

PolyBléd : Quelles nouvelles polyploïdisations réaliser pour une meilleure adaptation du blé tendre aux contraintes à venir ?

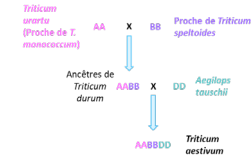
Annaïg BOUGUENNEC¹, Rémi PERRONNE², Bernard ROLLAND², Alison BENTLEY³, Keith GARDNER³, Tally WRIGHT³, Dario FOSSATI⁴, Laure DUCHALAIS⁵, Sylvain CHOMBART⁶, Constance LAVERGNE⁷, Gabriel BEUDIN⁸, Alexis OGER⁹, Auberi AVALLE¹⁰, Meriem BANOUH¹, Peter CIVÁŇ¹, Jérôme SALSE¹

- 1 - INRAE, UCA, GDEC, 63000 Clermont-Ferrand, FRANCE
- 2 - INRAE, Institut Agro, Univ. Rennes, IGEPP, 35653 Le Rheu, FRANCE
- 3 - NIAB, CB3 Cambridge OLE, ROYAUME-UNI
- 4 - Agroscope, 1200 Nyon 1, SUISSE
- 5 - Agri-Obtentions, 78660 Orsonville, FRANCE
- 6 - Florimond-Desprez, 59242 Cappelle-en-Pévèle, FRANCE

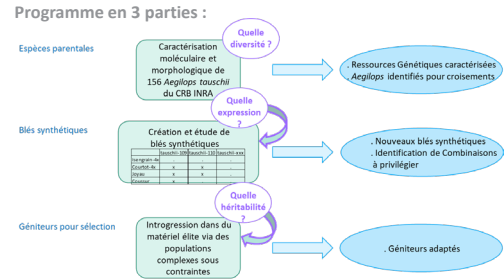
- 7 - Limagrain Europe, 77390 Verneuil L'Étang, FRANCE
- 8 - RAGT, 28150 Louville-La-Chenard, FRANCE
- 9 - Syngenta 28000 Chartre, FRANCE
- 10 - Unisigma, 60480 Froissy, FRANCE

Contexte :

- nécessité d'élargir la diversité du blé tendre pour faire face aux enjeux à venir
 - en particulier sur le génome D
 ⇒ à partir d'*Aegilops tauschii*
 compte tenu de l'origine polyploïde du blé tendre



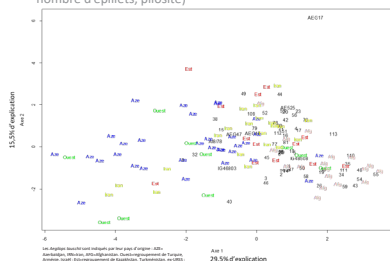
Programme en 3 parties :



1. Une collection de 156 Aegilops tauschii bien diversifiée et caractérisée

✓ **Caractérisation agro-morphologique :**

(épiation, nombre et longueur de tiges, d'entre-nœuds, d'épi, nombre d'épillets, pilosité)



Analyse en Composantes Principales réalisée sur des mesures agro-morphologiques en serre

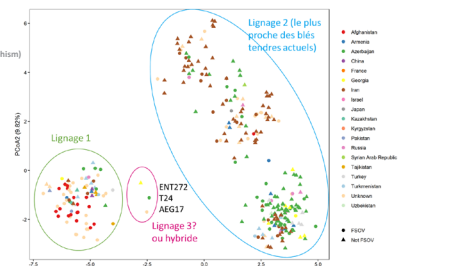
⇒ **Gradient d'ouest en est** selon l'origine des *Ae. tauschii* :

Précocité croissante, Hauteur décroissante, Longueur d'épi décroissante
 Nombre d'épillets décroissant

✓ **Caractérisation moléculaire :**

192 marqueurs SNP (Single Nucleotide Polymorphism) du NIAB :

86 marqueurs communs avec d'autres collections d'*Ae. tauschii* de : AAFc, CSIRO, JIC, KSU et NIAB (348 *Ae. tauschii*)



Analyse en Coordonnées Principales (PCoA) réalisée sur SNP

⇒ Collection FSOV **bien répartie** entre les lignages 1 et 2, et même quelques lignages 3 ou hybrides

⇒ Identification de doublons intra et inter-collections

⇒ Choix d'*Ae. tauschii* originaux à croiser

2. De nouveaux blés synthétiques obtenus et étudiés

Nouveaux blés synthétiques originaux ou faisant partie d'un tableau d'étude :

⇒ **Obtention de :** Isengrain-4x/Tauschii-42

AEG17/Isengrain-4x

⇒ **Obtention à confirmer de :** Tauschii-28/(F5 Soissons/Orlu)

(F5 Sculptur/Soissons)/Tauschii-24

(F5 Soissons/Orlu)/Tauschii-66

⇒ **Tableau d'étude complété**

✓ **Observations agronomiques :** influence des parents marqués sur certains caractères

✓ **Étude transcriptomique :** peu de modifications d'expression chez les blés synthétiques par rapport à leurs parents (~1% des gènes) mais :

- génome D plus touché
- reproductibles et héréditaires pour certaines, mais sens variable (sur ou sous-expression)

5 blés 4x
T. Durum
 ou issus de
T. aestivum

3 *Ae. tauschii* de différents lignages

	Tauschii 87 (esp. roussin)		Tauschii 109 (esp. strongaure)		Tauschii 110 (esp. tauschii)	
	code	État d'obtention	code	État d'obtention	code	État d'obtention
Isengrain 4x	DSE7	Obtenu 2023 : 210A1 x2 (05/11/23)	SECB9	Obtenu 2019 : 190A5 x4 (05/11/19)	RE110	Obtenu 2023 : 210A2 (05/11/23)
	R756	Obtenu 2023 : 21AD1 x1	109H4	Obtenu 2021 : 21AD1 x1	110H4	MANQUANT
Courtot 4x	SYN87	Obtenu 2019 : 190A1 (05/11/19)	SYN109	Obtenu BE	SYN110	Obtenu BE
	R757H	MANQUANT	109SYH	MANQUANT	110SYH	Obtenu 2023 : 21AD1 x1
Javeu	R267	Obtenu BE	109110	Obtenu BE	109110	Obtenu BE
	R759	MANQUANT	110109	Obtenu 2019 : 19AD1 x1	110109	MANQUANT
Cousour	CUR87	Obtenu 2021 : 21AD1 x2	CUR109	Obtenu CF : 110A3	CUR110	MANQUANT
	R760R	Obtenu 2019 : 19AD2	109C10R	MANQUANT	110C10R	MANQUANT
Langdon	LAN87	Obtenu 2021 : 21AD1 x6	LAN109	Obtenu CF : 110A1 x1	LAN110	MANQUANT
	R761R	MANQUANT	109LAN	Obtenu CF : 19AD1 x2	110LAN	MANQUANT

État jaune : sans de croisement Aegilops x Blé 4x en noir : Disponibles Intégralement (obtenus par INRAE-GEPP Rennes)
 État gris : sans de croisement Blé 4x x Aegilops en rouge : en vente : Obtenus par PolyBléd 2019-2022 (en gris : à partir de SYN et DE issus de F5)
 MANQUANT

3. Des lignées dérivées de populations sous contraintes caractérisées pour être utilisées en géniteurs

Une population constituée à partir de 31 blés synthétiques pollinisateurs de Isengrain-ms (mâle stérile) et Charger-ms a été soumise à des contraintes biotiques ou abiotiques chez chaque partenaire pendant 3 ans :

Sécheresse (« Phéno3C »), Germination sur pied (aspersion), Carence azotée, Bas Niveau d'Intrants, Rouille jaune (contamination), septoriose (contamination), pression multi-maladies

288 lignées en ont été dérivées :

- ✓ phénotypées en 2023 sur plusieurs sites
- ✓ génotypées sur une puce Axiom 35k

⇒ Génétique d'association (Genome Wide Association Study) en cours avec 7 055 marqueurs triés

⇒ Géniteurs potentiels identifiés

Conclusions et perspectives

- ✓ Matériel végétal original obtenu et caractérisé, en cours de valorisation
- ✓ Meilleure compréhension des mécanismes en jeu
- ✓ Plusieurs stages d'étudiants réalisés (P. Plasse, H. Bas, C. Yvonnet, A. Albert, A. Ténart)
- ✓ Publication : Banouh M., Armissen D., Bouguennec A., Huneau C., Dia Sow M., Pont C., Salse J. et Civaň P. (2023) Low impact of polyploidization on the transcriptome of synthetic allohexaploid wheat. BMC Genomics 24, 255. <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09324-2>
- ✓ Nombreuses analyses encore à réaliser à partir des données collectées et autres publications envisageables

