

TABLE RONDE

QUELLE PLACE POUR LE PHENOTYPAGE HAUT DEBIT EN AMELIORATION DES PLANTES ?

Participants : Alain CHARCOSSET & Sébastien PRAUD

Animateur : **Bruno DESPREZ**

Bruno Desprez

Pour introduire cette table ronde, j'aimerais que nos deux intervenants, Alain Charcosset et Sébastien Praud, nous rejoignent. Bonjour Sébastien, bonjour Alain, bonjour à tout le monde. En introduction de cette table ronde, je voudrais d'abord remercier tous les intervenants ; nous avons pu grâce à eux avoir un bon état des lieux des avancées en matière de phénotypage ; un merci particulier pour ceux qui, comme Alain, malgré le COVID qui les a touchés récemment, ont bien voulu nous faire partager leur expertise et leur passion.

J'ai l'habitude de dire que le phénotypage et le génotypage sont les deux mamelles de l'amélioration des plantes, je devrais certainement ajouter aussi la mesure de l'environnement, qui est quand même entre les deux, ce qui complexifie le système. Toute cette journée nous en avons vu beaucoup d'exemples. Le phénotypage reste et pose toujours les mêmes questions sur la facilité, la précision, est-ce que c'est destructif, invasif, non invasif, quel est son débit, quel est son coût, et petite nouveauté quand même, souvent il est question de phénotypage au cours du temps. De plus, on a de plus en plus de technologies pour aller un peu plus loin, on l'a vu avec les mesures de composition, notamment des compositions foliaires pour mesurer la réponse à des stress biotiques ou abiotiques.

Les connaissances et les techniques évoluent, mais les questions restent toujours les mêmes, et en termes d'utilisation par un sélectionneur il reste un indicateur important, la qualité de la prédiction des phénotypes. Quelle est l'importance de la variabilité génétique et de la variabilité environnementale ? Il y a eu pas mal de questions, notamment de François Tardieu à ce sujet, il y a eu des réponses de sélectionneurs qui ne sont pas forcément des réponses d'écologues, mais cela dépend aussi d'aspects économiques. Je voudrais juste souligner un point là-dessus, c'est que la vitesse du progrès génétique dépend du nombre de cibles et plus on ajoute de cibles et plus on va ralentir le progrès général. Le sélectionneur doit faire des choix et c'est peut-être ce que nous allons faire pendant cette table ronde.

Donc des réflexions sur la place de tous ces outils d'évaluation phénotypique et de leurs nouvelles perspectives et puis aussi remettre tout cela en perspective avec le vrai travail du sélectionneur qui est à la fois un pré-breeder, un breeder, un expérimentateur aussi, et aussi évoquer la place de l'expérimentateur par rapport au sélectionneur. Ces différentes missions du sélectionneur vont-elles s'incarner en différents spécialistes plutôt que de rester sous l'animation d'un ou plusieurs généralistes ? Les données issues de phénotypage et de génotypage et leur intégration sont traditionnellement considérées comme constitutives du rôle, des missions du sélectionneur. Or, on assiste à une séparation progressive de ces missions.

Donc pour discuter cela nous avons la chance d'accueillir Alain Charcosset que tout le monde connaît, de INRAE du Moulon. Quant à Sébastien Praud, vous le connaissez aussi pour la plupart d'entre vous, spécialiste du phénotypage chez Limagrain, il est maintenant responsable du secteur « Plantes Légumières ». Donc deux visions, peut-être deux approches, c'est l'intérêt de cette table ronde. Je vais les laisser tout d'abord intervenir, successivement. Je commencerai par Alain puis je donnerai la parole à Sébastien. Ensuite, n'hésitez pas à poser des questions auxquelles Alain et Sébastien répondront.

Alain Charcosset

Merci Bruno et André pour votre invitation à cette table ronde à distance que vous avez réussi à organiser et à laquelle je participe avec plaisir. En tant que généticien « générique », qui étudie la diversité et comment celle-ci se traduit en termes de phénotypes, je suis vraiment impressionné par toutes les avancées réalisées dans le domaine du phénotypage : envirotypage, plateformes, capteurs, phénotypes intermédiaires, disciplines en omiques, modélisation... qui conduisent à des avancées majeures dans la compréhension de la réponse des plantes à l'environnement. Là où les choses deviennent particulièrement intéressantes, et cela n'a pas toujours été le cas, c'est qu'on peut aujourd'hui les mettre en œuvre sur des populations d'une taille qui permet des études de génétique, même pour les caractères complexes. Les centaines de génotypes qu'on est capable d'analyser de façon fine, permettent de faire de la génétique sous deux angles : d'une part, l'angle génétique d'association, avec l'identification d'allèles d'intérêt, des allèles caractérisés pour leurs effets qu'on peut suivre en sélection, et d'autre part, l'angle sélection génomique. Phénotypage poussé et sélection génomique, constituent un tandem idéal. Le premier reste très coûteux, alors que la sélection génomique devient de moins en moins coûteuse, ce qui permet de déployer par prédiction le phénotypage sur des populations de plus grande taille.

Je voulais revenir sur trois questions principales. La première est une vieille question, mais j'ai l'impression qu'elle est renouvelée par les résultats qu'on a vus notamment aujourd'hui, c'est la définition d'idéotypes. Ces idéotypes sont forcément multicaractères et pour des conditions environnementales variables. Si on est face à des locus dont les allèles peuvent avoir un effet positif ou nul selon les conditions, c'est relativement simple, on peut empiler des allèles favorables pour obtenir plus de stabilité des performances, mais on arrive à ce que tu as dit, Bruno, c'est à dire qu'il faut prioriser pour ne pas diluer l'intensité de sélection et ralentir le progrès. Une autre situation, dont nous parlons avec François Tardieu depuis un certain temps, c'est que tout allèle peut avoir des effets positifs, nuls ou négatifs selon les environnements et donc, dans ce cas-là, qu'est-ce qu'il faut faire ? J'aurais envie que dans cette table ronde on revienne sur cette question, jusqu'où faut-il aller dans la segmentation des programmes de sélection pour des variétés adaptées à différents environnements : faut-il sélectionner des variétés généralistes ou au contraire des variétés spécifiques à des environnements ? Est-ce qu'il faut aller jusqu'à empiler tous les allèles plus d'un côté, tous les moins de l'autre, et puis après comment on gère ça ? Est-ce qu'on gère un portefeuille de variétés à l'échelle d'une région avec des types variétaux différents ? Il faudrait approfondir cette question.

Le second point, est qu'il faut gérer l'évolution des populations ; en sélection génomique, il faut renouveler les populations d'entraînement pour qu'elles restent pertinentes par rapport aux populations de sélection en cours. Pour la génétique d'association, le Graal que nous recherchons tous par des approches différentes, ce sont les allèles rares favorables. Si c'est pour trouver essentiellement des allèles qui sont déjà dans les pools élites, on sait que la sélection s'en chargera très bien, même si on ne les connaît pas, elle fixera les allèles positifs. En fait, il y a les questions du screening des collections, de la détection d'allèles, qui nécessitent des populations de grande taille et donc la question c'est comment évaluer les nouvelles populations, les populations rafraîchies des nouvelles générations, en s'appuyant sur les connaissances déjà acquises et les possibilités de phénotypage. Je

dois avouer que j'ai une sympathie particulière pour des protocoles de phénotypage allégés qui interviendraient après le phénotypage très lourd d'une sous population, pour analyser de très nombreux individus, tout en restant pertinent par rapport aux cibles de sélection. Cette question de la pertinence est majeure.

La troisième question c'est comment combiner des informations acquises sur plusieurs populations ou générations ? On va probablement se retrouver très vite avec de nouvelles populations caractérisées de façon partielle au niveau du phénotypage par rapport aux populations antérieures. Comment combiner tout cela et traiter l'information ? Sur certaines populations, il faudrait en faire le compte exact, on est face à plusieurs milliers de combinaisons caractères x environnement observées, sans même compter les métabolites qui en rajoutent sans doute largement autant. Donc ça devient vite très élevé. Certains de ces caractères sont des cibles directes pour la sélection, d'autres plutôt des caractères associés, un extrême étant la sélection phénotypique où de nombreux caractères comme des métabolites ou des spectres NIRS sont utilisés comme des prédicteurs, comme on le fait avec de nombreux locus en sélection génomique. On a des formalismes pour exploiter les données : modélisations écophysiologiques couplées à la sélection génomique, covariances inter-environnements, théories des indexes, la méta-analyse dont on pourra je pense reparler pour synthétiser des analyses de GWAS (Génétique d'Association), l'intelligence artificielle, etc., et donc comment évoluer pour faire face aux masses de données et à leur hétérogénéité ? Comment intégrer peut-être aussi des observations à la ferme ? Réintégrer certains acteurs dans le réseau d'évaluation, combiner les informations et puis peut-être donner plus de souplesse à certains formalismes statistiques ?

Merci pour votre attention. J'ai surtout voulu souligner des points qui méritent réflexion.

Bruno Desprez

Merci Alain j'ai bien des questions qui correspondent à ces points de réflexion. Je vais laisser la parole à Sébastien : il va nous montrer comment un sélectionneur utilise ces outils, en particulier sur les plantes légumières.

Sébastien Praud

Nous avons passé en revue ce matin une grande diversité de technologies de phénotypage haut débit développées au sein des différents instituts durant ces dix dernières années, ainsi que leurs résultats et les hypothèses qui leur sont associées. Je dois dire que je suis impressionné par tous les acquis obtenus aujourd'hui dans tous les domaines du phénotypage cellulaire via le métabolome aux analyses d'images complexes. Aussi, je veux vous proposer maintenant d'adopter un point de vue complémentaire à celui d'Alain, celui du sélectionneur, qui est déjà ou qui va forcément devenir un utilisateur de certaines de ces technologies. Je vais surtout vous parler des plantes potagères, mais j'essaierai aussi de faire quelques parallèles avec les plantes de grandes cultures.

Comme vous le savez, la base du métier du sélectionneur est l'observation des caractères agronomiques, mais aussi morphologiques, des critères de qualité, de goût, de rentabilité... De manière schématique, le sélectionneur doit gérer et intégrer plusieurs couches de contraintes. La première lui est donnée par son entreprise ou par le marché qu'il vise et le développement espéré sur ce marché. Ce premier ensemble va dimensionner les moyens de recherche qui lui sont alloués. Il va devoir prioriser et organiser son programme en utilisant au mieux les ressources octroyées et choisir les outils qui lui sont accessibles (expérimentation, phénotypage, génotypage, etc.). Il doit gérer au mieux son temps et celui de ses équipes depuis le semis, le suivi des cultures et l'acquisition des

données, la logistique... jusqu'à la partie R&D. Tout cela amène des choix qui vont structurer son programme. Ensuite il faut aussi qu'il pense à ses clients, c'est à dire les agriculteurs, qui vont cultiver les futures variétés. Le sélectionneur doit mettre au point des génotypes qui rassemblent le plus de qualités attendues par ses clients : les bénéfiques agronomiques, la transportabilité des fruits et des légumes pour les maraîchers, etc. La dernière couche à considérer correspond au consommateur, à travers les notions complexes de goût (acidité, sucre, texture) et de conservation tout au long du cycle (de la récolte et jusque dans l'assiette en passant par le frigo). On voit bien que toutes ces contraintes réunies constituent un ensemble complexe de caractères, les uns qualitatifs, les autres quantitatifs, que le sélectionneur va devoir prendre en compte simultanément et sur lesquels son choix va s'exercer.

Le sélectionneur doit alors choisir des outils qui vont lui permettre de phénotyper rapidement et efficacement les traits et les critères sur lesquels il veut exercer sa sélection. Ainsi, en amélioration des plantes légumières, il doit faire face à une diversité gigantesque, à des choix de formes, de couleurs, de conservation, de croquant, de jutosité, de brillance, de sucre, d'acidité, de goût, etc. Ce sont des caractères pour la plupart qualitatifs, qui peuvent être objectifs ou subjectifs, qui parfois peuvent être observés par le sélectionneur en un coup d'œil d'expert, mais souvent nécessitent des analyses plus ou moins simples et coûteuses.

En plus des outils permettant de choisir les plantes sur la base de leurs fruits, le sélectionneur va avoir besoin d'outils qui permettent de phénotyper d'autres caractères. Ça peut être le nombre de tomates sur une plante, ou des caractères un peu plus complexes comme l'homogénéité de la taille des fruits que le marché requiert pour faciliter le transport et l'emballage, le rendement évidemment, la synchronisation de la floraison, etc. Ces caractères quantitatifs sont complexes à saisir et à estimer de façon précise (nécessitant des collectes de données au cours du cycle). Enfin le sélectionneur peut avoir besoin d'outils qui permettent de mesurer des caractères intégratifs, comme la croissance, la capacité de germination, etc., au champ ou dans des serres, et souvent de façon dynamique. Au final, cela ressemble à une liste à la Prévert : beaucoup de caractères phénotypiques et beaucoup trop pour être menés de front par la même équipe.

Même si l'œil du sélectionneur entraîné est capable d'évaluer de nombreux traits, de s'adapter à ce qu'il voit et de reprioriser les caractères d'intérêt en fonction de la diversité présente, il a ses limites. Chez les plantes potagères, un sélectionneur travaille en moyenne sur une vingtaine à une trentaine de traits qualitatifs, plus quelques traits quantitatifs auxquels il faut rajouter les résistances aux insectes, aux ravageurs, aux maladies (champignons, bactéries, virus), etc. Mais, le sélectionneur n'est pas seul. Il fait appel à des équipes spécialisées pour la conduite des essais, les notations, la gestion des plateformes... et à des laboratoires internes ou externes. Il y a beaucoup de métiers qui gravitent autour du sélectionneur pour lui apporter un service permettant de collecter des données sûres, consistantes et suivies dans le temps. Je considère le phénotypage digital, comme une façon de combiner l'expertise du sélectionneur avec les nouvelles technologies. Je pense que c'est super important de garder la place du sélectionneur au cœur des décisions. On peut développer la meilleure technologie du monde, sa valeur ajoutée ne sera véritablement importante que si elle est bien insérée dans les processus du sélectionneur et lui apporte un gain significatif en termes de temps, d'efficacité, etc.

Donc, pour nous, un projet de phénotypage démarre par un suivi du sélectionneur au champ, comment il collecte aujourd'hui les données sur le terrain, afin de juger si les modèles de prédiction ou de phénotypage que l'on souhaite développer peuvent s'intégrer dans son parcours et fournir les résultats attendus. Les pratiques du sélectionneur sont certes coûteuses en temps, en énergie, etc., mais sont le fruit d'une longue expérience. Le sélectionneur senior a élaboré au fil du temps des routines, a optimisé son propre temps de travail et celui de ses équipes. Il va falloir démontrer que l'outil digital et la nouvelle méthode de phénotypage vont lui faire gagner du temps et de l'efficacité

et vont pouvoir s'insérer dans son processus, sans le déséquilibrer. Un modèle de prédiction, un outil de phénotypage doit avant tout apporter de la valeur ajoutée au travail du sélectionneur. Cette valeur ajoutée peut s'exprimer à différents niveaux : acquisition d'images, analyses de ces images et aide à la décision.

L'étape d'acquisition des images, via des capteurs (téléphone, appareil photos, embarqués ou non par des drones), permet de saisir de nombreuses informations en peu de temps. Ensuite vient l'analyse de ces images. On peut classifier ces images, on peut y détecter des objets, on peut segmenter ces objets : chacun de ces trois grands domaines de l'analyse d'image va apporter des réponses et délivrer des informations, qui sont de plus souvent combinées entre-elles. Ces analyses peuvent ainsi générer de très nombreuses données. Viennent ensuite l'aide à la digestion et agrégation de ces données pour les simplifier et enfin l'aide à la décision.

Durant ces dix dernières années, de nombreuses technologies se sont développées, notamment dans le cadre de PHENOME. Mais beaucoup d'entre elles restent encore au niveau de la recherche. Finalement assez peu de technologies ont passé le cap du développement et de la preuve du concept et ont été déployées en routine dans les programmes de sélection, qu'ils soient publics ou privés. Il y a probablement plusieurs freins à l'implémentation massive de ces outils et techniques dans les programmes de sélection. Il me semble que les deux freins principaux sont l'acquisition de valeurs et la conduite du changement. La nouvelle méthode doit délivrer de la valeur pour le sélectionneur, et pour son entreprise. Le retour sur investissement -entre les coûts de recherche, les étapes de validation qui demandent aux méthodes anciennes et nouvelles de coexister et le coût de déploiement, face au gain de temps ou d'efficacité- sont difficiles à calculer précisément *a priori*. Enfin, l'autre frein est la conduite du changement. Face à une zone de confort, un processus bien en place, la façon dont va être intégrée cette nouvelle façon de travailler dans les pratiques journalières doit être envisagée assez tôt. Elle peut être mineure quand on parle d'un téléphone qu'on utilise tous plus ou moins comme notre œil. Mais avec une phénomobile ou un drone, nous sommes sur des changements drastiques. Donc, ce sont vraiment des questions qu'il faut se poser encore une fois assez tôt dans le projet de recherche, parce qu'il est important de bien peser les risques et les bénéfices quand on intègre une nouvelle technologie dans un processus.

Bruno Desprez

Merci beaucoup Sébastien.

Comme on n'a plus beaucoup de temps, je voudrais rapidement vous focaliser sur trois types de questions. La première question que je vous pose à tous les deux, mais c'est Alain qui l'a évoquée dès le départ : faut-il aller vers une diversification variétale plus forte qu'avant, puisqu'en fait plus on aura de phénotypes, plus on risque d'avoir des variétés avec des caractères particuliers. Cependant je pense que la segmentation a un coût, un coût en termes de variabilité génétique ; si l'on veut utiliser ces outils, les impacts ne sont pas les mêmes pour la variabilité à court ou à long terme. On sent bien que la puissance de sélection, l'application d'un grand nombre de phénotypes, leur intensité va avoir des impacts sur la variabilité génétique et donc sur le gain possible et la vitesse du progrès. Donc pour vous quels seraient les nouveaux outils à mettre en place, les nouveaux indicateurs ? Peut-être que la question est plus à Alain, mais je la pose aussi à Sébastien. C'est-à-dire comment peut-on avoir des indicateurs de gestion de la variabilité génétique, en se disant, voilà, si je fais ça, j'ai un trop fort risque de diminuer ma variabilité. En gros, est-ce que je peux sélectionner avec un phénotypage et un criblage plus lent ou, si je le fais trop vite, cela va avoir un impact sur ma variabilité génétique. A cette question il faut rajouter le moment du cycle de sélection où j'utilise ces outils. Cela n'a pas le même impact si je les utilise en pré-breeding ou en création variétale. Est-ce que je les utilise en sélection ou en tri ?

Alain Charcosset

Pour moi, deux points clefs sont à considérer.

Le premier concerne la question du maintien de la diversité tout en optimisant le progrès génétique à court, moyen et long terme. C'est une question très importante, très intéressante. Il y a des méthodes pour essayer d'optimiser des trajectoires de diversité dans des populations fermées. On peut aussi ouvrir des populations en injectant de la diversité, ce qui est tout aussi important. De très nombreuses propositions ou études sortent en ce moment, on parle beaucoup de « bridging ». Donc il y a de vraies pistes pour réinjecter de la diversité.

Le deuxième point qui me venait à l'esprit, c'est la voie hybride. La voie hybride a commencé sur les espèces à forte dépression de consanguinité, tout d'abord le maïs et d'autres ensuite, mais c'est aussi une voie de diversification des variétés qui est tout à fait intéressante pour déployer sur différents segments de marché les progrès obtenus par tel ou tel programme de sélection. Par rapport à la question de la segmentation, je pense que la voie hybride est une bonne voie pour gérer la segmentation, bien que la question de la segmentation et de la non-segmentation reste quand même forte. Si on veut anticiper, est-ce qu'aujourd'hui par exemple il faut « faire » un maïs le plus tolérant possible à la sécheresse ? Alors le risque ça peut être de réinventer un sorgho, ce qui ne serait pas forcément le plus efficace.

Sébastien Praud

Effectivement, Bruno, le métier du sélectionneur consiste avant tout à éliminer. Plus il jette, plus il jette vite, plus il lui reste de la place dans son champ pour travailler autre chose. Donc c'est vrai, pour moi je dirais qu'il y a une urgence à développer des outils qui permettent de jeter le plus tôt possible. Tout ce qui est finalement jeté avant d'être observé ou après avoir été observé sans trop d'efforts permet de garder de la place au champ pour des choses plus complexes, d'entretenir une variabilité au sein d'un programme. C'est donc très important.

Bruno Desprez

Alors justement ça me permet de rebondir sur le 2^{ème} type de questions, et que je te pose en priorité Sébastien : le phénotypage coûte beaucoup plus cher que le génotypage. Donc oui l'appliquer à grande échelle, mais est-ce qu'il n'y a pas là quand même une notion de rupture, c'est-à-dire, bien entendu, il y a du progrès dans la précision mais quelque part on change aussi peut être d'échelle, c'est à dire est-ce que l'on peut s'imaginer réduire beaucoup les frais de phénotypage ? Pour les plantes de grande culture, mais pas que, on fait des parcelles ; cette approche était liée à un phénotypage qui était lourd, complexe, mais très utile. Est-ce qu'il y a un moment où il y aura une rupture ? Ça veut dire qu'on va pouvoir faire peut-être de la sélection individuelle liée à de la génétique qui est, elle, excessivement précise surtout si on la conduit avec de la métabolomique et qu'on mesure bien les environnements. On peut imaginer, qu'en couplant ça avec des pedigrees, on soit tout aussi efficace que des champs d'essais à perte de vue avec des répétitions partout et des lieux partout. Donc est-ce qu'il n'y a pas une rupture dans la réflexion de l'utilisation du phénotypage pour le sélectionneur ? C'est-à-dire, le côté expérimentateur du sélectionneur ne doit-il pas intégrer toutes ces notions et à quel moment va se produire cette rupture ?

Sébastien Praud

C'est une large question, à laquelle il est difficile de répondre. Une chose est sûre, plus c'est high-tech, plus c'est cher ! Cependant, il y a une évolution des technologies de phénotypage qui fait que plus ça va, plus les coûts baissent. Si on considère aujourd'hui la spectroscopie infrarouge, finalement c'est beaucoup moins cher qu'une puce de génotypage et on en retire plus d'informations, donc cette évolution ouvre de nouvelles pistes. Il y a aujourd'hui de nouveaux outils qui sont tout à fait abordables, donc l'idée c'est effectivement d'inverser cette balance du coût du phénotypage qui est plus élevé que le coût du génotypage. On dispose aujourd'hui d'outils à fort potentiel, comme par exemple l'HPLC. Ça reste cher, mais il y a des plateformes qui peuvent être mises en commun par tout un tas d'utilisateurs et qui peuvent contribuer à diminuer les coûts. C'est ce que fait chaque station de sélection quand on met en commun des outils génériques. Donc oui, il y a effectivement une rupture. Je pense qu'aujourd'hui il n'y a pas grand monde qui peut se payer un phénotypage, mais on peut imaginer un système de location, de mise en commun. Les outils vont mûrir, et donc je suis personnellement assez confiant quand même, et puis surtout les modèles développés peuvent être ensuite « dégradés » pour répondre à un besoin et dégradé ça veut dire un peu moins coûteux à la fin.

Bruno Desprez

Alors une dernière question. On a eu des approches impliquant beaucoup de croisements, la détection de QTL, avec des populations pour essayer d'évaluer les traits par différents phénotypes. On voit bien que lorsque le caractère est complexe, on favorise plutôt la sélection génomique. Maintenant on nous dit qu'il va falloir tester les populations d'entraînement de la sélection génomique dans plusieurs environnements et faire encore plus de phénotypes. Donc tout ce qu'on est en train de gagner d'un côté on est en train de le reperdre de l'autre, même si je pense que ce n'est effectivement pas la même puissance. Cependant, la gestion de la variabilité génétique lors des phases de pré-breeding puis de breeding doit être différente.

L'autre volet de ma question, concerne les relations entre l'expérimentateur et le sélectionneur. Est-ce que l'expérimentateur va se dire : moi je vais faire ce qu'on me demande, je vais essayer de bien discuter de l'intérêt de ce que je fais et le sélectionneur va l'optimiser par rapport à son schéma de sélection. Quel est le rôle finalement de la relation entre l'expérimentateur et le sélectionneur, qui sont quand même devenus des spécialistes, chacun dans leur domaine, et cela devient de plus en plus compliqué d'être compétent dans tous les phénotypes. Et, de l'autre côté, la génétique est devenue de plus en plus sophistiquée, avec des schémas de plus en plus compliqués et des prédictions de plus en plus compliquées. Comment vont s'accorder les modèles de prédictions phénotypiques et génétiques ? A cela vient s'ajouter une description des paramètres environnementaux... Comment vont-ils s'intégrer, être pris en compte ?

Sébastien Praud

Je vois qu'il y a des réactions sur le « chat » qui apportent des éléments de réponse sur le fait que l'avantage de la prédiction génomique, c'est quand même de capitaliser sur des panels sur lesquels on va mettre beaucoup d'efforts et ensuite de sélectionner en fonction des milieux visés, du marché, etc. On peut faire de la prédiction génomique sur des caractères comme le rendement, mais aussi sur beaucoup d'autres caractères. Donc c'est un élément de réponse et c'est peut-être une façon d'y arriver, capitaliser sur des parties de population et de faire des tests et d'utiliser les prédictions pour jeter plus vite.

Bruno Desprez

Alain, le mot de la fin ?

Alain Charcosset

Je pense à une remarque de Renaud Rincet qui va dans le sens de se servir des résultats obtenus pour définir les cahiers des charges pour la sélection et orienter les programmes. Parce qu'on est bien d'accord que quand on jette, on jette ce qui ne correspond pas à un cahier des charges. Mais ce cahier des charges évolue dans le temps ; encore faut-il avoir le bon cahier des charges ! Donc, dans la pratique, il y a le sélectionneur, il y a le phénotypeur, mais il y a aussi quelqu'un, quelque part, ou pas mal de gens, en fait beaucoup de gens, qui vont dire quel doit être le cahier des charges. Et enfin, il y a un marché. Là, je m'aventure sur un terrain que tu connais bien mieux que moi, Bruno. Donc je pense que l'idée va être de s'appuyer quand même sur les résultats de nature biologique pour repenser un peu les possibles et se donner des cahiers des charges. Je trouve que c'est intéressant, je pense que ça doit être fait, et après la sélection génomique marche très bien.

Bruno Desprez

Oui mais la sélection génomique a aussi ses limites, c'est-à-dire que, heureusement, elle n'est pas toujours trop précise et qu'on ne prédit pas toujours les meilleurs, et ainsi on garde plus de variabilité génétique. J'exagère un peu, mais la pression de sélection, qu'elle soit dans la sélection génomique ou pas, elle doit aussi être adaptée et avoir des indicateurs. Et pour l'instant ces indicateurs sont difficiles à trouver parce que le cahier des charges peut évoluer et on se dit finalement que, quand on aura besoin d'un trait de rupture sur le marché, on va le chercher, l'identifier, l'intégrer et regarder son coût soit, mais on peut aussi améliorer l'ensemble des autres caractères en gardant ce trait. Cela fait quand même des choix, qui reviennent à des choix du sélectionneur d'il y a quelques années, où certains voulaient avoir un gros programme de sélection en le segmentant par marché, par idéotype, et d'autres qui voulaient au contraire n'avoir qu'un seul idéotype et une sélection en « open source ». Je pense que c'est quand même toujours une discussion intéressante, parce qu'en fait les deux options peuvent être justifiées mais peut-être pas au même moment du stade de sélection et peut-être pas utilisable de la même façon.

Alain Charcosset

Je pense que tu as tout à fait raison, mais là il y a une énorme différence. Je pense qu'aujourd'hui on a entre les mains des outils qu'on n'avait absolument pas avant pour gérer les flux entre programmes, de façon beaucoup plus pertinente. On peut cibler par GWAS ou par sélection génomique, les haplotypes à transférer et gérer ensuite leur introduction dans un programme en guidant les croisements. Cette idée de « tirer profit » d'un programme de sélection pour gagner en efficacité pour un autre programme correspond sauf erreur au terme anglais de « *leveraging* ». Je pense qu'on a aujourd'hui les moyens de gérer des flux beaucoup plus facilement.

Bruno Desprez

Très bien, merci, ça sera le mot de la fin. Alors je voudrais maintenant clore cette journée, Assemblée Générale de notre association et Journée Scientifique, que nous avons voulu réaliser coûte que coûte, et je ne remercie jamais assez tous les organisateurs, animateurs, intervenants et

éléments participants, tous ceux qui ont été présents, tous ceux qui ont posé des questions *via* le « *chat* », élargit nos connaissances et nos perspectives. J'espère au nom de tous, au nom du Conseil d'administration, du Conseil scientifique, avec une mention particulière pour André, évidemment, qui est le grand organisateur de cette journée scientifique, j'espère que vous avez pu autour de ce thème partager les passions et surtout fait le plein de réflexions. On n'a pas les réponses à tout, mais comme dirait l'autre, plus on connaît, plus on se pose de questions, et plus on essaie d'y répondre et plus c'est intéressant.

Je vous dis à l'année prochaine autour de « la sélection pour l'agro écologie », rendez-vous habituel, toujours le premier jeudi de février, soit le jeudi 2 février 2023.