



Caractérisation phénotypique et moléculaire de la collection nationale de ressources génétiques de blé tendre

François BALFOURIER

INRA , UMR **G**énétique **D**iversité et **E**cophysio**l**ogie des **C**éréales
Clermont-Ferrand , France



Centre de Ressources Génétiques céréales à paille INRA Clermont-Ferrand



Triticum

12 000 blés tendres
2 800 blés durs



Hordeum

6 550 orges



Avena

1200 avoines



Secale

100 seigles



Triticosecale

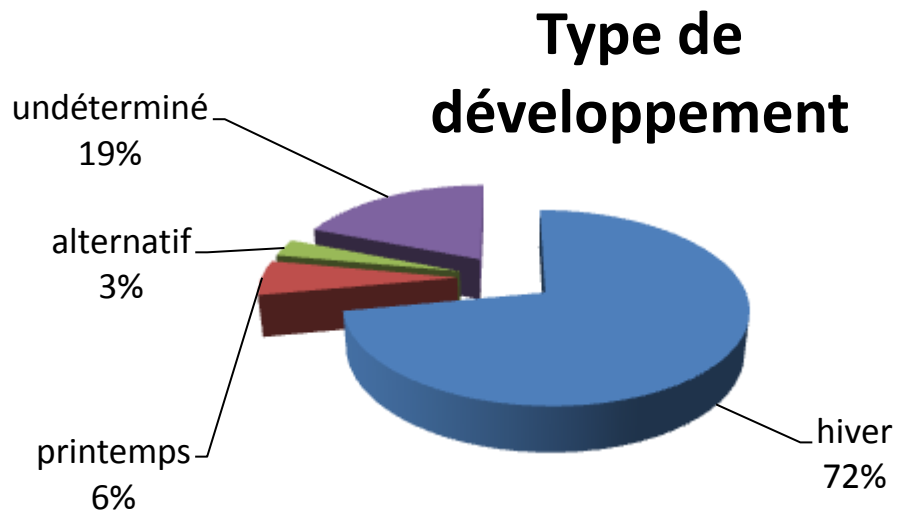
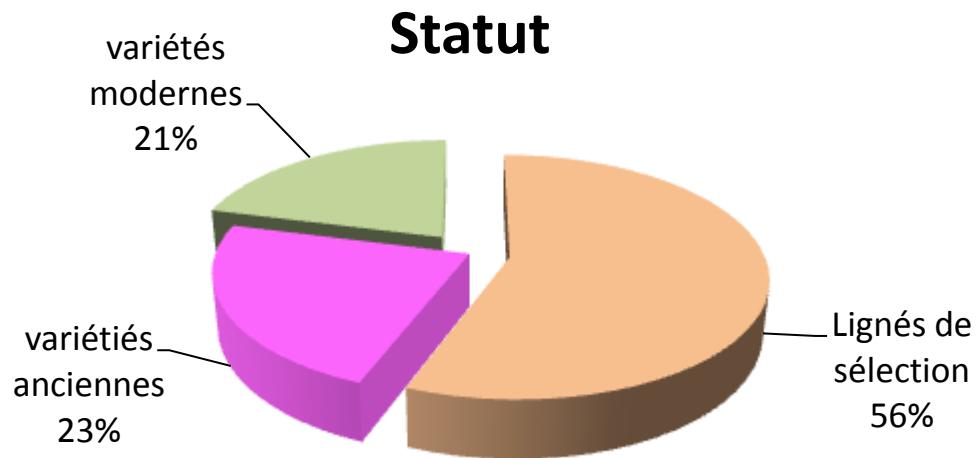
1200 triticales

+
Espèces sauvages et
apparentées
aux blés
(450 *Aegilops* sp.)

Total accessions conservées ≈ 25 000 accessions

Collection Nationale « blé tendre »

1782
accessions
françaises



Caractérisation agronomique et moléculaire de la collection nationale blé tendre

(Contrat de branche Semences 2009-2011)

WP1: évaluation au champ de la collection (12 partenaires de l'UFS)

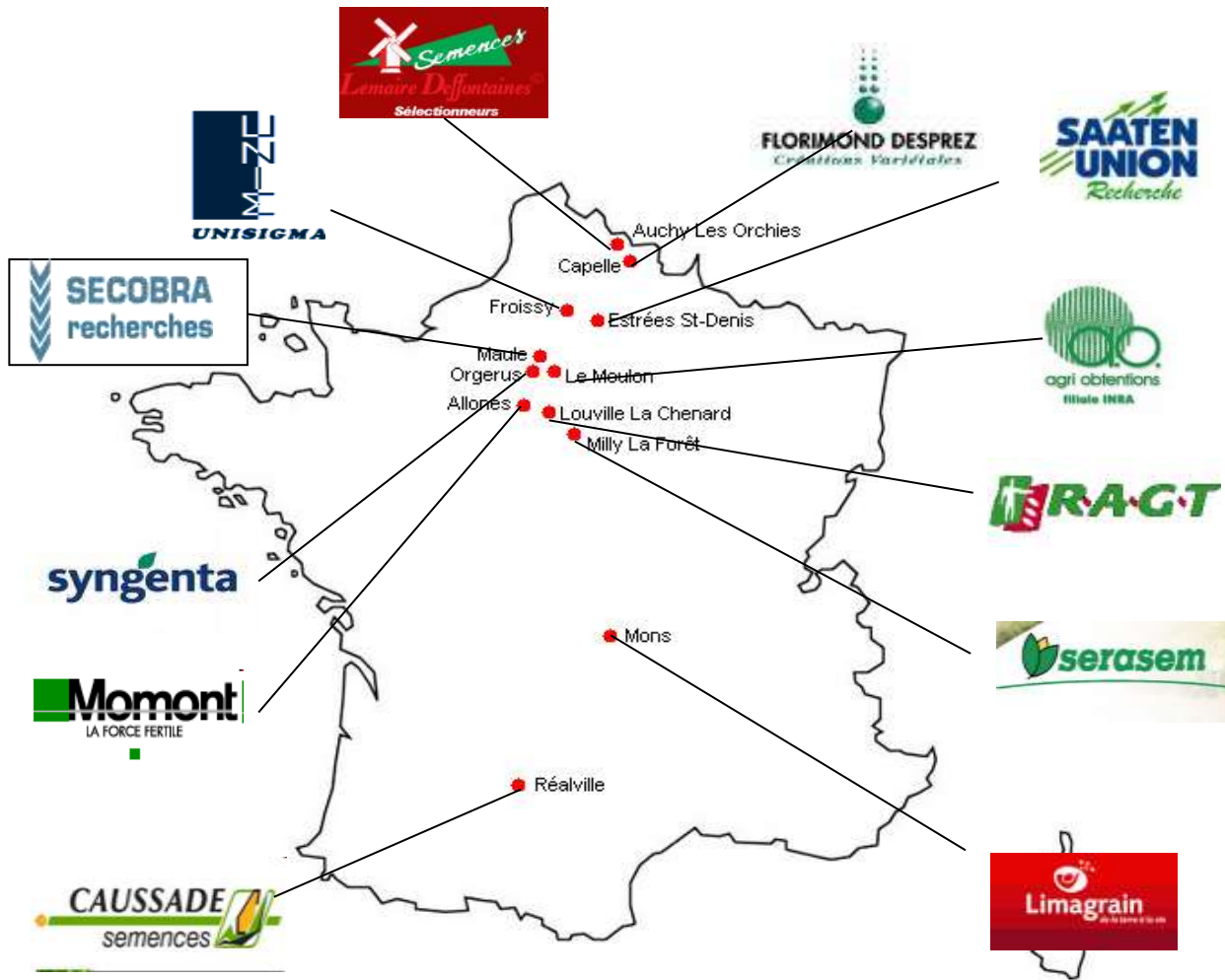


WP2: caractérisation moléculaire des 1782 accessions (INRA Clermont-Ferrand)



WP3: analyse des données

Réseau UFS d'évaluation des ressources génétiques blé tendre



10 traits

Précocité d'épiaison
Hauteur
Densité de l'épi
Verse
Présence de barbes

Sensibilité aux maladies
Rouille jaune
Rouille brune
Septoriose
Fusariose
Oidium

12 lieux - 600 acc. / année - 3 ans

ANOVA sur les témoins

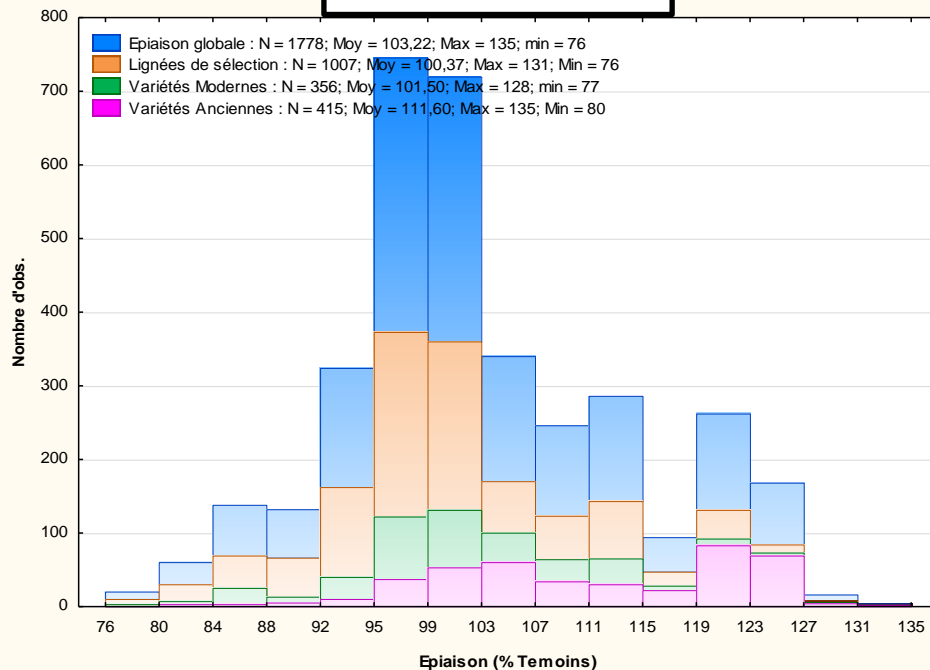
Trait	Source	SM	F	P
Epiaison	Genotype	41274.9	3.94975	0.000169
	Year	255798.9	24.47833	0.000002
	GxY	2979.6	0.28513	0.998658
Hauteur	Genotype	1063.917	25.42666	0.000000
	Year	1592.439	38.05786	0.000000
	GxY	58.174	1.39031	0.146192
Densité de l'épi	Genotype	0.88769	0.19909	0.993448
	Year	47.67568	10.69266	0.001746
	GxY	0.39118	0.08773	1.000000
Verse	Genotype	11.1138	2.50275	0.013929
	Year	192.5333	43.35701	0.000000
	GxY	2.3306	0.52482	0.943565

effet année toujours hautement significatif
Effet génotype plus faible que l'effet année
interaction GxE non significative

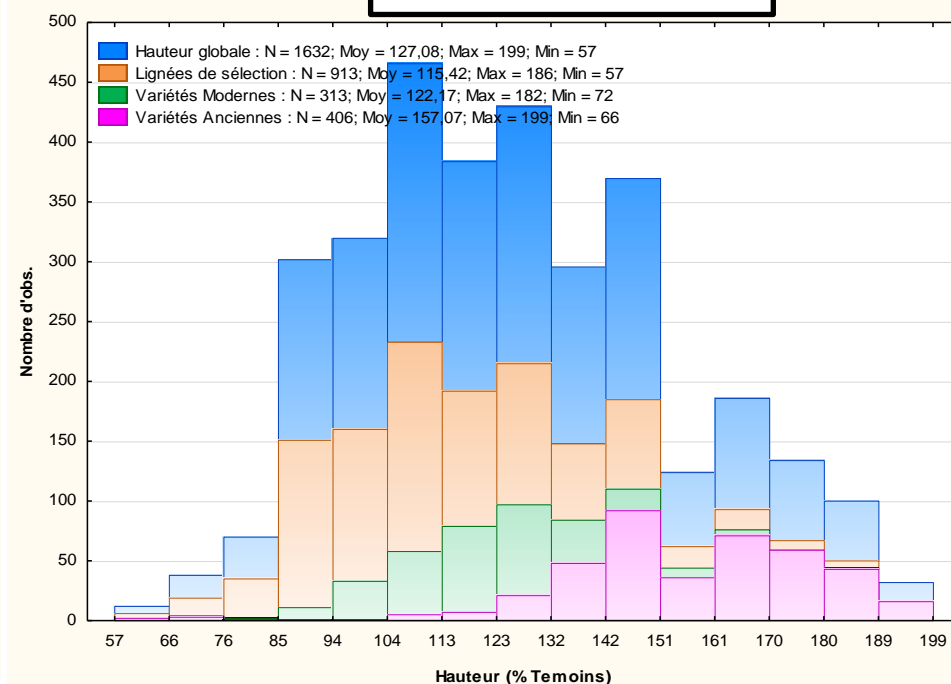
-> effet année corrigé par % de la moyenne des témoins

Exemples de distribution de caractères

Date d'épiaison



Hauteur de plante



Collection entière

Lignées de sélection

Variétés modernes

Variétés anciennes

Epiaison moyenne des témoins = 1450°j

Hauteur moyenne des témoins = 80 cm

Sensibilité aux maladies fongiques

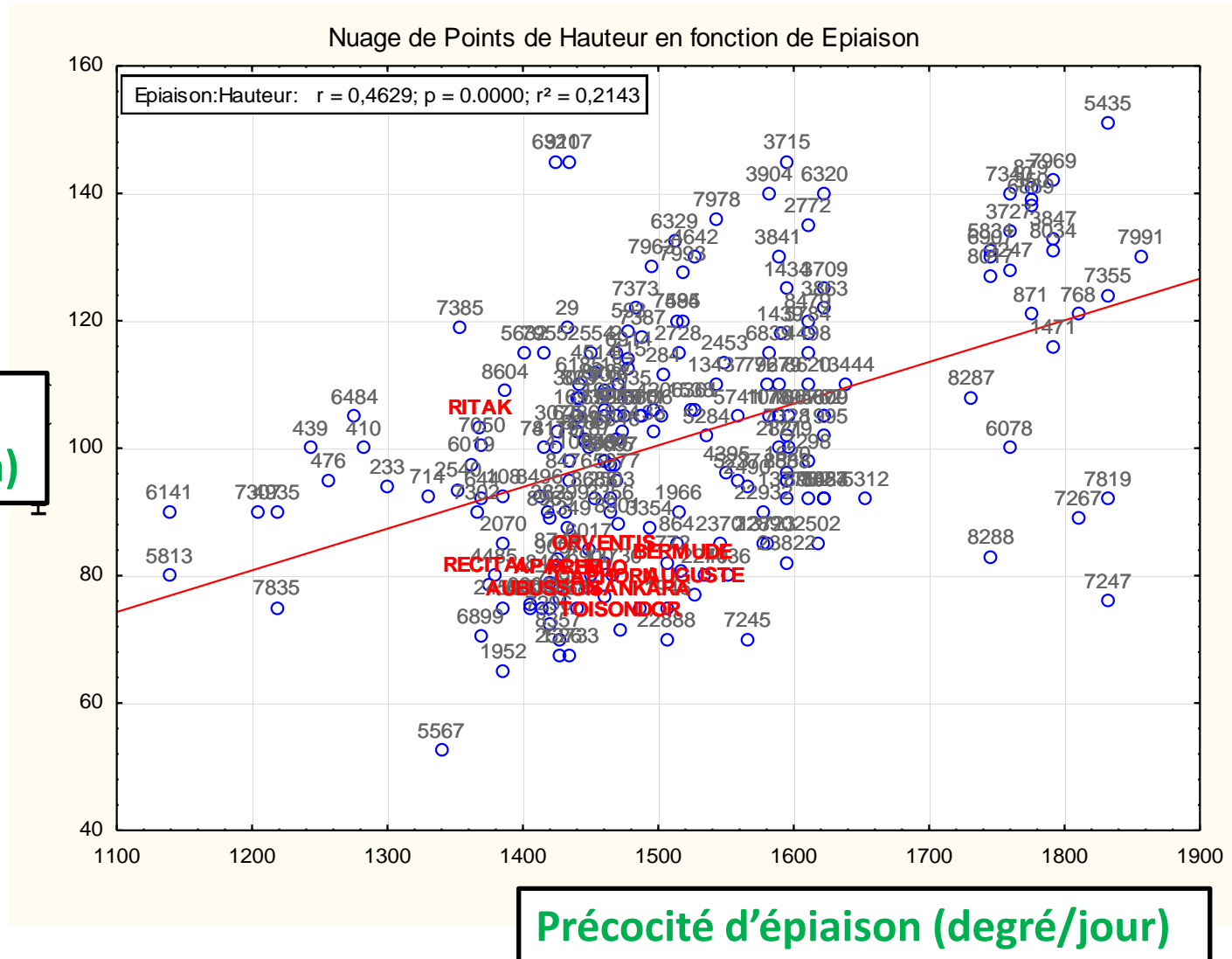
Absence d'observation dans certains lieux

Fortes corrélations entre différents lieux la même année

- > analyse comparative , année par année, pour la sensibilité aux maladies
- > construction d'un index empirique de résistance pour chaque maladie
- > établissement d'un panel généraliste de 190 accessions présentant un bon niveau de résistance générale pour rouilles jaunes et brunes, septoriose, fusariose et oidium
- > établissement de 5 panels spécialisés pour chaque maladie

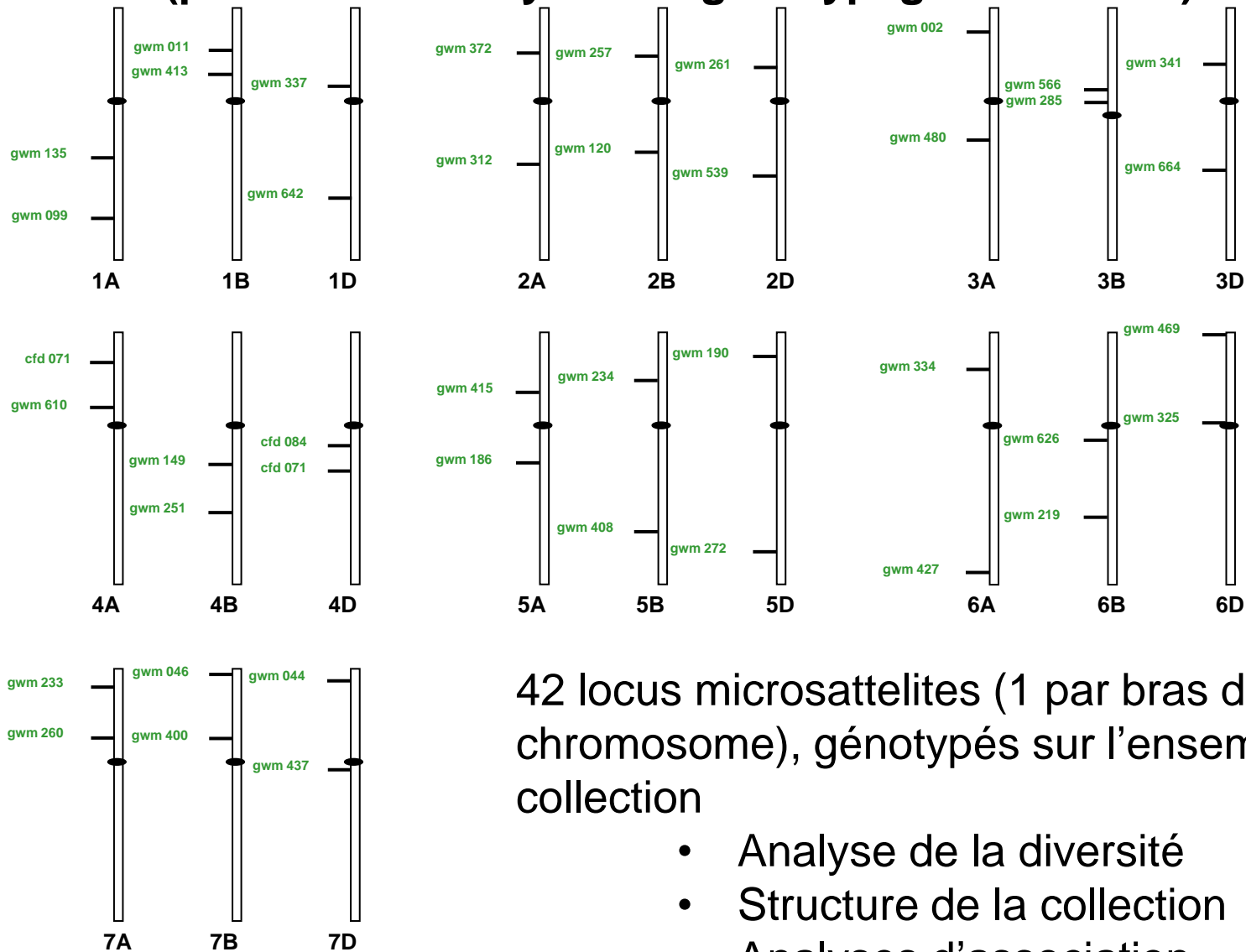
Total de 452 accessions sélectionnées

Panel généraliste de 190 blés français résistants aux maladies



Evaluation moléculaire de la diversité

(plateforme Gentyane de génotypage haut-débit)



42 locus microsattellites (1 par bras de chromosome), génotypés sur l'ensemble de la collection

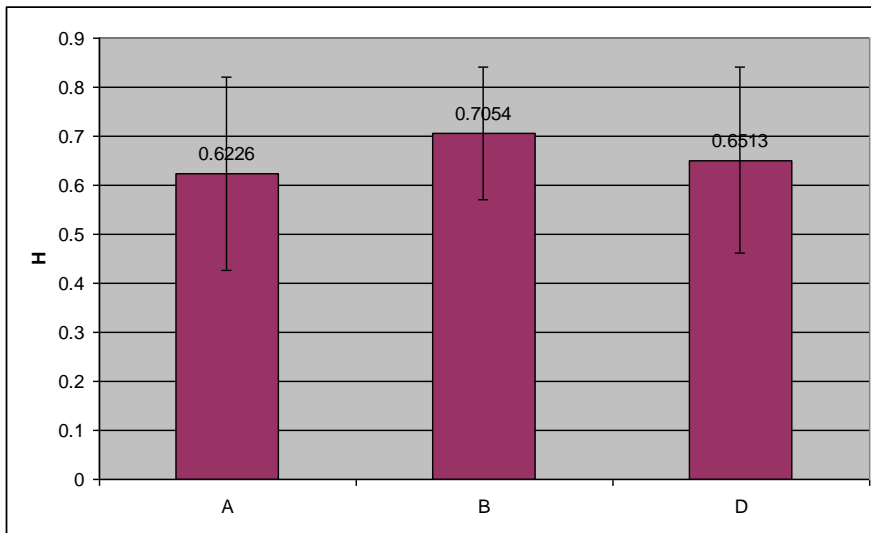
- Analyse de la diversité
- Structure de la collection
- Analyses d'association

Diversité génétique globale dans la collection nationale blé tendre

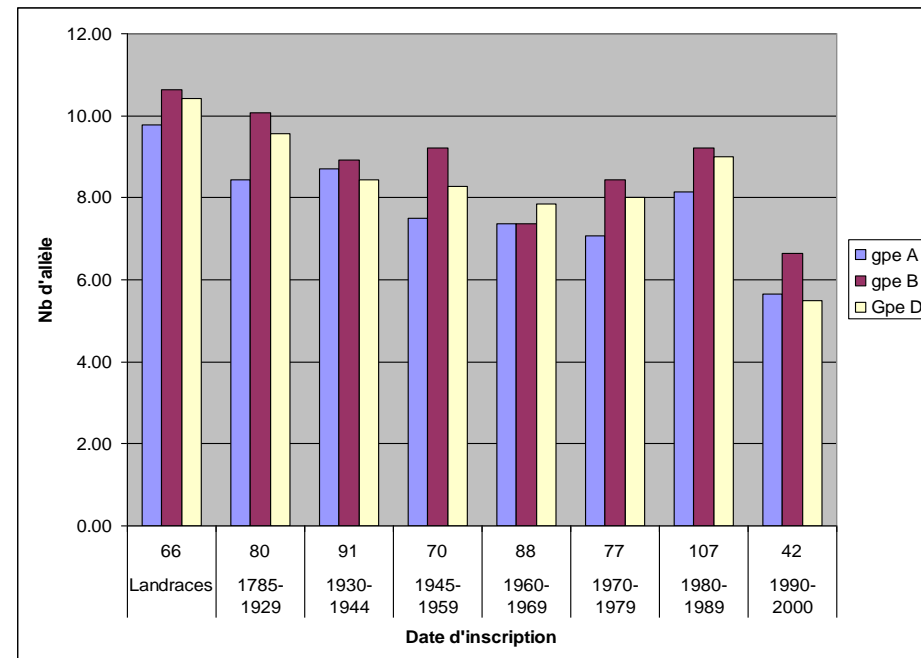
Large diversité intra populationnelle

- Nbr alleles/ locus varie de 4 to 53
- Indice de Nei variant de 0,26 to 0,85

Indice de Nei par groupe d'homéologie :
Pas de différence significative entre A, B et D

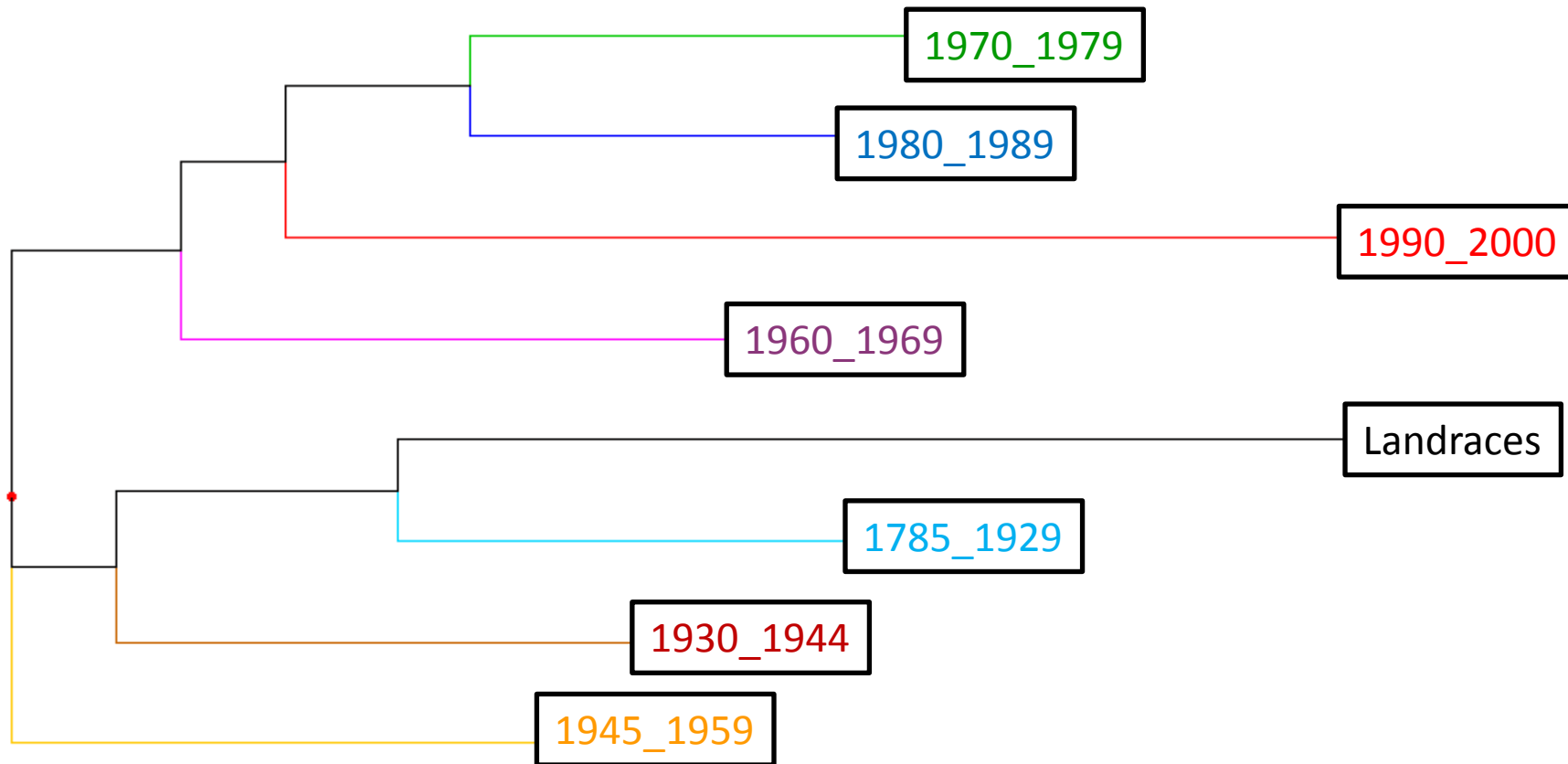


Evolution significative du nombre d' allèles entre landraces et variétés en relation avec la période d'inscription



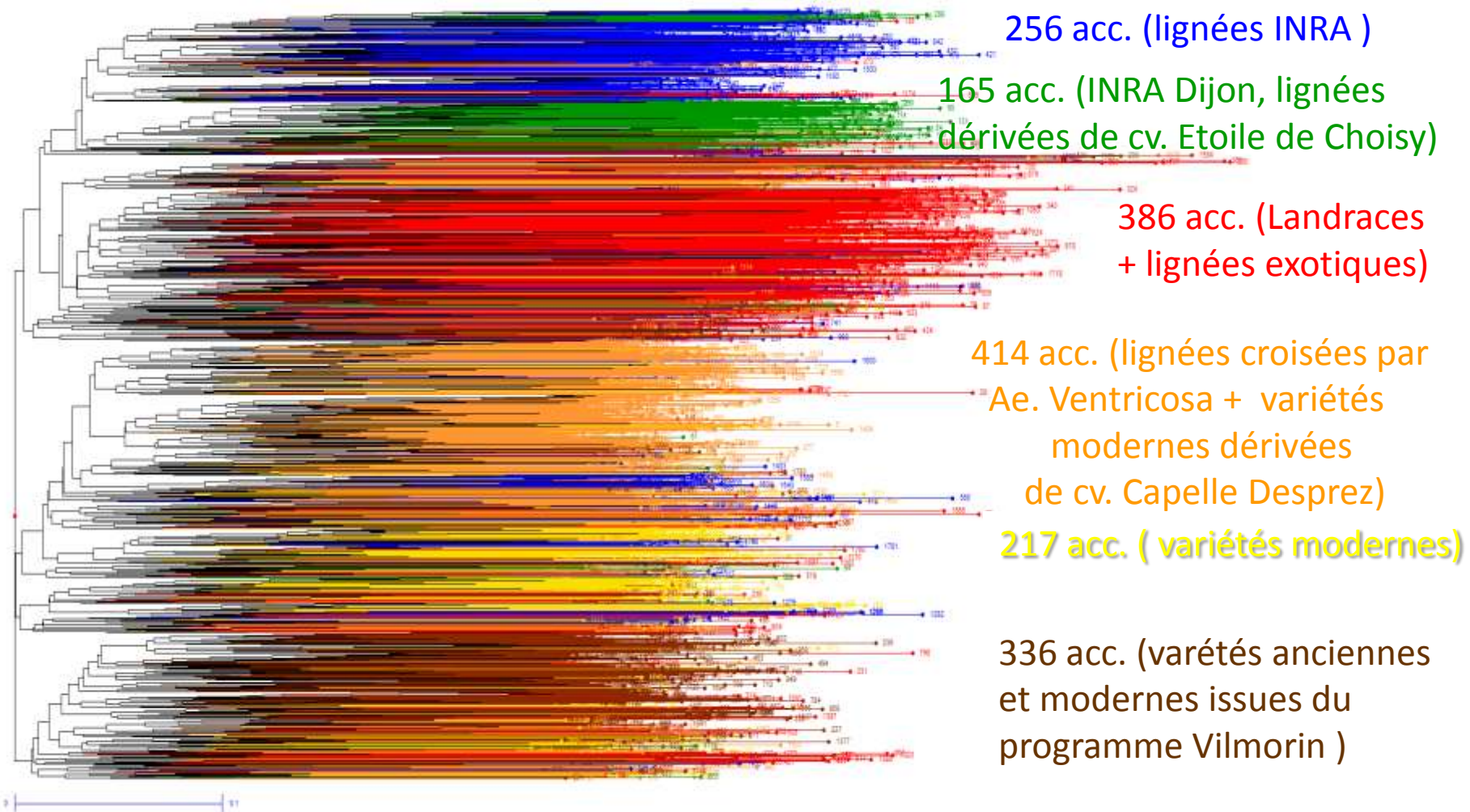
Structuration de la diversité dans la collection

- Forte structuration temporelle liée à la période d'inscription au catalogue
- Absence ou faible structuration liée au sélectionneur d'origine



Arbre de classification entre groupe d'accessions de même période d'inscription

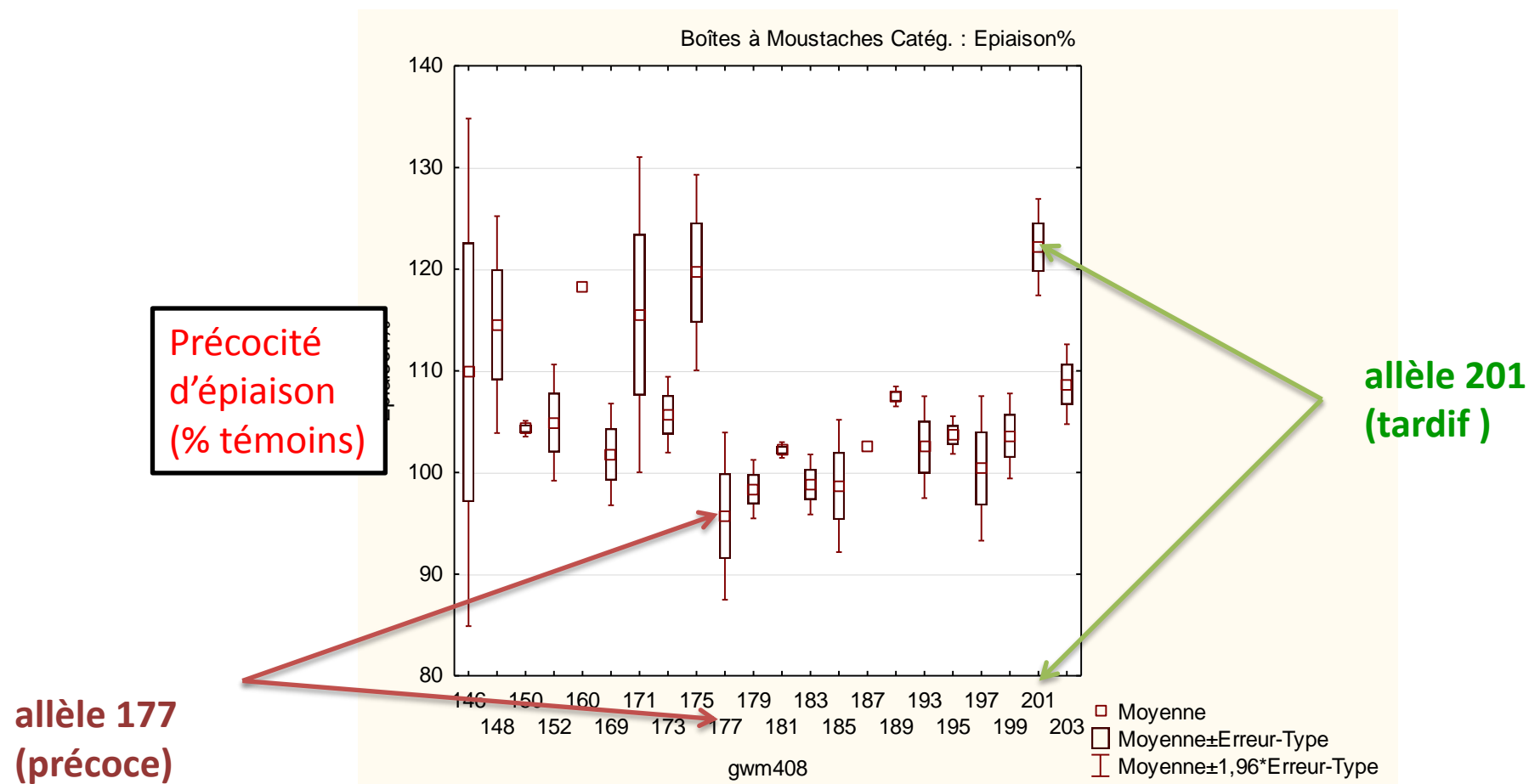
Structuration de la diversité moléculaire de la collection nationale blé tendre



Arbre de classification Neighbor-Joining des 1783 accessions la collection nationale blé tendre basé sur 42 marqueurs microsatellites

Associations entre traits and marqueurs

Détection d'un total de 130 associations significatives ($p < 0.001$)



Box-plots de la date d'épiaison (en % témoins), selon les différents allèles observés au locus Xgwm408, proche du gène *Vrn1-B* sur le chromosome 5B

Systeme d'Information sur les REssources Génétiques végétALES

The screenshot displays the Siregal website interface. At the top, there is a header with the ZURGI logo and the text "GnpIS GENETIC AND GENOMIC INFORMATION SYSTEM". Below the header, there is a navigation menu on the left with sections like "Log in", "My Siregal", "Preferences", "Mail", "Global queries", "Queries", "Accession", "Documentation", "Grids", and "Links". The main content area features a central grid of plant species images, each with a label: Grapevine, Medicago truncatula, Melon, Small grain cereals, Fava, Lettuce, Maize, Cherry, Pepper, Giant Legumes, Flax, Jicama, and Beans and turf. To the right of the grid, there is a "News" section with several entries, each dated and providing information about updates to the system (e.g., "Siregal 1.7.2 is now available").

<http://urgi.versailles.inra.fr/siregal/siregal/welcome.do>



Accession: AUTOMNE ROUGE BARBU



My basket
0 item(s)

Main
Home
Preferences
About

Queries
Taxon
Accession
Simple
Passport

Documentation
User guide
How to order
FAQ
SIReGal news
Release notes

Links
Data submission
GnpIS
Ephesis
GnpArray
GnpGenome
GnpMap
GnpProt
GnpSeq
GnpSNP
Genetic Resources

Identification



Accession number :	1117
Accession name :	AUTOMNE ROUGE BARBU
Synonyms :	BLE D'AUTOMNE ROUGE BARBU [Français] BLE BRUN D'HEIDENBERG [Français]
subspecies :	Triticum aestivum aestivum
Pedigree :	variété locale
Biological status :	Traditional cultivar/landrace
Comment :	-

Origin

- Geographical origin : [France](#)
- Holding institution : [UMR Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales, INRA Clermont](#)

Evaluation data

	Growth class	Hiver - Winter
-		
- Days to heading (Counted as days from sowing to 50% of panicles fully emerged)		149,8
-	Scale of days to heading	8
-	Plant height (cm)	145
-	Scale of plant height	9
-	Susceptibility to <i>Puccinia recondita</i> (Leaf rust) - Year 2000	5
-	Susceptibility to <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>hordei</i> (Yellow rust) - Year 2000	1
-	Scale of 1000 kernels weight	3
-	Wheat awnness	7

Distribution

Presence status :	Maintained
Available :	Yes
Distributor(s) :	UMR Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales, INRA Clermont

Collections

Part of : [SOFT WHEAT FAO COL](#)

Conclusions et perspectives

- Description exhaustive de la collection nationale blé tendre dans un réseau collaboratif INRA-UFS
- Large diversité, tant agro-morphologique que moléculaire, utilisable dans les programmes d'amélioration variétales
- Identification de groupes d'accessions spécialisés, destinés à la sélection pour la résistance aux principales maladies fongiques
- Analyses de diversité et de structuration génétique de la collection permettant des premières approches de génétiques d'association à poursuivre dans l'avenir...
- Une collection nationale de blé tendre aujourd'hui déclarée à la FAO en tant que contribution française à l'International Treaty on Plant genetic Resources for Food and Agriculture
- Intégration des données d'évaluation en cours sur SIREGAL et les bases européennes, permettant une valorisation accrue de la diversité génétique dans les programmes d'amélioration du blé tendre

Remerciements



• UFS cereal section

- E. Margalé (Serasem)
- F. Minard (RAGT)
- J. Auzanneau (Agri-Obtentions)
- P. Giraudeau (Secobra)
- S. Dutriez (Caussade Semences)
- S. Sunderwirth (Momont)
- B. Duperrier (Limagrain- Verneuil)
- V. Lein (Staaten Union)
- J.M Delahaye (Lemaire Deffontaines)
- S. Regnault (Unisigma)
- P. Lonnet (Florimond Desprez)
- S. Caiveau (Syngenta)



• INRA GDEC Clermont-Fd

- A. Didier (gestionnaire CRG)
- L. Bardy (multiplication, distribution des semences)
- M. Deloche (animation réseau)
- E. Boulat (CDD sur projet)
- F. Exbrayat (genotypage)
- N. Guilhot (bioinformatique)
- C. Poncet (plateforme genotypage)

• INRA URGI Versailles

- S. Durand (Siregal)

