

FsoV

# Génotypage et phénotypage du blé dur pour l'amélioration conjointe du rendement et de la teneur en protéines

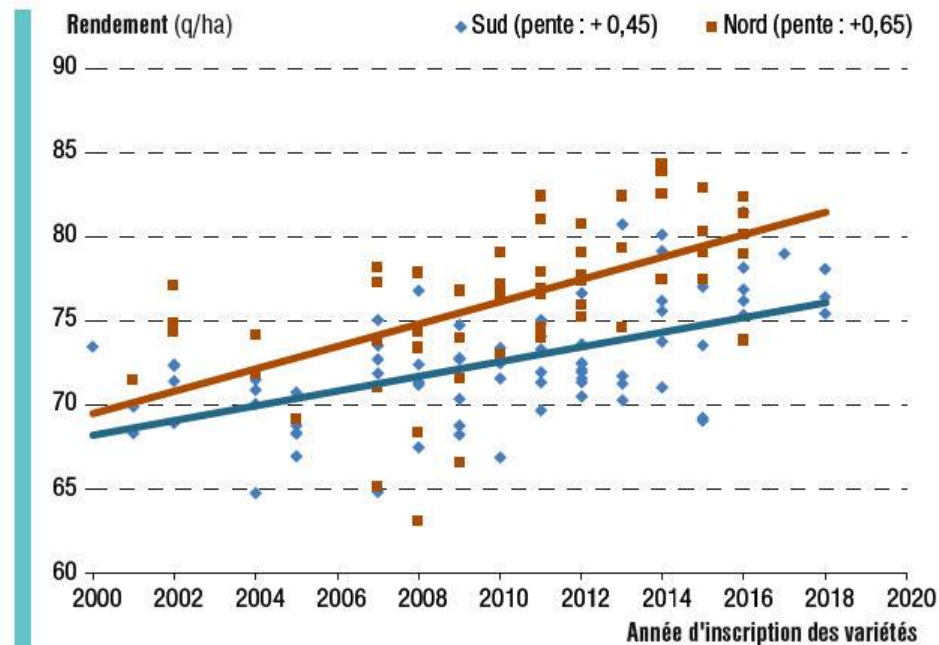
Delphine Hourcade



# INTRODUCTION



## RENDEMENT : un progrès constant, plus important en zone nord



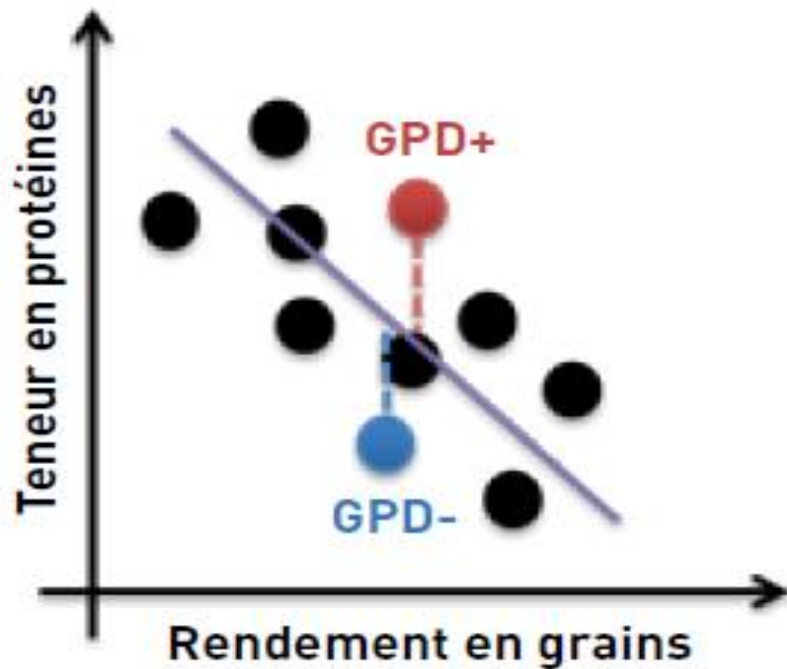
## PERSPECTIVES AGRICOLES

LE MAGAZINE DE RÉFÉRENCE DU CONSEIL AGRICOLE

- Blé dur : 4ème céréale produite en France
- Surface moyenne : 360 000 ha
- Production : 1.2 Mt
- 70% à l'export
  
- Exigence qualitative des clients européens et des pays tiers
  
- Progrès génétique Teneur en protéines :
  - Nord :- 0.08 points /an
  - Sud :- 0.05 points /an
  
- Besoin d'explorer une nouvelle diversité



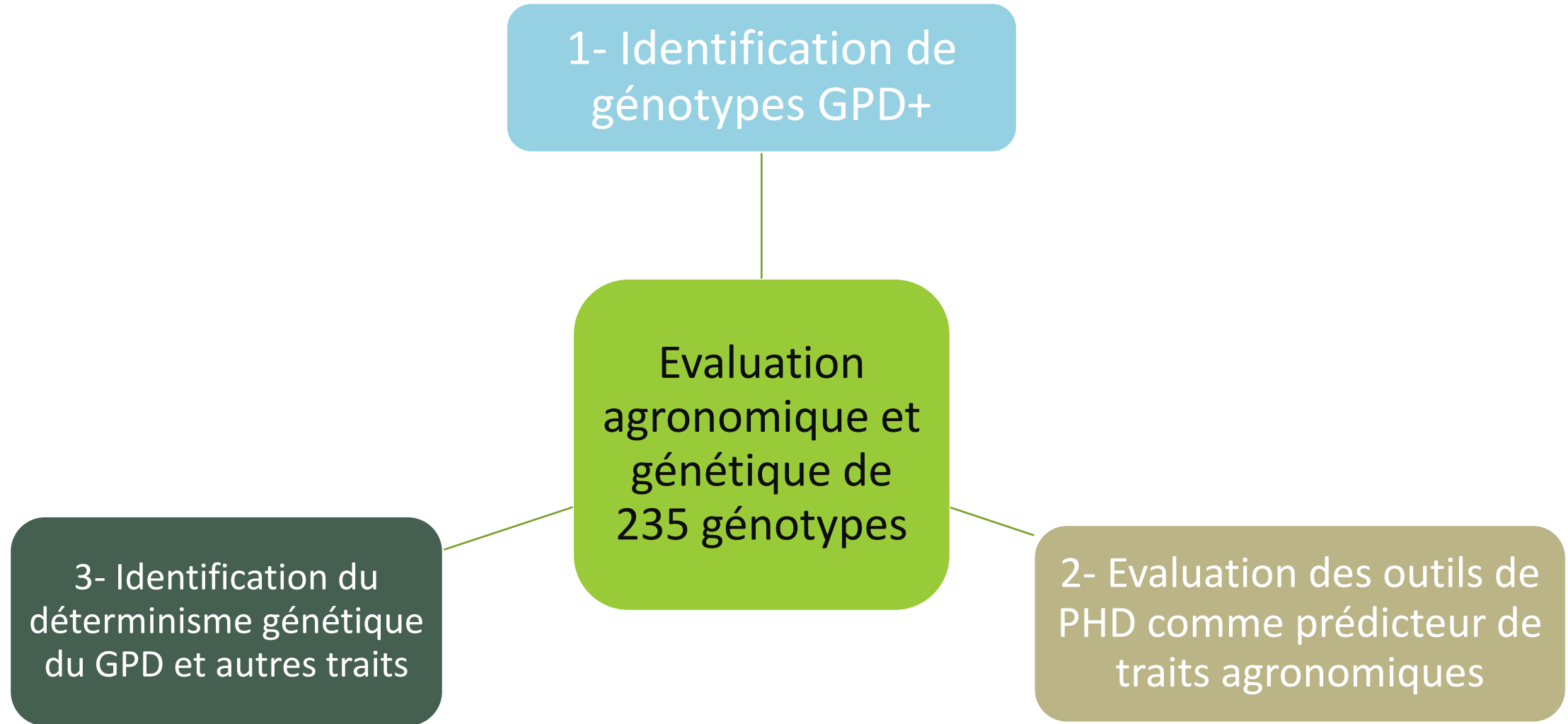
# Le critère GPD



- Compétition bien décrite entre le métabolisme carboné (rendement) et le métabolisme azoté (protéines)
- La sélection de génotypes ayant un bon rendement se fait au détriment de la teneur en protéines
- Etude du critère GPD : grain protein deviation (Oury et al., 2011)
- Evaluer de la diversité nouvelle pour identifier des géniteurs GPD+



# PROGRAMME PROJET



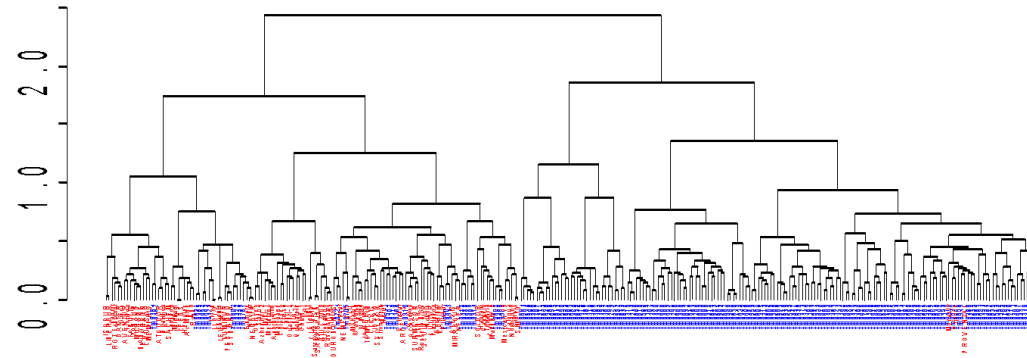
# CHOIX DU PANEL

3 origines génétiques :

Lignées Elites  
Françaises

EPO Population INRAe:  
Croisement avec core  
collection de *T. turgidum* :  
wild *T.dicoccoides*, emmer  
(Farro), polonicum...

Lignées Méditerranéennes,  
Université Bologne (R.Tuberosa)



Filtre :

- 1- Diversité génétique (IBS)
- 2- Précocité (10 jours)
- 3- Hauteur (60 – 100 cm)
- 4- Potentiel agronomique
- 5- Connaissance à priori GPD+/GPD-

3 origines génétiques :

Lignées Elites  
Françaises  
**50 lignées**

EPO Population INRAe:  
Croisement avec core  
collection de *T. turgidum* :  
wild *T.dicoccoides*, emmer  
(Farro), polonicum...  
**110 lignées**

Lignées  
Méditerranéennes  
**75 lignées**

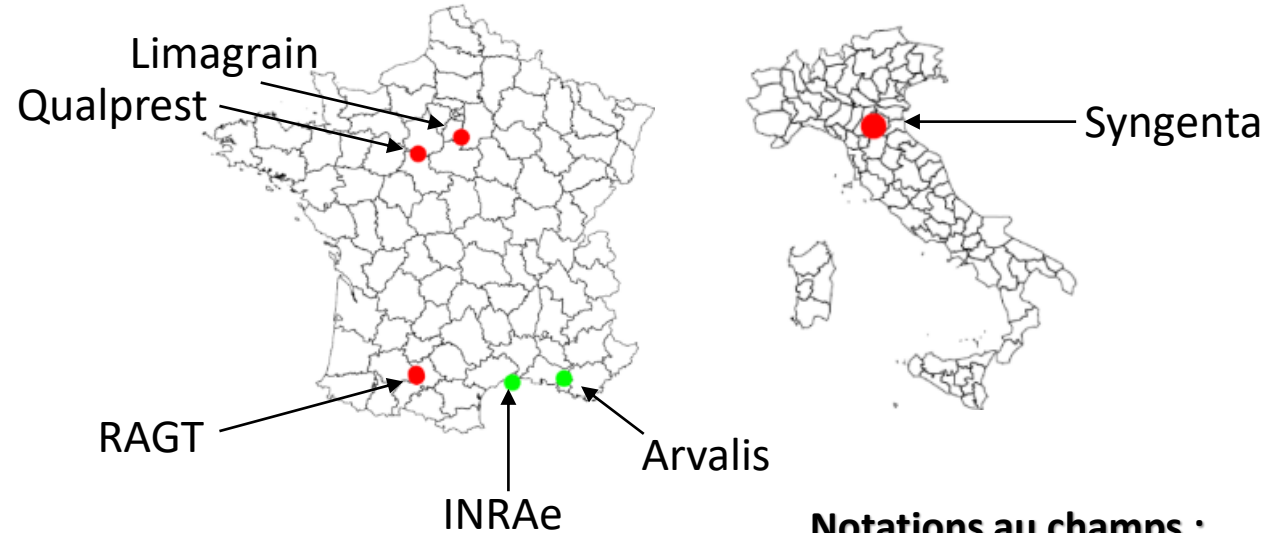


# EXPERIMENTATIONS



	<u>RAGT</u>	<u>Limagrain</u> <u>/QUALPREST</u>	<u>SYNGENTA</u>
<b>2016-2017</b>	<b>Multiplication: Rouille jaune et Septoriose</b>	<b>Rouille Jaune</b>	<b>Fusariose</b>

10 environnements (2017-2019)

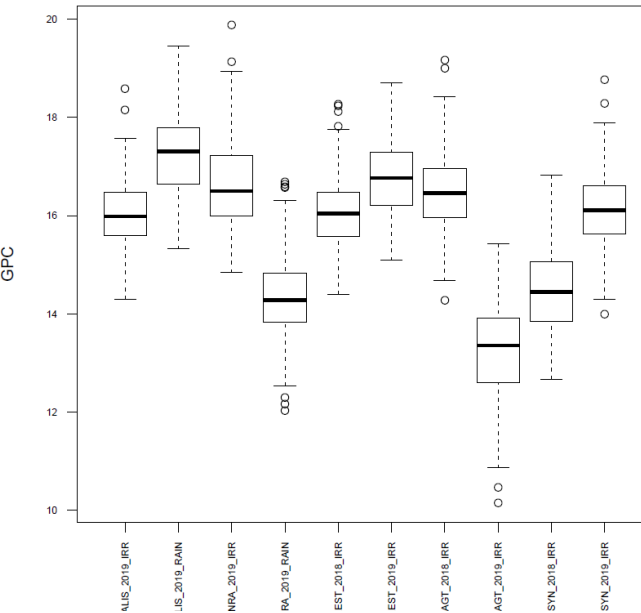
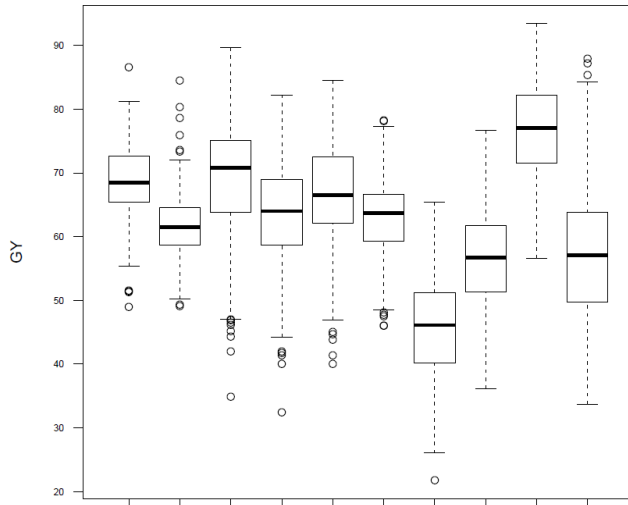


## Notations au champs :

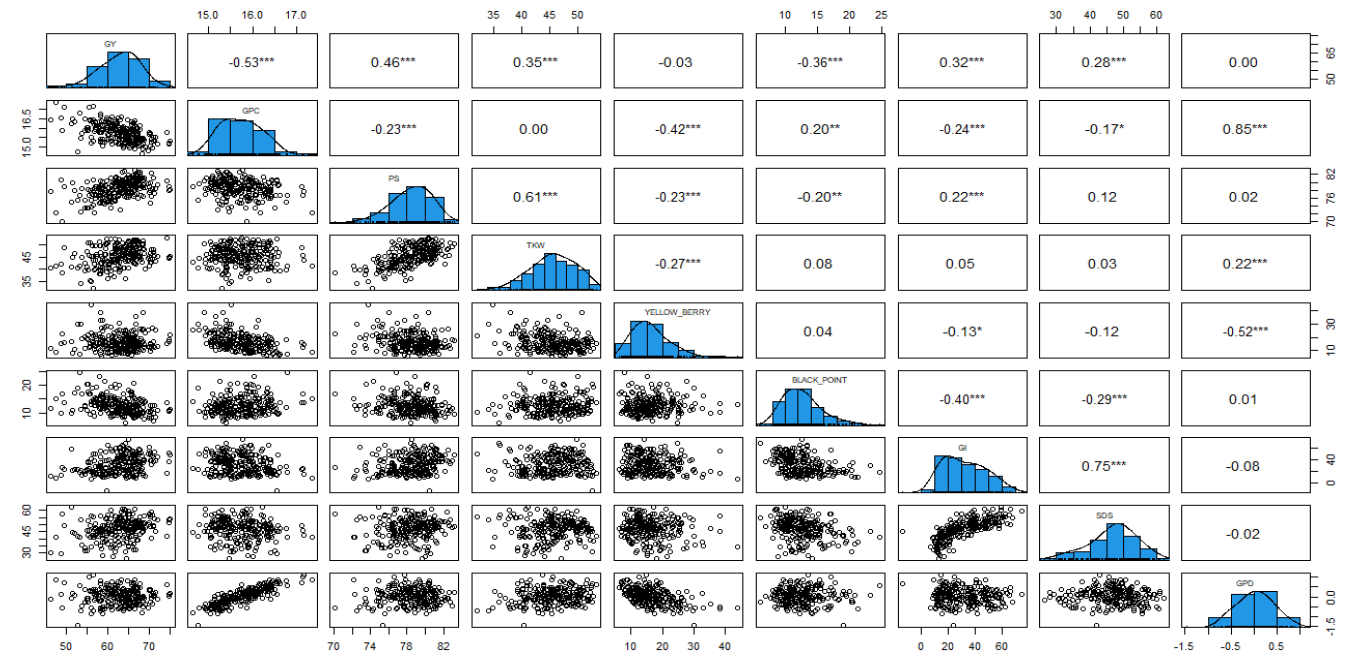
- Rendement (GY)
- PMG (TKW),
- Poids spécifique (PS),
- Teneur en protéines (GPC)
- Indice de sédimentation SDS
- Gluten Index et humide (WG)
- Mitadin (Yellow-Berry)
- Moucheture (Black-point)
- Hauteur, Epiaison (Z55)
- NDVI : INRAe, Syngenta (Greenseeker), ARVALIS (Phénomobile)

Récolte	Partenaire	Lieux	Semis	Parcelle récoltée (m <sup>2</sup> )	Fongicides	Pesticides	Fertilisation Azotée (U)	Irrigation (mm)
2018	Syngenta	Argelato	03/11/2017	6	oui	oui	260	0
2018	Qualprest	Baignolet	26/10/2017	13.6	oui	oui	246	35
2018	Ragt	Montbartier	26/10/2017	7.5	oui	oui	150	0
2019	Arvalis	Greoux_irr	19/11/2018	11.88	oui	oui	250	210
2019	Arvalis	Greoux_sec	19/11/2018	11.88	oui	oui	250	0
2019	Inrae	Mauguio_optimal	11/12/2018	5.6	oui	oui	240	60
2019	Inrae	Mauguio_limitant	11/12/2018	5.6	oui	oui	60	30
2019	Syngenta	Argelato	17/11/2018	6	oui	oui	130	0
2019	Qualprest	Sancheville	19/11/2018	13.6	oui	oui	246	35
2019	Ragt	Montbartier	29/10/2018	7.5	oui	oui	150.7	0

# RESULTATS EXPE

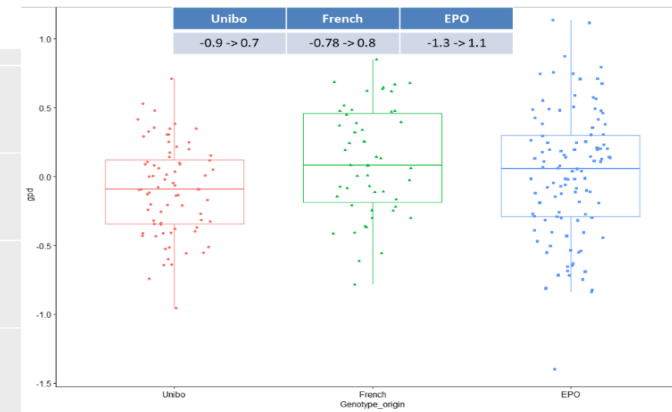
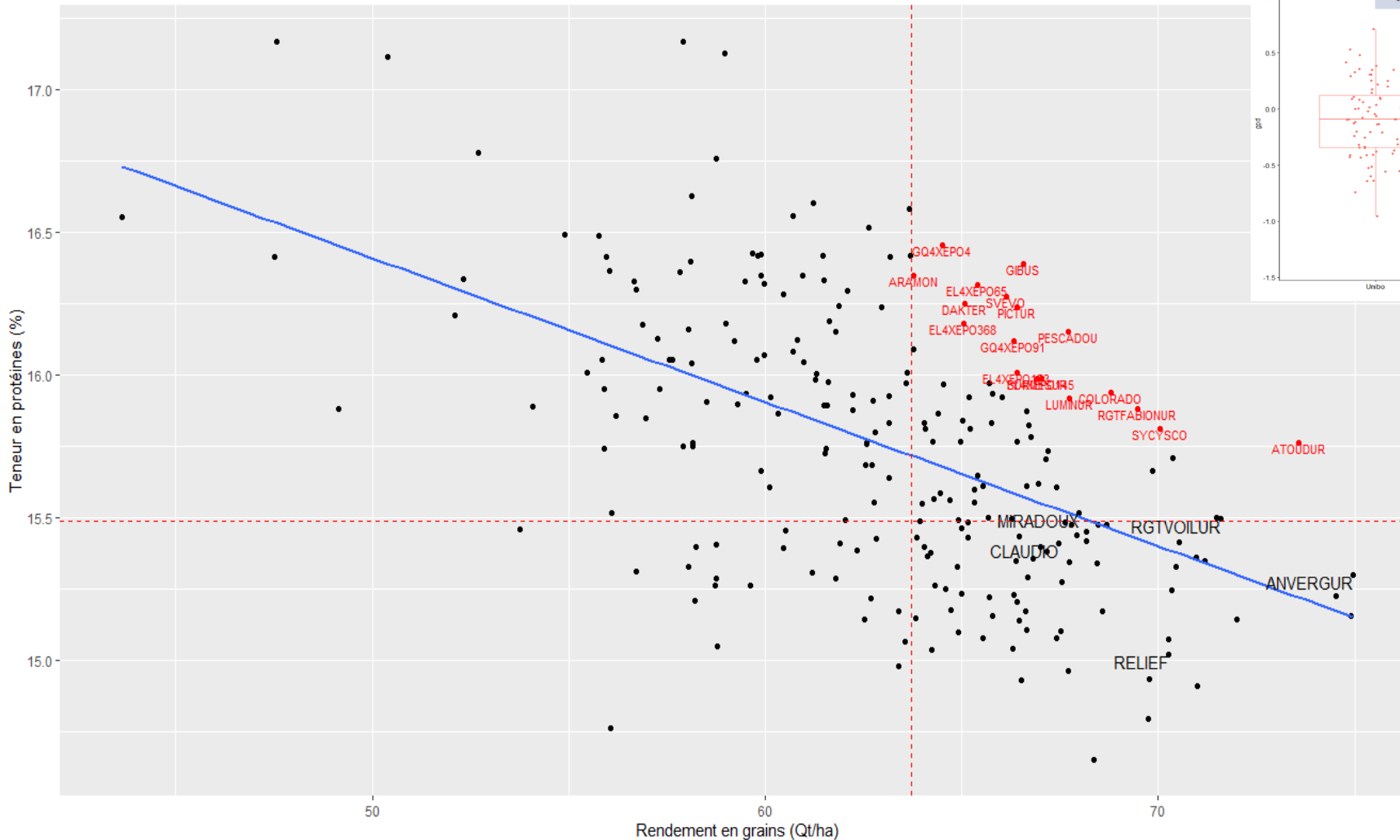


- Analyse individuelle de chaque essai
- Caractérisation du stress hydrique à l'aide de CHN (pas de stress, stress à floraison et stress à montaison)  
=> Clusterisation par typologie de stress non pertinente
- Ajustement d'un modèle mixte pour calculer une moyenne à l'échelle du réseau d'essai.



# RESULTATS EXPE

Régression linéaire Teneur en protéines = f(Rendement)



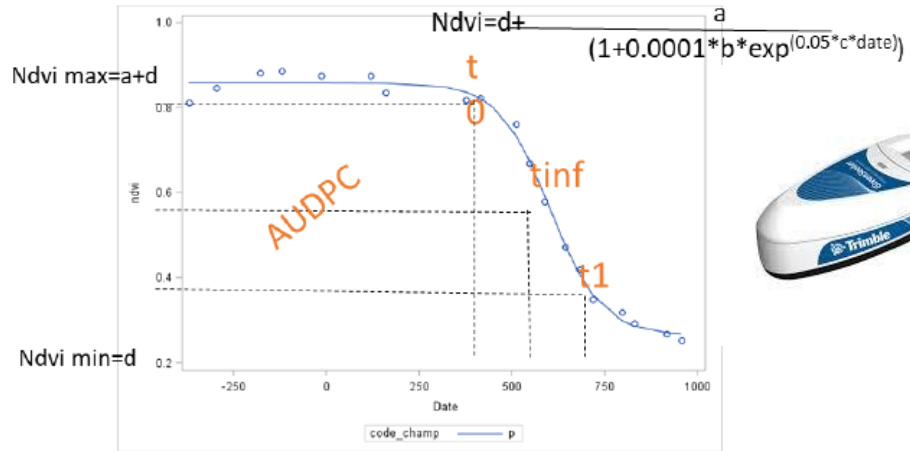
- 17 génotypes GPD+
- 10 variétés Elites françaises
- 5 variétés EPO
- Haute valeur de GPD pour les lignées EPO





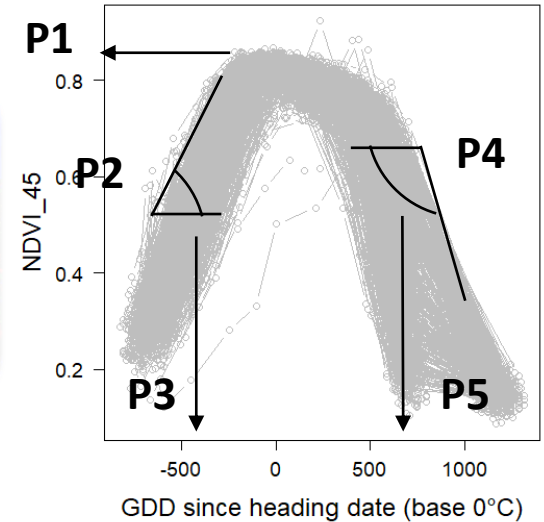
# PHENOTYPAGE HD

## Données INRAe, Mauguio : NDVI par greenseeker



t0 = maximum de surface verte  
tinf = point d'inflexion

## Données ARVALIS, Gréoux : NDVI par Phénomobile

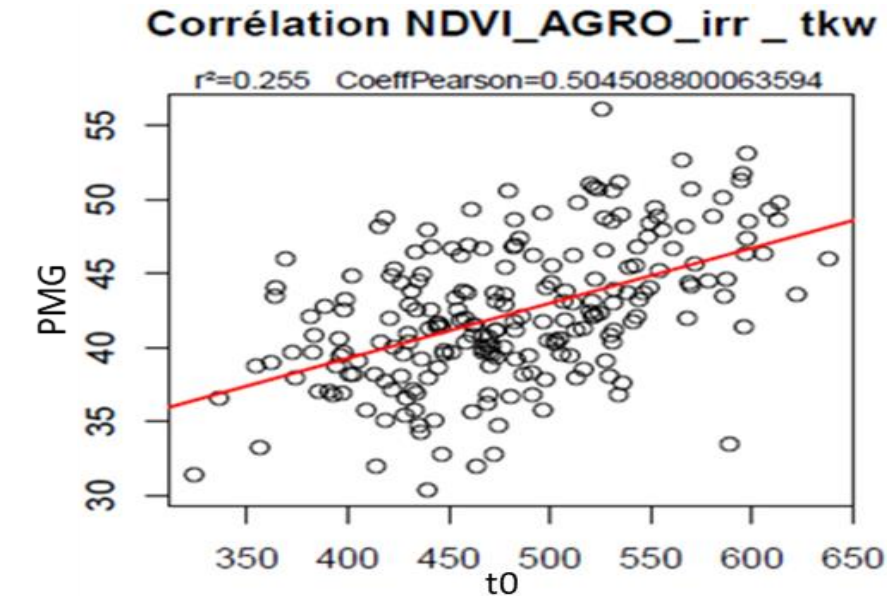


Y, NDVI  
t, temps thermique à partir de Z55  
P1, max NDVI  
P2, vitesse de croissance (phase végétative)  
P3, date de croissance maximale  
P4, vitesse de sénescence  
P5, date de sénescence maximale

➤ **Optimisation des paramètres pour 235 génotypes testés en conditions pluviale et irriguée**

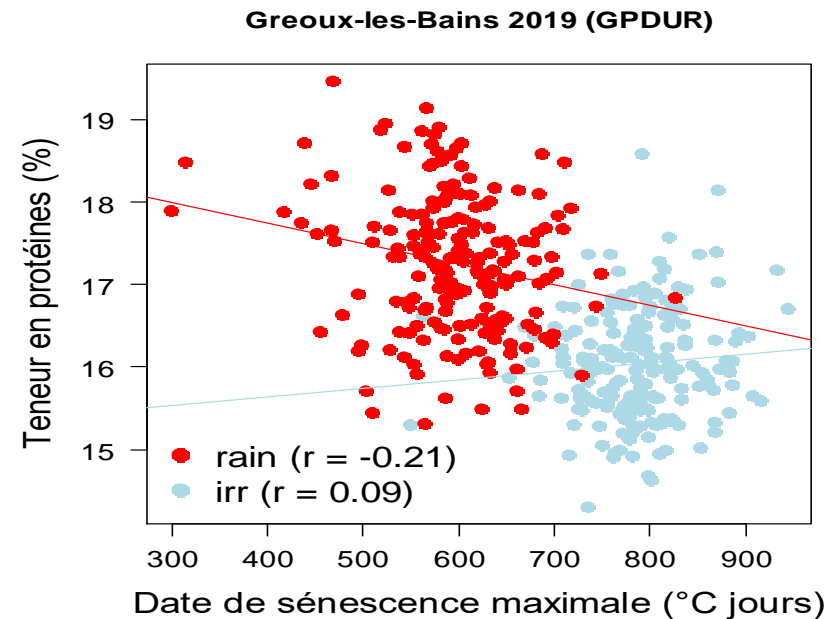


Données INRAe, Mauguio : NDVI par greenseeker



Maintien d'un appareil végétatif vert le plus longtemps possible favorise le remplissage de ses grains

Données ARVALIS, Gréoux : NDVI par Phénomobile



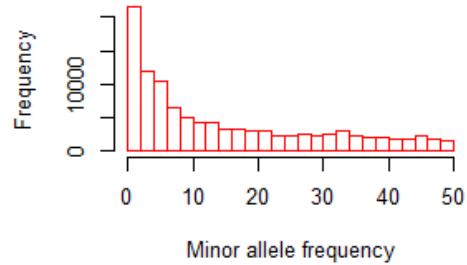
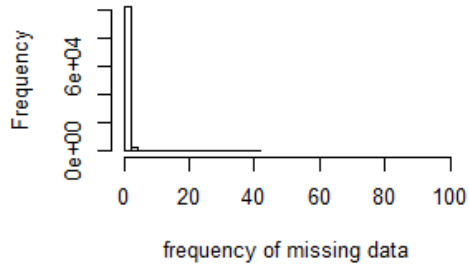
Une sénescence précoce favorise l'accumulation de protéines

➤ A valider sur d'autres jeux de données

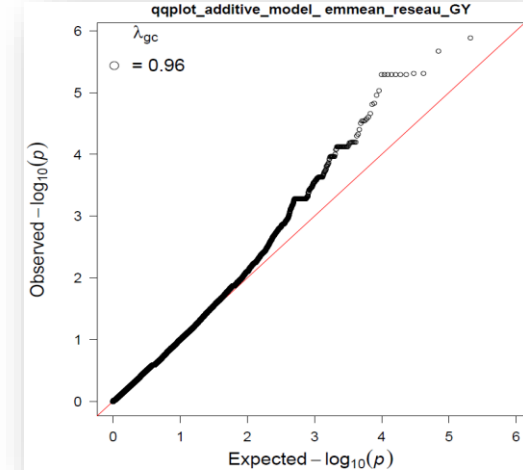
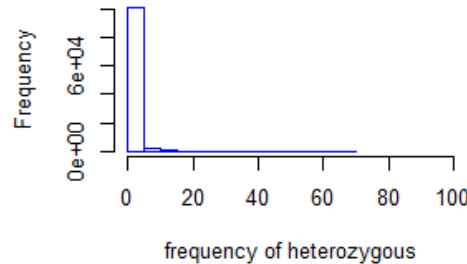
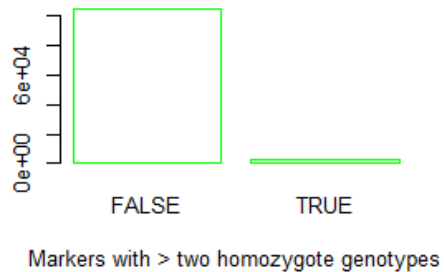


# GENETIQUE D ASSOCIATION

## ➤ Données génotypage (puce TaBW420K) : 67 K SNP



**Filtres:**  
maxNAfreq=20  
MAF=1  
maxfreqHet=20



## ➤ Modèle utilisé : MM4LMM (Q+K)

$$Y = \mu + X\beta + S\tau + Zg + \varepsilon$$

- Avec Y : vecteur des valeurs phénotypiques
- $\tau$  : l'effet du SNP testé en effet fixe,
- $\beta$  : l'effet du contraste entre populations
- X, Z et S sont des matrices de contrastes pour les composantes respectives du modèle

## ➤ Données phénotypage

- ❖ Panel de 235 variétés phénotypé pour 11 traits

## ➤ Identification des QTL

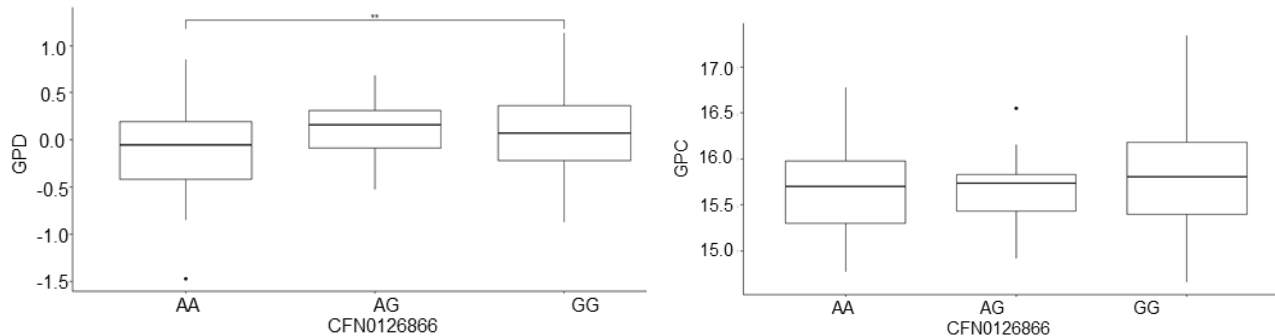
- ❖ Seuil de significativité :  $-\log_{10}(pvalue) = 4$
- ❖ QTL : DL entre marqueurs associés



# IDENTIFICATION QTLs

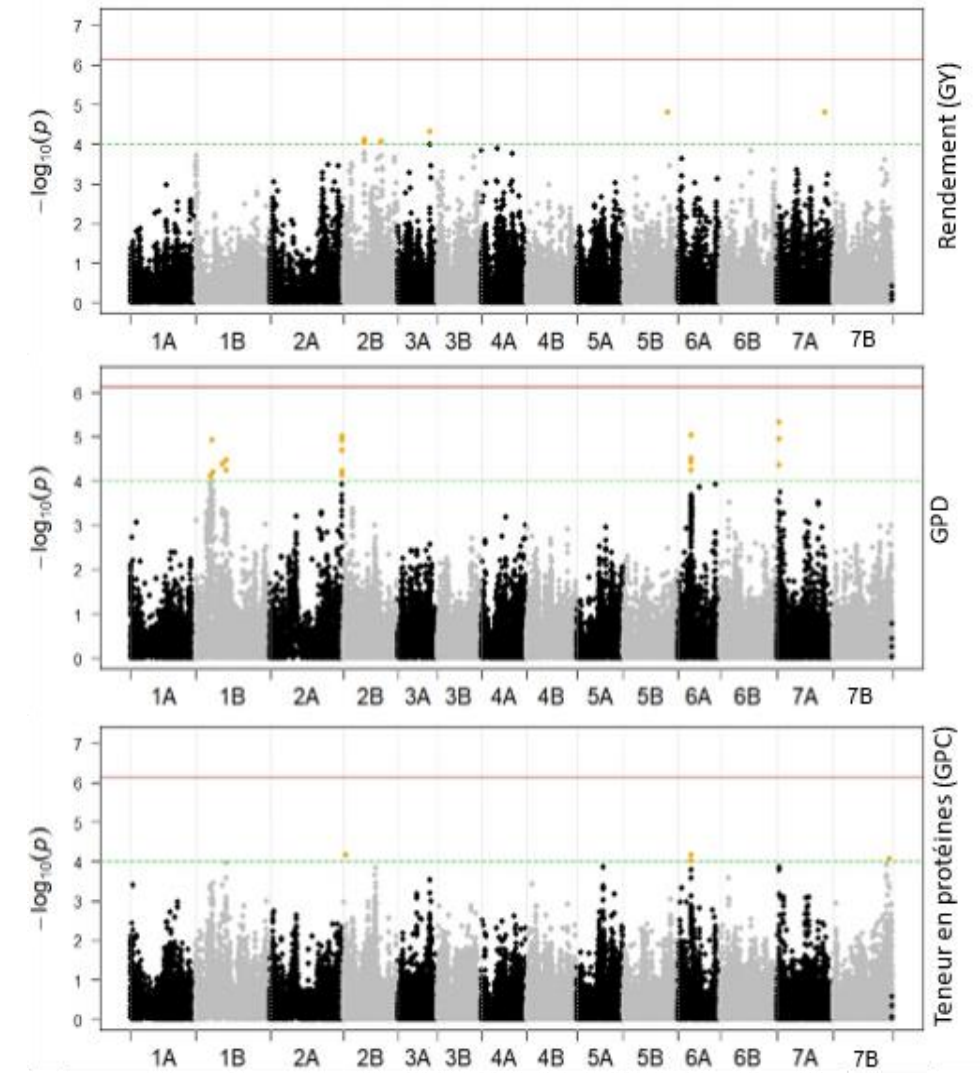
## ➤ Au total 87 QTL identifiés pour les 11 traits

- ❖ 3 à 26 QTL selon les traits
- ❖ 4 QTL pour le GPD avec des seuils de 4,91 à 5.33 sur les chromosomes 1B, 2A, 6A et 7A
- ❖ QTL CFN0126866 (6A) identifié pour le GPC et le GPD; avec une variance phénotypique expliquée de 7.4% et 10% respectivement
- ❖ QTL CFN0126866 (6A) avec un effet allélique (allèle GG) positif sur les deux traits  
➔ pourrait augmenter le GPC sans effet négatif sur le GY
- ❖ Pour ce QTL les variétés françaises présentent des fréquences alléliques semblables à celles des variétés EPO



## ➤ Peu de QTL fortement associés pour le GPD

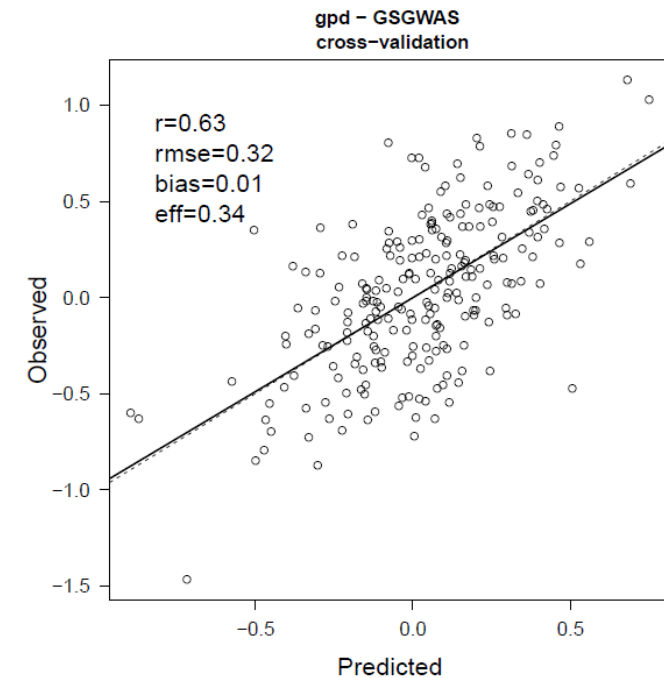
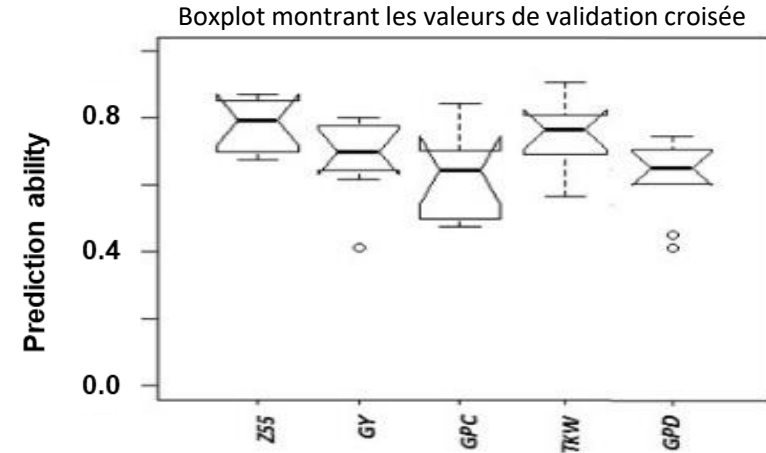
- ❖ Résultats similaires sur d'autres panels (Nigro et al. 2019; Rapp et al. 2018)
- ❖ Résultats attendus pour les traits dérivés de traits primaires comme le GPD (avec pouvoir de détection de QTL plus faible)



# PREDICTION GENOMIQUE

- Approche permettant d'inclure et valoriser l'effet de tous les QTL identifiés (y compris les QTL à effet mineurs) + effet génome complet
- Test de 3 modèles BGLR (GWAS, GBLUP, GSGWAS)
  - ❖ Validation croisée (nfolds =10)
  - ❖ GSGWAS : meilleur modèle incluant des marqueurs identifiés
  - ❖ Capacité prédictive moyenne de 0.48 à 0.78 suivant les traits

Trait	$r_{(QTL)}$	$r_{(GBLUP)}$	$r_{(QTL+GBLUP)}$
Moucheture	0.44	0.43	<b>0.61</b>
Teneur en protéines (GPC)	0.21	0.52	<b>0.63</b>
GPD	0.34	0.45	<b>0.63</b>
Rendement (GY)	0.32	0.56	<b>0.61</b>
Hauteur	0.48	0.23	<b>0.48</b>
Poids spécifique (PS)	0.40	0.71	<b>0.77</b>
SDS	0.50	0.49	<b>0.65</b>
Poids de mille grains (PMG)	0.51	0.68	<b>0.75</b>
Gluten humide	0.60	0.46	<b>0.64</b>
Mitadin	0.55	0.37	<b>0.63</b>
Précocité (Z55)	0.62	0.72	<b>0.78</b>



# CONCLUSION

- Identification de 17 géotypes GPD+ avec un taux de protéines significativement supérieur pour un niveau rendement donné
- 10 variétés élites inscrites en France → la sélection française est déjà assez efficace sur ce trait
- Lignées EPO GPD+ ont des valeurs de GPD les plus élevées, intérêt en sélection
  
- Peu de QTL fortement associés pour le GPD, résultat obtenu dans d'autres études (Nigro et *al.* 2019; Rapp et *al.* 2018)
- Par ex. pour le QTL CFN0126866 (6A) la GWAS confirme que les lignées élites françaises présentent une fréquence allélique de l'allèle favorable assez semblable à celle des lignées EPO
- Prédiction génomique + marqueurs issus de gwas = Capacités prédictives intéressantes
- Potentiel des données acquises par phénotypage haut débit peuvent aider dans la compréhension du lien entre sénescence et remobilisation de l'azote.



# PERSPECTIVES

- ✓ Identifier des géotypes avec une teneur en protéine améliorée : challenge récurrent et inhérent au fonctionnement de la plante
- ✓ Apport significatif des outils moléculaires pour aider à la sélection
- ✓ Nécessité de progresser sur la connaissance des mécanismes physiologiques et génétiques
- ✓ Un des objectifs du projet d'envergure sur la recherche variétale et agronomique en cours de construction par la filière blé dur



# REMERCIEMENTS



Boris Demenou  
Matthieu Bogard  
Damien Eybalin  
Katixa Larre  
Matthieu Killmayer  
Delphine Audigeos  
Jean-Philippe Leygue  
Katia Beauchêne  
Magali Camous  
Olivier Moulin  
David Gouache



Andrea Massi  
Carine André



Jacques David  
Pierre Roumet



Thierry Lefevre  
Marion Chapus  
Frédéric Minard



Céline Duque  
Franck Lacoudre







merci