

FsoV

INRAE

ARVALIS
Institut du végétal

biogemma

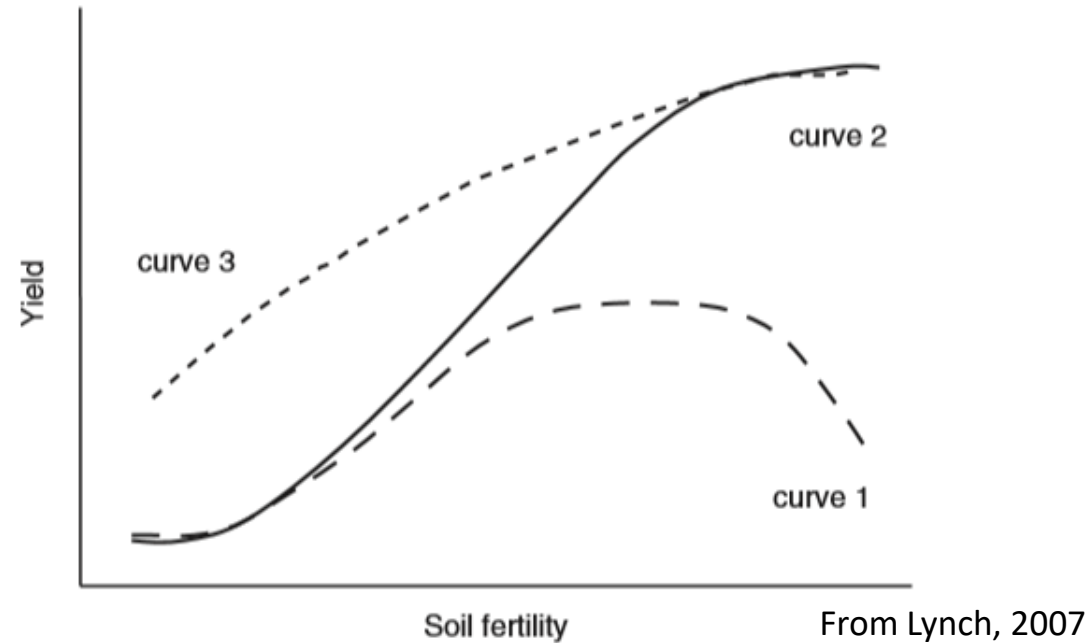
ArchiRac : Analyse de la diversité d'architecture racinaire chez le blé tendre et le blé dur en lien avec la tolérance au stress hydrique

Renaud RINCENT, Michel COLOMBO, Pierre ROUMET,
Christophe SALON, Christian JEUDY, Mickael LAMBOEUF, Stéphane
LAFARGE, Anne-Valérie DUMAS, Katia BEAUCHENE, Vincent
ALLARD, Jacques LE GOUIS



Introduction

“Roots of the Second Green Revolution” (Lynch, 2007)



Réponse de variétés de blé à la fertilité du sol :

Courbe 1 : avant la révolution verte

Courbe 2 : après la révolution verte

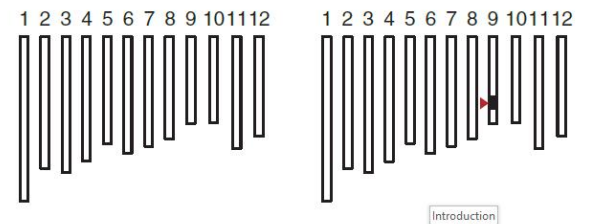
Courbe 3 : cible



Introduction

Le système racinaire permet d'accéder aux ressources (hors CO2 et lumière):

- Il a été montré par simulation que des caractères racinaires expliquaient en partie les **performances des hybrides de maïs** actuels (Hammer et al. 2009), et qu'ils pouvaient influencer la **tolérance au stress hydrique** chez le blé (Semenov et al. 2009).
- Il a été montré chez le riz (Uga et al. 2013), le maïs (Tuberosa 2012) et le blé tendre (Manschadi et al. 2006 ; Ehdaie et al. 2012) que dans certains environnements l'exploration d'horizons profonds permettait à la plante **d'accéder à plus de ressources en eau**.
- Introgression de QTL. Uga et al. (2013) DRO1



IR64

Dro1-NIL

Introduction

Défis pour l'étude des traits racinaires

L'expression des traits racinaires est très dépendante de l'environnement = forte plasticité

Variance de la profondeur racinaire pour 24 génotypes dans 6 environnements Australiens :

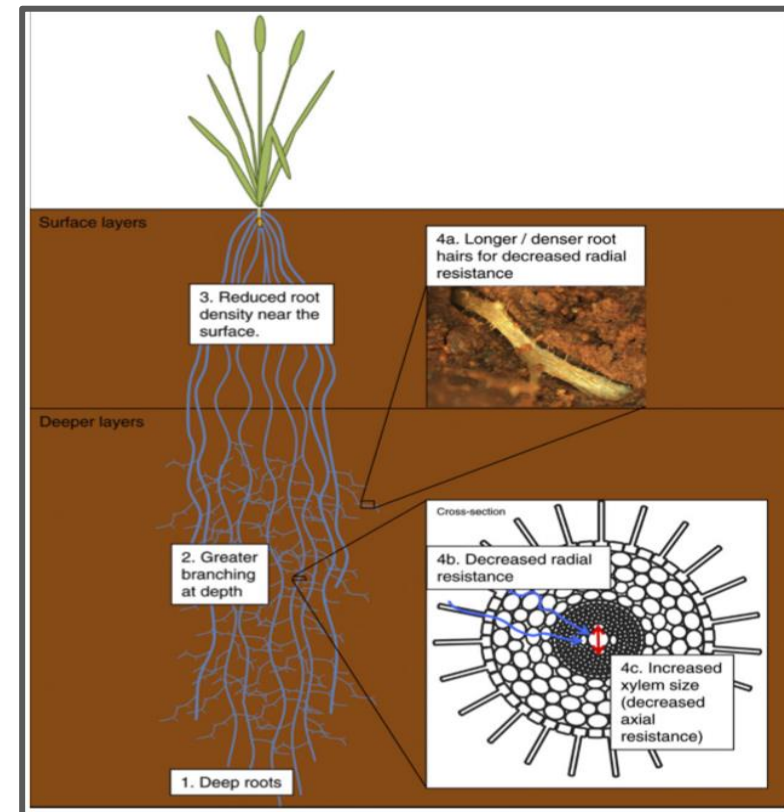
⇒ GxE : 40 %

⇒ G : 12 %

⇒ E : 48 %

D'après Acuna et Wade, 2012

L'intérêt d'un trait racinaire est très dépendant de l'environnement

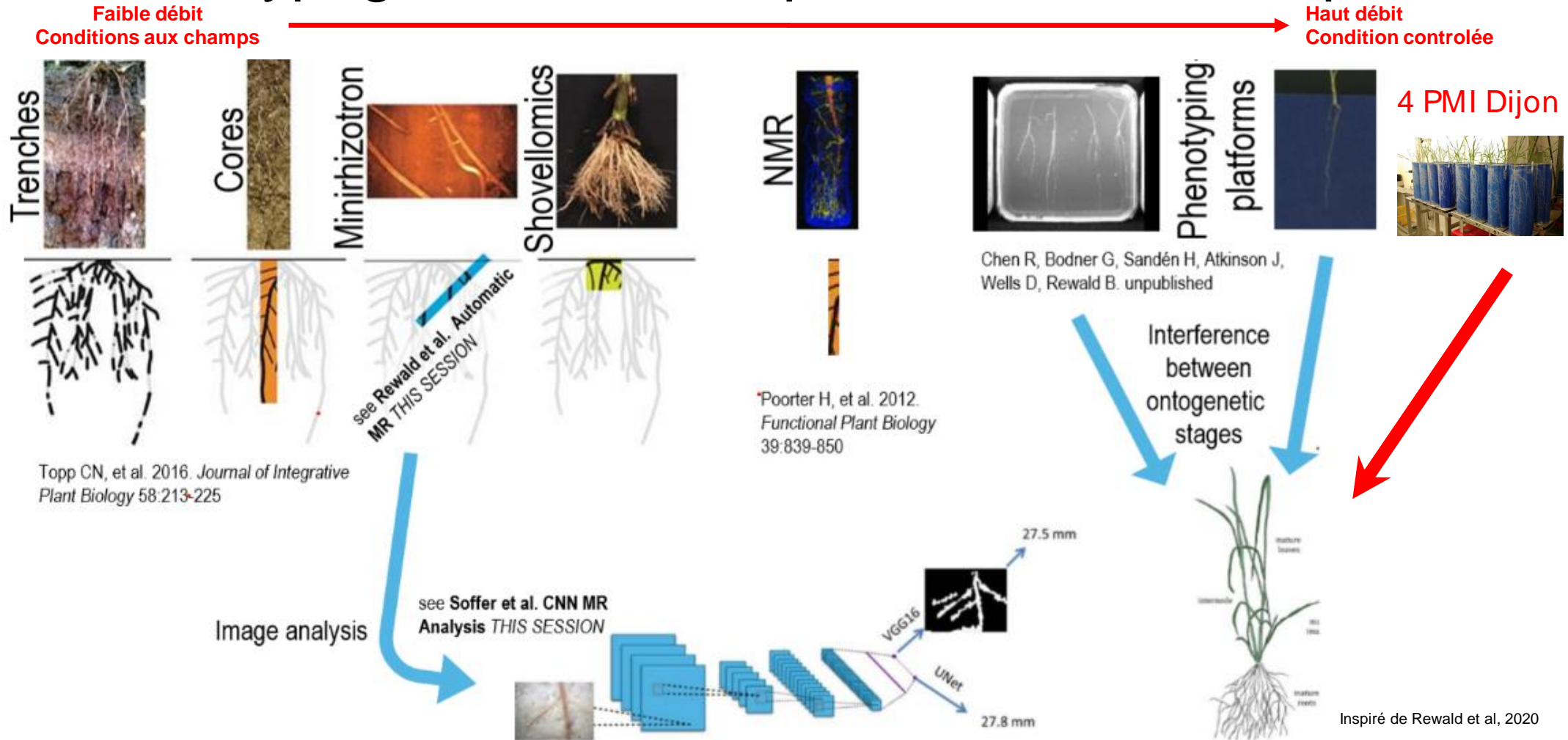


Wasson et al , 2012

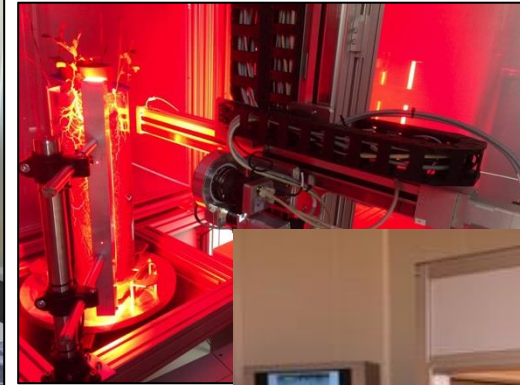
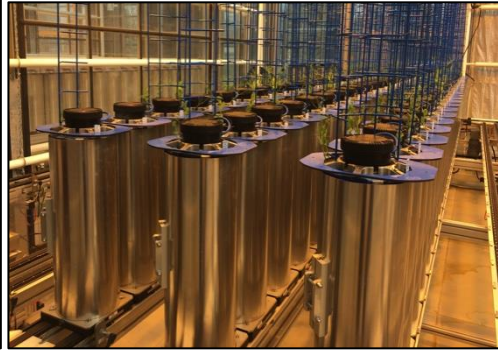


Introduction

Phénotypage racinaire: la partie cachée de la plante



Introduction

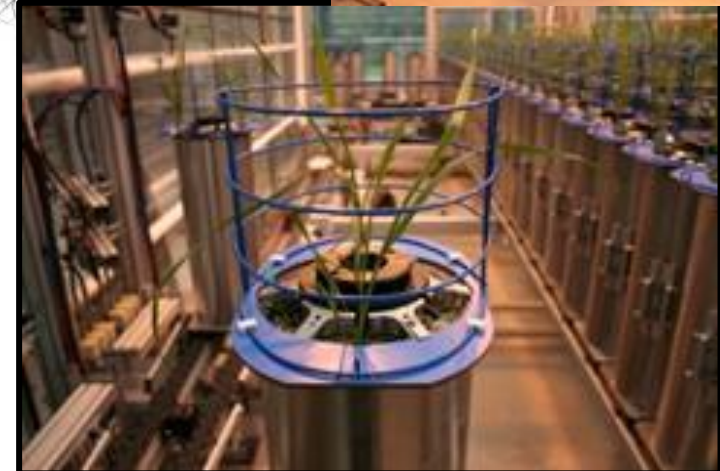
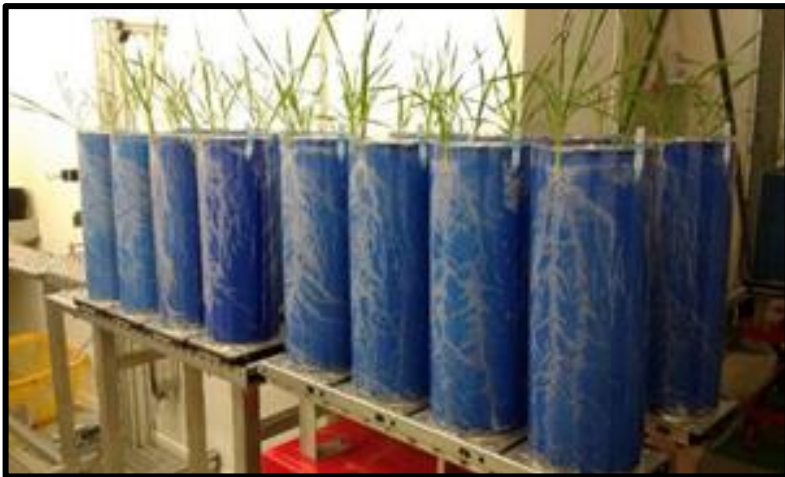


<https://www6.dijon.inra.fr/umragroecologie/Plateformes/Serres-PPHD>

Plant Phenotyping Platform
4PMI
Plant Micro-organisms Interactions



INRAE



Objectifs du projet

- Caractérisation de la diversité génétique des traits racinaires chez le blé tendre et le blé dur.
- Confrontation entre phénotypage racinaire PF et racinaire et agronomique en plein champs.
- Génétique d'association et étude de colocalisation avec caractères agronomiques.
- Evaluation de stratégies de prédiction génomique.
- Caractérisation en plein champs de génotypes extrêmes
- Tendances historiques de la sélection sur les caractères racinaires ?



Matériels et méthodes



Panels de diversité

Blé tendre (715):

- 265 variétés commercialisées en France entre 1990 et 2010 (BW WP2).
- 450 variétés représentatives de la diversité mondiale présente au CRB INRAE CF (BW WP3).

Blé dur (200):

- 100 variétés élites européennes.
- 100 variétés de prébreeding issues de la population EPO (intercrossing of 650 accessions from wild subspecies and elite lines).



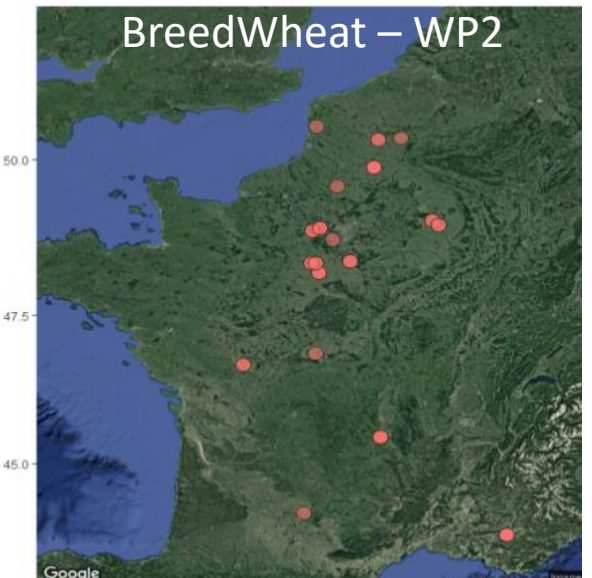
BreedWheat – WP3



Génotypage dense (BreedWheat 420k SNP array)

Phénotypage en réseaux d'essais (BreedWheat, GPDur)

BreedWheat – WP2



Phénotypage sur plateforme 4PMI

Trois expérimentations en conditions optimales comprenant chacune 1125 rhizotubes :

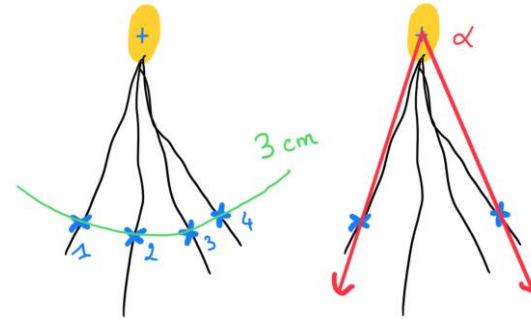
- 912 variétés implantées dans un rhizotube (2 plantes).
- 6 témoins répétés dans environ 23 rhizotubes.
- 72 rhizotubes pour la calibration des analyses d'image.



Phénotypage :

A 5 jours après implantation :

- Nombre de racines séminales.
- Angle maximal des racines séminales.



A 10 jours après implantation (trajectoires corrigées):

- Largeur, et profondeur de prospection maximale.
- Profondeur du centre de gravité.
- Surface projetée.
- Enveloppe convexe.

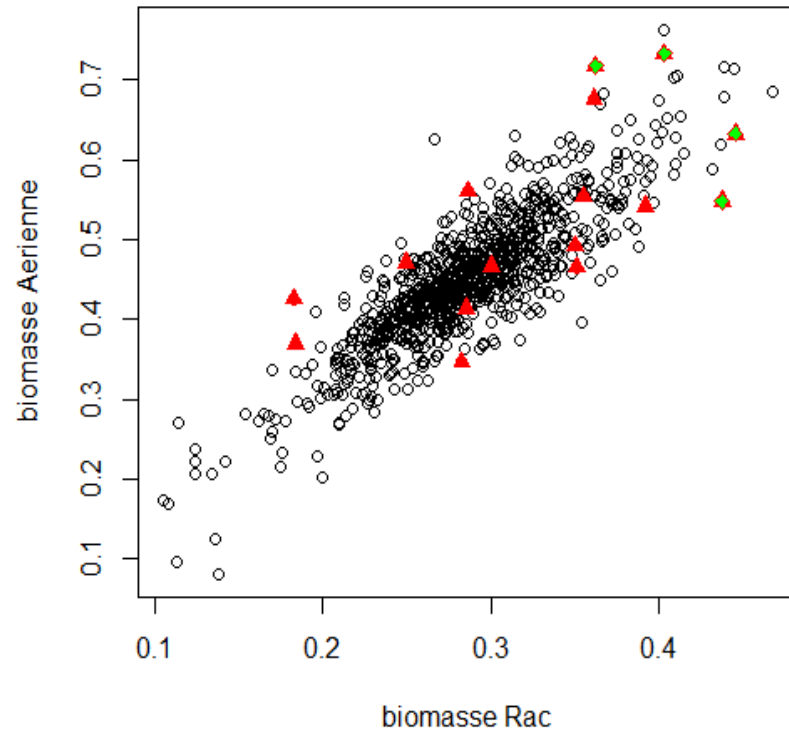
En fin d'expérimentation (environ 22 jours après implantation) :

- Biomasse racinaire et aérienne.
- Nombre de feuilles.
- Nombre de talles.



Réseau d'essais

Sélection de 12 variétés ayant des caractéristiques contrastées



Evaluation en réseau d'essais :

- Gréoux, Clermont-Ferrand, Nîmes, Mauguio
- Deux conditions hydriques
- Mesures de caractères racinaires (shovelomics) et agronomiques



Analyses

0/ Ajustements spatiaux, krigeage

1/ Analyse de la variabilité génétique des caractères racinaires

2/ Analyse de la relation entre caractères de plateforme et performances agronomiques de plein champs

3/ Analyse de la relation entre QTL de plateforme et performances agronomiques

4/ Analyse des tendances historiques des caractères racinaires

5/ Analyse du réseau d'essais ArchiRac



Résultats



Variabilité génétique et héritabilités

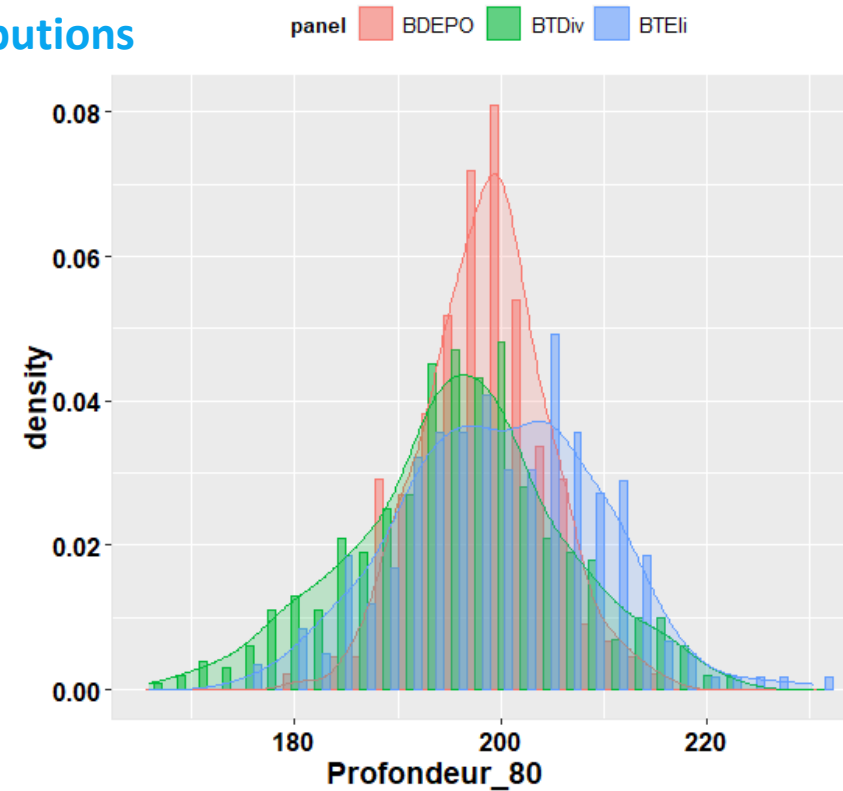
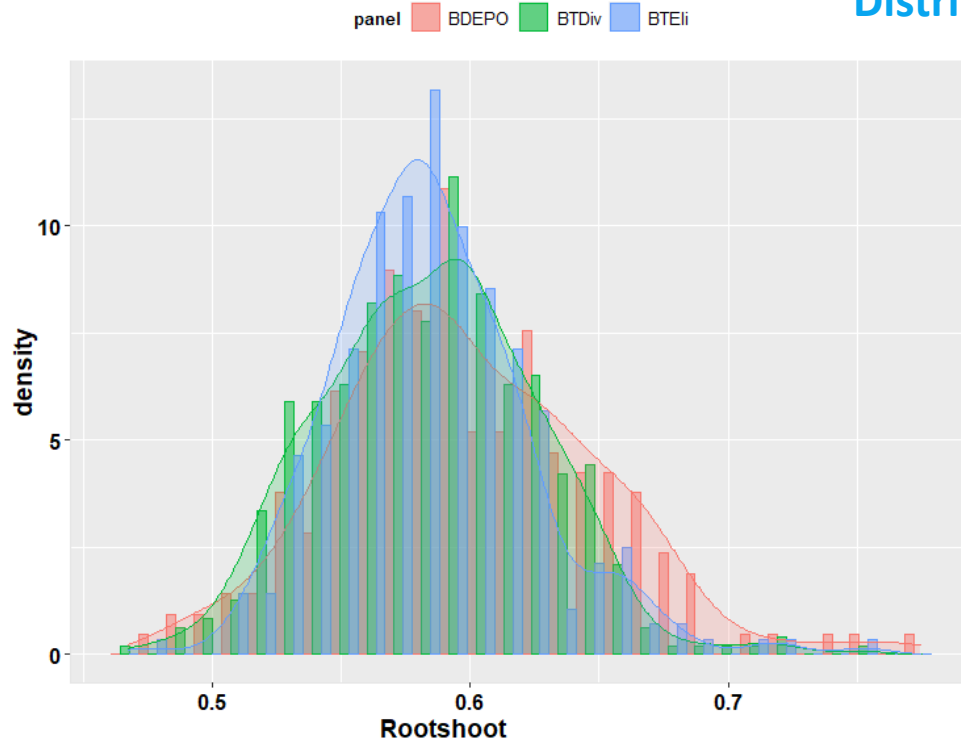
	Héritabilités	
	Durum wheat	Bread wheat
Above-ground biomass	0.76	0.67
Number of Leaves	0.82	0.8
Number of tillers	0.76	0.72
Root biomass	0.64	0.59
Root-to-shoot ratio	0.81	0.74
Root number	0.63	0.66
Root angle	0.52	0.64
Depth	0.45	0.69
Width	0.62	0.65
Depth_80%	0.42	0.6
Convex hull	0.44	0.64
CGY	0.5	0.63

Héritabilités intermédiaires (architecture) à élevées (biomasse, développement)



Variabilité génétique et héritabilités

Distributions

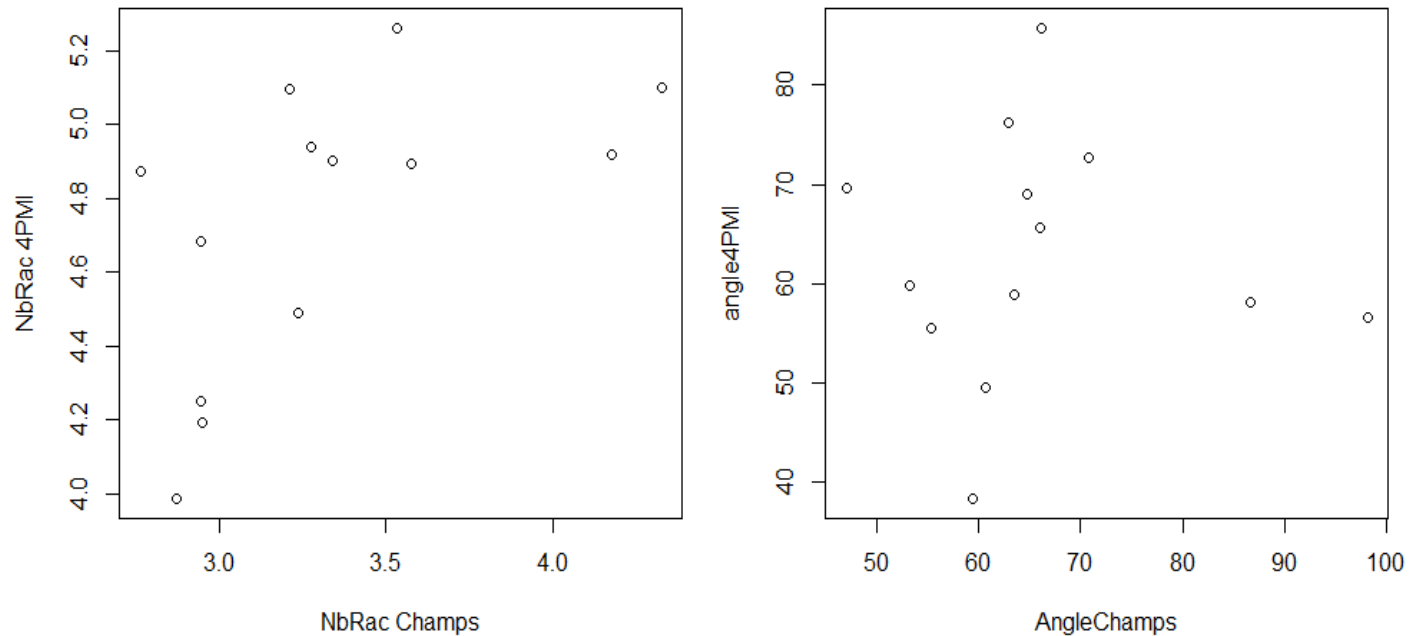


Tendances générales:

- Très grande variabilité.
- Plus de variabilité dans le matériel de diversité (mais pas toujours, ex angle, surf. Projetée). Réseau racinaire élite un peu plus étendu (largeur, longueur, enveloppe convexe) mais avec une plus petite surface projetée (racines plus fines ?).
- Blé dur: plus de variance pour les caractères de biomasse et développement, mais moins de variance pour les caractères racinaires.



Corrélation plateforme / champs



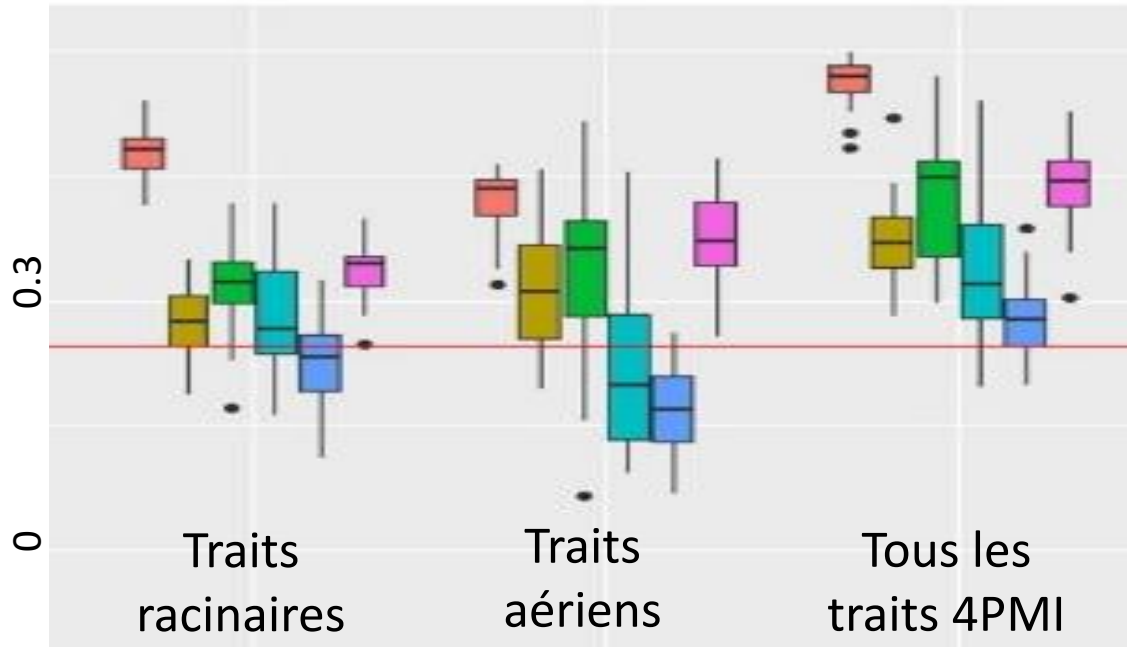
- Faible corrélation entre plateforme et champs pour les angles racinaires.
- Interaction génotype x environnement ? Héritabilité ?



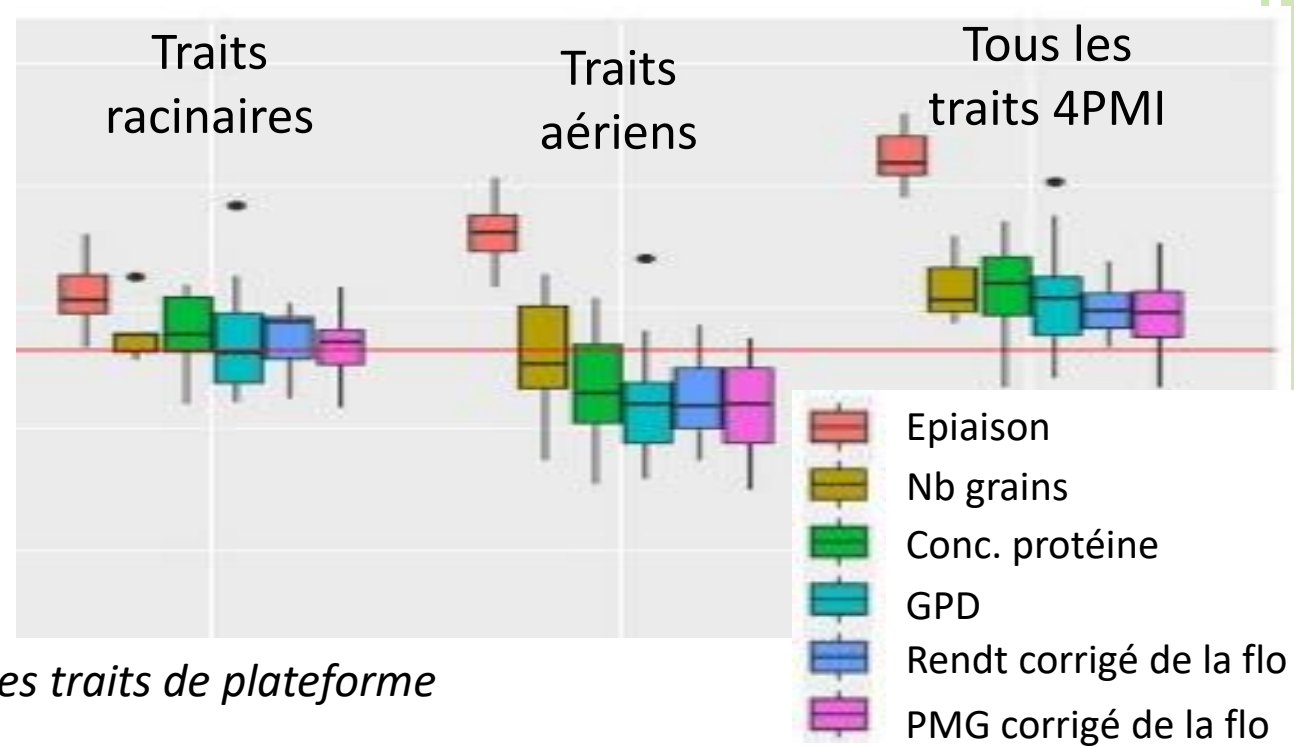
Résultats

Relation caractères de plateforme / perf agronomiques aux champs

Blé tendre élite



Blé dur



Coefficient de régression (R) des traits agronomiques sur les traits de plateforme

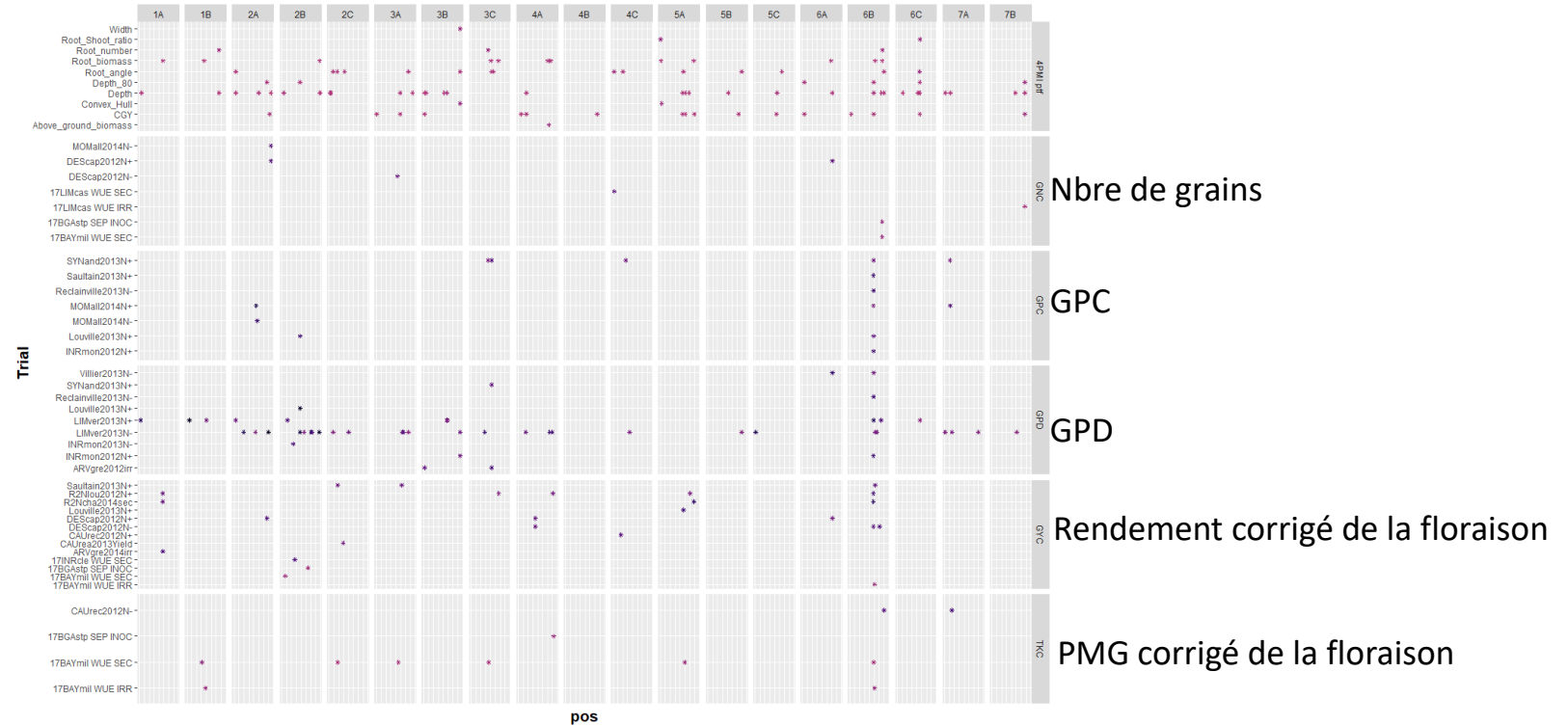
- Les traits racinaires expliquent individuellement une **faible proportion** des traits agronomiques et seulement dans des environnements spécifiques (**interaction GxE**).
- Corrélations plus prononcées dans les environnements avec **stress hydrique**.



Génétique d'association

Caractères de plateforme

Performances agronomiques
(réseau d'essais BreedWheat)

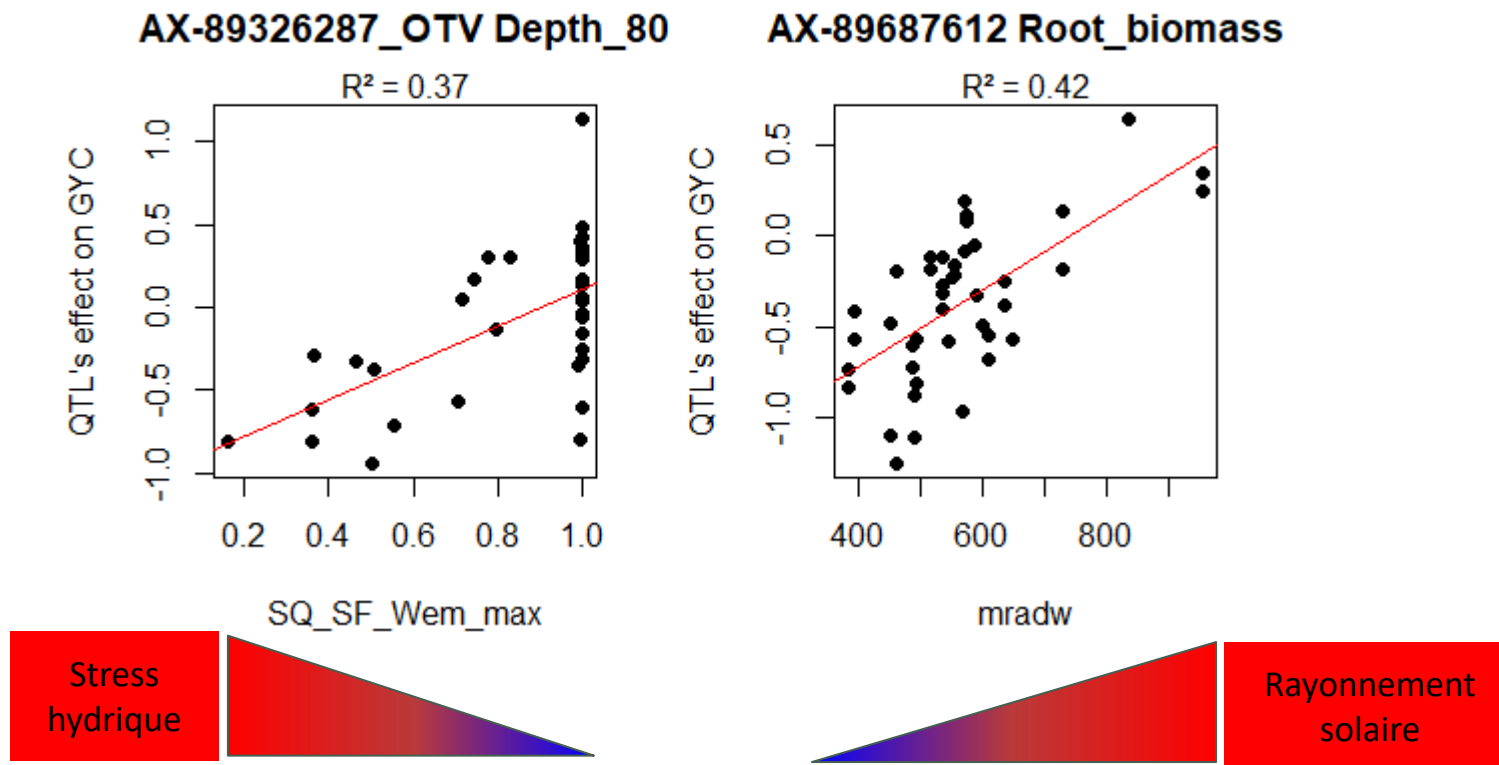


- 100 QTL de blé tendre et 34 QTL de blé dur ont été détectés pour les caractères de plateforme.
- Nombreuses colocalisations entre QTL de plateforme et QTL de performances agronomiques de plein champs.



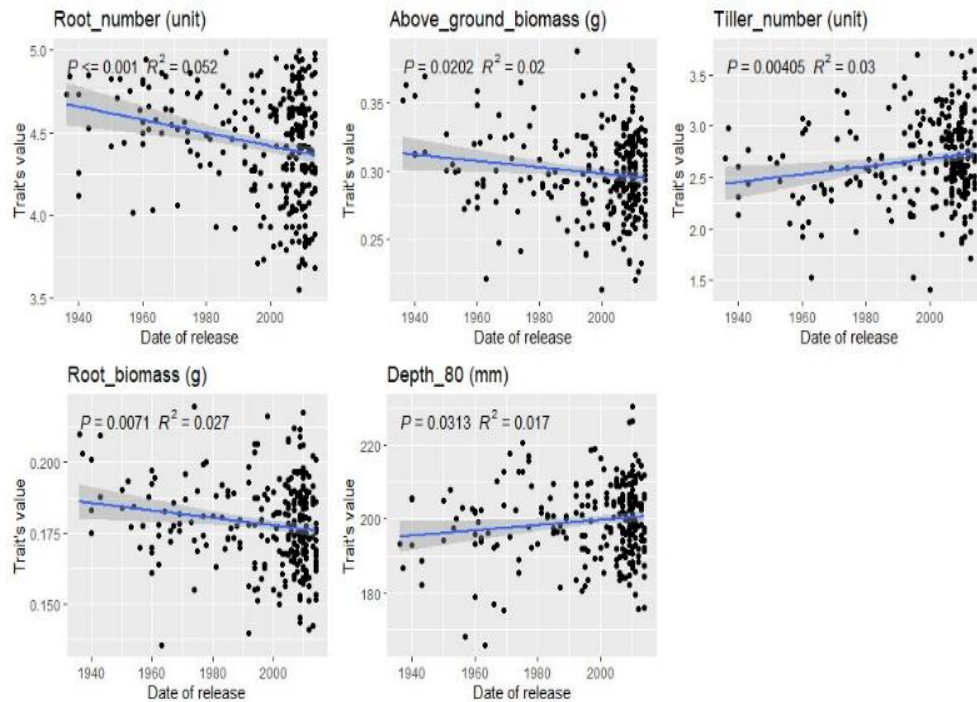
L'intérêt des QTL racinaires dépend des conditions environnementales

- L'effet des QTL racinaires sur les performances agronomiques de plein champs sont environnement spécifiques (GxE).
- La spécificité environnementale de ces effets peut parfois être mise en lien avec des variables environnementales.



Tendances historiques

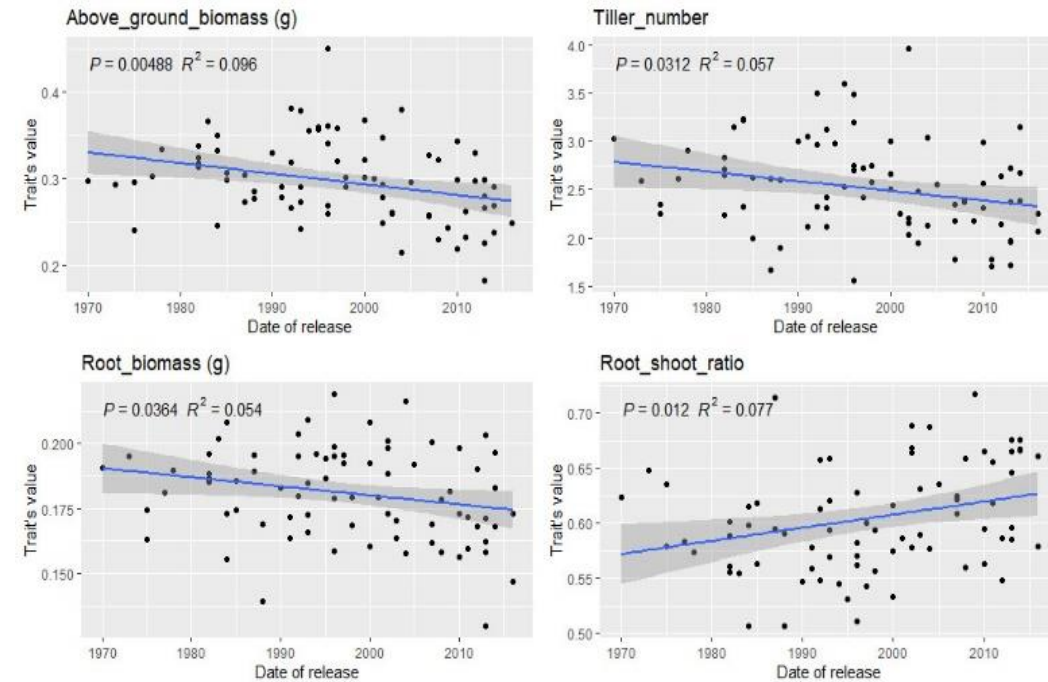
Blé tendre élite



Diminution de la biomasse et du nombre de racines séminales.

Augmentation de la **profondeur d'enracinement** et du nombre de talles.

Blé dur



Diminution de la biomasse et du nombre de talles.

Augmentation du **ratio de biomasse racinaire/aérien**.



Conclusions, perspectives

Conclusions:

- Grande diversité génétique pour les caractères racinaires.
- Relation entre phénotypes mesurés en plateforme et performances agronomiques de plein champs à l'échelle du caractère et du QTL.
- Ces relations sont faibles et semblent plus importantes dans les environnements stressants.
- La sélection a eu un effet indirect sur les caractères racinaires.

Perspectives:

- Amélioration des analyses d'image (segmentation par deep learning).
- Caractères dynamiques.
- Prédiction génomiques (projet H2020 SolACE).
- Analyse de l'effet des traits racinaires et de leur plasticité sur la stabilité des performances.
- Besoin de modélisation pour améliorer le transfert PF – champ.





merci

Résultats

Variances

	Biomasse_PA	Nbfeuilles	Nbthalles	Biomasse_Rac	Rootshoot	Root_number	RootAngle	Largeur	Hauteur	Profondeur_8 0	Surface_proje tee	ConvexHull	CGY
BleDur	0.0019726544	0.04840528	0.2340830	0.0003362763	0.002546229	0.06768574	44.34520	77.02485	287.1289	34.34541		7168319	21.02068
BTDiv	0.0011467116	0.04567483	0.2113928	0.0002473572	0.001748520	0.09918875	87.17947	372.80206	311.9897	105.74310	5161042	21447173	49.48160
BTElite	0.0009068339	0.02910249	0.1607346	0.0002306614	0.001479328	0.11302472	98.81717	172.53785	360.9713	91.35600	8576926	26666475	35.09953

Medianes

	Biomasse_PA	Nbfeuilles	Nbthalles	Biomasse_Rac	Rootshoot	Root_number	RootAngle	Largeur	Hauteur	Profondeur_8 0	Surface_proje tee	ConvexHull	CGY
BleDur	0.2969125	4.719037	2.482229	0.1794177	0.5939822	4.693498	52.52612	335.7759	90.10736	198.8222		18709.13	134.3275
BTDiv	0.3052466	4.708264	2.602849	0.1798799	0.5850121	4.557431	54.82301	333.6773	92.09283	196.1855	1502.357	18371.77	132.0460
BTElite	0.2969229	4.629461	2.723431	0.1766625	0.5813518	4.472499	56.40875	340.1431	91.02542	199.8659	1304.157	18811.80	134.2808

