

PROSYN : Apport des blés synthétiques à l'amélioration conjointe de la productivité, de la teneur en protéines et l'efficacité d'utilisation de l'azote

Jérémy DERORY^{1*}, Matthieu BOGARD², Katia BEAUCHENE², Philippe MOMONT³, Jacob LAGE³, Sébastien CAIVEAU⁴, Olga ZHADENOVA⁴, Phil HOWELL⁵, Céline DUQUE¹, Constance LAVERGNE¹

1 - Limagrain Europe - CS50005 St Beuzire 63360 GERZAT, France

2 - ARVALIS-Institut du végétal - 3 rue Marie & Joseph Hackin 75016 Paris, France

3 - KWS Momont - 7 rue de Martinval 59246 Mons en Pévèle, France

4 - Syngenta - 2 Avenue Gustave Eiffel CS 40346 28008 Chartres Cedex, France

5 - NIAB - Huntingdon Road CB3 0LE CAMBRIDGE, Royaume Uni

*Coordinateur : Jérémy DERORY, jeremy.derory@limagrain.com

1 Introduction

La création variétale a été relativement efficace pour accroître les rendements pour le blé en Europe avec en moyenne un progrès génétique estimé à 1 % par an. Cependant on observe une stagnation des rendements due aux effets combinés du changement climatique et de l'utilisation raisonnée des intrants (Brisson *et al.*, 2010).

Chez le blé, les rendements observés sont fortement dépendants des niveaux d'azote, nécessaire au développement optimal de la plante et à l'obtention d'un niveau suffisant de protéines dans les grains à la récolte. En effet, les variétés modernes ont besoin en moyenne de 150 à 180 Kg N/ha pour produire 7 à 8 tonnes/ha de grains avec une teneur de 11 à 13 % de protéines (Agreste 2011 ; Dampney *et al.*, 2006 ; Hawkesford *et al.*, 2014). En France, une teneur minimum en protéines de réserves de 11 % est exigée pour l'exportation et la fourniture d'azote reste l'un des postes majeurs d'investissement énergétique des producteurs. Ce dernier est estimé à environ 25-30 % des charges opérationnelles d'une exploitation.

Pour la sélection, l'enjeu est double, il s'agit d'améliorer le rendement, tout en s'émancipant de la relation négative entre rendement et teneur en protéines des grains généralement observée pour les variétés modernes (Simmons, 1995 ; Krapp *et al.*, 2005). Une piste explorée dans le programme Anglais WISP (Moore 2015) consiste à élargir la base génétique disponible pour la création variétale en croisant des blés élites avec des populations de pays, des espèces apparentées et des blés synthétiques.

A ce jour, plus d'une centaine d'études scientifiques témoignent de l'intérêt des blés synthétiques. Les blés synthétiques ont ainsi permis l'identification de nombreux gènes de résistances pour des maladies et leur potentiel d'utilisation en création variétale a été abondamment décrit (Dreisigacker *et al.*, 2008 ; Mujeeb-Kazi *et al.*, 2008 ; Ogonnaya *et al.*, 2008 ; Plamenov and Spetsov, 2011). L'exploitation intensive de cette ressource dans des programmes de sélection conduits au CIMMYT, à l'ICARDA, mais aussi aux USA, en Australie et en Chine a conduit à une amélioration du rendement et de ses composantes, notamment dans des environnements avec des stress de forte

température, de sécheresse ou de salinité (Trethowan and Mujeeb-Kazi, 2008 ; Rattey *et al.*, 2011 ; Cooper *et al.*, 2012).

L'objectif du projet PROSYN est de caractériser la collection de lignées produites au NIAB en France et en Angleterre pour les caractères de rendement, d'efficacité d'utilisation de l'azote et de GPD (Grain Protein Deviation) mais aussi de tolérance aux maladies. Nous espérons ainsi identifier de nouvelles lignées et allèles favorables pour les caractères cibles du projet, exploitables dans les programmes de création variétale.

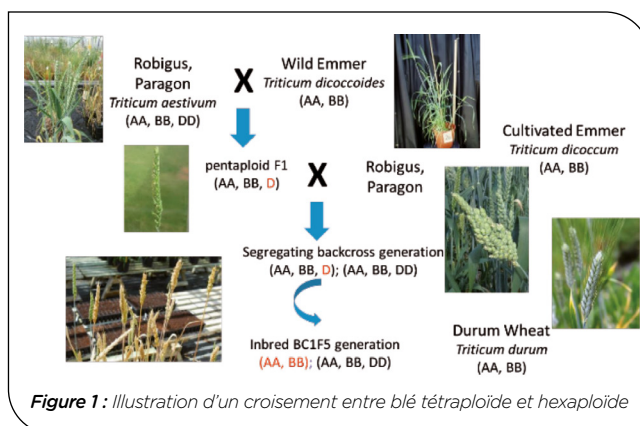
2 Matériel et méthode

► Le Matériel Végétal et les observations en pépinière

Le matériel végétal étudié dans PROSYN a été développé dans le cadre du projet anglais WISP, financé par le BBSRC. Dans ce vaste programme autour des ressources génétiques, il y avait trois sources de matériel :

- ✓ NIAB 'Synthétiques'
- ✓ JIC Land Races
- ✓ Nottingham Wild Parents

Le matériel synthétique auquel le projet PROSYN s'est intéressé a été produit par le NIAB dans le cadre de ces travaux sur les ressources génétiques en combinant soit des blés synthétiques issus du CIMMYT soit des blés tétraploïdes avec du matériel européen type hiver (Robigus) ou printemps (Paragon).



La lignée récurrente Robigus a été choisie en raison de son utilisation très large dans le matériel de sélection au Royaume Uni. Robigus présente en effet un bon potentiel de rendement ainsi qu'un bon niveau de tolérance à la Septoriose ainsi qu'à la cécidomyie orange. De plus, Robigus ne présente pas de niveau élevé de nécrose hybride, ce qui en fait un bon géniteur pour des croisements avec des lignées synthétiques ou tétraploïdes. En revanche, la variété est très sensible à la rouille jaune ainsi qu'au mildiou et à la rouille brune.

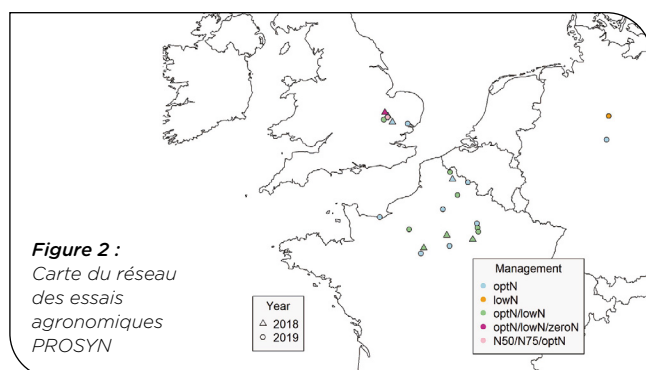
Préalablement au projet PROSYN, lors de la saison 2016, les lignées ont été cultivées en pépinière sous protection fongicide réduite ce qui a permis d'éliminer les plus susceptibles. La cible était de sélectionner 400 entrées pour le projet mais seules 231 lignées ont été conservées du fait des pressions rouille jaune ou des problèmes de verse et/ou d'hétérogénéité des lots. Parmi ces 231 lignées, 188 de ces lignées provenaient d'un croisement entre Robigus et une lignée synthétique tandis que 43 provenaient d'un croisement de Robigus avec un blé tétraploïde.

Dans le cadre de PROSYN, lors de la saison 2017, les 231 lignées ont été observées dans 8 dispositifs différents (5 au Royaume Uni et 3 en France) et notées pour des caractères de hauteur, date d'épiaison, présence de barbes, pureté, glaucescence, verse et maladies opportunistes (essentiellement rouilles jaune et brune). Au total, dans ces pépinières, environ 6000 données d'observations ont été réalisées et ont permis la sélection de 121/231 lignées pour la mise en place des essais rendement de la deuxième année. L'ensemble des données ont été synthétisées et rendues disponibles à l'ensemble des partenaires du projet.

En parallèle de ces observations en pépinière, les 231 lignées ont été multipliées afin de produire environ 5kg de semences de chacune des lignées pour couvrir les besoins des essais prévus en 2018 et 2019.

► Des essais rendement sous différentes modalités d'apport d'azote

Le réseau d'essais multi local comprenait 23 combinaisons lieu x année avec des conditions variées d'apport en azote conduisant à un total de 36 combinaisons lieu x année x conduite azotée, comprenant 14 conduites a priori faible azote et 22 conduites a priori optimales. Le rendement des grains et la teneur en protéines du grain ont été mesurés respectivement dans 23 et 18 combinaisons. La plupart des essais ont été mesurés pour la date d'épiaison, le poids de mille grains et quelques scores opportunistes de verse et maladies.



Toutes les données phénotypiques ont été analysées et certaines valeurs suspectes ont été supprimées afin de disposer d'un jeu de données exploitables et analysables. Un essai en particulier, l'essai sans apport d'azote effectué à Cambridge en 2018 (CAMzeroN) a été retiré des analyses en raison du rendement très faible observé. L'analyse a été limitée aux 45 lignées évaluées en troisième année du projet et aux cinq variétés contrôles (KWS SANTIAGO, SKYFALL, CELLULE, RUBISKO, ROBIGUS). Les 45 lignées étudiées étaient présentes dans 30 à 36 essais selon la lignée considérée.

Dans l'ensemble des essais individuels, les données ont été ajustées à l'effet bloc déclaré en aléatoire et les valeurs phénotypiques estimées (BLUEs) de chaque génotype ont été calculés. Ensuite, une valeur par génotype a été calculée pour l'ensemble des essais avec l'effet essai déclaré en aléatoire. Ces valeurs moyennes de rendement et de teneur en protéines par génotype ont permis de calculer l'écart à la relation entre teneur en protéines et rendement, autrement appelé GPD pour Grain Protein Deviation, en suivant la procédure itérative proposée par Oury et Godin (2007).

La tolérance des génotypes à la carence en azote a été évaluée comme suit :

$$\delta V = (V_{optN} - V_{lowN}) / V_{optN} \times 100$$

avec V_{optN} est la variable considérée mesurée sous conditions optimales en azote, V_{lowN} est la variable considérée mesurée sous conditions carencées, pour une même combinaison lieu x année. Seules les combinaisons lieu x année qui montraient un effet négatif significatif de l'application réduite en azote ont été conservées pour calculer ces indices de tolérance. Pour le rendement, cela inclut JAL19, LAV19, CAM18, FER18, MOI18 and VER18 et pour la teneur en protéine, cela AUB19, JAL19, SAI19, CAM18, FER18, MOI18, MON19 and VER18.2.3.

3 Résultats

► Statistiques descriptives des essais

Les corrélations entre les rendements mesurés dans les différents essais ont été en moyenne de 0,52 en 2019 (-0,11 à 0,97) et de 0,26 en 2018 (-0,13 à 0,75) et les corrélations entre les deux années étaient assez faibles (effet annuel). Les corrélations pour la teneur en protéines étaient en moyenne de 0,61 en 2018 (0,35 à 0,78) et de 0,54 en 2019 (-0,11 à 0,94) et aucun effet apparent de l'année n'a été trouvé. On peut noter que la teneur en protéines a été mesurée dans un nombre moindre d'essais en 2018.

Dans les différents essais, le rendement moyen variait de 20 à 140 Qx/ha et aucune structuration évidente n'est apparue avec la fertilisation de l'essai en azote. L'essai CAM18zeroN sans fertilisation présentait des rendements très faibles variant de 20 à 40. Certaines combinaisons année x lieu présentaient un rendement plus élevé en faible azote par rapport à la modalité azote optimal (SAI19, MON19). La teneur en protéines moyenne variait de 9 à 15 % et les essais de faible teneur en azote ont toujours présenté une teneur en protéines (GPC) plus faible que celui de la modalité optimale pour un lieu d'essai donné une même année.

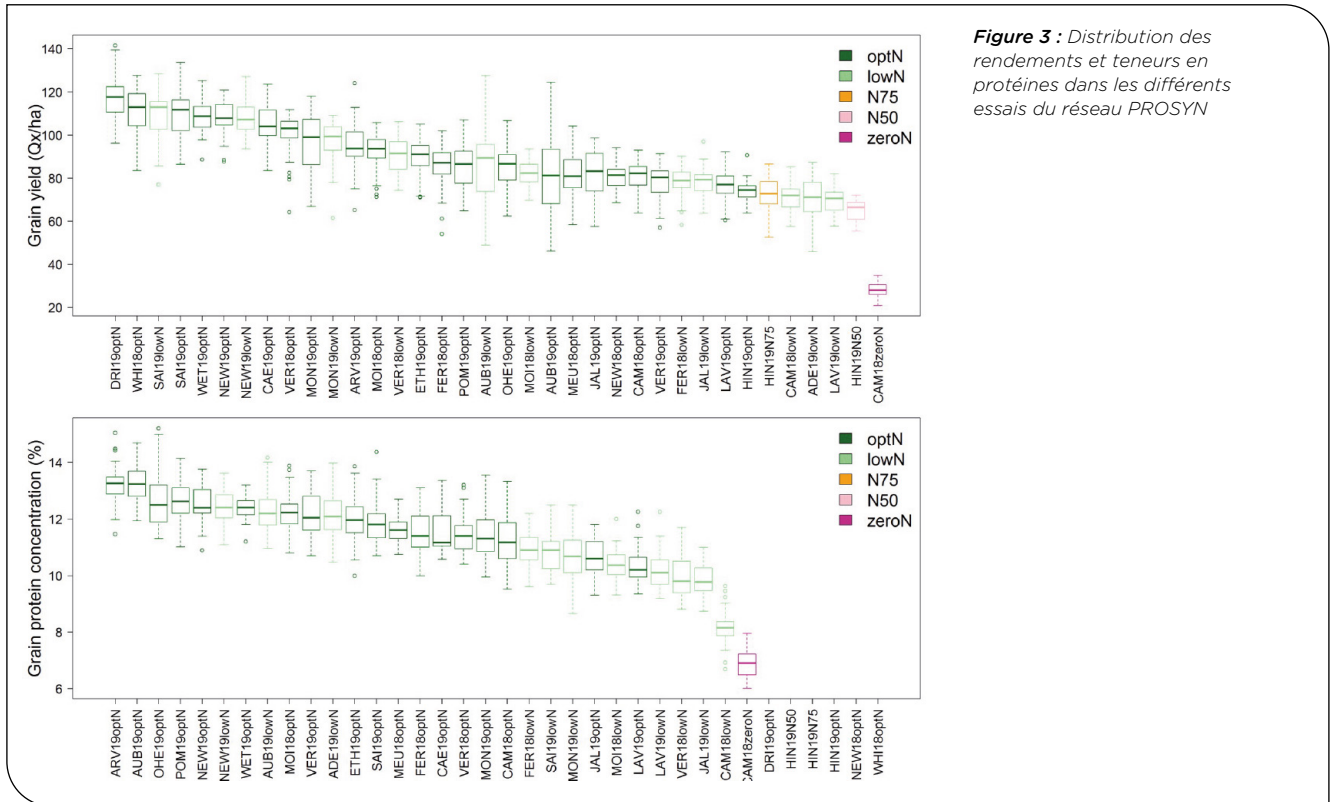


Figure 3 : Distribution des rendements et teneurs en protéines dans les différents essais du réseau PROSYN

► Analyse de variance

Les analyses de variance pour le rendement et la teneur en protéines ont montré que le facteur principal explicatif des variations observées est l'essai. Pour ce facteur, le pourcentage de variance expliquée est de 76,3 % et 80,9 %, respectivement pour le rendement et la teneur en protéines. Le facteur génotype est également très significatif et explique 9,99 % et 9,75 % de la variance observée, respectivement pour le rendement et la teneur en protéines.

plantes (-0,50). Ainsi, les lignées précoces et de petite taille ont tendance à avoir un rendement moyen plus élevé. La teneur en protéines est négativement corrélée au rendement (-0,63) comme attendu.

Pour ce qui concerne cette dernière relation rendement - teneur en protéines, les coefficients de corrélation et les pentes mesurées intra essais présentent une grande variabilité avec des relations non significatives et/ou positives dans certains essais. La figure suivante montre la répartition des coefficients de corrélation et des pentes de la relation teneur en protéines=f(rendement).

FACTEUR	DF	SUM SQ	MEAN SQ	F VALUE	PR(>F)
GENOTYPE	49	62222	1269.8	23.0	< 2.2e-16 ***
ESSAI	35	475217	13577.6	245.6	< 2.2e-16 ***
RESIDUELLE	1545	85403	55.3		

Tableau 1. Tableau d'analyse de variance du caractère rendement.

FACTEUR	DF	SUM SQ	MEAN SQ	F VALUE	PR(>F)
GENOTYPE	49	325	6.6	26.8	< 2.2e-16 ***
ESSAI	29	2698	93.1	375.5	< 2.2e-16 ***
RESIDUELLE	1258	311	0.2		

Tableau 2. Tableau d'analyse de variance du caractère teneur en protéines rendement.

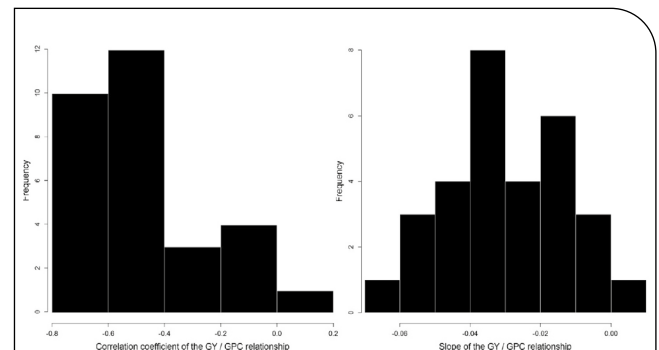


Figure 4 : Coefficient de corrélation et pentes de la relation teneur en protéines=f(rendement)

► Corrélations entre caractères

Les corrélations phénotypiques entre les moyennes ajustées des caractères dans les différents essais sont faibles à élevées selon les caractères. Le rendement est négativement corrélé à la date d'épiaison (-0,49), à la teneur en protéines GPC (-0,63) ainsi qu'à la hauteur de

► Effet de la carence en azote

On peut mesurer l'écart de performances sous dose optimale vs dose réduite pour le rendement (δGY) ou pour la teneur en protéine (δGPC). Les valeurs observées pour ces écarts sont majoritairement positives et les quelques valeurs négatives observées reflètent probablement des erreurs de mesure.

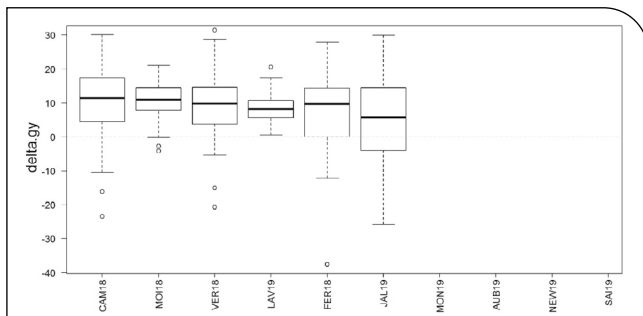


Figure 5 : Distribution des écarts de rendement entre modalités optimale et carencée en azote

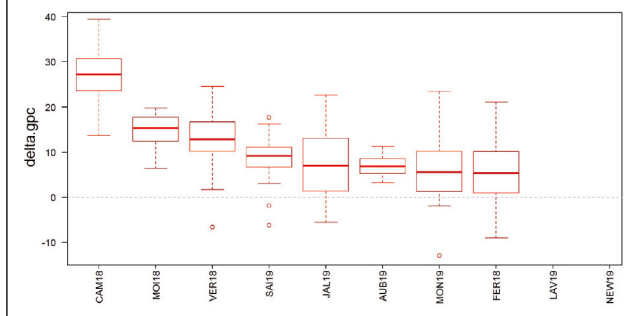


Figure 6 : Distribution des écarts de teneur en protéines entre modalités optimale et carencée en azote

L'effet du facteur essai est significatif à la fois pour les écarts de rendement et de teneur en protéines mais la proportion de variance expliquée est bien plus élevée pour le GPC (61.5 %) que pour le rendement (4.4 %). En revanche, le facteur génotype n'est significatif que pour la variable écart de rendement pour laquelle il explique 21.9 % de la variance.

► Génotypage des lignées PROSYN

Les 121 lignées sélectionnées pour la deuxième année d'essai (2017-2018) ont été génotypées. Les échantillons proviennent des pépinières conduites au NIAB dans lesquelles les lots de semences ont été purifiées pour éliminer les plantes hors type. Pour 17 de ces lignées, 2 familles ont été génotypées. Il s'agit de lignées qui présentaient de bonnes performances en essais ou pépinière en 2018 mais qui étaient trop hétérogènes du point de vue du type. En effet, il existait soit des mélanges barbues/non barbues soit des hétérogénéités de glaucescence. La plupart de des lignées ont été fixées après 2018.

L'ensemble de ce matériel a été génotypé à l'aide de la puce 35k Axiom Affy Wheat Breeders développé à Bristol dans l'équipe de Keith Edwards. Tous les échantillons ont passé avec succès le contrôle qualité. Plus de 16 500 SNPs sont apparus polymorphique parmi le jeu de données dont plus de 13 500 de haute qualité (PolyHiRes), comme sur l'exemple suivant.

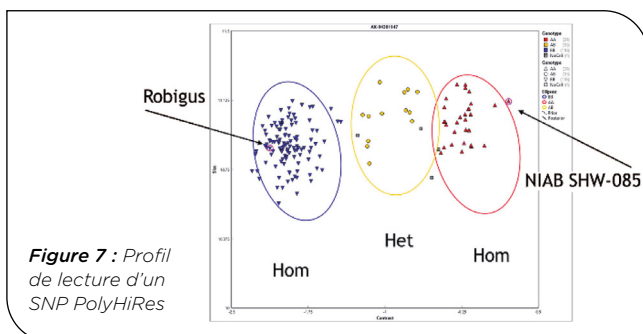


Figure 7 : Profil de lecture d'un SNP PolyHiRes

► Cartographie des marqueurs SNPs

Les marqueurs monomorphiques et ceux qui présentaient des profils ambigus ont été retirés des analyses. Dans un premier temps, l'ordre et la position des 16 678 marqueurs restants ont été déterminés selon quatre méthodes différentes :

- Position sur la carte génétique de la population Avalon x Cadenza ;
- Position sur la carte génétique de la population Savannah x Rialto ;
- Position physique sur le génome de référence en comparant la séquence du marqueur à la RefSeq
- Blast sur IWGSC

Les résultats obtenus avec les différentes méthodes se sont révélés être sources de confusion et la position physique sur le génome de référence a finalement été retenue.

	A	B	D	TOTAL
1	772	1197	512	2481
2	1189	1363	609	3161
3	803	1147	454	2404
4	713	616	231	1560
5	983	1304	436	2723
6	719	963	397	2079
7	959	874	437	2270
TOTAL	6138	7464	3076	16678

Tableau 3. Effectif des marqueurs positionnés sur les différents chromosomes

► Analyses génétiques

La première analyse concerne la similarité des lignées PROSYN au parent récurrent Robigus. Il y a quelques autofécondations de Robigus détectées, comme cela a déjà été le cas dans des projets similaires. Robigus est toujours utilisé comme femelle lors du premier backcross avec la F1.

Il est à noter que 3 lignées sont similaires à plus de 99 % à Robigus : PRO-006, PRO-012, PRO-061 et que ces trois lignées ont été sélectionnées parmi les 45 lignées expérimentées en dernière année. En dehors de ces trois lignées, parmi les 42 autres lignées, le génome de Robigus représente en moyenne 88 % du génome de ces lignées contre 56 % pour l'ensemble des lignées dérivées des croisements avec du matériel synthétique.

La sélection opérée dans le cadre du projet a clairement favorisé les lignées porteuses du génome de Robigus dans une large proportion avec cependant 12 % du génome provenant des lignées synthétiques.

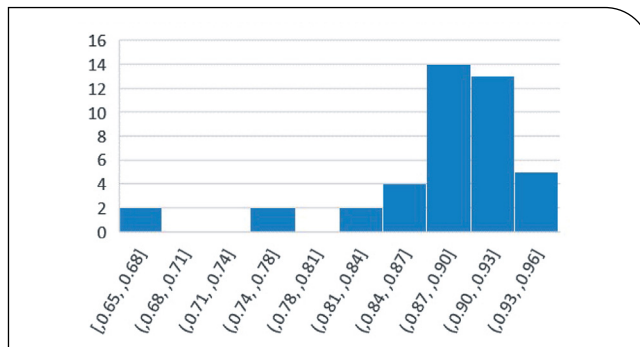


Figure 8 : Pourcentage de génome de Robigus au sein des 42 lignées PROSYN de dernière année

Pour ce qui concerne le caractère de GPD, on remarque que les variétés les plus performantes présentent un pourcentage du génome de la lignée parentale Robigus supérieur aux lignées moins performantes. On remarque également que ces lignées semblent partager des régions du génome enrichies en allèles issus du matériel synthétique.

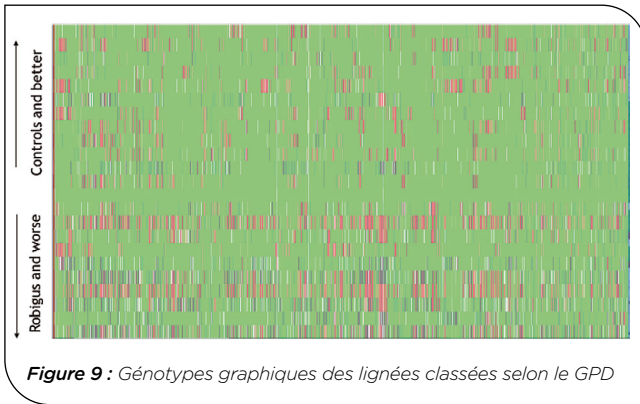


Figure 9 : Génotypes graphiques des lignées classées selon le GPD

Sur la base de ces résultats, des analyses génétiques complémentaires sont nécessaires afin de déterminer plus précisément les régions génomiques impliquées dans la variation des caractères clés de l'efficacité d'utilisation de l'azote.

4 Discussion

► Identification des lignées GPD+

Les lignées qui présentaient à la fois un rendement en grains supérieur à 95 % du rendement du parent récurrent Robigus et un GPD supérieur à 0.5 ont été identifiées et analysées plus en détail.

La figure suivante présente les teneurs en protéines vs le rendement des 45 lignées étudiées en troisième année du projet. Les lignées étiquetées sont les 6 lignées qui répondaient aux deux critères énoncés ci-dessus. La ligne verticale en pointillés rouge est située à 95 % du rendement de Robigus.

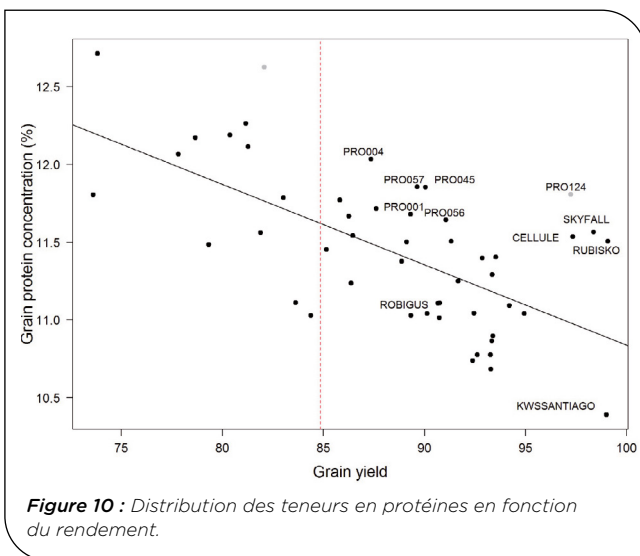


Figure 10 : Distribution des teneurs en protéines en fonction du rendement.

Les 6 lignées suivantes ont donc été identifiées pour leur GPD supérieur et un rendement acceptable : PRO001, PRO004, PRO045, PRO056, PRO057, PRO124.

► Caractérisation phénotypique des lignées GPD+

PRO004 présente un rendement inférieur à celui du contrôle ROBIGUS mais une teneur en protéines et un GPD bien plus élevés. PRO001, PRO045, PRO056 et PRO057 ont à peu près le même rendement que ROBIGUS, avec une teneur en protéines supérieure de presque 1 point. La ligne PRO124 quant à elle montre à la fois un rendement et une teneur en protéines plus élevés que le parent récurrent ROBIGUS. Cette lignée est du même niveau que CELLULE, SKYFALL et RUBISKO en termes de rendement avec une teneur en protéines légèrement supérieure.

Lignée	Date d'épiaison (J JULIEN)	Rendement (QX/HA)	Teneur en protéines (%)	GPD
CELLULE	143.6	97.3	11.5	0.56
RUBISKO	143.7	99.1	11.5	0.62
PRO001	149.3	89.3	11.7	0.29
PRO056	150.3	91.1	11.6	0.34
PRO004	150.6	87.4	12.0	0.54
PRO045	151.8	90.0	11.9	0.50
PRO057	151.0	89.6	11.9	0.48
PRO124	146.9	97.2	11.8	0.83
ROBIGUS	151.1	89.3	11.0	-0.36
SKYFALL	149.0	98.4	11.6	0.64
KWSSAN-TIAGO	151.6	99.0	10.4	-0.50

Tableau 4. Caractéristiques agronomiques des 6 lignées GPD+

Les performances de ces lignées peuvent également être visualisées via un graphique radar, sur lequel toutes les variables ont été indépendamment réduites à l'échelle 0-1. Les lignées PRO001 et PRO056 présentent un GPD modéré et sont relativement hautes et tardives. PRO004 a un GPD élevé, est relativement courte et tardive. PRO045 et PRO057 présentent un GPD élevé, une hauteur élevée et sont tardives. PRO124 a un GPD élevé, est de taille modérée et relativement précoce.

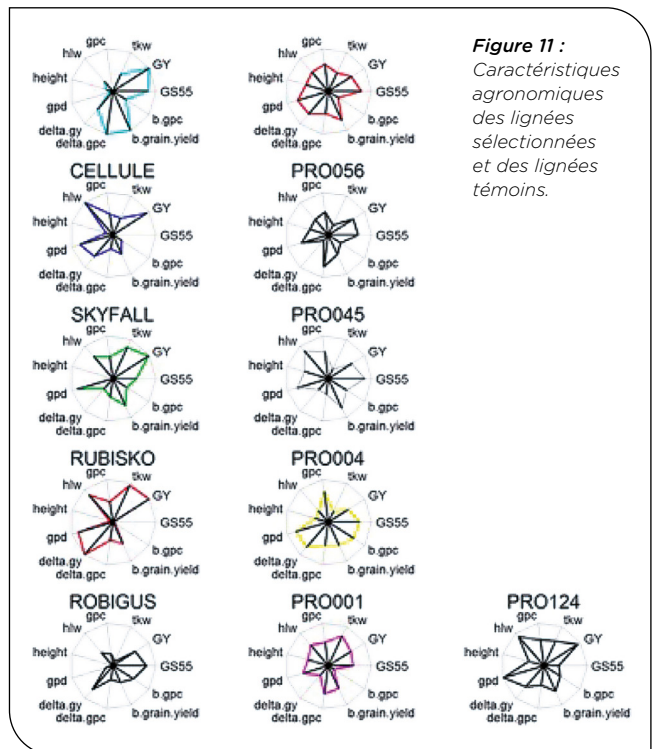


Figure 11 : Caractéristiques agronomiques des lignées sélectionnées et des lignées témoins.

5 Conclusions

L'analyse des données du projet PROSYN a permis l'identification de 6 lignées d'intérêt pour améliorer conjointement le rendement et la teneur en protéines des variétés. Douze pour cent du génome de ces lignées provient de blés synthétiques et est potentiellement porteur d'allèles exotiques non encore présents dans les blés cultivés.

Sur le plan de la recherche, de nombreuses questions restent à élucider concernant les caractéristiques physiologiques et génétiques de ces lignées : Est-ce l'absorption ou la remobilisation d'azote qui est favorisée et leur permet d'accumuler plus de protéines dans le grain ? Quels sont les allèles exotiques responsables de ces caractéristiques améliorées ?

Sur le plan de l'innovation variétale, il reste un long travail de validation des résultats puis de sélection variétale avant de voir ces innovations entre les mains des agriculteurs à travers une variété commerciale. Mais les partenaires du projet disposent dès à présent de lignées amélioratrices de la teneur en protéines et ceci a été rendu possible par la caractérisation approfondie d'une collection de blés synthétiques.

Origine	OBS 2017	YLD 2018	YLD 2019	Final selection
SHWS DERIVED	81 % (188)	75 % (91)	77 % (35)	100 % (6)
TETRAPLOIDS DERIVED	19 % (43)	25 % (30)	23 % (10)	

Tableau 5. Tableau récapitulatif des effectifs de lignées sélectionnées au cours du projet

Références bibliographiques

Agreste. 2011. <http://www.agreste.agriculture.gouv.fr/>

Brisson N., Gate P., Gouache D., Charmet G., Oury F.X., Huard F. 2010. Why are wheat yields stagnating in Europe? A comprehensive data analysis for France. *Field Crops Res.*, 119 (2010), pp. 201-212.

Cooper J.K., Ibrahim A., Rudd J., Malla S., Hays D.B. and Baker J. 2012. Increasing hard winter wheat yield potential via synthetic wheat: I. Path-coefficient analysis of yield and its components. *Crop Sci.* 52:2014-2022.

Dampney P.M.R., Edwards, A., Dyer C.J. 2006. Managing nitrogen applications to new Group 1 and 2 wheat varieties. HGCA PROJECT REPORT 400.

Dreisigacker S., Kishii M., Lage J., Warburton M. 2008. Use of synthetic hexaploid wheat to increase diversity for CIMMYT bread wheat improvement. *Australian Journal of Agricultural Research*, 59 : 413-430.

Hawkesford M.J. 2014. Reducing the reliance on nitrogen fertilizer for wheat production. *Journal of Cereal Science.* 276-283.

Krapp, A., Saliba-Colombani, V., Daniel-Vedele, F. 2005. Analysis of C and N metabolisms and of C/N interactions using quantitative genetics. *Photosynth. Res.* 83, 251-263.

Moore G. 2015. Strategic pre-breeding for wheat improvement. *Nature Plants* 1: 15018. doi:10.1038/nplants.2015.18.

Mujeeb-Kazi A., Gul A., Farooq M., Rizwan S., Ahmad I. 2008. Rebirth of synthetic hexaploids with global implications for wheat improvement. *Australian Journal of Agricultural Research* 59:391-398.

Ogbonnaya, F.C., Imtiaz M., Bariana H.S., McLean M., Shankar M.M., Hollaway G.J., Trethowan R.M., Lagudah E.S., van Ginkel M. 2008. Mining synthetic hexaploids for multiple disease resistance to improve wheat. *Aust. J. Agr. Res.* 59:421-431.

Oury, F-X, Godin, C. 2007. Yield and grain protein concentration in bread wheat: How to use the negative relationship between the two characters to identify favourable genotypes? *Euphytica.* 157. 45-57. 10.1007/s10681-007-9395-5.

Plamenov D. and Spetsov P. 2011. Synthetic Hexaploid Lines are valuable resources for biotic stress resistance in Wheat improvement. *Journal of Plant Pathology*, 93 (2), 251-262.

Rathey A., Shorter R., Chapman S. 2011. Evaluation of CIMMYT conventional and synthetic spring wheat germplasm in rainfed sub-tropical environments. I. Grain yield components and physiological traits. *Field Crop Res.* 124:195-204.

Simmonds N.W. 1995. The relation between yield and protein in cereal grain. *J. Sci. Food Agric.*, 67 (1995), pp. 309-315.

Trethowan R.M., Mujeeb-kazi A. 2008. Novel germplasm resources for improving environmental stress tolerance of hexaploid wheat. *Crop Science* 48, 1255-1265.

PROSYN : Apport des blés synthétiques à l'amélioration conjointe de la productivité, de la teneur en protéines et l'efficacité d'utilisation de l'azote

Jérémy DERORY^{1*}, Matthieu BOGARD², Katia BEAUCHENE², Philippe MOMONT³, Jacob LAGE³, Sebastien CAIVEAU⁴, Olga ZHADENOVA⁴, Phil HOWELLS⁵, Céline DUQUE¹, Constance LAVERGNE¹

1 - Limagrain Europe - CS50005 St Beauzire 63360 GERZAT, France
 2 - ARVALIS-Institut du végétal - 3 rue Marie & Joseph Hackin 75016 Paris, France
 3 - KWS Momont - 7 rue de Martinval 59246 Mons en Pèvele, France
 4 - Syngenta - 2 Avenue Gustave Eiffel CS 40346 28008 Chartres Cedex, France
 5 - NIAB - Huntingdon Road CB3 0LE CAMBRIDGE, Royaume Uni
 *Coordinateur : Jérémy DERORY, jeremy.derory@limagrain.com

INTRODUCTION

PROSYN se propose de caractériser des ressources génétiques développées par le NIAB dans le cadre du projet anglais WISP. Leur étude vise à terme l'amélioration de la productivité via une meilleure valorisation de l'azote.

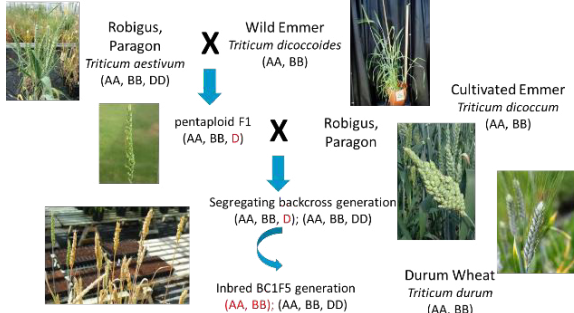


Figure 1 : Illustration d'un croisement entre blé tétraploïde et hexaploïde

SÉLECTION DE LIGNÉES GPD+

Six lignes présentent un rendement en grains supérieur à 95% du parent récurrent (Robigus) et un GPD supérieur à 0.5.

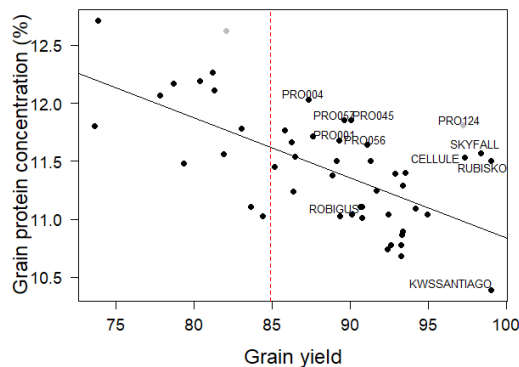


Figure 3 : Distribution des teneurs en protéines des lignes en fonction du rendement

NOUVELLES SOURCES DE DIVERSITÉ POUR LA CRÉATION VARIÉTALE

Des lignes amélioratrices de la teneur en protéines sont disponibles à la sélection variétale grâce la caractérisation approfondie d'une collection de blés synthétiques.

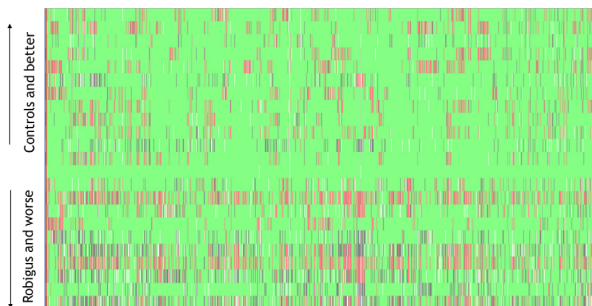


Figure 4 : Génotypes graphiques des lignes classées selon le GPD

RÉSEAU D'ESSAIS MULTI-LOCAL

Une étape de pré-sélection a été réalisée au champ parmi 231 lignées à partir d'observations pour des caractères d'adaptabilité/tolérance maladies.



Un panel de 45 lignées a été évalué en réseau d'essai multi-local pour le rendement et la teneur en protéines.

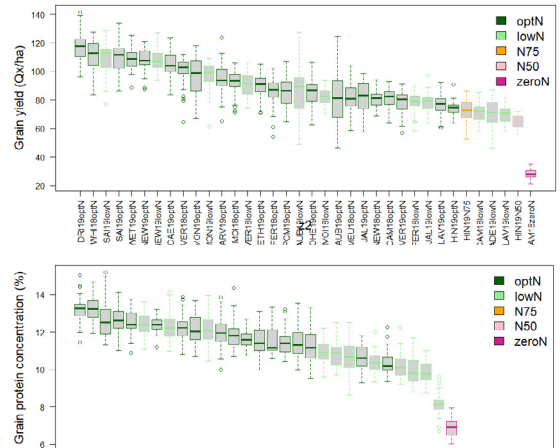


Figure 2 : Distribution des rendements et teneurs en protéines dans les différents essais du réseau PROSYN

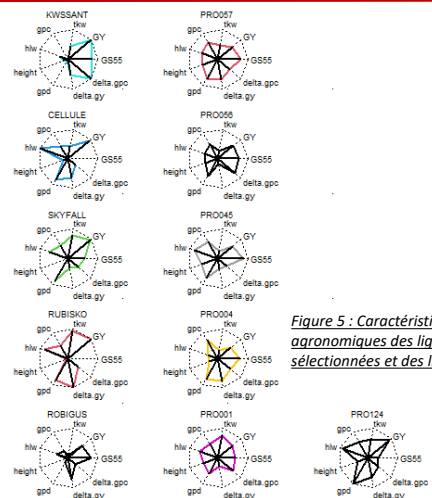


Figure 5 : Caractéristiques agronomiques des lignes sélectionnées et des lignes témoins

