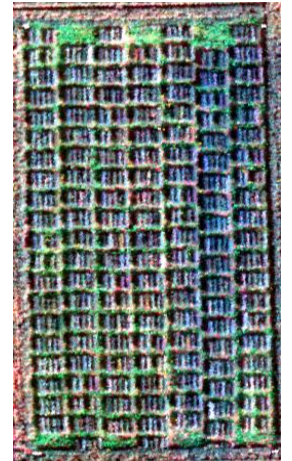
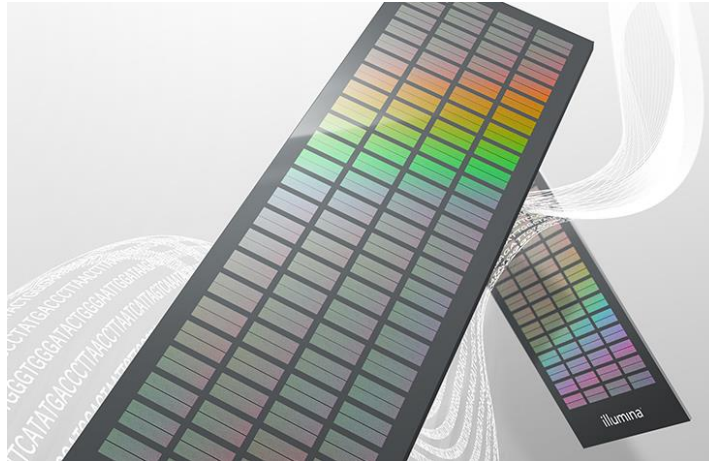


Projet GESEDON

Sélection génomique pour améliorer la résistance à la Fusariose et diminuer la teneur en DON dans le blé panifiable



Flavio Foiada, Patrick Krähenbühl, Dario Fossati, Steven Yates,
Andreas Hund

Journées Groupe Céréales Agroscope - INRA, 7. Mars 2023, Changins

Projet GESEDON – Les partenaires



Delley Semences et Plantes SA

Coordination du projet, fourniture du matériel génétique, 1x site d'essai, gestion semences et échantillons, analyse des données phénotypiques



Groupe de recherche Amélioration des grandes cultures et ressources génétiques

Fourniture du matériel génétique, 2x sites d'essai, production et fourniture de l'inoculum, données marquage moléculaire



Molecular plant breeding and crop phenotyping

Prédictions génomiques, soutien statistique, (high-throughput phenotyping)



Fusariose sur épi: Importance de la thématique

Liste recommandée des variétés de blé d'automne pour la récolte 2023

| Variété | TOP | | | | | | | | | | I | | | | | II | | | | | Fourrager | | Biscuit | | | | |
|--|-------|--------|-------------------|---------|---------|-------------------|---------------------|-------------------------|----------------------|---------|------------|-------|------------|---------------------|--------------|---------|-----------|------------|------------|--------|-----------|--------------------|--------------|--------|-------------------|-----------------|-------|
| | RUNAL | TITLIS | CH CLARO | CH NARA | PIZNAIR | AXEN ⁴ | DIAVEL ⁴ | MONTALBANO ⁴ | BONAVAU ⁴ | BARETTA | CADLIMO | ARINA | FOREL | SIMANO ⁴ | ALPVAL | HANSWIN | CAMPANILE | POSMEDA | LUDWIG | LEVIS | SPONTAN | PONCIONE | CAMPESINO | SAILOR | MULAN | DILAGO | |
| Année d'inscription | 1995 | 1996 | 2009 (dem. année) | 2010 | 2020 | 2022 (prov.) | 2020 | 2018 | 2022 (prov.) | 2018 | 2020 | 1981 | 2008 | 2012 (dem. année) | 2022 (prov.) | 2015 | 2021 | 2019 | 2004 | 1997 | 2017 | 2019 | 2022 (prov.) | 2015 | 2007 (dem. année) | 2019 | |
| Rendement (Extenso) ¹ | - | - | - | + | + | +++ | + | ++ | ++ | ++(+) | ++ | Ø | Ø | + | ++ | ++ | +++ | +++ | +++ | + | ++++ | ++++ | ++++ | ++++ | +++(+) | ++++ | |
| Rendement (PER) ² | - | - | + | -(-) | Ø | ++(+) | + | Ø | + | + | - | + | Ø | ++(+) | ++(+) | ++(+) | +++(+) | ++ | ++(+) | +++(+) | ++++ | ++++ | ++++ | +++ | +++ | +++(+) | |
| Précocité à l'épiaison ¹ | mt | t | mp | mt | mt | tp | tp | t | mt | t | t | t | mp | tp | t | mp | mt | mp | mt | mt | mt | t | mt | t | t | t | |
| Hauteur des plantes ¹ | m | ml | mc | tc | m | l | tl | m | c | ml | m | tl | m | c | m | m | m | tl | tl | c | m | l | c | ml | m | ml | |
| Verse ^{1,2} | ++(+) | ++ | +++ | +++ | + | ++ | ++(+) | +++ | +++ | ++ | + | Ø | ++ | +++ | +++ | ++(+) | ++ | + | + | +++ | +++ | + | +++ | ++(+) | ++(+) | ++ | |
| Oidium ¹ | ++(+) | Ø | + | ++(+) | ++(+) | Ø | ++(+) | ++ | + | ++(+) | ++(+) | Ø | + | ++(+) | Ø | + | + | + | + | Ø | ++(+) | ++ | ++ | ++ | + | Ø | |
| Rouille jaune ¹ | + | ++ | - | +++ | ++ | Ø | ++(+) | +++ | + | +++ | ++ | Ø | Ø | + | ++ | + | ++ | Ø | + | + | Ø | ++ | +++ | + | - | + | |
| Rouille brune ¹ | - | - | Ø | Ø | + | ++ | +++ | ++ | Ø | ++(+) | ++(+) | -(-) | -(-) | + | Ø | Ø | ++ | Ø | - | - | Ø | Ø | ++ | Ø | -(-) | Ø | |
| Septoria nodorum feuilles ^{1,3} | - | Ø | - | + | - | Ø | Ø | Ø | Ø | Ø | Ø | - | - | Ø | + | Ø | Ø | ++ | Ø | Ø | ++ | ++ | ++ | Ø | + | ++ | |
| Septoria nodorum épi ^{1,3} | Ø | Ø | - | Ø | + | ++ | Ø | ++ | + | ++ | ++ | ++ | Ø | - | + | Ø | ++ | ++ | ++ | - | ++ | ++ | ++ | ++ | + | ++ | |
| Septoria tritici feuilles ^{1,3} | Ø | Ø | + | Ø | + | ++ | + | ++ | + | ++ | ++ | Ø | Ø | ++ | + | ++ | ++ | ++ | + | Ø | ++ | ++ | Ø | + | - | Ø | |
| Fusariose épi ^{1,3} | Ø | + | - | - | Ø | Ø | Ø | ++ | Ø | + | Ø | ++ | - | Ø | Ø | - | Ø | - | Ø | - | ++ | - | + | Ø | Ø | + | |
| Contamination champ ¹ | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| Teneur en protéines ¹ | +++ | ++(+) | +++ | +++ | +++ | +++ | ++(+) | +++ | +++ | ++(+) | ++(+) | +++ | ++(+) | ++(+) | ++(+) | ++ | ++ | Ø | Ø | ++ | Ø | Ø | - | -(-) | -(-) | Qualité biscuit | |
| Zélény ¹ | ++(+) | ++ | ++ | +++ | ++(+) | ++ | ++(+) | ++ | ++(+) | ++ | ++(+) | Ø | ++ | ++ | ++ | + | ++ | Ø | Ø | ++ | - | Qualité fourragère | | | | | |
| Poids à l'hectolitre ¹ | ++ | ++ | Ø | +++ | ++(+) | ++ | ++ | + | ++ | Ø | ++(+) | +++ | +++ | ++(+) | ++ | +++ | +++ | ++(+) | ++(+) | ++ | ++(+) | ++(+) | + | ++(+) | - | +++ | |
| Poids de mille grains ¹ | moyen | grand | petit | petit | petit | moyen | petit | grand | moyen | petit | très petit | moyen | très petit | moyen | grand | grand | moyen | très grand | très grand | moyen | moyen | moyen | très grand | petit | très grand | moyen | grand |



But et structure du projet

- Profiter du génotypage et activités de sélection génomique (SG) déjà en cours chez Agroscope, pour mieux cibler la résistance à la Fusariose avec un phénotypage de haute qualité.
- 3 ans (2021 – 2023), 3 sites d'essai, 2 rép., inoculation artificielle, notations visuelles au champs, **teneur en DON.**

Matériel génétique

- **Phase 1 «Calibration», 2 ans (2021 – 2022)**

Set de référence de 300 variétés et lignées avancées

→ Calibration du modèle de prédiction génomique

- **Phase 2 «Validation», 2023**

225 nouvelles lignées avancées, 75 variétés/lignées du set de référence

→ Validation de l'approche SG

→ Extension du set de référence

Lieux d'essai



Source: map.geo.admin.ch, adapté par Pauline Bernard

Données phénotypiques

| Trait | Abréviation | Unité / Échelle |
|--|-------------------------------|---|
| Date d'épiaison | Épiaison | Jours après 1.1. |
| Extrusion des anthères note maximale de 3 – 4 passages | Extr_Anth | Note 1 – 5 1 = pas d'extrusion 5 = max. extrusion |
| Fusariose sur épi 3 - 4 passages de notation visuelle | Fus_1, Fus_2, Fus_3, Fus_4 | Note 1 – 9 1 = 100% sain 9 = 100% malade |
| Hauteur des plantes | Hauteur | cm |
| Teneur en DON HPLC-MS/MS (Romerlabs, AT) | DON | µg / kg |

Marquage moléculaire

→ 25k Illumina Infinium SNP Array (TraitGenetics, DE)

Résultats phénotypiques 2021 - 2022

| | 2021 + 2022 | | | | | | | 2021 |
|----------------------|--------------------------|-----------------|----------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|
| | Épiaison [j. ap. 1.1] | Hauteur [cm] | Extr_Anth [1 – 5] | Fus_1 [1 – 9] | Fus_2 [1 – 9] | Fus_3 [1 – 9] | Fus_4 [1 – 9] | DON [µg / kg] |
| Min. | 131 | 69 | 1.94 | 1.33 | 1.85 | 2.44 | 2.03 | 10776 |
| Moy. | 144 | 90 | 3.33 | 2.15 | 3.12 | 4.38 | 3.60 | 26028 |
| Max. | 149 | 108 | 4.26 | 3.80 | 4.97 | 5.96 | 5.82 | 55317 |
| | | | | | | | | |
| No. Lieux | 3 | 2 – 3 | 2 | 3 | 3 | 3 | 1 – 2 | 3 (p-rep) |
| h² | 0.95 | 0.95 | 0.67 | 0.83 | 0.86 | 0.85 | 0.84 | 0.57 |

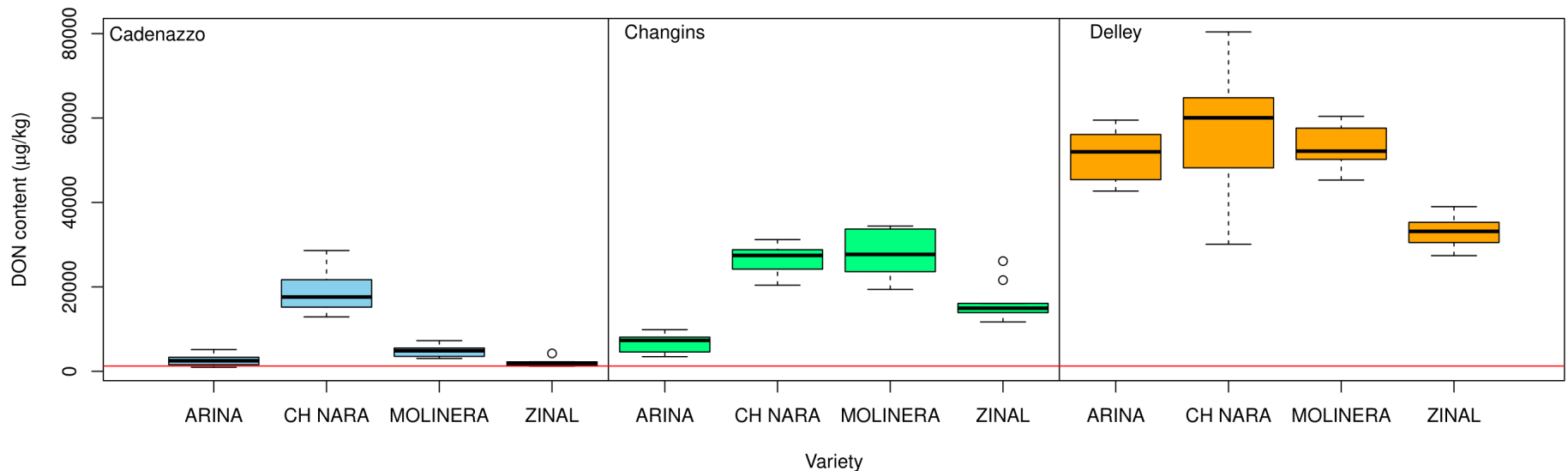
Résultats phénotypiques 2021 - 2022

Coefficients de corrélation de Pearson (r) entre traits:

| | Épiaison | Hauteur | Extr_Anth | Fus_1 | Fus_2 | Fus_3 |
|-----------|-----------|-----------|-----------|----------|----------|----------|
| Épiaison | | | | | | |
| Hauteur | 0.19 ** | | | | | |
| Extr_Anth | -0.20 *** | 0.21 *** | | | | |
| Fus_1 | -0.45 *** | -0.44 *** | -0.21 *** | | | |
| Fus_2 | -0.35 *** | -0.47 *** | -0.36 *** | 0.91 *** | | |
| Fus_3 | -0.18 ** | -0.45 *** | -0.41 *** | 0.79 *** | 0.90 *** | |
| Fus_4 | 0.05 ns | -0.52 *** | -0.41 *** | 0.67 *** | 0.79 *** | 0.88 *** |

Résultats teneur en DON 2021

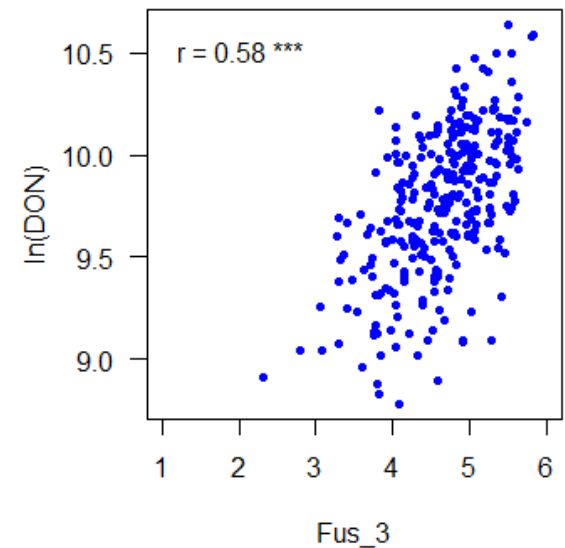
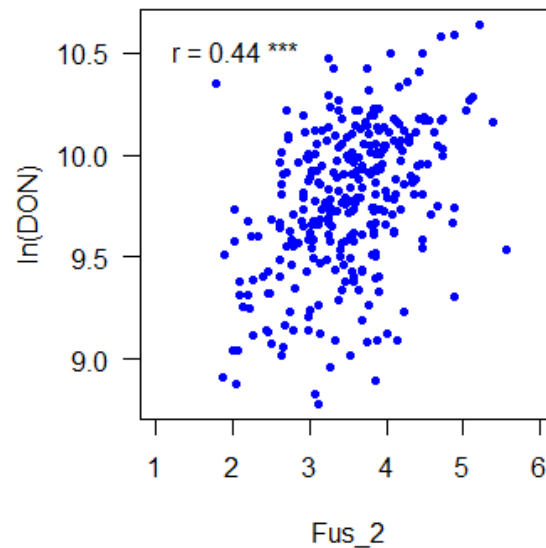
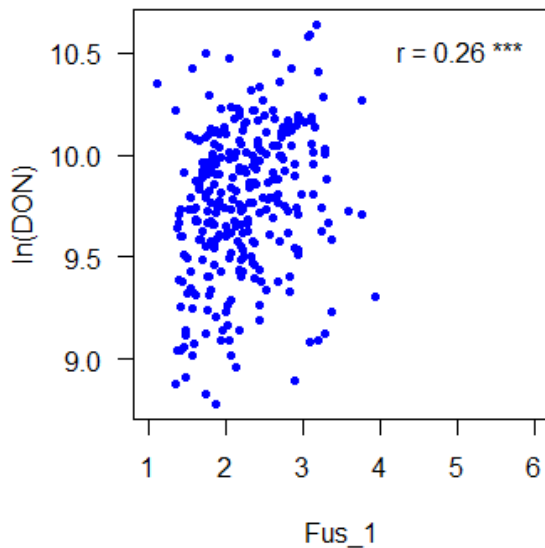
Niveau des teneurs DON dans les 3 lieux, sur la base des 4 variétés témoin:



Ligne rouge = Limite legale DON en Suisse (pour consommation humaine): 1250 µg/kg

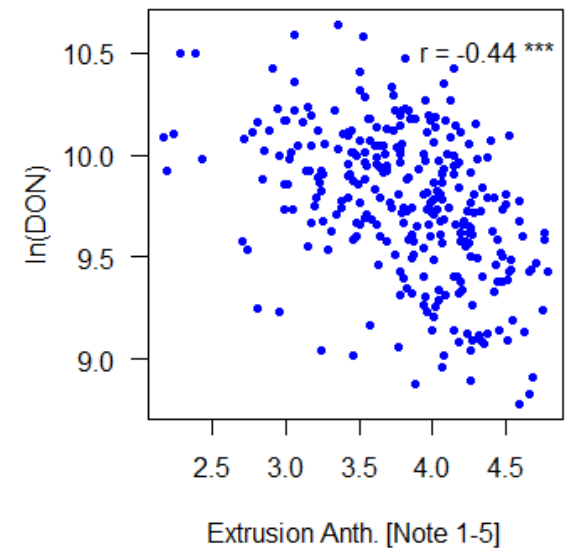
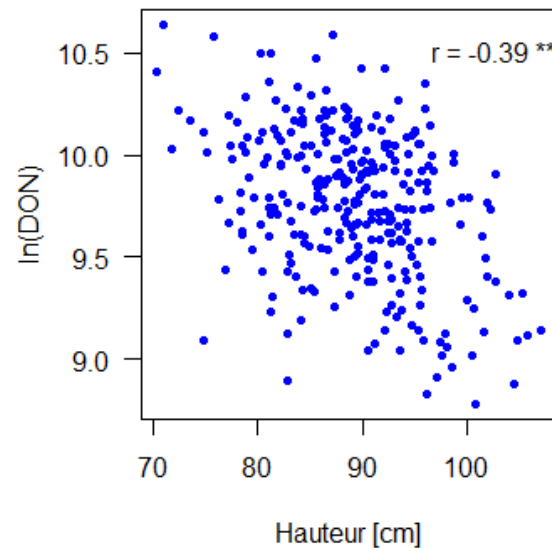
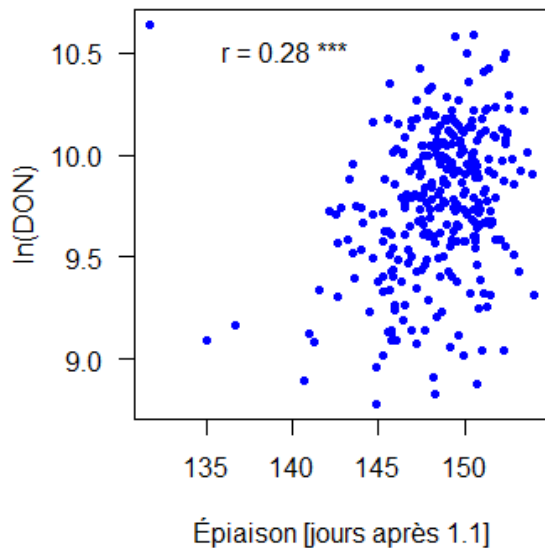
Résultats teneur en DON 2021

Corrélation DON – Notes visuelles Fusariose:



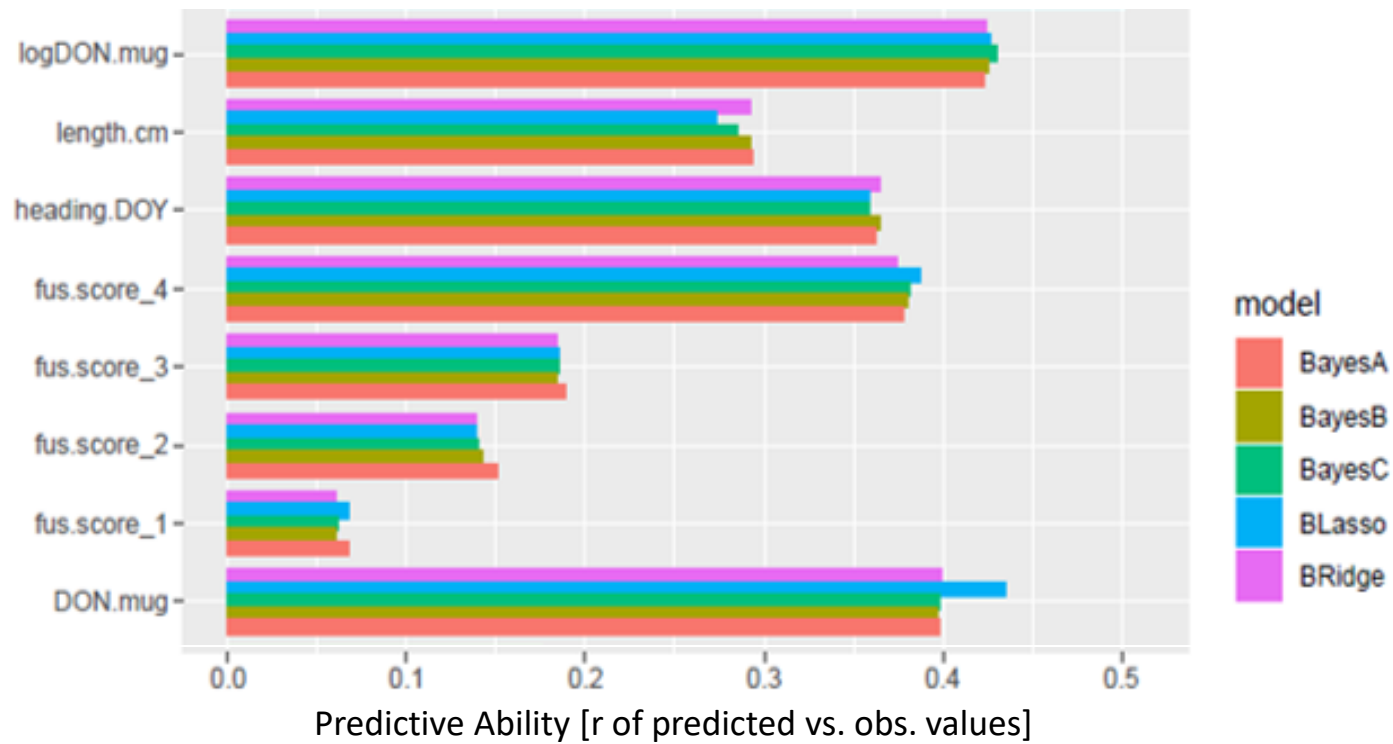
Résultats teneur en DON 2021

Corrélation DON – Autres traits:



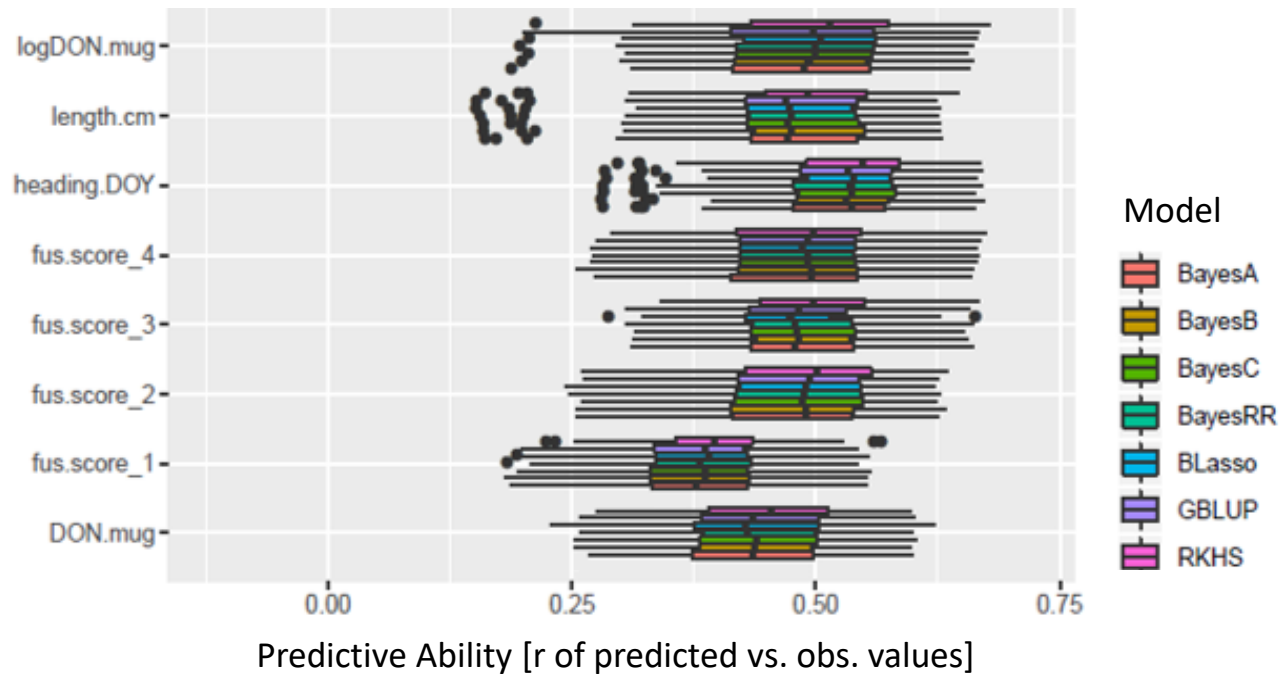
Résultats préliminaires SG (sur base essais 2021)

- 1^{er} Test: - 209 génotypes «anciens» pour calibrer les modèles
- 91 génotypes «récents» pour valider les prédictions génomiques



Résultats préliminaires SG (sur base essais 2021)

- 2^{ème} Test, validation croisée: - 80% des génotypes pour set de calibrage
- 20% pour set de validation
- 50 «runs» avec différentes compositions des sets



État actuel et suite du projet

Extrait du Set de validation de 225 nouvelles lignées avancées avec prédictions génomiques (préliminaires!). Phénotypage du Set dans les 3 lieux en 2023.

| No. | Code Lignée | DON [$\mu\text{g}/\text{kg}$] | ln(DON) | DON (corrigé hauteur) | ln(DON) (corrigé hauteur) | Fus_1 | Fus_2 |
|-------|-------------|---------------------------------|---------|-----------------------|---------------------------|-------|-------|
| 1 | 291.14042 | 9896 | 8.70 | -2796 | -0.420 | 1.4 | 2.9 |
| 2 | 111.17496 | 10353 | 8.96 | -3440 | -0.313 | 1.4 | 2.5 |
| 3 | 111.17180 | 8694 | 8.82 | -3326 | -0.312 | 1.2 | 2.4 |
| 4 | 111.17493 | 9991 | 8.89 | -2499 | -0.267 | 1.4 | 2.7 |
| 5 | 111.17224 | 9988 | 8.89 | -2637 | -0.258 | 1.5 | 2.7 |
| | | | | | | | |
| 136 | 111.17410 | 16118 | 9.43 | 650 | 0.038 | 1.6 | 3.1 |
| 137 | 111.17266 | 14483 | 9.37 | 123 | 0.039 | 1.4 | 2.7 |
| 138 | 111.17385 | 14609 | 9.29 | 856 | 0.039 | 1.5 | 3.1 |
| 139 | 111.17431 | 15832 | 9.36 | 1531 | 0.042 | 1.5 | 2.9 |
| 140 | 111.17124 | 14633 | 9.27 | 1323 | 0.044 | 1.5 | 3.0 |
| | | | | | | | |
| 221 | 111.17119 | 15790 | 9.45 | 2929 | 0.261 | 1.4 | 2.7 |
| 222 | 111.17051 | 17226 | 9.50 | 3400 | 0.263 | 1.5 | 3.0 |
| 223 | 111.17369 | 17275 | 9.55 | 3405 | 0.277 | 1.6 | 3.3 |
| 224 | 111.17427 | 16548 | 9.54 | 3183 | 0.298 | 1.5 | 2.9 |
| 225 | 191.11861 | 17689 | 9.64 | 2841 | 0.303 | 1.6 | 3.0 |

État actuel et suite du projet

- 1) Analyses DON 2022 en cours.
- 2) Analyse de l'ensemble des données 2021-2022, recalcul des prédictions génomiques sur cette base.
- 3) Validation de l'approche SG: comparaison prédictions génomiques vs. valeurs observés dans Set de validation (automne 2023 – printemps 2024).
- 4) Si précision de la SG satisfaisante: Adoption des prédicteurs DON et Fus pour l'ensemble des lignées génotypées (actuellement SG possible depuis génération F7).

Remerciements



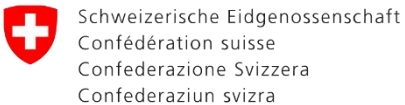
Alfred Zbären, Amélie Volery, François Bardet, Sylvie Daidié, Yogesh Kumar Reddy Ramireddy, Karl-Heinz Camp



Alain Handley, Pauline Bernard, Camille Broquet, Romina Morisoli, Samuele Peduzzi, Mauro Jermini, Susanne Vogelgsang, Fabio Mascher, Boulos Chaloub



Daniel Ariza, Tonghui Li, Bruno Studer



Markus Hardegger, Paul Mewes

Bundesamt für Landwirtschaft BLW
Office fédéral de l'agriculture OFAG
Ufficio federale dell'agricoltura UFAG
Uffizi federal d'agricoltura UFAG

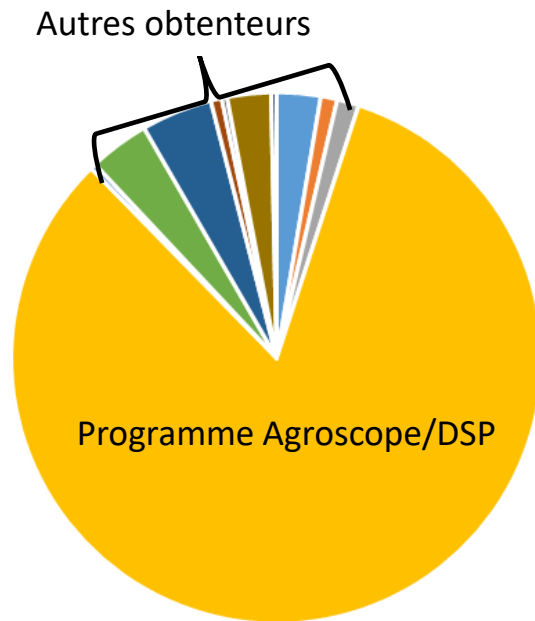


Merci pour votre attention!



Annexe 1: Détails matériel génétique

Origine des 300 génotypes du Set de référence:



■ AUT ■ AUT DEU ■ AUT FRA ■ CHE ■ CND ■ DEU ■ FRA ■ FRA DEU ■ GBR ■ GZPK ■ JPN

- 283 blé d'automne
17 blé de printemps
- 22 déjà connues Fus+
21 Fus moy.
13 Fus-
- 38 avec variétés résistantes dans pedigree (Arina, Alsen,...)

Annexe 2: Questions ouvertes

- Traitement des notations Fusariose séquentielles (Fus_1, Fus_2, Fus_3,...): Comment en dériver un seul paramètre comparable entre sites et années? AUDPC? Autres idées?
- Traitement des données d'extrusion d'anthères: Comment les valoriser?
- Nécessité future de re-calibrer le modèle SG avec nouveau matériel génétique: Quel approche? À quelle fréquence/intensité? ...