

Sélection phénomique



Séminaire ASF Section “Outils et méthodes en appui à la sélection variétale”

Organisateurs



Sponsors



18 & 19 | MARS | 2024
Cirad, Lavalette, Montpellier



Conception : © N. Pivot, Cirad

Programme

Lundi 18 mars 2024

Amphithéâtre Jacques Alliot, Bat 4.

Séminaire

13h30-14h00 : Accueil

14h-14h30 : Introduction au séminaire et à la sélection phénomique - *Vincent Segura* (INRAE, AGAP)

14h30-14h55 : Application de la sélection phénomique à l'orge d'hiver brassicole - *Pauline Robert* (Secobra)

14h55-15h20 : Prédiction génomiques et phénomiques pour améliorer la germination chez le colza - *Marianne Laurençon* (INRAE, IGEPP)

15h20-15h45 : Prédiction Phénomique chez le pois de printemps, preuve de concept - *Virgilio Freitas* (Sofiproteol)

15h45-16h10 : Exploration du potentiel de la sélection phénomique chez l'abricot - *Christopher Sauvage* (Syngenta)

16h10-16h40 : Pause

16h40- 17h05 : La sélection phénotypique pour les espèces hybrides - Preuve de concept sur le maïs - *Renaud Rincent* (INRAE, GQE)

17h05 - 17h30 : Performance de la sélection phénotypique chez le riz et le sorgho. Effets de la structure, de la taille des populations et des interactions génétique – environnement sur les précisions de prédiction - *Hugues de Verdal* (Cirad, AGAP)

17h30 - 17h55 : Apport du machine learning et place potentielle de la sélection phénotypique dans un schéma d'amélioration variétale. Exemple chez le colza d'hiver Brassica napus. - *Christopher Sauvage* (Syngenta)

17h55-18h20 : Phénotypage digital au champ - De l'analyse haut-débit à la prédiction phénotypique - *Joss Gillet* (Hiphen)

18h20-18h50 : Discussion générale

20h : Diner au [restaurant Le Mélice](#)

Mardi 19 mars 2024

Visites

8h30-9h00 : Accueil et répartition des groupes

9h15 - 12h00 : Visite du bâtiment [ARCAD](#) - *Martin Ecarnot* (plateau phénotypage), *Sylvain Santoni* (plateau génotypage), *Philippe Chatelet* (plateau cryoconservation), *Christophe Reynaud* (centre de ressources biologiques).

Première banque française de conservation de plantes cultivées, avec ARCAD, ce sont près de 50000 échantillons de sorgho, vigne, maïs, blé dur, riz, mil, coton, fonio, arachide, cacao, café, arbres forestiers, etc., qui sont conservés sous forme de graines ou de plantes in vitro. Construit en forme de H, le bâtiment s'articule autour du plateau de conservation des graines, avec, en son cœur, un robot transstockeur unique en Europe. De part et d'autre, se déploient trois plateaux techniques (génotypage-séquençage, phénotypage des semences et cryoconservation) qui disposent des dernières technologies pour conserver et étudier cette diversité génétique. À l'extérieur, une plateforme de phénotypage des plantes à haut-débit permet de compléter ce dispositif.

OU

9h15 - 12h00 : Visite de la serre AbioPhen et de laboratoires ([CIRAD Lavalette](#)) - *Gilles Chaix, Jean-Luc Verdeil* (plateforme d'histologie et d'imagerie cellulaire végétale), *Armel Sotillo, Mathilde Singer* (plateau de phénotypage biochimique), *Gérald Oliver* (serre AbioPhen).

La serre AbioPhen du Cirad permet d'aller plus loin dans les études sur l'adaptation aux changements climatiques de certaines variétés cultivées, comme le riz, et par là de décortiquer finement les mécanismes à l'œuvre et d'identifier des traits génétiques associés. Grâce au contrôle des conditions climatiques (rayonnement, température, humidité) et à une capacité d'augmentation du CO₂ jusqu'à quatre fois la valeur ambiante, elle simule les climats de demain : augmentation des températures et du CO₂ atmosphérique ou encore sécheresse de l'air. Cette serre, à la pointe de la technologie, rend ainsi possible l'étude du comportement de nouvelles variétés, issues de croisements contrôlés, ou de nouvelles associations entre variétés ou entre espèces, dans les conditions climatiques des prochaines décennies... Le plateau de phénotypage biochimique (PPB) et la plateforme d'histologie et d'imagerie cellulaire végétale (PHIV) compléteront cette visite.

13h00 : Déjeuner à la cantine du CIRAD

Résumés des présentations

Introduction au séminaire et à la sélection phénotypique

Vincent Segura^{1,2}, Renaud Rincant³

¹ AGAP Institut, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Institut Agro, Montpellier, France

² UMT Geno-Vigne®, IFV-INRAE-Institut Agro, F-34398, Montpellier, France

³ GQE-Le Moulon, Université Paris-Saclay, INRAE, CNRS, AgroParisTech, GQE-Le Moulon, 91190, Gif-Sur-Yvette, France

Le concept de sélection phénotypique a été proposé en 2018 avec une preuve de concept sur blé et peuplier. Inspirée de la sélection génomique, cette approche propose de remplacer les données de génotypage par des données phénotypiques pour capturer de l'information génétique et l'utiliser pour la prédiction de caractères d'intérêt. L'information phénotypique provient typiquement de méthodes de phénotypage à haut-débit, généralement déployées de façon routinière dans les schémas de sélection, comme la spectroscopie dans le proche infrarouge. Ainsi, la sélection phénotypique présente l'avantage de pouvoir être déployée de façon relativement simple et à bas coût. Dans cette présentation, nous reviendrons sur la définition originale du concept de sélection phénotypique et sur les résultats obtenus dans la preuve de concept sur blé et peuplier ainsi que dans des travaux ultérieurs de nos équipes sur blé et vigne. Nous donnerons également un aperçu de la littérature sur le sujet, qui est assez florissante ces dernières années, et tenterons de catégoriser ces travaux selon la façon dont est utilisée l'information phénotypique pour effectuer les prédictions. Nous essayerons notamment de distinguer les situations où la phénotypique fait office de proxy du caractère à prédire de celles où on tire plutôt partie de l'information génétique sous-jacente. Enfin, nous présenterons des pistes de recherche et introduirons les présentations du séminaire.

Evaluation de la sélection phénotypique dans les programmes de sélection de l'orge d'hiver

Pauline Robert¹, Pierre Pin¹, Amélie Genty¹

¹ *SECOBRA Recherches, Maule, France*

Chez l'orge d'hiver, deux types principaux se distinguent : l'orge à deux rangs et l'orge à six rangs. L'orge à deux rangs est connue pour sa taille de grain plus uniforme et plus grande, et est traditionnellement préférée par l'industrie du malt et l'industrie brassicole en Europe. La France, principal pays producteur d'orge de brasserie en Europe et premier exportateur mondial de malt, utilise principalement de l'orge à six rangs. Bien que cette dernière soit initialement destinée à l'alimentation animale en raison de ses rendements supérieurs, les sélectionneurs français ont mis en place des programmes d'amélioration spécifiques pour l'orge à six rangs axés sur la qualité du malt. L'évaluation du rendement, des caractéristiques agronomiques et de la qualité du malt sont des évaluations coûteuses qui nécessitent une certaine quantité de semences et des essais multi-environnementaux, ce qui prend généralement de 6 à 8 ans après les croisements initiaux. La sélection génomique a montré qu'il était possible de prédire ces différents caractères notamment les caractères brassicoles (Charmet et al. 2023). Seulement la sélection génomique reste une méthode trop coûteuse pour l'appliquer à des dizaines de milliers de génotypes en début du schéma de sélection. La sélection phénotypique, développée en 2018 par Rincet et al., a été testée sur un grand nombre d'espèces différentes depuis cinq ans (Robert et al. 2022) mais peu d'études se sont portées sur l'orge d'hiver. L'objectif ici est d'évaluer les capacités de prédiction de la sélection phénotypique pour l'orge d'hiver à deux rangs et à six rangs, en les comparant aux prédictions génomiques. Pour la prédiction des caractères brassicoles, on comparera aussi les capacités de prédictions des modèles entraînés avec des spectres pris sur grain ou sur malt.

Charmet et al. <https://doi.org/10.1007/s10681-023-03190-5>

Rincet et al. <https://doi.org/10.1534/g3.118.200760>

Robert et al. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2205-6_14

Prédictions génomiques et phénomiques pour améliorer la germination chez le colza

Marianne Laurençon¹, Julie Legrix¹, Marie-Hélène Wagner², Didier Demilly², Cécile Baron¹, Sophie Rolland¹, Sylvie Ducournau², Anne Laperche^{1,*}, Nathalie Nesi^{1,*}

¹ *Institut de Génétique, Environnement and Protection des Plantes (IGEPP), INRAE – Institut Agro Rennes-Angers – Université de Rennes, 35650 Le Rheu, France*

² *Groupe d'Etude et de contrôle des Variétés Et des Semences (GEVES), 49070, Beaucouzé, France*

* *Contribution identique*

Le colza est confronté à de nombreux défis, en particulier au début de son cycle de développement. L'obtention d'une germination rapide et uniforme des graines pourrait contribuer à garantir une implantation réussie et par conséquent, permettre à la culture de concurrencer les mauvaises herbes et de tolérer les stress au cours des premiers stades de développement. La nature polygénique de la germination des semences a été mise en évidence dans plusieurs études. Il serait nécessaire d'en savoir plus sur les loci sous-jacents à effets faibles ou modérés afin d'améliorer efficacement la germination des semences par l'amélioration du fond génétique et par l'incorporation d'allèles favorables. Dans notre étude, 223 génotypes de colzas d'hiver et de printemps ont été phénotypés à haut-débit pour des paramètres de germination. Au total, 17 QTL ont été détectés pour les caractères liés à la germination, pour lesquels les allèles favorables correspondent souvent aux allèles les plus fréquents dans le panel. Néanmoins, les méthodes de prédictions génomiques et phénomiques ont permis d'obtenir des capacités prédictives modérées à élevées, démontrant ainsi la capacité à capturer de petits effets additifs et non additifs pour la germination. Plus particulièrement, la capacité prédictive de la prédiction phénomique est meilleure que celle de la prédiction génomique, de 0.17 points de PA, lorsqu'une population non structurée est utilisée (panel de colzas d'hiver). Cette étude a également montré que la prédiction phénomique permettait de mieux choisir les génotypes les plus performants que la prédiction génomique. Enfin, la capacité prédictive de la prédiction phénomique étant moins influencée par la structure génétique du panel, il serait intéressant d'utiliser cette méthode de prédiction pour caractériser les ressources génétiques, notamment en vue de concevoir des populations de pre-breeding.

Prédiction Phénomique chez le pois de printemps, preuve de concept

Virgilio Freitas¹ , Anthony Klein² , Nadia Kangoye³, Gregoire Aubert², Abdou Wade³
Aude Carlier-Lezie⁵, Jean-Francois Herbommez⁶, Florian Barthes³, Myriam Naudet-
Huart² , Nadim Tayeh², Judith Burstin² ,Renaud Rincant¹, Gaëtan Touzy³

¹ *GQE-Le Moulon, Université Paris-Saclay, INRAE, CNRS, AgroParisTech, GQE-Le Moulon, 91190, Gif-Sur-Yvette, France*

² *UMR Agroécologie , Pole Legae , Equipe ECP, INRAe , Dijon, France.*

³ *Ragt 2N , Druelle ,France*

⁴ *Unisgma, Froissy , France*

⁵ *Kws , Mons en Pévèle , France*

Le pois protéagineux est une des principales légumineuses cultivées dans les zones tempérées et sa culture présente de nombreux avantages parmi lesquels la richesse en protéines de ses graines. Les objectifs d'amélioration pour cette espèce sont multiples, comme la résistance aux bioagresseurs, un rendement meilleur et plus régulier face aux stress climatiques ou une amélioration du taux de protéines des graines. Pour les caractères quantitatifs à déterminisme complexe comme le rendement, l'approche de sélection génomique a été mise en place ces dernières années pour prédire la valeur génétique des candidats à la sélection en utilisant un génotypage dense de SNP. Plus récemment, une approche alternative de sélection phénomique utilisant des spectres infra-rouges proches à la place des marqueurs a été proposée. Dans ce travail, nous avons utilisé les données génotypage SNP d'un panel de pois de printemps, ainsi des données phénotypiques et des spectres produits dans trois environnements afin de comparer les deux approches de sélection génomique et phénomique pour prédire le rendement, le taux de protéines des graines, et le rendement protéique qui en découle. Nous avons testé différents prétraitements des spectres et fait varier la taille de la population de calibration. Nous avons également évalué divers scénarii de prédiction croisée entre environnements. Nos résultats montrent que la prédiction phénomique prédit les caractères ciblés chez le pois, avec des résultats souvent meilleurs que la prédiction génomique. Ils donnent des pistes sur les prétraitements et les tailles de population de calibration à utiliser. En outre, nous montrons qu'il est possible de prédire la performance dans un environnement en utilisant des spectres produits dans un autre environnement. Si ces résultats sont confirmés par d'autres essais, la sélection phénomique pourrait s'avérer une alternative moins coûteuse à la sélection génomique chez le pois.

Exploring the potential of phenomic selection in Apricot

Mariem Nsibi¹, Barbara Gouble², Sylvie Bureau², Vincent Segura^{3,4}, Christopher Sauvage^{1,5}, Jean-Luc Regnard³, Jean-Marc Audergon¹

¹ INRAE, UR GAFL, 84143 Montfavet Cedex, France,

² INRAE, Avignon Université, UMR SQPOV, 84000914 Avignon, France,

³ AGAP Institut, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Institut Agro, Montpellier, France

⁴ UMT Geno-Vigne®, IFV-INRAE-Institut Agro, F-34398, Montpellier, France

⁵ Syngenta SA France, 1228 Chemin de l'Hobit, 31790 Saint Sauveur, France

Phenomic selection has proved valuable in accurately predicting the performance of selection candidates based on their spectral fingerprints. Therefore, this selection strategy has been proposed as a cost-effective alternative to genomic selection. In this respect, phenomic selection is heralded to revolutionize the genetic improvement of perennial crops that are characterized by a long breeding cycle due to a lengthy juvenile phase and a long generation time. In our study, we evaluated the performance of phenomic selection models to predict several traits with contrasting genetic architectures within a diversity panel in Apricot. The plant materials, comprising 93 cultivars were phenotyped for tree phenology, fruit quality and disease susceptibility. The spectral acquisition was performed in near- and mid-infrared regions on leaves and fruit homogenates, respectively. Our findings revealed the potential of phenomic models in accurately predicting several traits of agronomic importance. Phenomic models outperformed genomic models for the majority of the traits. Moreover, integration of QTLs as fixed effects in phenomic models yielded a considerable accuracy gain notably for the traits governed by major QTLs. This highlights the potential value of phenomic selection models in predicting traits of interest and thus shaping Apricot breeding programmes.

Prédire la valeur hybride avec les spectres infrarouges parentaux grâce à la sélection phénomique - Preuve de concept chez le maïs

Renaud Rincent¹, Laurence Moreau¹

¹ GQE-Le Moulon, Université Paris-Saclay, INRAE, CNRS, AgroParisTech, GQE-Le Moulon, 91190, Gif-Sur-Yvette, France

La sélection hybride repose sur l'estimation des aptitudes générales et spécifiques à la combinaison des lignées parentales (AGC et ASC). Vu le nombre de lignées produites chaque année, il est impossible de générer et phénotyper tous les croisements hybrides possibles. Les sélectionneurs réalisent donc des croisements entre leurs lignées candidates et quelques lignées (les testeurs), ou de manière plus récente en réalisant des dispositifs factoriels très incomplets. Ces contraintes rendent les approches prédictives comme la sélection génomique très intéressantes puisqu'elles permettent de prédire les croisements qui n'ont pas été réalisés. La sélection phénomique semble être une alternative intéressante du fait de ses moindres coûts et de sa capacité à capturer des effets génétiques non additifs. Cependant, dans tous les travaux publiés sur cette approche, ce sont toujours les mêmes génotypes qui sont NIRSés et prédits. Une application sur hybrides, nécessiterait de produire les hybrides de manière à rendre possible l'acquisition des spectres, limitant considérablement l'intérêt de l'approche. Nous présentons une alternative qui vise à prédire les valeurs hybrides à partir de spectres mesurés sur les lignées parentales, et ne nécessitant donc pas la production des hybrides que l'on souhaite prédire. Nous utilisons les spectres parentaux pour estimer des matrices de similarité entre parents qui permettent ensuite de prédire les AGC et ASC. Nous montrerons à travers différents scénarios de validation-croisée dans un dispositif factoriel incomplet de maïs (SAM-MCR) que les prédictions phénomiques sont compétitives par rapport aux prédictions génomiques pour des caractères de rendement et de qualités de la biomasse. La combinaison de prédicteurs moléculaires (SNP) et phénotypiques (spectres) ne semble pas intéressante pour ce jeu de données. Pour conclure, cette nouvelle application ouvre la voie à une utilisation de la sélection phénomique pour les espèces hybrides.

Performance de la sélection phénotypique chez le riz et le sorgho. Effets de la structure, de la taille des populations et des interactions génétique – environnement sur les précisions de prédiction

Hugues de Verdal^{1,2,3}, Vincent Segura^{1,4}, David Pot^{1,2}, Nicolas Salas^{1,2}, Tovohery Rakotoson⁵, Louis-Marie Raboin⁶, Kirsten VomBrocke^{1,2}, Julie Dusserre⁶, Sergio Castro Pacheco^{1,2}, Cécile Grenier^{1,2}

¹ AGAP Institut, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Institut Agro, Montpellier, France

² CIRAD, UMR AGAP Institut, Montpellier, F-34398, France

³ AfricaRice Centre Régional Sénégal, BP96, Saint-Louis, Sénégal

⁴ UMT Geno-Vigne®, IFV-INRAE-Institut Agro, F-34398, Montpellier, France

⁵ Institut d'Enseignement Supérieur d'Antsirabe Vakinankaratra (IESAV), Université d'Antananarivo, BP 906, Tana 101, Madagascar

⁶ CIRAD, UPR AIDA, TA B-115/02, Avenue Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 5, France*

Le concept de sélection phénotypique (SP) est basé sur l'idée que les informations spectrales acquises à partir de tissus animaux ou végétaux contiennent des informations génétiques qui peuvent être utilisées pour prédire les valeurs génétiques des candidats à la sélection. Les spectres capturent également des informations liées à l'environnement et aux effets d'interaction génotype-environnement (GxE), qui peuvent s'avérer utiles pour optimiser la prédiction des performances individuelles dans différents contextes environnementaux. Cette nouvelle approche de sélection s'est révélée pertinente pour plusieurs espèces végétales, permettant d'obtenir, dans divers contextes, des gains génétiques plus élevés qu'avec des approches plus classiques de sélection phénotypique ou génomique (SG). L'objectif de cette étude était d'évaluer l'efficacité des modèles de SP par rapport à la SG sur trois points spécifiques : i) la prise en compte des interactions GxE, ii) la distance génétique entre population d'entraînement et population de validation, et iii) la taille de la population d'entraînement. Ces travaux ont été réalisés sur une collection de riz évaluée dans deux environnements à Madagascar et deux années de production et sur une population multiparentale de sorgho de type BCNAM (BackCross Nested Association Mapping) basée sur 2 parents récurrents.

Les résultats montrent que, dans un contexte multi-environnemental, les précisions de prédiction de la SP sont comparables à celles de la SG à condition d'avoir des informations phénotypiques des génotypes à prédire dans au moins un environnement. Par ailleurs, la SP semble moins sensible à la distance génétique entre les populations d'entraînement et de validation que la SG. Enfin, la SP a tendance à nécessiter moins de génotypes dans la population d'entraînement que la SG pour atteindre sa précision de prédiction maximale. Ces résultats mettent donc en lumière un certain nombre d'avantages offerts par la SP pour la sélection du riz et du sorgho.

Apport du machine learning et place potentielle de la sélection phénotypique dans un schéma d'amélioration variétale. Exemple chez le colza d'hiver *Brassica napus*.

Aditya Chakravarty¹, Antoine Botrel¹, Jugurta Boudghaghen¹, Martina Gunnemann¹, Markus Baier¹, Ulrike Dietrich¹, Christopher Sauvage¹

¹*Syngenta SA France 1228 Chemin de l'Hobit, 31790 Saint Sauveur*

L'utilisation du machine learning (ML) s'est répandue en amélioration des plantes au cours des dernières années notamment pour la prédiction de caractères par sélection génomique. Néanmoins peu d'études ont testé l'apport du ML en sélection phénotypique. Pour ce faire, nous avons testé différentes méthodes de ML dans l'objectif d'améliorer la précision de prédiction du rendement en huile chez le colza d'hiver, en comparaison à la méthode de référence. De même, peu d'études discutent la place (par rapport à la sélection génomique) et les bénéfices potentiels de la sélection phénotypique dans un schéma d'amélioration variétale, depuis les phases initiales de 'pré-breeding' aux phases d'étude d'hybrides pré-commerciaux dans des essais multi-sites.

Phénotypage digital au champ - De l'analyse haut-débit à la prédiction phénomique

Joss Gillet¹, Alexis Comar¹, Bruno Malnar¹

¹Hiphen, 120, Rue Jean Dausset, 84140 Avignon, Provence-Alpes-Côte d'Azur 84140, <https://www.hiphen-plant.com/>

Au cours de la dernière décennie, Hiphen a phénotypé plus de 15 millions de parcelles dans le monde, rendant le phénotypage à haut débit une expérience sans friction pour les chercheurs en agriculture. Mais la véritable aventure ne fait que commencer. La sélection phénomique gagne du terrain grâce à la communauté scientifique, et elle change la valeur perçue que les sélectionneurs peuvent tirer des données phénotypiques. Cela suscite de nombreuses idées pour les acteurs plus petits ou de niche qui souhaitent défier les grandes organisations. Avec notre technologie, nous visons à aider les sélectionneurs à mesurer davantage d'individus et à rendre leurs schémas de sélection plus efficaces. Notre produit PhenoStation™ est disponible pour collecter des "valeurs de sélection" en mode post-récolte, avec un exemple clair de ce que nous avons accompli dans l'évaluation de la qualité du raisin avec Moët Hennessy. En parallèle, notre offre PhenoScale™ aide les sélectionneurs à exploiter la vaste quantité de données qui peut rendre la sélection phénomique révolutionnaire pour eux. Au cours de notre présentation, nous aborderons les deux méthodes que nous utilisons désormais régulièrement pour prédire des traits complexes ou des "valeurs de sélection". La première est une méthode traditionnelle dans laquelle les traits calculés sont introduits dans un modèle d'apprentissage automatique pour prédire des "valeurs de sélection", comme le rendement, avec un exemple issu du travail réalisé pour le compte de CIMMYT au Mexique. La seconde concerne la sélection phénomique, avec l'exemple de comment le signal brut provenant d'images de drones en RGB peut aider à prédire le rendement des légumes avec des niveaux de précision encourageants à travers des panels de diversité.

Résumés des posters

Criblage phénotypique à haut débit et par imagerie de variétés d'orge pour leur tolérance au stress à l'inondation

Victoria Poulain¹, Emilie Cavel¹, Patrick Langan², Joey Henchy², Villó Bernád², Jason Walsh², Hervé Demailly¹, Ivan Kashkan³, Tereza Rumlerová³, Klara Panzarova³, Laurent Gutierrez¹, Sónia Negrão²

¹*Centre de Ressources Régionales en Biologie Moléculaire – Université de Picardie Jules Verne, Amiens, France,*

²*University College Dublin, Dublin, Irlande,*

³*Photon Systems Instruments, Drásov, République Tchèque*

La fréquence des pluies augmente dans de nombreuses régions d'Europe notamment, en raison du changement climatique, ce qui engendre des phénomènes d'inondation des parcelles cultivées. La durée des épisodes d'engorgement des sols est très variable tout au long de la saison et les études expérimentales qui mettent en jeu ce stress en parcelles d'essai sont donc soumises à de fortes variations expérimentales, rendant les réponses physiologiques difficiles à identifier et à quantifier.

Une configuration optimale de l'étude de l'inondation des orges en milieu contrôlé a été conjointement définie entre l'UCD (Dublin, Irlande) et le CRRBM (UPJV, Amiens, France), avec une phase de récupération après imposition du stress. Deux géotypes d'orge de printemps à deux rangs ont été soumis à ce protocole expérimental et leur croissance a été suivie de manière journalière au sein du CRRBM, à l'aide de plateformes d'imagerie aérienne et racinaire, respectivement le PlantScreen™ et le PlantScreen™ SC Root System (PSI, République Tchèque).

L'étude de la composante génétique seule a ainsi été rendue possible par l'utilisation de ces outils d'imagerie à moyen et haut débit en conditions de culture contrôlées. Les marqueurs d'imagerie présentés ici ont ainsi permis la caractérisation de la réponse à l'inondation d'une population ancestrale de 230 variétés d'orge, de manière très précoce. A l'image des marqueurs moléculaires pour la SAM, l'utilisation des spectres est ici mise en œuvre pour prédire les phénotypes, qui sont également analysés au champ pour validation en Irlande. Ce jeu de données constitue enfin une matrice phénotypique composée des données de réflectances de chaque individu pour des longueurs d'onde allant du visible à l'infrarouge, visant à terme l'intégration de la sélection phénotypique dans un projet d'amélioration variétale.

Les pratiques de sélections paysannes de blé dur : Quel regard porter sur les grains ?

Clément Bienvenu^{1,2}, Martin Ecartot¹, Jacques David¹

¹ AGAP Institut, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Institut Agro, Montpellier, France

² CIRAD, UMR AGAP Institut, Montpellier, F-34398, France

Comme toutes les cultures, le blé dur va être impacté par le changement climatique et la demande d'une population croissante. Une transition vers un modèle agricole plus résilient et durable du point de vue environnemental, social et économique est donc nécessaire. Parmi toutes les étapes de la production, la sélection variétale est la plus en amont, et se doit de proposer des innovations pour participer à cette transition. Dans ce contexte, l'utilisation de variétés populations et la pratique de la sélection massale sont intéressantes car elles offrent justement une certaine résilience face aux conditions climatiques rudes, et ont aussi des implications sociales et économiques pour les agriculteurs.

La question abordée concerne la sélection sur les traits de la qualité du grain. Il s'agit de savoir s'il est préférable de mesurer ces traits sur des grains individuels ou sur des moyennes de grains du même épi.

Nous avons développé une équation permettant de comparer la sélection sur grain individuel et sur épi. Cette équation nous a permis de montrer que pour la taille du grain, la sélection grains individuels semble avantageuse dans la plupart des situations mais que la sélection sur épi peut devenir plus efficace lorsque les effectifs impliqués sont faibles. Le travail réalisé pourrait être transposé à des questions concernant l'acquisition de spectres sur grains ou sur épis pour faire de la sélection phénotypique

Comité scientifique et d'organisation

Christelle Broquet (Vegenov)

Céline Hamon (Vegenov)

Charlotte Roby (Vegenov)

Martin Ecartot (INRAE, AGAP)

Renaud Rincenc (INRAE, GQE)

Vincent Segura (INRAE, AGAP)

Hugues de Verdal (CIRAD, AGAP)

David Pot (CIRAD, AGAP)

Nathalie Pivot (CIRAD, AGAP)

Pauline Robert (SECOBRA)

Christopher Sauvage (Syngenta)