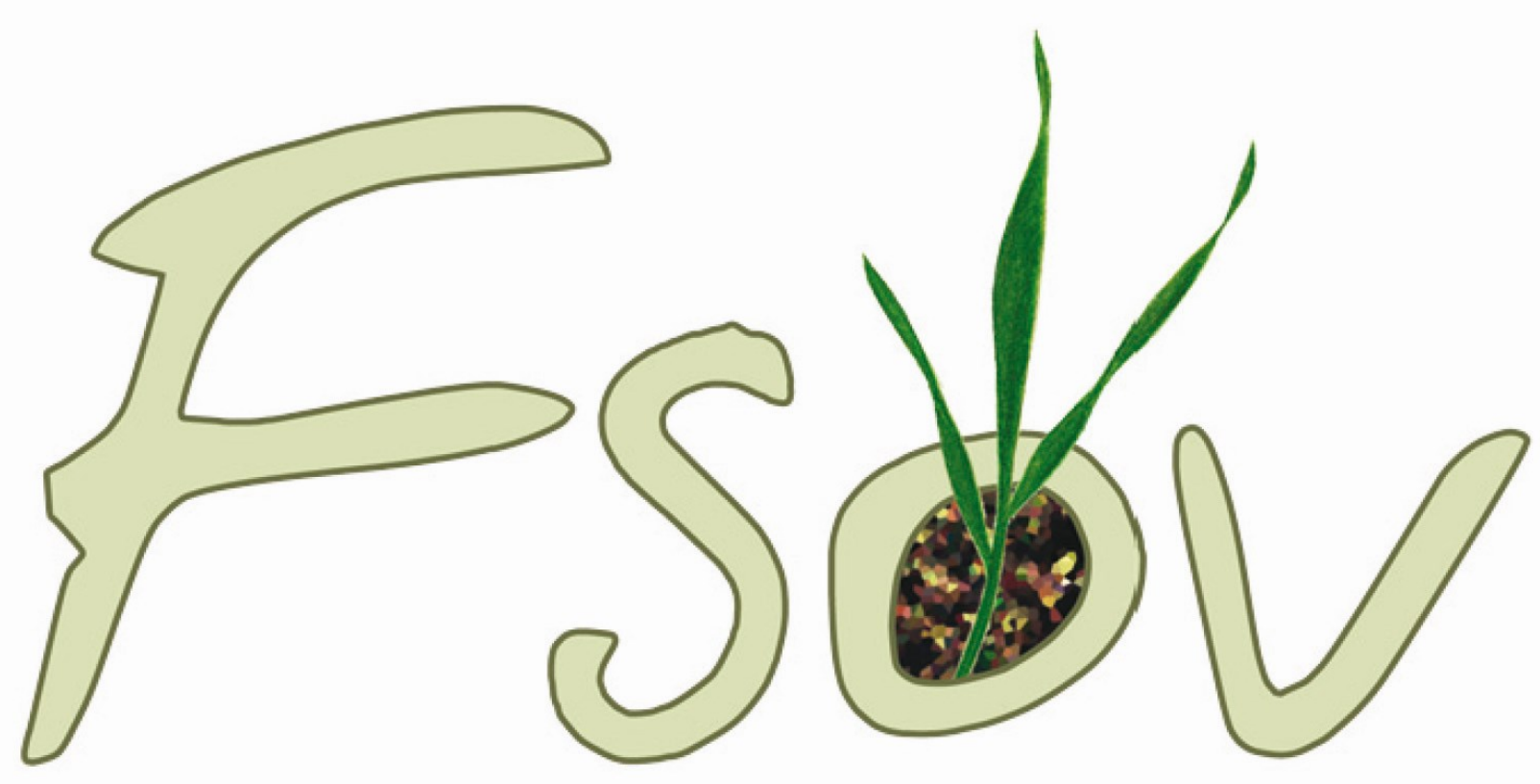




Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



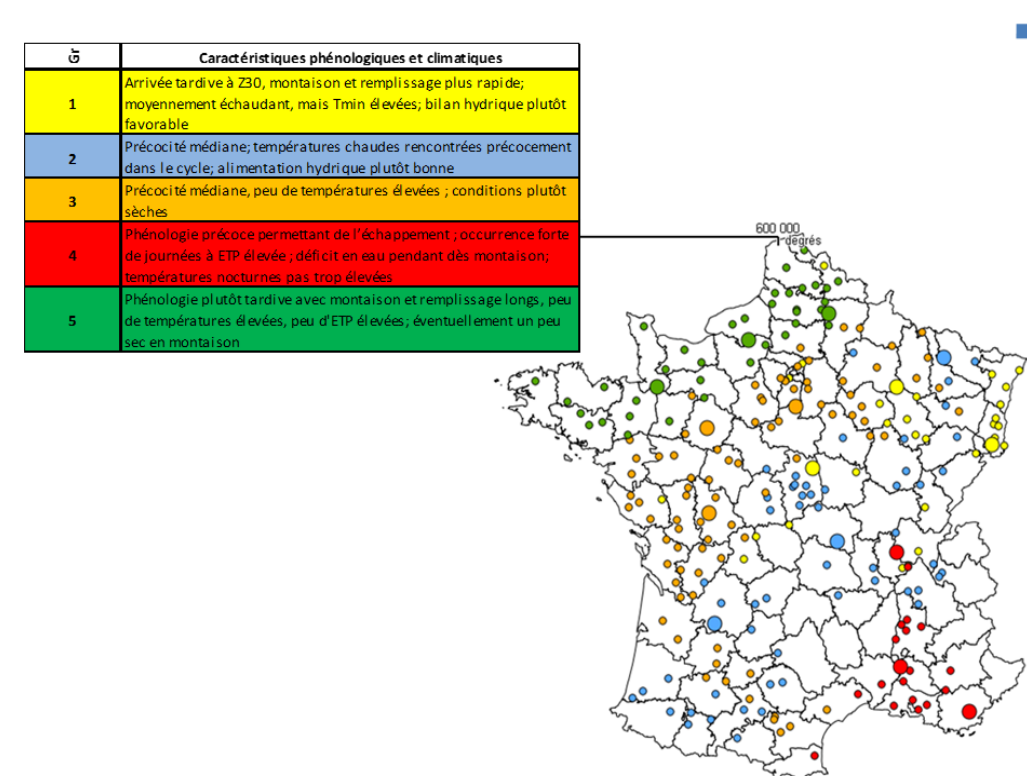
Épeautre

HeatWheat : Analyse de la diversité génétique de la réponse au stress thermique *via* phénotypage fin et génétique d'association

Stéphane Lafarge^{*1}, Gaetan Touzy³, JC Deswarte³, Katia Beauchene³, Laurent Maunas³, Christine Girousse², Jane Roche², Agnès Piquet², Said Mouzeyar², Jacques Le Gouis²

1-Biogemma, Centre de Recherche de Chappes, F-63720 Chappes. 2-INRA-UBP, UMR1095 Genetic, Diversity & Ecophysiology of Cereals, F-63100 Clermont-Ferrand. 3-ARVALIS-Institut du végétal, 3 rue Joseph et Marie Hackin F-75116 Paris

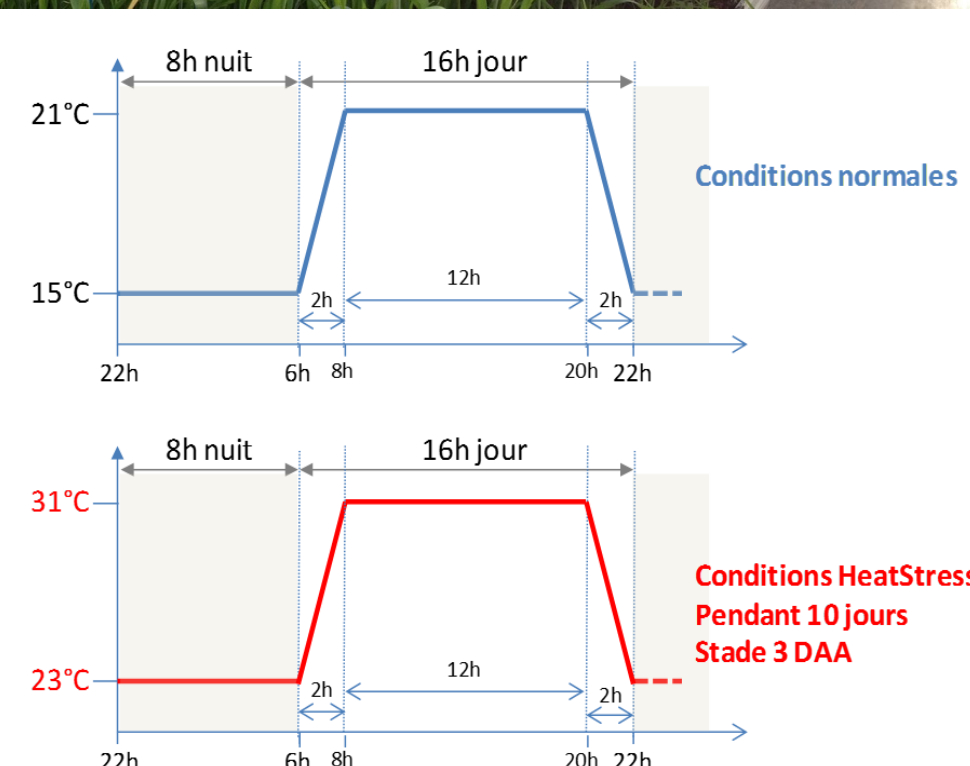
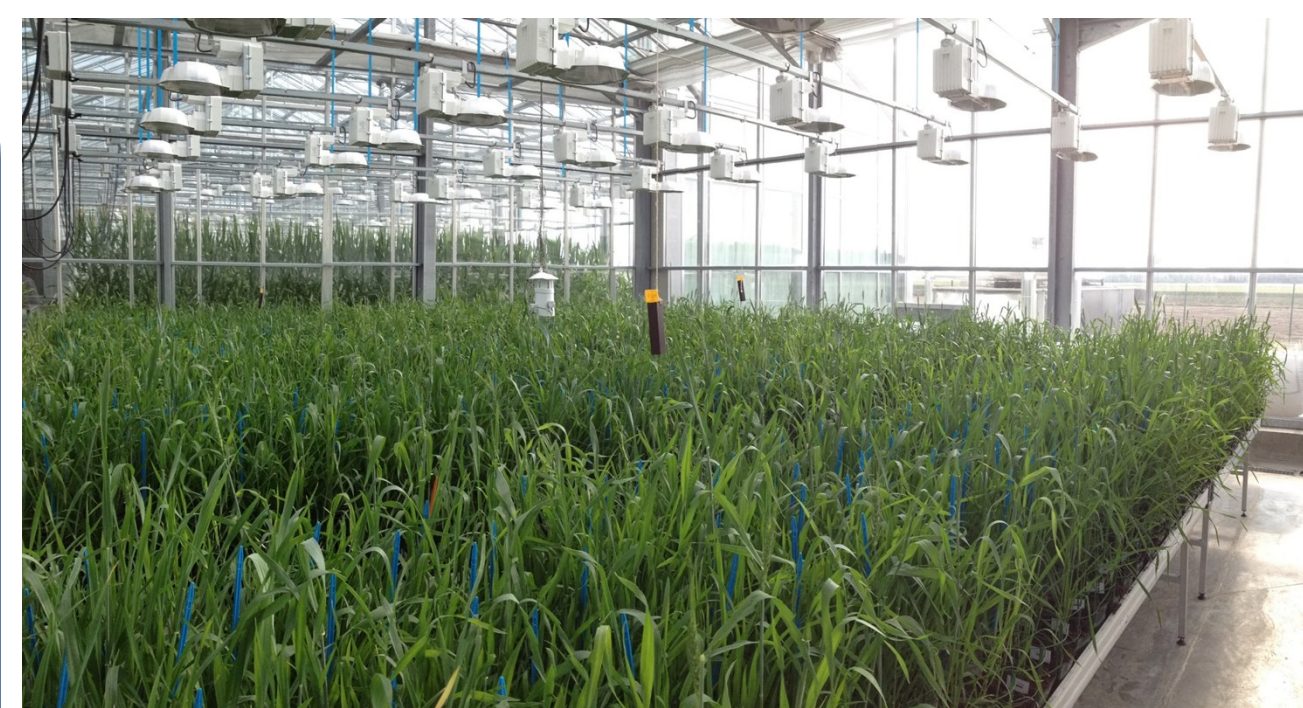
Le stress thermique modéré lors du remplissage du grain est le type prédominant en France et en Europe, cependant, très peu d'études ont été menées sur l'impact d'un tel stress chez le blé. A ce jour, l'accent a été principalement mis sur des stress plus intenses et sur des étapes du cycle différentes (floraison...). Une meilleure compréhension de ce type de stress et l'identification de variétés tolérantes aidera à améliorer le processus de sélection variétale visant à développer des variétés résistantes aux différents types de stress abiotiques survenant lors de la culture. HeatWheat est un projet de 4 ans (septembre 2014 à septembre 2018) financé par le FSOV qui porte sur l'impact du stress thermique lors du remplissage. Différents caractères sous-jacents ont été étudiés et incluent des traits physiologiques tels que la sénescence, la photosynthèse, la stabilité de la membrane cellulaire, l'état d'oxydo-réduction des tissus du grain etc... ainsi que des caractères agronomiques avec notamment le poids final du grain, la distribution granulométrique, le nombre de cellules, la vitesse de remplissage du grain... La GWAS a été réalisée sur une sélection de ces caractères phénotypés en conditions contrôlées sur le panel élite BreedWheat génotypé avec une matrice Axiom 420K. L'expression des gènes candidats a également été analysée afin de mieux comprendre les mécanismes sous-jacents à la réponse au stress thermique.



Distribution des différents scénarii de stress thermique en France

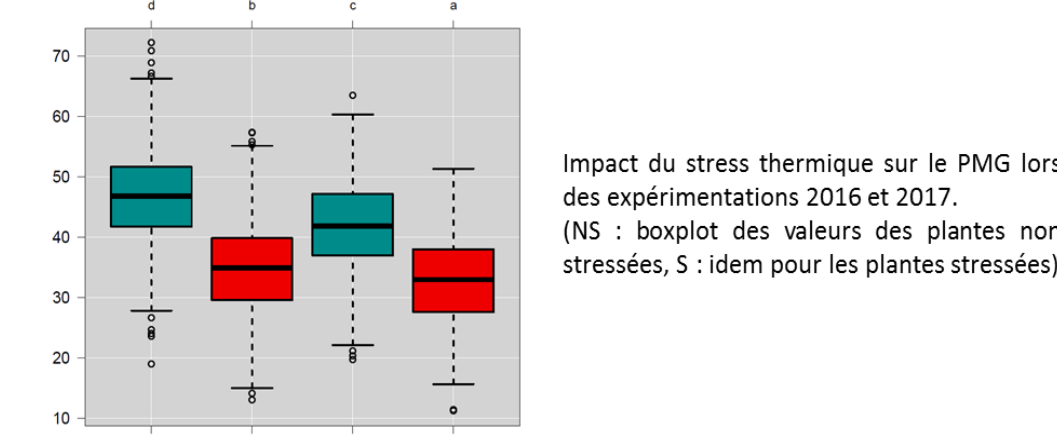
Le projet est divisé en 4 tâches:

Tâche 1 : l'objectif est d'identifier, dans des données expérimentales de plein champ, des situations où un stress thermique a eu lieu, afin de qualifier la séquence climatique responsable de la perte de rendement. Pour cela, les données de 232 stations météorologiques ont été exploitées sur la période 1994-2013. La classification basée sur l'analyse de valeurs moyennes par station a permis d'identifier 5 scénarii (cf tableau & figure). Pour chacun de ces groupes, un paragon a été identifié et a permis de mieux préciser les conditions climatiques de fin de cycle.

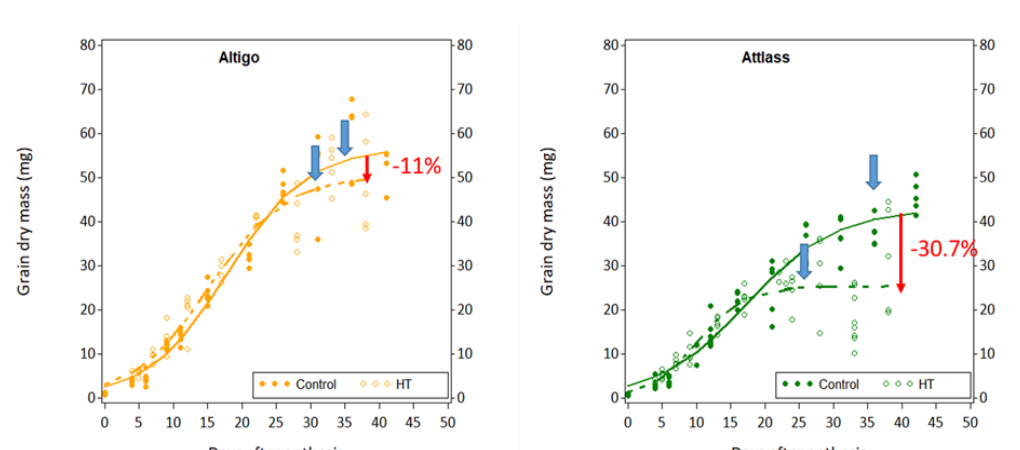


Tâche 2 : Développer des méthodes de phénotypage à haut débit pour étudier les réponses physiologiques au choc thermique au stade du remplissage du grain.

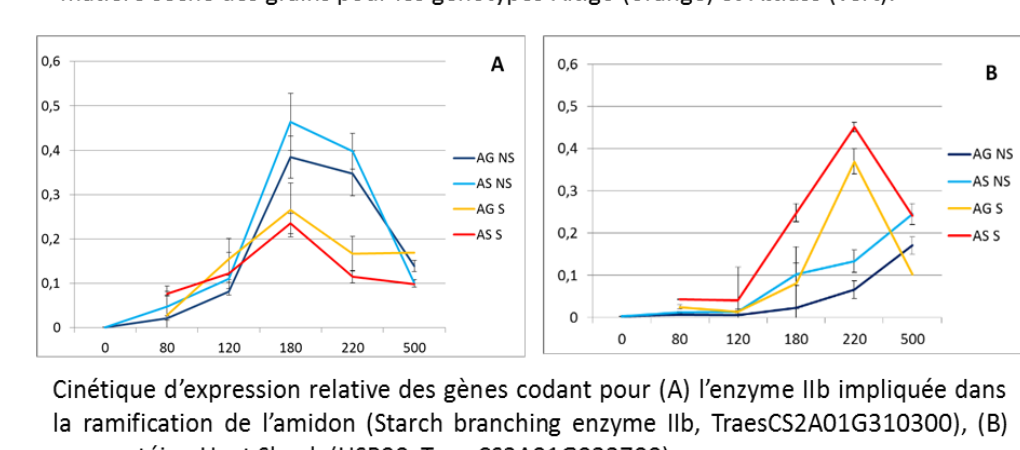
- Des protocoles expérimentaux ont été mis en place pour induire un stress thermique dans des conditions contrôlées, ceci pour alimenter la tâche 3 en données phénotypiques et la tâche 4 en lignées contrastées
- Deux années d'expériences ont été réalisées avec succès (2016 et 2017) avec une réduction des PMG de 23% et 26% respectivement.
- Des analyses physiologiques et moléculaires de la réponse au stress thermique et de l'expression de gènes sensibles à la chaleur ont été effectuées sur 2 génotypes contrastés et ont permis de mettre évidence que le stress thermique impacte fortement la croissance du grain diminuant essentiellement la durée d'accumulation de matière sèche dans le grain, en concordance avec l'expression des gènes du métabolisme carboné (gènes du métabolisme de l'amidon en particulier).



Impact du stress thermique sur le PMG lors des expérimentations 2016 et 2017 (NS : boxplot des valeurs des plantes non stressées, S : idem pour les plantes stressées)

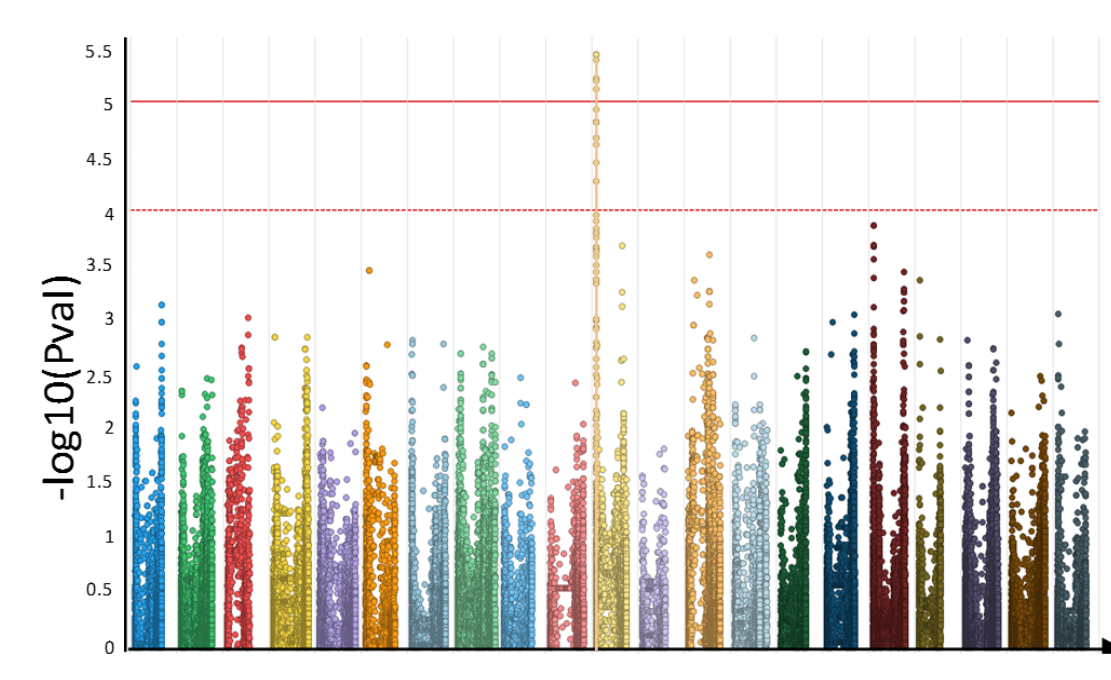


Effets de températures élevées post-antèse sur les cinétiques d'accumulation en matière sèche des grains pour les génotypes Allgo (orange) et Attas (vert).



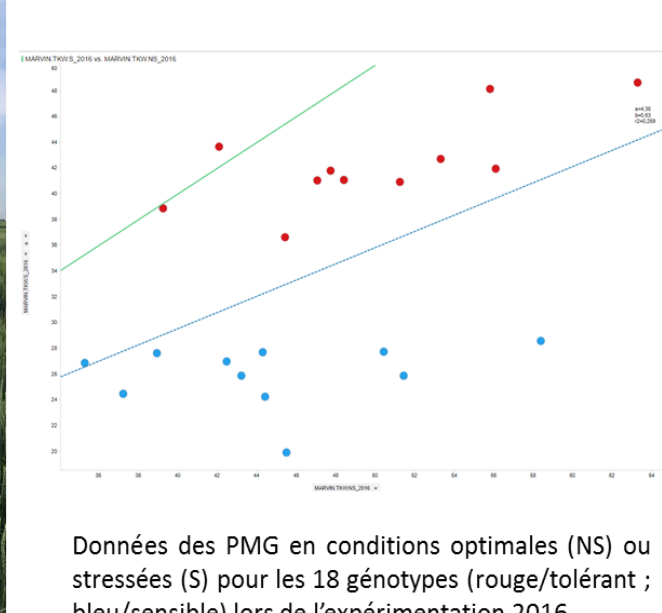
Cinétique d'expression relative des gènes codant pour (A) l'enzyme Ib impliquée dans la ramification de l'amidon (starch branching enzyme Ib, TraesCS2A01G0310300), (B) une protéine Heat Shock (HSP90, TraesCS2A01G033700)

Tâche 3 : En utilisant les données de phénotypage produites par la tâche 2, la GWAS a été réalisée sur le panel BreedWheat (matériel génétique européen Elite) génotypé avec la puce Axiom Array 420k. Sur un sous-ensemble de 219k SNP polymorphes, des associations significatives de 196 SNP/traites représentant 103 SNPs uniques ont été identifiées. Les principaux caractères associés sont la surface du grain, la longueur du grain et le TKW.



Manhattan plot des résultats GWAS PMG

Tâche 4 : La validation des résultats a été conduite de 2 façons :
1/ par confrontation avec les données de rendement / composantes existantes recueillies lors des essais historiques menés par Arvalis avec un stress thermique contrasté.
2/ par des expériences sur le terrain en choisissant des sites connus pour leur capacité à subir un stress thermique. Les expérimentations ont été mises en place en 2018 avec un sous-ensemble de 18 génotypes (9 sensibles / 9 tolérants), afin de confirmer leur comportement => nous n'avons pas réussi en 2018 à avoir un stress thermique lors du remplissage des grains dans les sites testés. Cette validation de classification n'a pas donc pu être effectuée.



Données des PMG en conditions optimales (NS) ou stressées (S) pour les 18 génotypes (orange/tolérant ; bleu/sensible) lors de l'expérimentation 2016

Le projet HeatWheat a ainsi rempli ses objectifs en terme de progrès sur la compréhension des mécanismes de sensibilité/résistance au stress thermique *via* l'identification de lignées résistantes, la mise en évidence de marqueurs moléculaires permettant de suivre des loci d'intérêts en sélection, ainsi que *via* une meilleure compréhension des mécanismes physiologiques sous-jacents.

