



### Conservation et évaluation d'espèces agronomiques majeures

Le Centre de Ressources Biologiques (CRB) des Céréales à paille est rattaché au centre INRA Auvergne Rhône-Alpes et fait partie de l'UMR INRA-UCA 1095 Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales. Il est certifié selon la norme **NF S 96 900**.

Les **principales missions** du CRB céréales à paille sont :

- **Décrire et évaluer** des collections de ressources génétiques de différentes espèces pour des caractéristiques agronomiques, mais également technologiques et moléculaires
- **Multiplier, conditionner, conserver et distribuer** des semences sous forme de lots, selon des normes de qualité et traçabilité
- **Gérer et diffuser** l'information scientifique et technique rattachée aux ressources



Un peu plus de **27 000 accessions** ou entités génétiques, composées de ressources génétiques patrimoniales (variétés de pays, lignées de sélection, lignées élites et variétés inscrites) sont maintenues à Clermont-Ferrand.

La collection globale se compose d'environ **14 000 blés tendres** (*Triticum aestivum*) et apparentés, **2 800 blés durs** (*Triticum durum*) et apparentés, **7 300 orges** (*Hordeum vulgare*), **1 400 triticales** (*X Triticosecale*), **1 300 avoines** (*Avena sp.*), **450 aegilops** et **100 seigles** (*Secale cereale*).

**CRB Céréales à Pailles**  
 INRA - UMR 1095 GDEC  
 5 Chemin de Beaulieu  
 63000 Clermont-Ferrand  
 Tél. : 04 43 76 15 00  
[crb-ara@inra.fr](mailto:crb-ara@inra.fr)  
[www6.clermont.inra.fr/umr1095](http://www6.clermont.inra.fr/umr1095)

### Pour en savoir plus

<https://breedwheat.fr/>

**Coordinateur :** Dr. Jacques Le Gouis, UMR GDEC - [jacques.le-gouis@inra.fr](mailto:jacques.le-gouis@inra.fr)

**Chef de projet :** Emmanuelle Lagendijk, INRA Transfert - [emmanuelle.lagendijk@inra.fr](mailto:emmanuelle.lagendijk@inra.fr)

**Responsable communication :** Bernard Bejar, Céréales Vallée  
[bernard.bejar@cereales-vallee.org](mailto:bernard.bejar@cereales-vallee.org)

Ce travail bénéficie d'une aide de l'Etat gérée par l'Agence Nationale de la Recherche au titre du programme Investissements d'avenir portant la référence ANR-10-BTBR-03, de France Agrimer et du FSOV.



## Caractérisation et exploitation de la diversité génétique

Février 2018

### 4 600 blés mondiaux : une nouvelle source de diversité pour la sélection de variétés adaptées aux nouvelles contraintes environnementales

Un des objectifs du projet BreedWheat est d'échantillonner une **vaste collection de 4 600 blés d'origines diverses** afin de décrire, à une large échelle, la diversité génétique de l'espèce

Un autre objectif est de définir, dans cette collection, un **sous-échantillon (ou panel) d'environ 450 blés** puis d'en fournir la semence aux autres partenaires du projet de façon à ce que ce panel soit plus finement caractérisé tant d'un point de vue moléculaire que pour la tolérance à des stress environnementaux.

Le but final est d'introduire par croisements naturels et de façon raisonnée **une diversité nouvelle** dans les programmes d'amélioration génétique du blé tendre en France, de façon à pouvoir répondre aux nouvelles contraintes environnementales et contribuer ainsi à une agriculture plus durable.



### Méthodologie d'échantillonnage utilisée

La collection INRA de blé tendre, conservée au sein du **Centre de Ressources Génétiques « Céréales à paille » de Clermont-Ferrand**, rassemble **11 960 blés tendres originaires de 108 pays différents**.



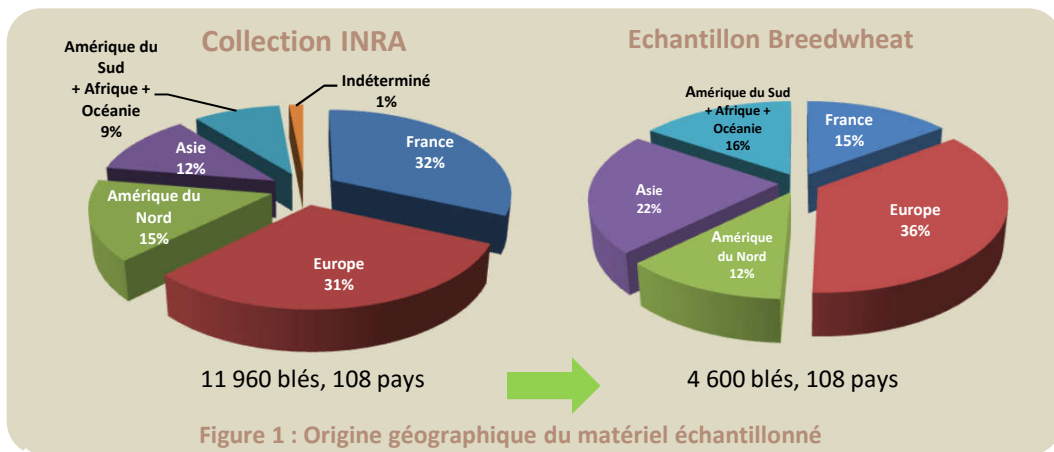
Les données disponibles sur ces blés sont principalement des **données dites de passeport**, comme l'origine géographique, la date d'inscription ou de première utilisation, le type de développement (hiver, printemps, alternatif), le statut (population de pays, variété inscrite ou lignée de sélection non inscrite) et la généalogie.

Quelques données de caractérisation moléculaire avaient montré que la diversité génétique au sein des collections de blé tendre n'est pas répartie au hasard mais peut au contraire s'expliquer d'une part en fonction de l'origine géographique du matériel, d'autre part en fonction de sa période de sélection et donc d'inscription.

Photos : © E. Boulat, M. Deloche, L. Bardy, A. Didier, S. Toillon, INRA

La méthodologie de choix des **4 600 blés utilisés dans le projet** a donc consisté à échantillonner une diversité mondiale optimale en se basant principalement sur les données de passeport. L'objectif était d'obtenir un échantillon relativement équilibré en taille entre pays, régions et périodes d'inscription de façon à refléter au mieux la structuration génétique du pool mondial de blé tendre.

## Composition de l'échantillon de 4600



### Origine géographique

L'échantillon **BreedWheat** est constitué de **4 600 blés** : 15% originaires de France, 36% d'Europe, 12% d'Amérique du Nord, 22% d'Asie et 15% du reste du monde, soit l'Afrique, l'Amérique du Sud et l'Océanie (Figure 1). La totalité des **108 pays d'origines**, de la collection complète de l'INRA, est représentée dans l'échantillon.

Par exemple, l'Europe est représentée par 2 329 blés originaires de 32 pays différents. La fédération de Russie regroupe 150 blés (121 occidentaux et 29 asiatiques) originaires de 28 régions différentes. 550 blés nord-américains ont également été échantillonnés, permettant de couvrir 29 états américains différents et 5 provinces canadiennes. Parmi les 1 008 blés asiatiques, 400 proviennent de 24 provinces chinoises. L'Amérique du Sud est également représentée par 319 blés originaires de 14 pays différents. Enfin, 214 blés ont été échantillonnés parmi 22 pays d'Afrique tandis que l'Océanie est représentée par 180 blés.

### Statut, type de développement, période d'inscription et généalogies

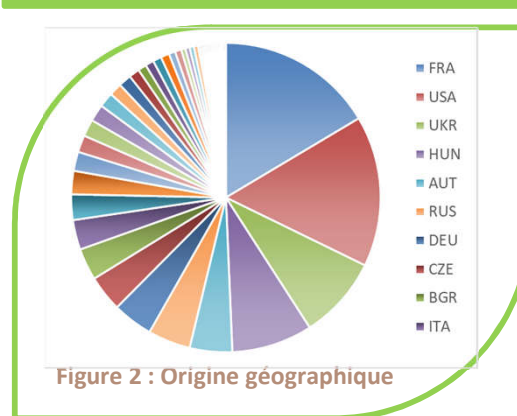
Parmi les 4 600 blés échantillonnés, 17% correspondent à des blés issus de populations dites « de pays » c'est-à-dire des variétés n'ayant pas été sélectionnées spécifiquement mais qui sont bien adaptées à leurs territoires, 73% sont des variétés inscrites au Catalogue Officiel (*i.e.* issues de la sélection moderne), tandis que le statut est indéterminé pour environ 10% des blés.

L'intérêt d'avoir des variétés de pays réside dans leur plus grande diversité par rapport aux variétés plus modernes qui ont subi un goulot d'étranglement (réduction de diversité) pendant les phases de sélection. Cependant, elles présentent souvent des caractéristiques agronomiques qui les rendent difficiles à utiliser directement dans les programmes de sélection.

## Un panel de 450 blés d'hiver: une nouvelle source de diversité pour les études de génétique de l'adaptation aux nouvelles contraintes environnementales

Les études de génétique permettant d'identifier les zones du génome qui sont impliquées dans la tolérance aux stress environnementaux nécessitent de disposer de panel de lignées montrant des comportements différenciés. Dans le cadre du projet BreedWheat, les partenaires ont décidé la constitution d'un panel de blé d'hiver (nommé BWP3) pouvant être caractérisé dans les conditions de culture européenne. La méthodologie de choix des **450 blés d'hiver** a consisté à échantillonner une diversité mondiale adaptée en terme de précocité et de hauteur des plantes et maximisant les possibilités de détection des régions d'intérêt. Plusieurs algorithmes statistiques ont été testés pour définir l'échantillon optimal.

## Composition et caractérisation du panel BWP3



De cette façon, 640 lignées ont été choisies et multipliées par les partenaires du projet. Après deux cycles de multiplication, le panel final BWP3 de 450 lignées a été constitué après élimination de lignées peu adaptées. Cet échantillon est composé de **lignées originaires de 48 pays** (Figure 2).

### Caractérisation de la tolérance aux stress

Ce panel de 450 lignées a été évalué au champ par les partenaires du projet. Un total de 11 expérimentations ont été conduites avec pour objectif de caractériser la tolérance des lignées pour les contraintes majeures de la culture de blé: résistance aux maladies (Septoriose et Fusariose), tolérance à la sécheresse et à un déficit en fertilisation azotée. Ces données seront combinées aux données moléculaires pour identifier les régions du génome impliquées dans la tolérance. Ces régions pourront être ensuite utilisées en sélection pour améliorer les variétés.

En conclusion, la **meilleure connaissance de la diversité génétique de l'espèce blé tendre** à différentes échelles spatiales et temporelles, contribuera au travers du projet BreedWheat **au développement futur de nouvelles variétés de blé pour une agriculture durable**. De plus, la mise à disposition de la communauté scientifique de la constitution du panel BWP3 permettra d'établir des collaborations au niveau national et international.

### Méthodologie

La première étape a consisté à sélectionner les lignées de type hiver, puis à limiter la gamme de précocité et de hauteur en éliminant les lignées trop hautes ou trop courtes, trop précoces ou trop tardives, pour faciliter leur culture dans les conditions françaises. Après ce premier tri, 1340 lignées candidates étaient disponibles. La deuxième étape a impliqué les données de marquage moléculaire obtenues dans le projet et des algorithmes statistiques permettant d'optimiser la puissance des études de génétique.

