

Dans ce numéro

Editorial p.2
Rémi Haquin – FranceAgriMer

Vie du projet : p.3
Un nouveau coordinateur
2^{ème} réunion annuelle
Les premiers résultats

Focus sur : p.4-6
De nouveaux marqueurs pour décrire le
génom du blé en réponse aux défis de
l'amélioration variétale de demain

Coopérations : p.7
BreedWheat :
Un projet de renommée internationale

Agenda : p.8

Rémi Haquin

Président du Conseil Spécialisé de la filière Céréalière de FranceAgriMer

Au travers des recommandations de son groupe de travail « **Produire plus et produire mieux** » et de la validation de son « **plan stratégique à l'horizon 2025** », le conseil spécialisé de la filière céréalière de FranceAgriMer, composé de représentants de tous les maillons de cette filière, vient d'affirmer « **la filière veut et peut contribuer au développement économique national** ».

Les enjeux de ce plan stratégique peuvent se décliner en six axes :

1. **Produire plus et produire mieux** : c'est d'une part retrouver une augmentation des rendements, en particulier en **blé**, qui permette de rester compétitifs à la tonne produite et commercialisée, c'est d'autre part contribuer au respect de l'environnement et assurer aux clients finaux la qualité dont ils ont besoin.
2. **Adapter les qualités aux utilisations pour le marché intérieur et à l'exportation** : Il s'agit en particulier du taux de protéines des blés et de la qualité technologique et sanitaire des grains.
3. Améliorer la résilience des exploitations par la gestion des risques et la réduction des coûts
4. Permettre aux industries de transformation céréalière et aux entreprises d'exportation d'assurer leur pérennité et leur développement.
5. Améliorer la chaîne logistique
6. Etre présent dans le débat public : développer l'attractivité de la filière céréalière et promouvoir les métiers et les produits.



Pour répondre aux deux premiers axes, le groupe « Produire plus et produire mieux » recommande **d'investir dans la recherche génétique et la création variétale, et d'orienter le progrès génétique** et propose de mettre en place un « plan génétique végétale » avec plusieurs composantes : identification des objectifs de recherche pour les sélectionneurs (pendant de Wheat 2020), concaténation des recherches (Wheat Initiative), équipements de phénotypage (en cours : INRA-ARVALIS-CETIOM), valorisation des outils de la post-génomique afin d'améliorer les processus de sélection, orientation des règles de sélections au CTPS,...

Par ses objectifs, le projet BreedWheat s'inscrit pleinement dans le projet stratégique de la filière céréalière de FranceAgriMer qui d'ailleurs le soutient financièrement.

Rémi HAQUIN

FranceAgriMer

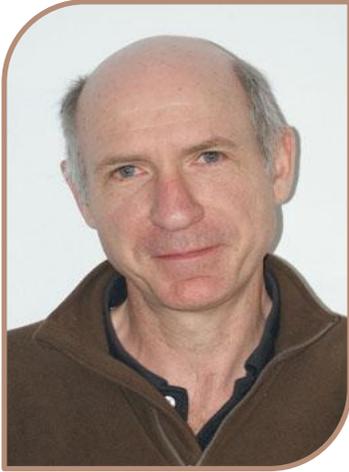
Etablissement national des produits de l'agriculture et de la mer, France AgriMer exerce ses missions pour le compte de l'État, en lien avec le ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt.

Ces **missions** consistent principalement à favoriser la concertation au sein des filières de l'agriculture et de la forêt, à assurer la connaissance et l'organisation des marchés, ainsi qu'à gérer des aides publiques nationales et communautaires.

Pour en savoir plus : www.franceagrimer.fr



Un nouveau coordinateur



Après avoir vaillamment construit et lancé le projet BreedWheat, **Catherine Feuillet**, avec le soutien de l'Assemblée Générale de BreedWheat, m'a proposé de reprendre la coordination en juillet 2013 suite à son départ vers les plaines de Caroline du Nord.

Cette animation se situe dans le prolongement des recherches que j'ai menées depuis 20 ans d'abord à l'INRA d'Estrées-Mons puis à Clermont-Ferrand sur la tolérance aux stress. Généticien quantitatif de formation, ce projet va être une excellente opportunité d'élargir mon point de vue de la génomique jusqu'à la sociologie.

Un grand merci à **Stéphane Lafarge** (Biogemma) qui a accepté d'animer les recherches sur la tolérance aux contraintes en reprenant la coordination du deuxième volet de BreedWheat.

Jacques Le Gouis

2^{ème} réunion annuelle en novembre 2013

La seconde réunion annuelle du projet BreedWheat s'est déroulée **du 25 au 27 novembre 2013** sur le site de l'INRA de Crouël à Clermont-Ferrand. L'évènement a été organisé par l'UMR GDEC (INRA-UBP) et INRA Transfert. Une centaine de personnes ont participé à cette session qui a permis de faire le point sur les résultats obtenus au cours de la 2^{ème} année du projet dans les différents lots de travaux.

A cette occasion, a été organisée la 3^{ème} réunion de l'Assemblée Générale avec les représentants de chaque partenaire du projet afin de discuter de points stratégiques et politiques tels que la mise à disposition de la puce BreedWheat auprès de la communauté internationale et les interactions potentielles avec d'autres programmes scientifiques ou instituts européens.



Consortium BreedWheat

Les premiers résultats

A ce jour, le projet BreedWheat a permis de créer une puce contenant **420 000 marqueurs SNP** et de géotyper avec celle-ci les différents panels du projet (~7200 accessions). Alors que 33 millions de données étaient attendues au cours du projet, **plus d'un milliard de données utiles ont déjà été produites** pour un même coût dans la première phase de géotypage grâce à l'adaptation du projet aux nouvelles technologies.

Les expérimentations récoltées en 2012 montrent une **variabilité génétique** intéressante pour l'efficacité d'utilisation de l'azote, la tolérance à la sécheresse et aux maladies. Ainsi, **15 blés avec des résistances prometteuses** à 4 isolats de Septoriose ont été identifiés. Des analyses de transcriptomique ont permis de mettre en évidence plusieurs ensembles de gènes dont **l'expression est modulée en réponse aux fortes températures** durant le remplissage du grain. Une plateforme dédiée à l'analyse de la régulation des réseaux de gènes, **RuINet**, a également été mise en place (<http://rulnet.isima.fr/>).

Enfin, **une chaîne d'analyse appelée BWGS (Genomic Selection)** a été développée afin d'obtenir une prédiction de la valeur génétique (GEBV) basée sur le géotypage.

Depuis le lancement :

- 80 articles de presse
- 5 interviews TV et radio
- 35 congrès et manifestations
- 7000 visites du site www.breedwheat.fr

De nouveaux marqueurs pour décrire le génome du blé en réponse aux défis de l'amélioration variétale de demain

Longtemps limitée à la sélection conventionnelle basée sur des caractères mesurables de la plante (appelés phénotypes), l'amélioration variétale a connu une véritable révolution au cours des dernières décennies, avec l'introduction de la **sélection assistée par marqueurs**.

En effet, les marqueurs moléculaires ouvrent la voie à une sélection assistée, plus précise, plus efficace et plus rapide qu'une simple sélection phénotypique, en permettant de prédire très tôt, dès le stade plantule, voire sur la graine elle-même, les caractéristiques d'une plante comme sa résistance aux maladies ou à la sécheresse. Ces mêmes marqueurs moléculaires permettent également de décrire le potentiel des ressources génétiques ou des variétés ancestrales **pour créer de nouvelles variétés à partir de ce matériel ancien**.



Parcelles d'essais blé tendre

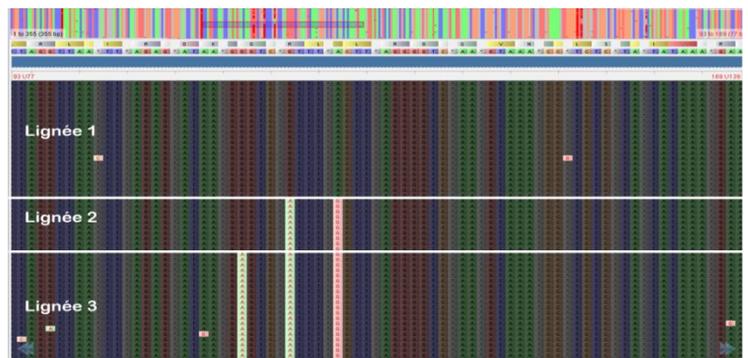
L'utilisation des marqueurs en sélection du blé tendre, céréales à la base de la panification, a longtemps été freinée par leur quantité insuffisante et leur coût d'utilisation trop élevé. Les évolutions technologiques de ces dernières années ont conduit à un changement de paradigme avec la possibilité offerte par ces nouveaux marqueurs, appelés SNP (Single Nucleotide Polymorphisme), d'identifier les différents allèles mis en évidence par ces variations dans la séquence d'ADN. L'un des objectifs du projet BreedWheat est donc de **développer un grand nombre de nouveaux marqueurs SNP** échantillonnant bien l'ensemble du génome du blé.

Ces marqueurs seront ensuite utilisés pour décrire un grand nombre de variétés représentant la diversité mondiale des blés, avec l'idée **d'associer le profil des marqueurs à leurs caractères d'intérêt agronomique**. L'information nouvelle apportée par ces outils va de plus en plus permettre le développement de méthodes de sélection optimisées.

La découverte de marqueurs SNP dans le génome de blé tendre

Le blé tendre possède **un des génomes les plus complexes** du règne végétal, à la fois en raison de sa taille (17 milliards de paires de bases, soit plus de cinq fois le génome humain), de sa nature allohexaploïde (trois génomes différents – A, B et D – chacun avec 7 paires de chromosomes, cohabitant au sein d'une même cellule) et de la très forte proportion de séquences d'ADN répétées (environ 85%). Ces caractéristiques ont longtemps constitué un frein au développement de marqueurs de type SNP.

En effet, la découverte de marqueurs SNP nécessite la comparaison de la séquence d'ADN d'une même région de plusieurs lignées pour pouvoir identifier des variations entre individus. Les avancées technologiques de ces dernières années rendent désormais cela possible et deux approches différentes peuvent être utilisées : (1) le séquençage du génome entier, dit pangénomique et (2) le séquençage partiel du génome par des approches de réduction de complexité aléatoires ou ciblées sur des régions d'intérêt.



Découverte de marqueurs SNP par comparaison de séquences entre trois lignées de blé tendre

Dans le cadre du projet BreedWheat, ces deux approches ont été combinées afin d'identifier un maximum de marqueurs SNP dans les lignées représentant non seulement du matériel élite européen mais aussi une diversité mondiale plus large et plus exotique.

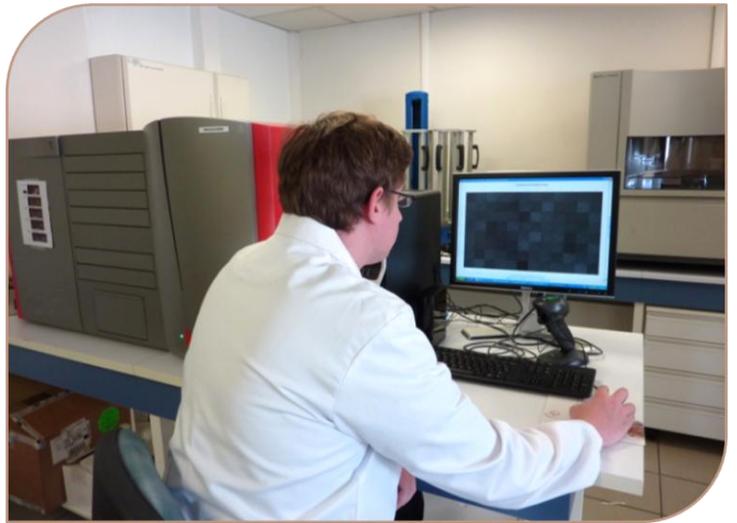
Par une approche de séquençage ciblé (sur 96 lignées), ce sont ainsi plus de 350 000 marqueurs SNP qui ont été identifiés auxquels ont été ajoutés 10 000 marqueurs SNP potentiellement impliqués dans des caractères d'intérêt tels que le rendement ou la résistance aux stress (maladies et sécheresse).

En parallèle, et en étroite collaboration avec le consortium international de séquençage du génome de blé (IWGSC), le génome entier de huit lignées a été séquençé et utilisé pour détecter des marqueurs SNP dans l'ensemble du génome. Ce sont ainsi près de quatre millions de polymorphismes qui ont pu être identifiés, **ce qui représente la plus grande collection de marqueurs SNP jamais produite chez le blé.**

Vers une puce à ADN BreedWheat pour faire du génotypage à ultra-haut débit

L'avènement des marqueurs SNP s'est fait de façon concomitante avec les outils permettant leur utilisation. Ainsi des puces à ADN, correspondant à un ensemble de molécules d'ADN (dans notre cas les marqueurs SNP) fixées sur une petite surface, ont pu être développées afin de génotyper les lignées de blé, autrement dit d'établir leur « **carte d'identité génétique** ».

Au cours des dernières années, plusieurs technologies robotisées de génotypage ont été développées qui permettent d'analyser simultanément des centaines de milliers de marqueurs sur un ou plusieurs individus. Après tests et comparaisons, les partenaires du projet ont choisi la **technologie Axiom** développée par la société Affymetrix.



Analyse des données de génotypage BreedWheat



La puce de génotypage Axiom du projet BreedWheat

Parmi les 350 000 SNP identifiés dans BreedWheat, les 10 000 SNP potentiellement impliqués dans des caractères d'intérêt agronomique et les 4 millions de SNP issus de l'IWGSC, 393 000 SNP jugés comme les plus pertinents ont été retenus pour faire partie de la puce BreedWheat.

En complément de ces marqueurs, un peu plus de 30 000 autres SNP issus de la littérature ou apportés par les partenaires ou collaborateurs du projet ont été ajoutés. Ces SNP permettent notamment de faire des ponts avec certains projets précédents ainsi qu'avec d'autres initiatives menées par la **communauté internationale du blé.**

La combinaison de l'ensemble de ces marqueurs a conduit au développement de la **puce BreedWheat de génotypage Axiom contenant plus de 423 000 SNP, l'une des plus importantes jamais développée chez le blé.**

Un milliard de données de génotypage produites et analysées

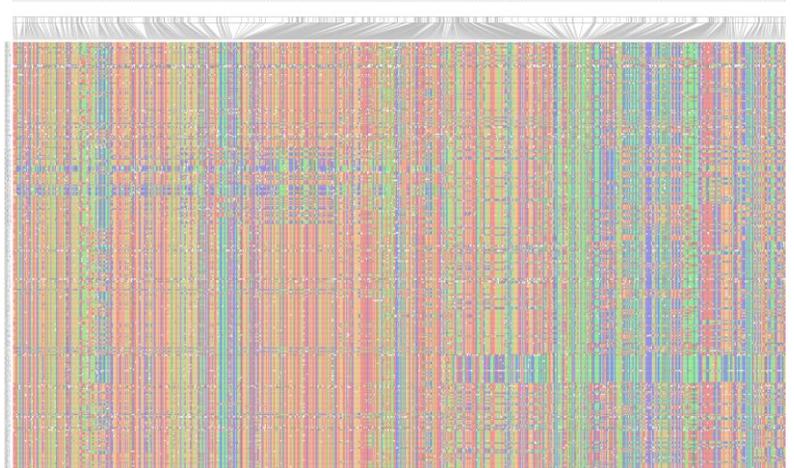
La puce ainsi développée a été utilisée dans le cadre du projet BreedWheat pour génotyper (sur la plateforme de génotypage à haut débit de l'INRA de Clermont-Ferrand, Gentyane) plus de 7 000 lignées de blé regroupant aussi bien des variétés élités que des lignées plus exotiques.

Combinées avec des données de phénotypage, ces données de génotypage permettent **l'identification de régions génomiques impliquées dans le contrôle de caractères d'intérêt agronomique** tels que le rendement, la résistance à une maladie ou la tolérance à la sécheresse.

De plus, 4 600 lignées sélectionnées à partir de la collection de 12 000 blés maintenue au Centre de Ressources Biologiques « Céréales à paille » de l'INRA de Clermont-Ferrand ont été génotypées afin d'en réaliser une caractérisation fine en vue de leur utilisation future dans les programmes de sélection, **l'objectif étant de pouvoir apporter de nouveaux caractères pertinents** dans la diversité élite européenne (voir lettre d'information n°1 de mai 2013).

Enfin, la puce BreedWheat a également permis le génotypage de quelques 2 000 lignées issues de programmes de sélection variétale pour développer de nouvelles méthodologies de sélection, telles que la sélection génomique qui vise à utiliser les données moléculaires d'un individu afin d'en prédire la valeur génétique et donc son intérêt pour le sélectionneur.

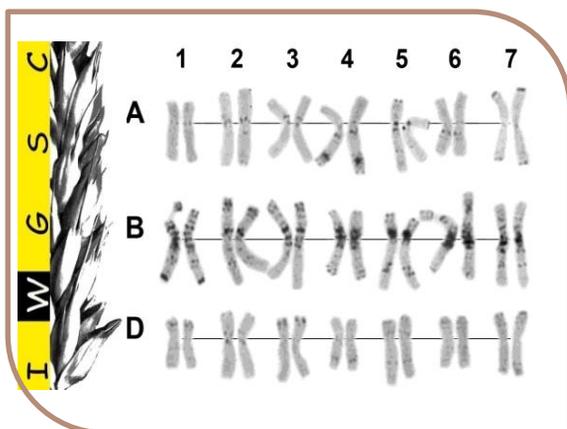
Au total **ce sont plus d'un milliard de données** qui ont été générées et qui sont analysées dans le cadre du projet afin de répondre aux questions posées et ainsi relever le défi majeur que se sont lancés les partenaires du projet BreedWheat : **développer de nouvelles variétés de blé pour une agriculture durable.**



Génotypage de 367 lignées représentatives de la diversité mondiale – une région du chromosome 3B

Une participation à l'effort international de la communauté blé

Au-delà de son ambition de **compétitivité nationale**, le projet BreedWheat se veut aussi **un acteur majeur de la recherche mondiale sur le blé.**



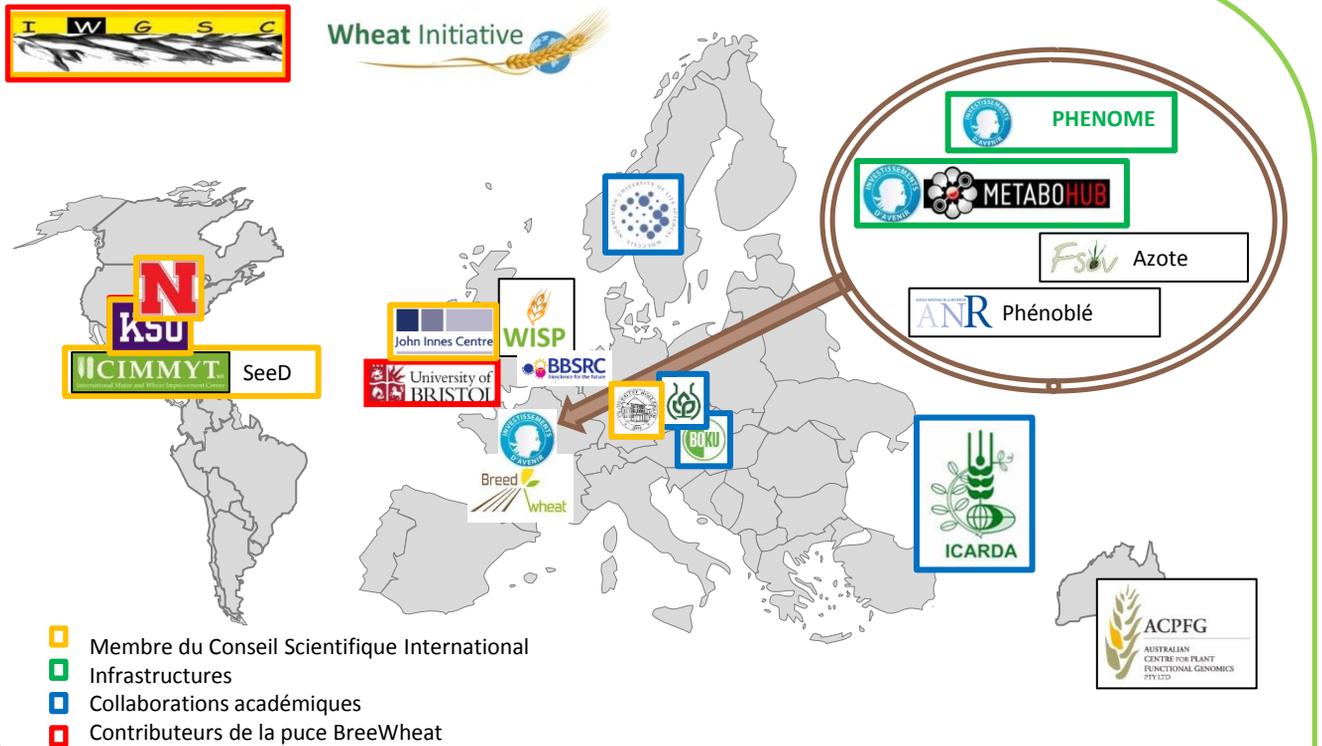
Séquençage du génome du blé : un effort mondial

Pour cette raison, une partie de la puce de génotypage contenant environ 280 000 marqueurs SNP a été **mise à disposition de la communauté scientifique internationale** et peut donc être utilisée par des tiers, tant à des fins de recherche interne qu'à des fins de création variétale. Une partie des informations concernant ces marqueurs, comme notamment leur localisation chromosomique, a également été mise dans le domaine public.

Par ailleurs, le projet veut continuer **l'effort commencé par la France pour le séquençage du génome de blé**, effort qui s'est récemment concrétisé par l'obtention de la première séquence complète d'un chromosome, le 3B. Ainsi, en étroite collaboration avec l'IWGSC, les partenaires de BreedWheat séquenceront le chromosome 1B, un pas de plus vers l'obtention de la séquence complète du génome de blé, la dernière céréale majeure à n'être pas encore séquencée à ce jour.

Coopérations

BreedWheat : Un projet de renommée internationale



Coopérations avec des projets nationaux

- Contactés par le projet Investissements d'Avenir **Metabohub**, les partenaires de BreedWheat ont discuté d'une possible collaboration concernant la mise au point d'analyses métabolomiques d'échantillons de blé dans le cadre du WP2. Pierre Martre (INRA-GDEC) a présenté le projet BreedWheat lors de la réunion de lancement de Metabohub fin 2013 et fournira des échantillons de référence pour mettre au point les tests.
- Après présentation à l'Assemblée Générale, des échanges de données ont été validés avec les projets **ANR Phénoblé** et **FSOV Azote**. Cela permettra à ces projets d'avoir accès à la très importante matrice de génotypage générée par le WP1 et en retour BreedWheat profitera des données de phénotypage obtenues dans ces projets.

Coopérations avec des projets internationaux

- Le projet anglais **WISP** a pour objectif de créer et caractériser de nouvelles ressources végétales permettant d'améliorer le blé pour sa tolérance aux facteurs limitants. Coordonné par Dr Graham Moore (John Innes Centre), il est ainsi très complémentaire des actions menées dans BreedWheat. Une réunion annuelle d'information a permis d'identifier les possibilités de collaborations autour du génotypage, du phénotypage et de la bio-informatique.
- De façon similaire, un premier contact a été établi avec le projet **SeeD** coordonné par Dr Peter Wenzel (CIMMYT) avec des possibilités de coopérations très semblables à celles de WISP.
- Une collaboration académique a été initiée avec l'Université Norvégienne des Sciences de la Vie (Dr Odd-Arne Olsen). BreedWheat fournira des informations sur la cartographie génétique de marqueurs et pourra avoir accès aux données de séquençage du chromosome 7B avant leur publication.

Session de formation : « WP4 – Sélection génomique » en association avec le projet IA PeaMUST
Les 10, 11 et 12 décembre 2014 à l'INRA de Dijon

Organisateurs : G. Charmet, V.T. Giang (Clermont-GDEC), J. Burstin, A. Larmure, M. Siol (Dijon-Agroécologie)

- Au programme** :
- Sessions théoriques : principes de la Sélection Génomique, méthodes de calcul, facteurs influençant la précision des prédictions
 - Sessions pratiques : mise en œuvre de logiciels, influence de quelques paramètres
 - Table ronde : les conditions pour réussir l'implémentation de la Sélection Génomique



13 mai 2014 - Colloque blé tendre

Le 13 mai, Arvalis organise à Paris un colloque blé tendre : Produire des protéines pour tous les débouchés

Plus d'informations : <http://www.arvalis-infos.fr/418/view-1079-arvevenements.html>



26 au 28 mai 2014 - International Seed Federation Congress 2014

Du 26 au 28 mai à Pékin, Chine

Plus d'informations : <http://www.worldseed.org/isf/congress.html>



8 au 11 juin 2014 – 2nd Canadian Wheat Symposium

Du 8 au 11 juin à Saskatoon, Canada

Plus d'informations : <https://event-wizard.com/CWS2014/0/welcome/>



29 juin au 4 juillet 2014 - Eucarpia Céréales – ITMI – IWGSC joint Conference

Du 29 juin au 4 juillet, la section Céréales d'Eucarpia, l'ITMI et l'IWGSC co-organisent une conférence qui aura lieu à Wernigerode en Allemagne : Cereals for Food, Feed and Fuel – Challenge for Global Improvement.

Plus d'informations : http://meetings.ipk-gatersleben.de/EUCARPIA_ITMI_2014/



12 au 14 octobre 2014 - European Seed Association (ESA) Annual Meeting

Du 12 au 14 octobre à Lisbonne, Portugal

Plus d'information : <http://esa.conceptum.eu/>



Ce travail bénéficie d'une aide de l'Etat gérée par l'Agence Nationale de la Recherche au titre du programme Investissements d'avenir portant la référence ANR-10-BTBR-03, de FranceAgriMer et du FSOV.



Inventons les céréales de demain



Pour en savoir plus : www.breedwheat.fr

Coordinateur : Dr Jacques Le Gouis, INRA, UMR GDEC
Jacques.legouis@clermont.inra.fr

Chef de projet : Emmanuelle Lagendijk, INRA Transfert
emmanuelle.lagendijk@paris.inra.fr

Responsable communication :
Grégoire-Yves Berthe, Céréales Vallée
gregoire.berthe@cereales.vallee.org