

COLNATOR - Amélioration de la gestion de la COLlection **NAT**ionale d'**O**rge

**Balfourier F.¹, Bardy L.¹, Deloche M.¹, Exbrayat F.¹, Luguin A.¹, Capon S.², Genty A.², Gillard E.²,
Guiziou C.², Herbommez JF.², Leroy N.², Ricordel D.², Rouillet G.², Snijders C.²**

¹UMR INRA/UCA 1095 GDEC Génétique Diversité et Ecophysiologie des Céréales, Clermont-Ferrand

²UFS, Union Française des Semenciers, Paris



Contexte

- Ressources génétiques (RG) = point de départ à la création variétale pour une agriculture durable, dans un contexte socio-économique et environnemental changeant (démographie, exportation, changement climatique global..)
- Collection de RG gérées à bon escient =
 - Décrites pour données de passeport -> traçables et utilisables selon réglementation
 - Génotypées et phénotypées -> valorisables + rapidement en sélection
 - Multipliées et conservées selon des normes de qualité -> distribuables

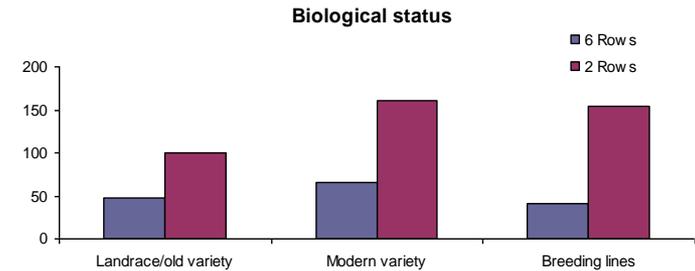
Objectif du projet

- Améliorer la gestion partenariale de la collection nationale orge entre l'INRA et les membres de l'UFS pour être en mesure de proposer rapidement du matériel génétique + facilement utilisable et permettant de répondre aux nouveaux enjeux de l'agriculture française

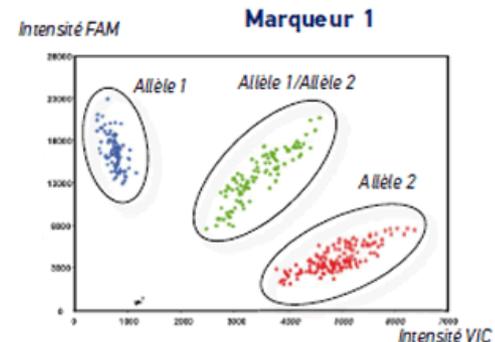


Actions menées

- Définition des contours de la collection nationale, intégration des passport-data dans les BD (SIREGAL, EURISCO, GBIF) et multiplication des accessions: 275 orges d'hiver (OH) + 275 orges de printemps (OP)
- Évaluation agro-morphologique de la collection globale en microparcelles implantées en 10 lieux sur 2 années : +/- 10 traits/lieux
 - précocité, hauteur, sensibilité à la verse, nbr. de rang et compacité de l'épi
 - sensibilité éventuelle aux principales maladies (rouille naine, oïdium, rhynchosporiose, helminthosporiose, ramulariose).
- Génotypage de la collection :
 - Sélection et design d'amorces Kaspar réparties sur les 7 chromosomes
 - Génotypage sur puces Fluidigm

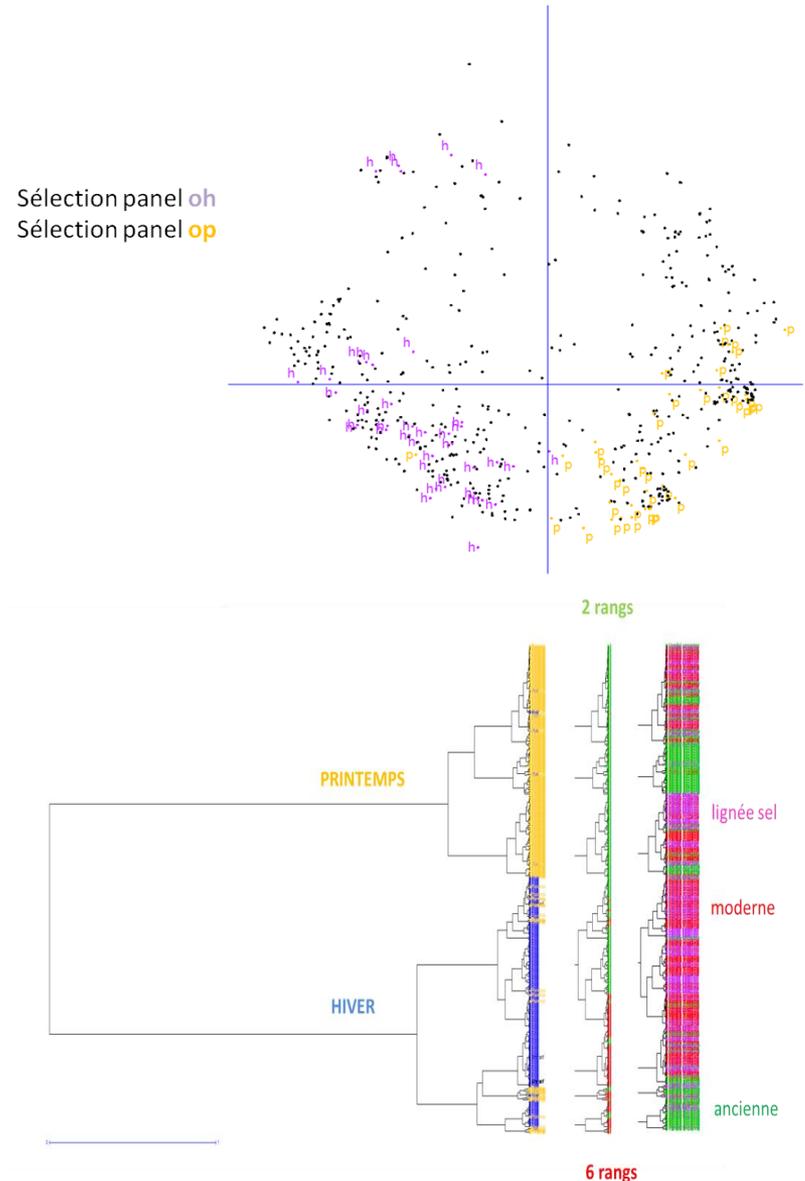


SNP (Single Nucleotide Polymorphism)



Principaux résultats

- Mise en évidence d'une très large diversité pour les caractères agro-morphologiques étudiés, utilisable dans les programmes d'amélioration de l'orge
- Sélection de deux panels d'accèsions (Hiver/printemps) « résistantes » aux 5 pathogènes
- Définition d'un jeu de 1056 marqueurs moléculaires facilement utilisables
- Présence d'une forte structuration génétique liée au type de développement et au nombre de rangs de l'épi
- Premières approches d'analyses d'associations géno-phénotypiques : 1666 associations significatives (LOD score >3)



Conclusion et perspectives

- Développement de synergies et de méthodologies communes entre les différents partenaires UFS et le CRB INRA ,quant à la gestion des CN, ayant conduit à:
 - La description exhaustive de la collection nationale orge dans un réseau collaboratif INRA/UFS
 - Le financement, accepté en 2019, d'un nouveau projet CASDAR sur la rhynchosporiose de l'orge (projet RHYNO déposé par ARVALIS avec les mêmes partenaires), utilisant et valorisant la CN et les premiers résultats de GWAS
- Mise progressive des données en accès libre sur la base nationale SIREGAL de gestion des RG :
 - Forte augmentation de demandes de lots de semences de la CN déposées au CRB (664 en 2016 -> 2459 en 2018)
- Une collection nationale à déclarer à la FAO comme contribution française au TIRPAA