



Retour sur 15 ans
d'études
et
de valorisation
des ressources génétiques
primaires du blé dur

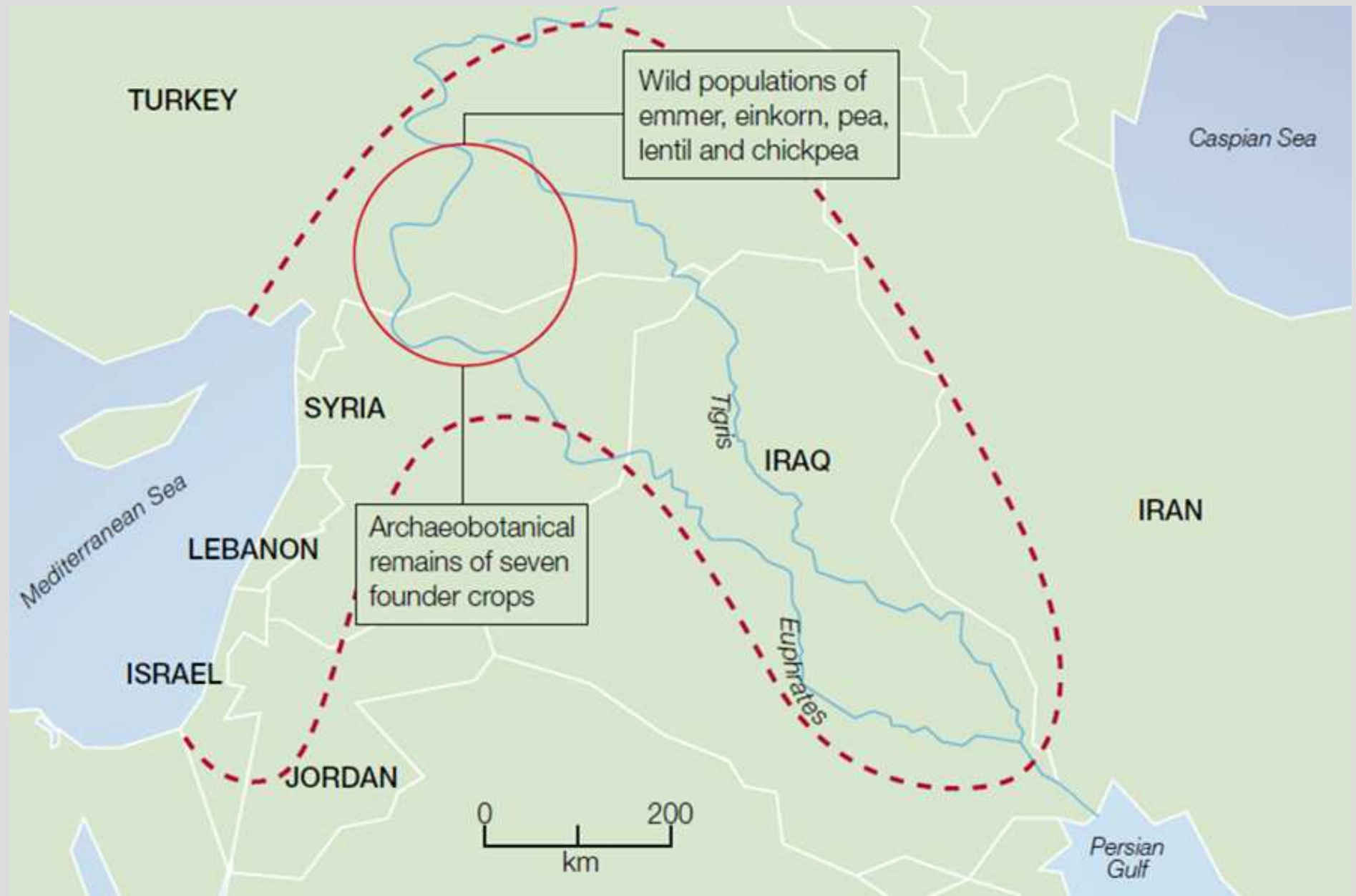





Cent siècles d'histoire du blé
Un bilan de diversité
Valorisation de la diversité
Perspectives

Paysage d'Anatolie

Le Proche-Orient : le berceau de l'agriculture européenne





La période néolithique

(-12000 / -5500 ans)

Culture et agriculture

Site mégalithique de Göbekli Tepe, Turquie

Des espèces sauvages poussant en communauté,

T. dicoccoides :

- aptitude à la compétition
- adaptée à la dispersion
- développement & environnement
- grains
 - riches en protéines
 - petits et protégés



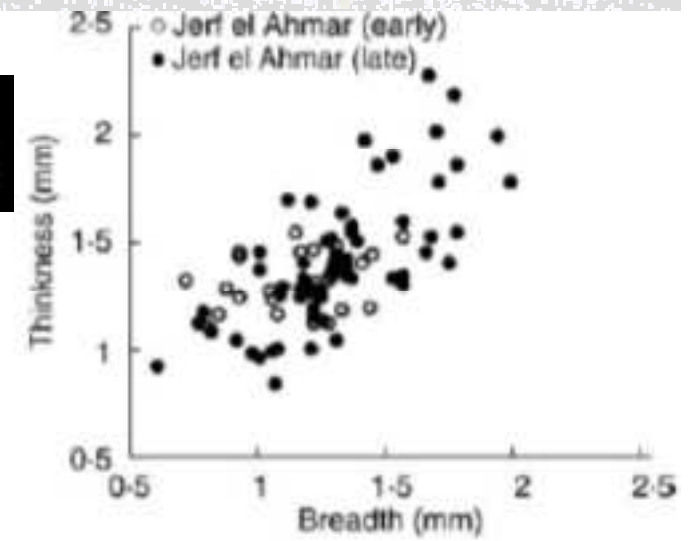
Savane arborée, alentours du Lac de Tibériade,
Galilée



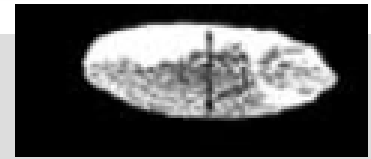
La première transition domestique : l'amidonnier



Des modifications nombreuses
Des caractères primitifs



Restes carbonisés, bases



Apparition des formes modernes (-7000 ans)



- Formes à grains nus
- Différents taxons dont durum wheat



Diffusion des blés cultivés dans l'espace européen

-7000 BP

-7500 BP



-10 000 BP

-8000 to -7000 BP

XIXième Siècle : sélection généalogique



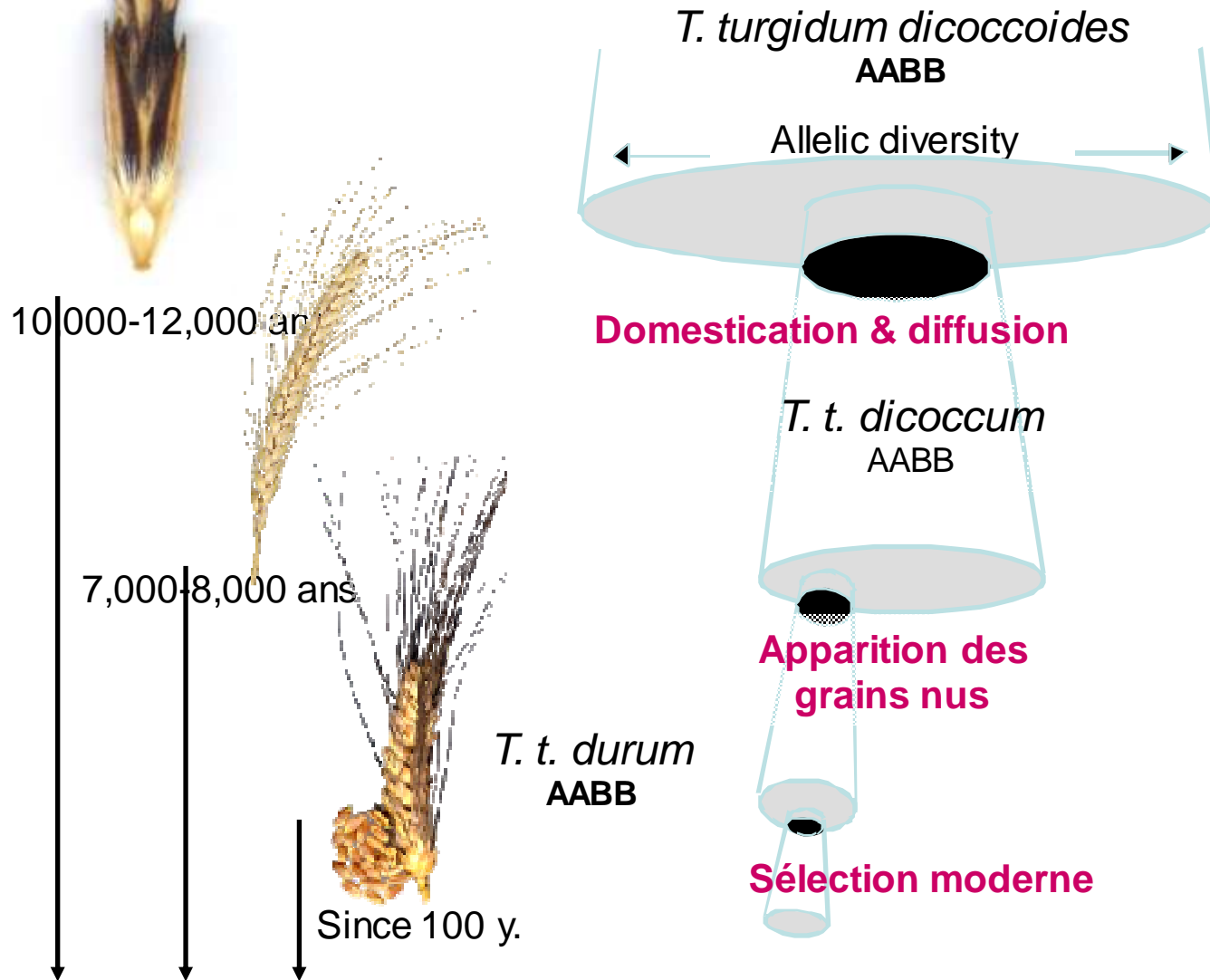


Cent siècles d'histoire du blé
Un bilan de diversité
Valorisation de la diversité
Perspectives

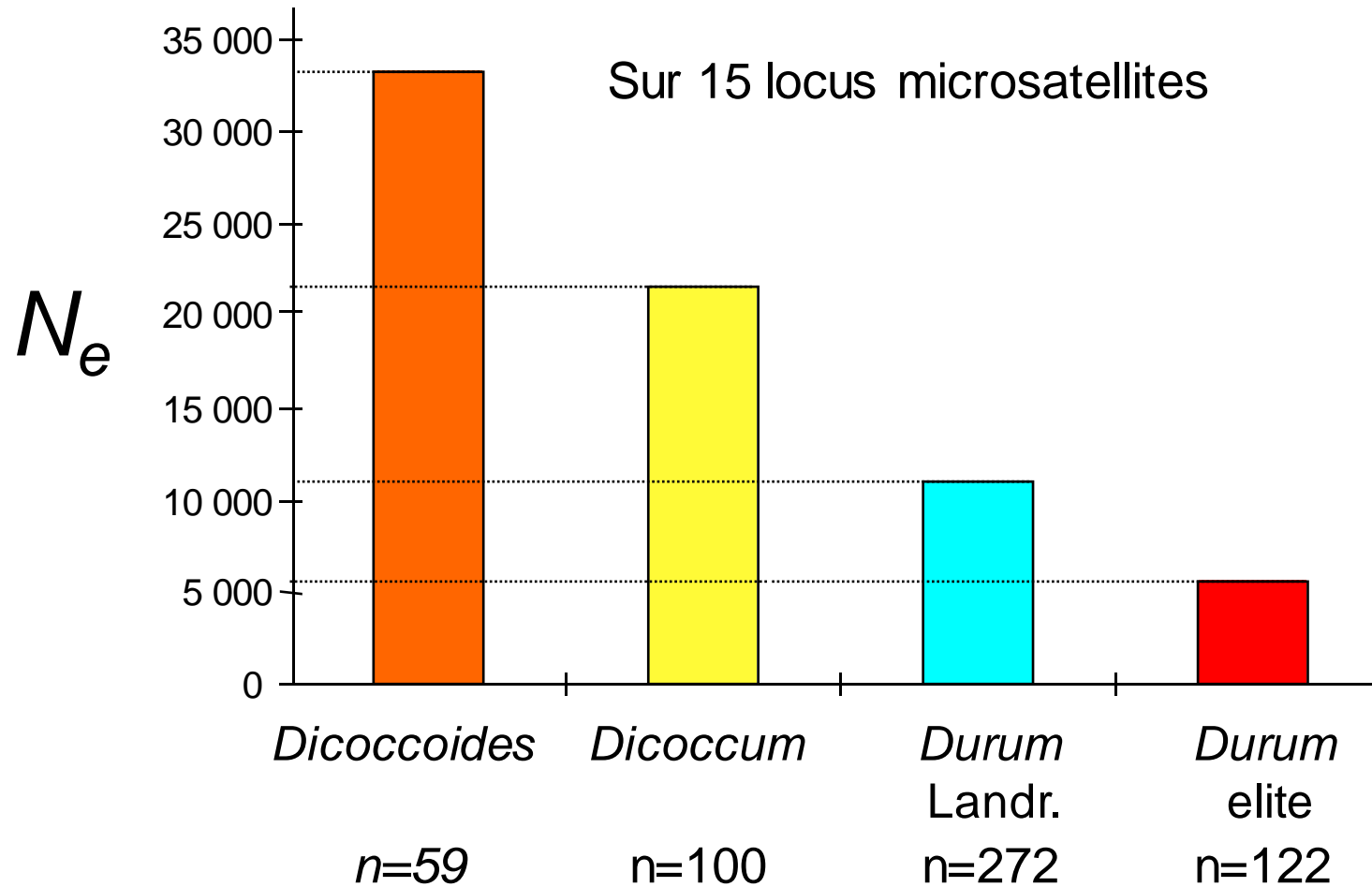
Paysage d'Anatolie

En résumé, un scénario évolutif de l'espèce

10 000 ans de goulots d'étranglements successifs, adaptations et dérives locales, de migration et de mélange

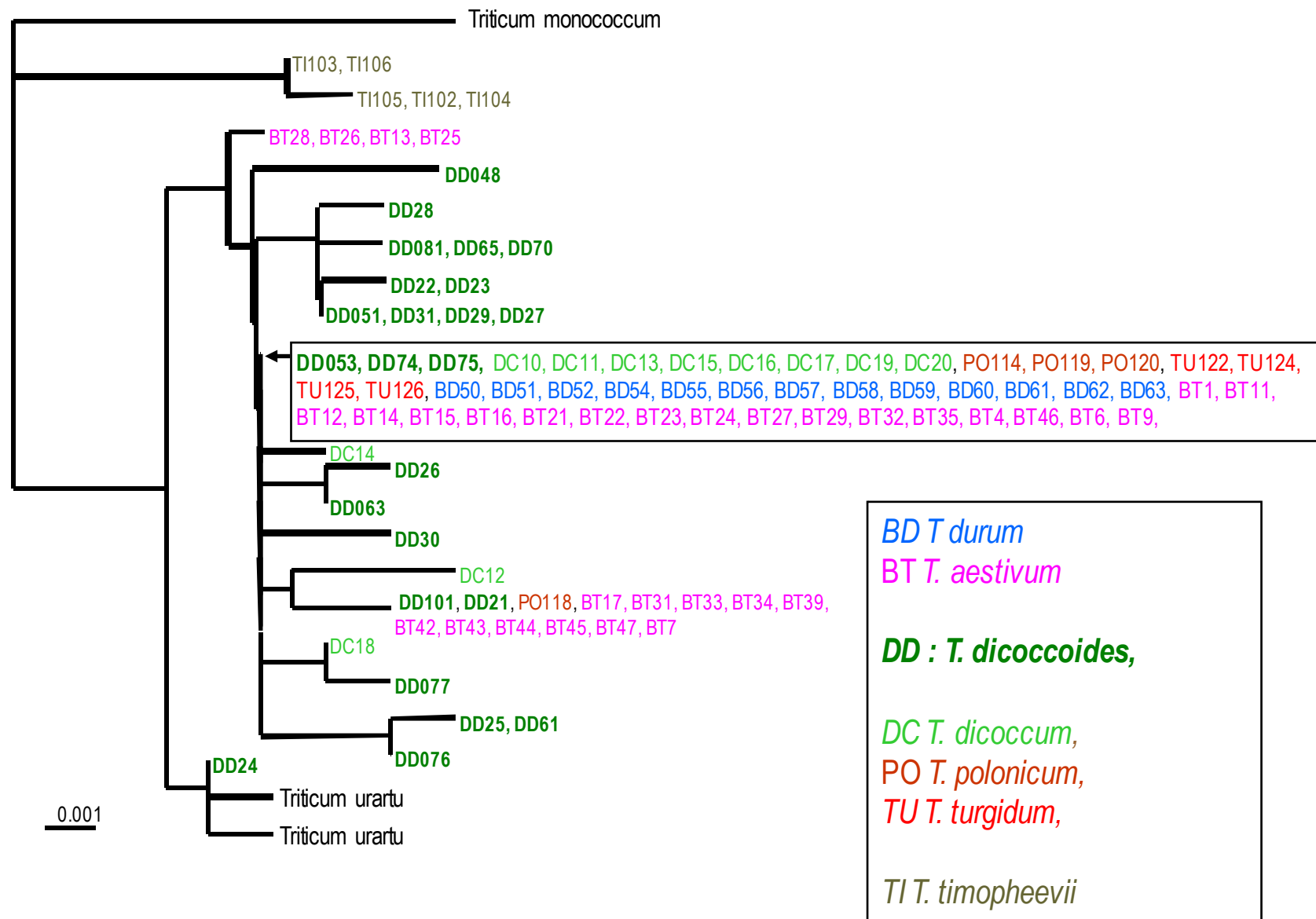


Perte de la diversité (en unité de taille efficace)



$$\alpha = \frac{Ne_{Dd}}{Ne_i} = 1 < 1.5 < 3 < 5.9$$


Evolution de la diversité haplotypique gène de la the Gsp-1 sur le génome A



1 allele chez *T. durum* , 5 alleles non-synonymes in *T. dicoccoides*

Bilan de diversité

- Le blé dur moderne a une diversité génétique très réduite
- Les formes sauvages, primaires et à grains nus renferment une importante diversité génétique
- Un challenge : leur utilisation en sélection
- Quelle valeur pour les caractères d'intérêt ?



Cent siècles d'histoire du blé
Un bilan de diversité
Valorisation de la diversité
Perspectives

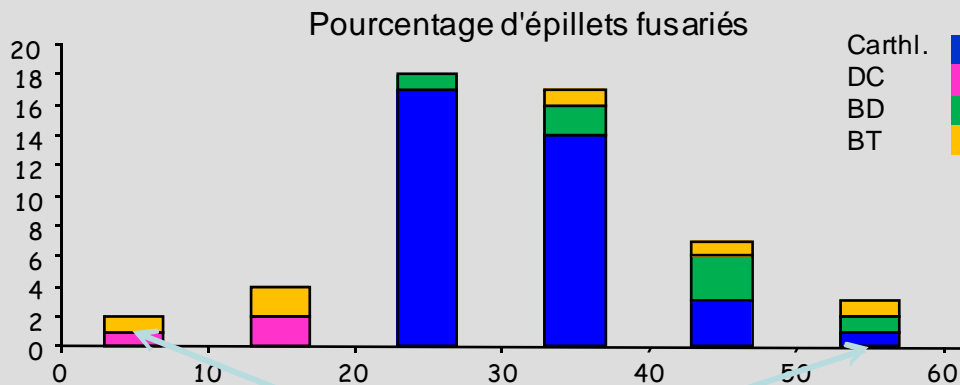
Paysage d'Anatolie

T dicoccum comme source de résistance à la fusariose

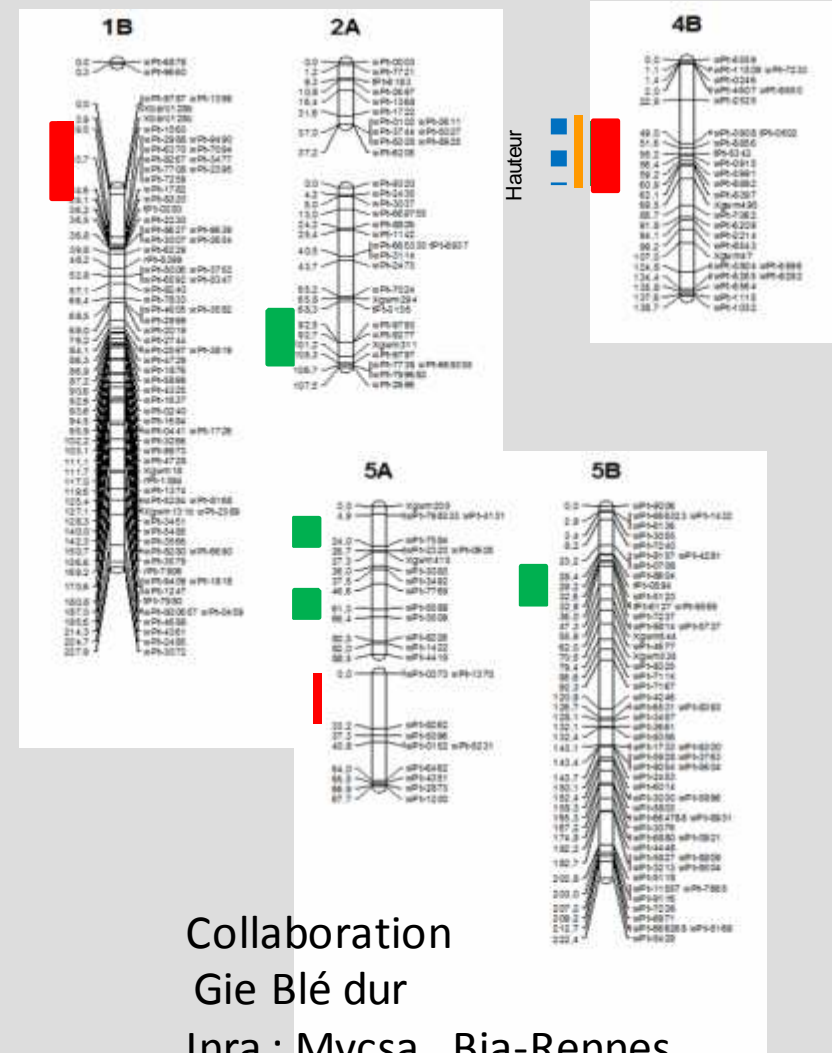
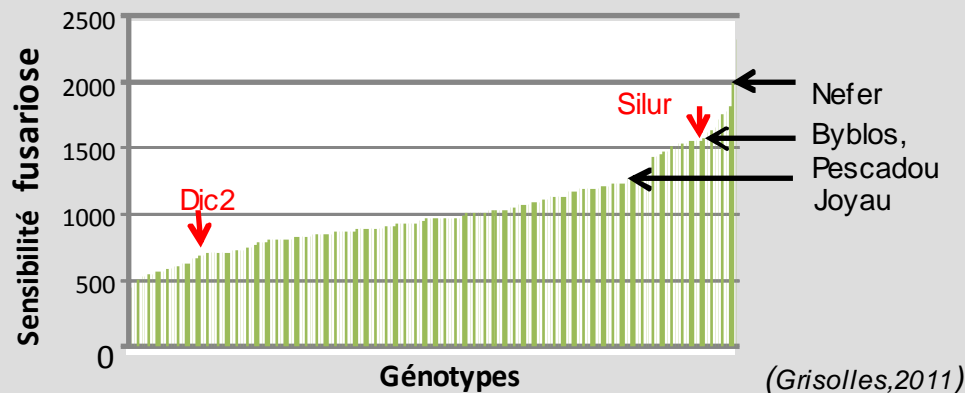
(Poster M. Trottet)

Contrat de branche 2010

- Des teneurs en DON plus faibles
- Une meilleure résistance aux symptômes



Création d'une Population Dic2 X Silur



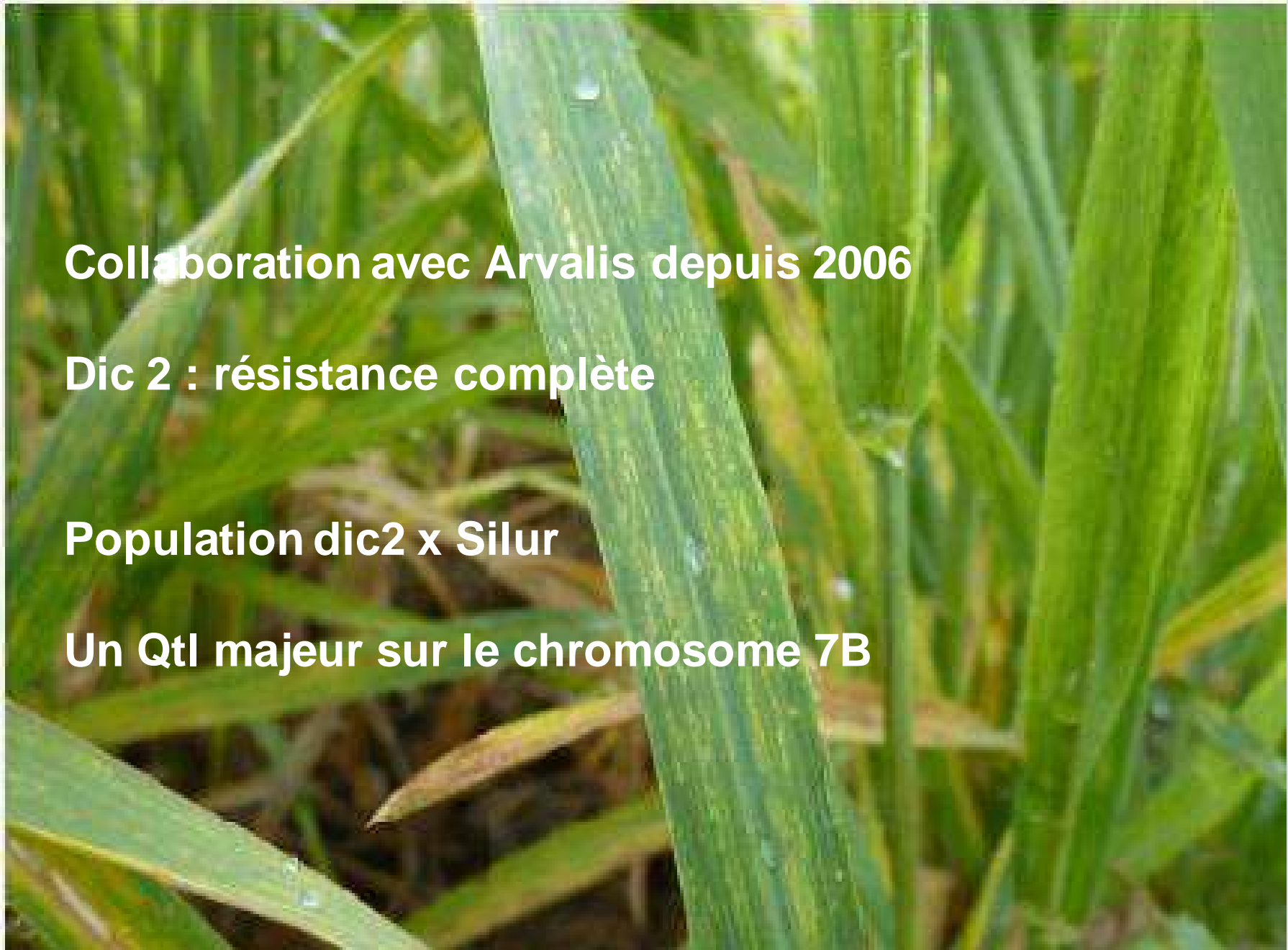
T dicoccum comme source de résistance aux mosaïques

Collaboration avec Arvalis depuis 2006

Dic 2 : résistance complète

Population dic2 x Silur

Un Qtl majeur sur le chromosome 7B



Deux modes de valorisation de la diversité (I)

En sélection généalogique classique

En collaboration avec le GIE Blé dur (Contrat de branche 2005)

Croisements entre des accessions "4X" x Lignées Elite

croisement primaire : 4X x Elite

Back-crosses (durum)

Re - Croisement entre descendants sélectionnés

INRA

Environ 300 croisements et descendances F2 distribués au GIE

GIE

Sélection & Fixation

Evaluation commune du matériel

Pour l'INRA, en relation avec Agri – Obtention, un programme de sélection généalogique

Un réseau collaboratif

Architecture : DESPREZ, SERASEM

Froid : RAGT

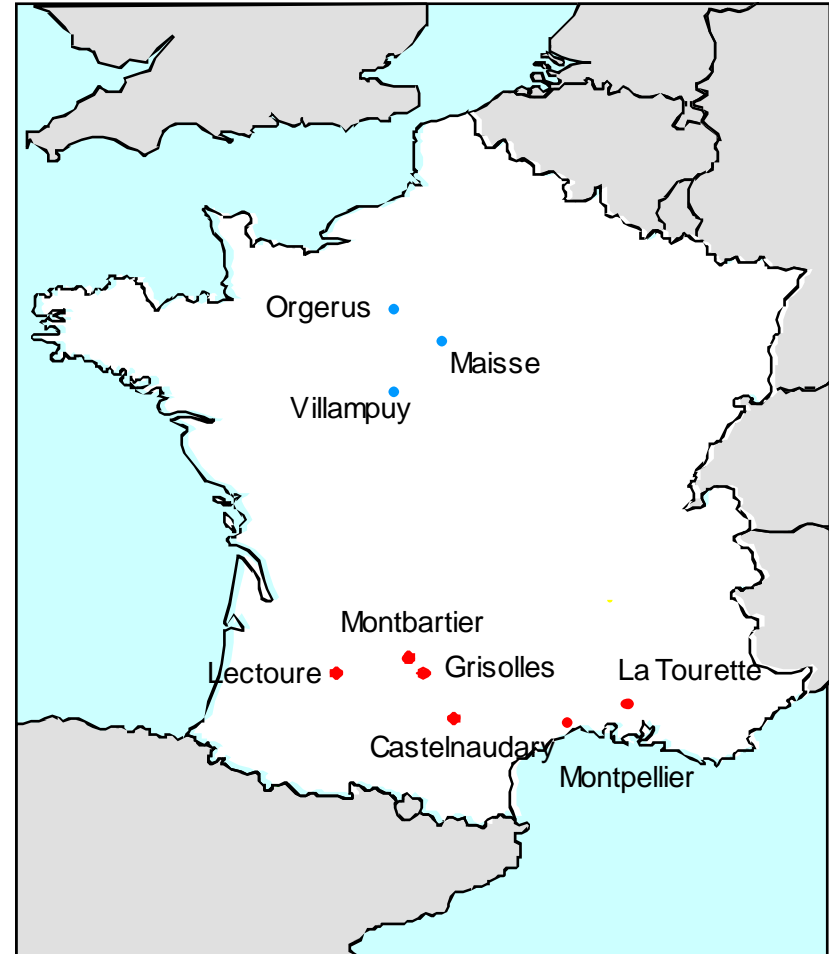
Maladie foliaire:

GAE, RAGT, INRA,
EURODUR, DESPREZ

Fusariose: BENOIST, ARVALIS

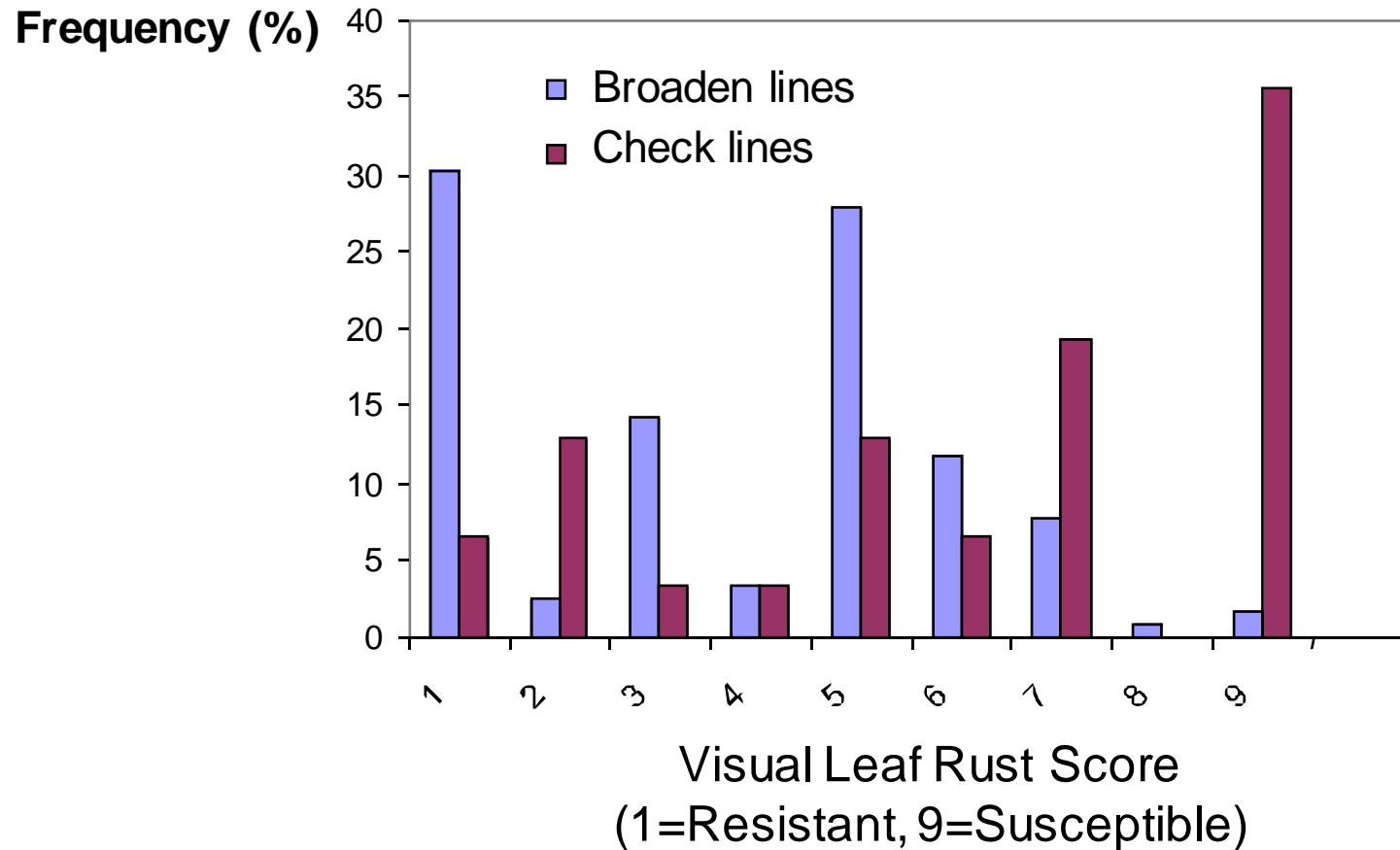
Qualité: INRA (Nirs prediction)

Virus : ARVALIS



Un exemple sur la résistance à la rouille

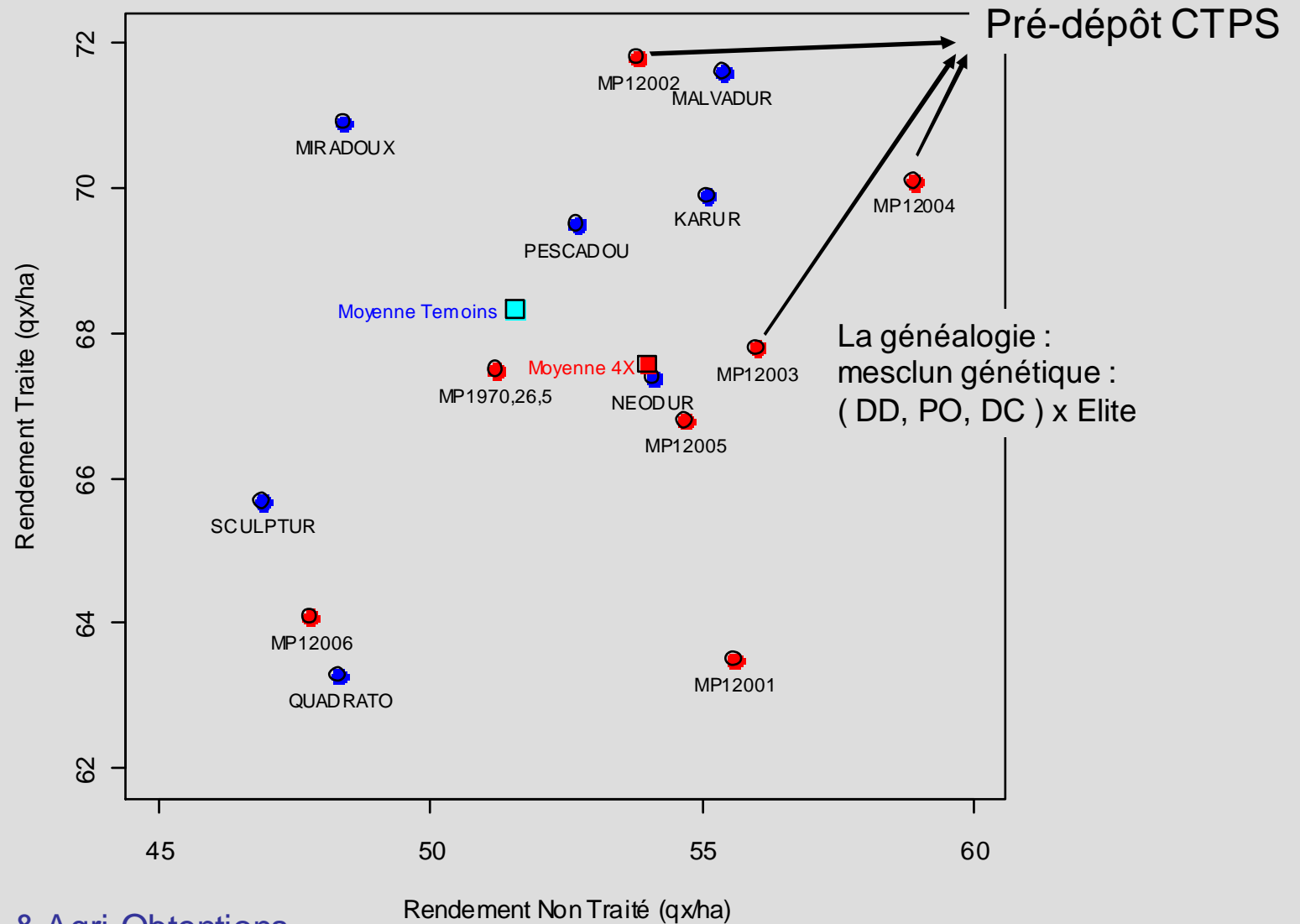
« GIE Blé dur » de 2002 à 2005



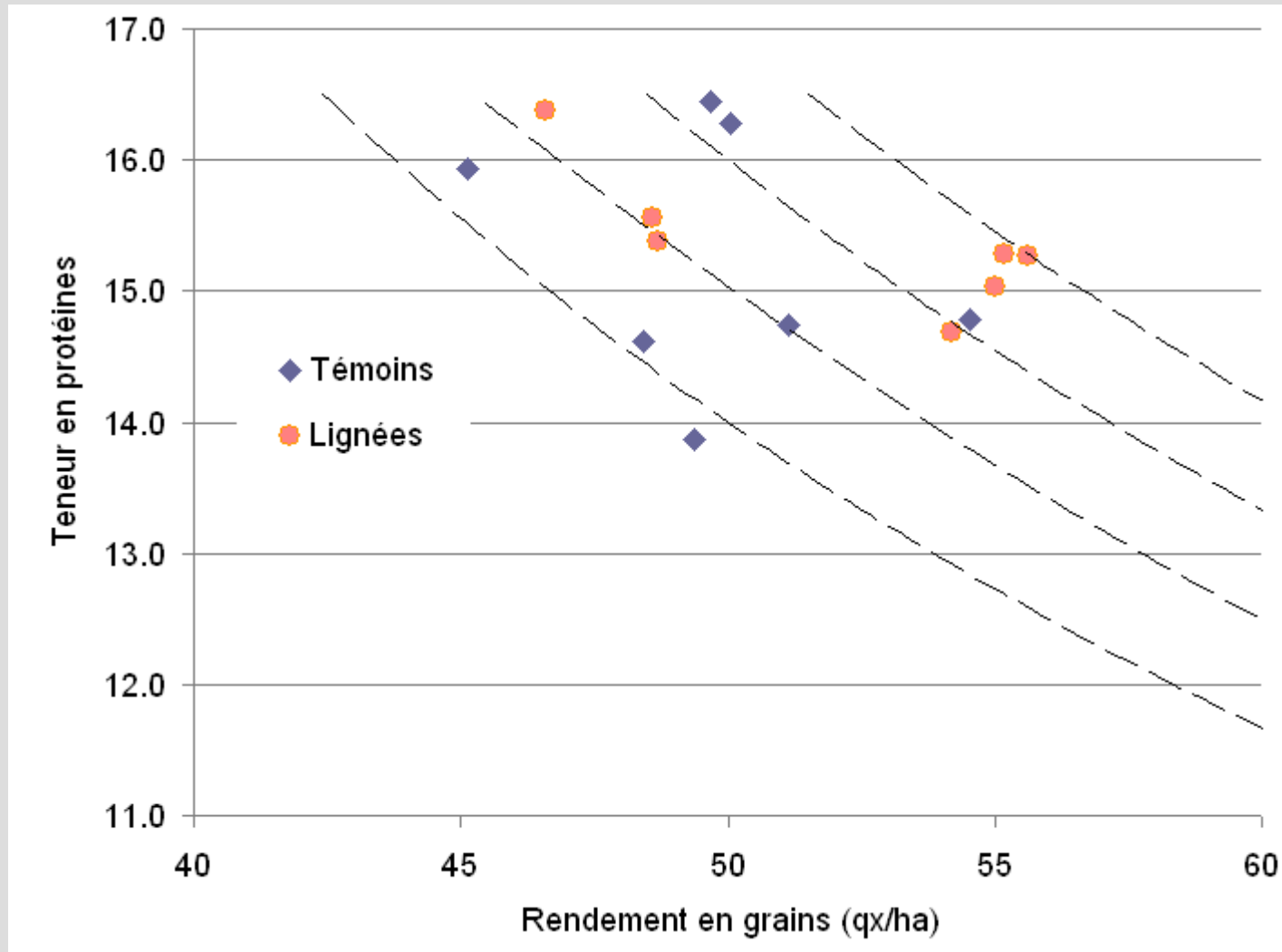
→ 50% broaden Lines \leq 4 (only 20% in check lines)

Progrès génétique : productivité & rusticité

Résultats des essais multi-locaux 2012
(Agri-Obtention : 6 sites)



Progrès génétique : productivité & qualité



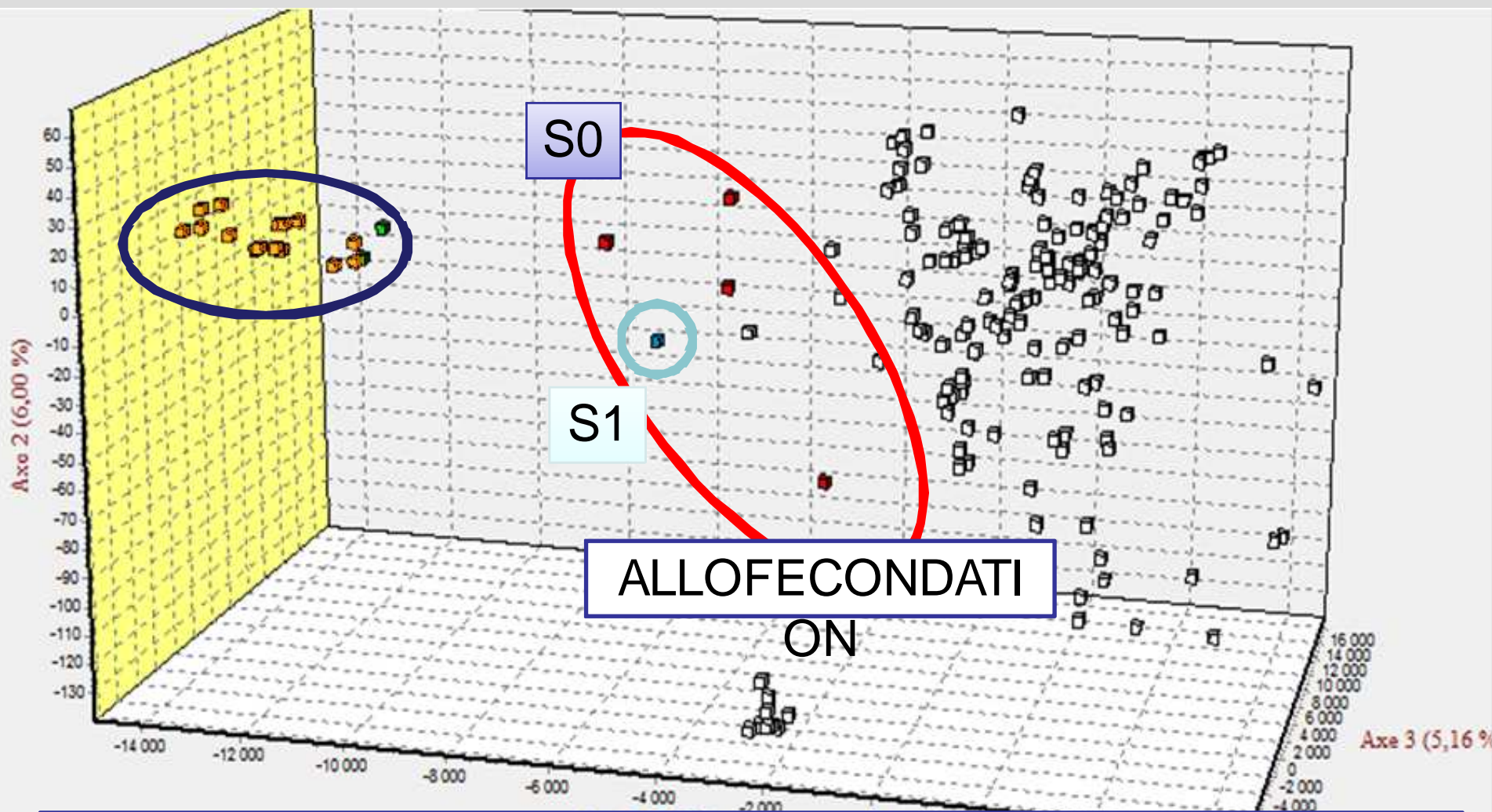
Deux modes de valorisation de la diversité (II) Une approche populationnelle

Pre-breeding :

- population à base génétique large
- améliorée progressivement pour des caractères d'intérêt
- Stérilité mâle pour brasser la diversité

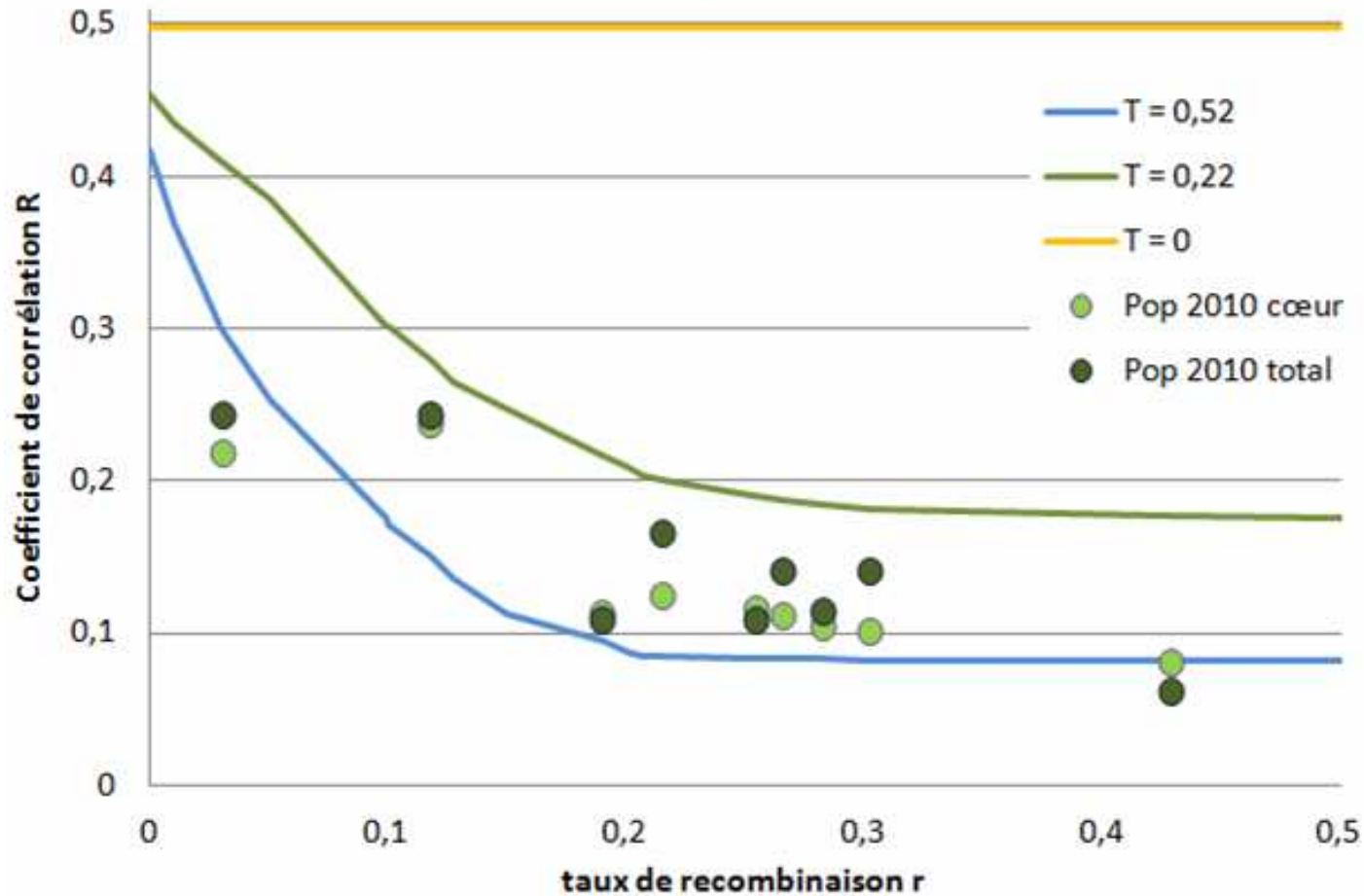


Fonctionnement de la population



Les bonnes lignées du programme de sélection généalogique progressivement intégrées dans la diversité de la population

Evolution du DL dans la population



Faible DL dans la population

Ressource de qualité pour la génétique d'association



De nouvelles ressources

Pour le développement d'une production durable

- NUE & développement
- Maladies : fusariose, virus, rouille
- Qualité

Source d'allèles et de SNP

- Cartographie
- Genome Wide Association Genetics
- Prédiction génomique

Projet EPO sur le transcriptome

Meta-programme : SELGEN

7eme PCRD : KBBE

Remerciements

UMR AGAP

Sylvain Santoni, Morgane Ardisson, Christiane Borries,
Amandine Bordat, Anne-Céline Thuillet, Annabelle
Haudry, Sébastien Poirier

Gérard Poux, Béatrice Ramora, Aline Rocher, Frédéric
Compan, Véronique Viader

Muriel Tavaud, Constance Vagne,

Arvalis

Michel Bonnefoy

UMR Bia

Maxime Trottet

UR Mycsa

Florence Forget

GIE Blé dur et Agri-Obtentions