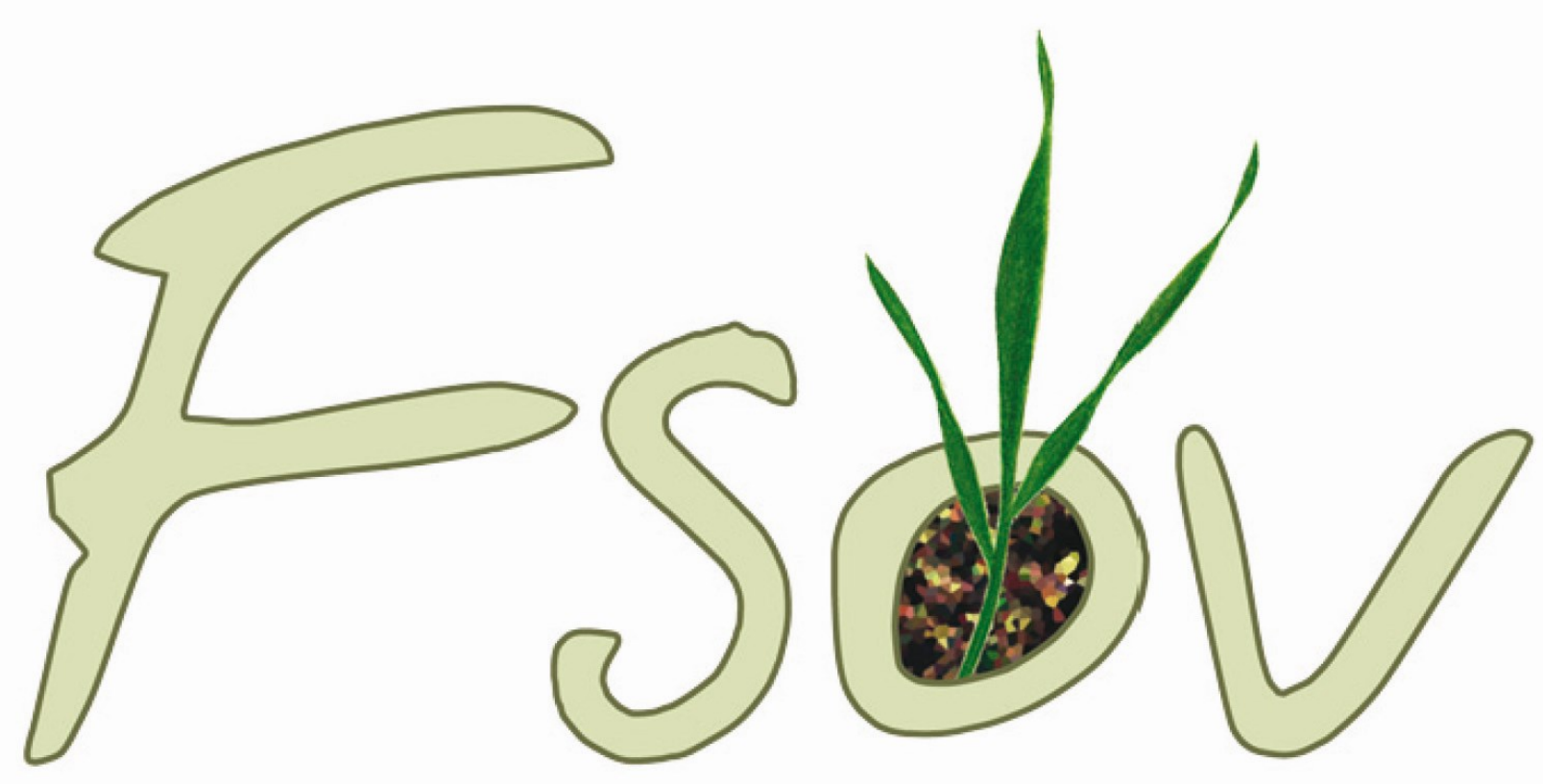




Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épeautre

ÉTABLISSEMENT D'UN MODÈLE DE SÉLECTION GÉNOMIQUE POUR LA QUALITÉ BOULANGÈRE DES BLÉS

BRUNO POUPARD₁, SOPHIE BOUCHET₂, FRANÇOIS GUION₃ ET MATTHIEU BOGARD₄

1 – LIMAGRAINE EUROPE – CS50005 ST BEAUZIRE, 63360 GERZAT

2 – INRA – 147 RUE DE L'UNIVERSITÉ, 75007 PARIS

3 – ANMF – 66 RUE LA BOÉTIE, 75008 PARIS

4 – ARVALIS INSTITUT DU VÉGÉTAL – 3 RUE JOSEPH ET MARIE HACKIN, 75016 PARIS

Introduction

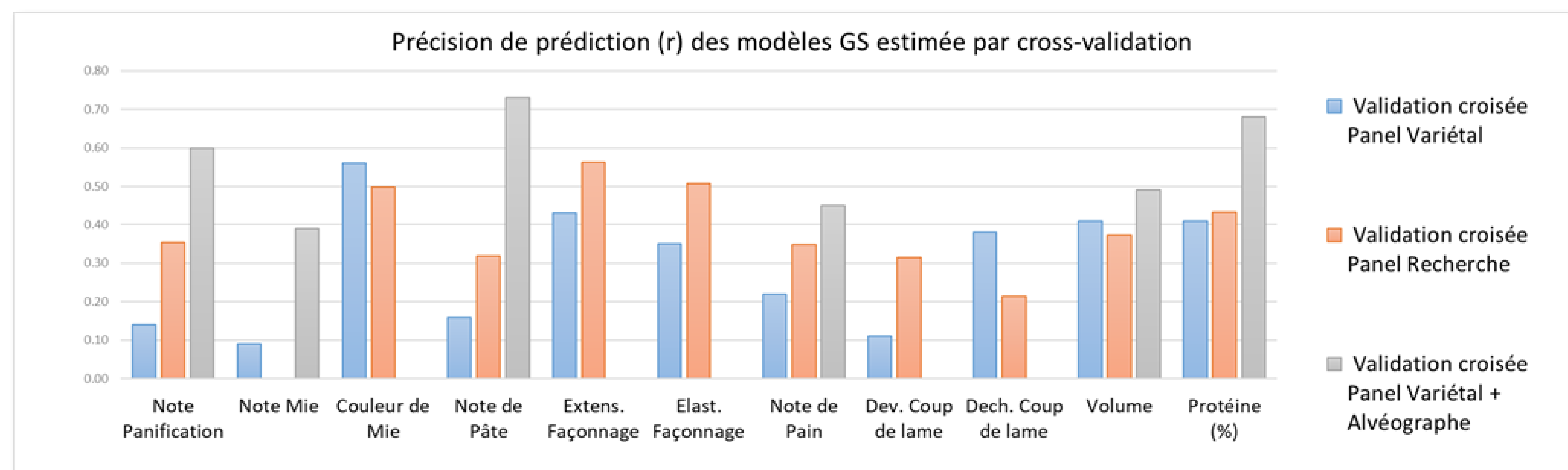
L'objectif de notre étude était de construire un modèle de Sélection Génomique (GS) pour les variables du test de panification BIPEA, et d'évaluer les facteurs influençant sa précision.

Matériel et Méthode

	Panel « Recherche »	Panel « Variétal »
Nombre de Génotypes	2300 (après nettoyage) lignées de sélection de Limagrain	188 (après nettoyage) variétés commerciales testées par ARVALIS - Institut du végétal
Nombre de Marqueurs	10.759 (après nettoyage de 14.592)	10.482 (après nettoyage de 14.592)
Dispositif expérimental	8 Environnements (répartis sur 2014-2016)	158 Environnements (répartis sur 2003-2013)
Nombre d'observations par génotype	1 (pas de répétition, sauf pour quelques témoins)	20 en moyenne (médiane à 15), chaque génotype est observé sur 3.6 Environnements
Variables mesurées	Test de Panification (BIPEA) et teneur en Protéines	Test de Panification (BIPEA), alvéographe et teneur en Protéines

Le modèle GS utilisé est un GBLUP, et la précision des prédictions a été évaluée par une cross-validation (K=10). Les effets du nombre de marqueurs, du nombre de génotypes et du nombre d'observations par génotype ont été testés par sous-échantillonnage. Dans le cas du Panel Variétal, l'effet de l'inclusion des variables de l'alvéographe dans le modèle GBLUP a été testé.

Résultats



Conclusion

Bien que les prédictions GS s'avèrent moins précises que l'alvéographe pour prédire les principaux caractères de panification, elles permettent néanmoins un premier tri dans les programmes de sélection.

Pour établir une calibration GS du test de panification, nous préconisons d'utiliser un réseau d'essai multi-local et multi-annuel, avec des génotypes non présélectionnés pour la qualité. Nous proposons d'observer chaque génotype 2 à 3 fois. Il nous semble que 5.000 marqueurs SNP bien répartis sur le génome soit suffisant, tandis que le nombre de génotypes doit être de 2000 ou plus. Enfin, l'inclusion de mesures indirectes de la qualité dans le modèle GS permettra d'augmenter fortement la précision de l'évaluation du matériel plus avancé.

