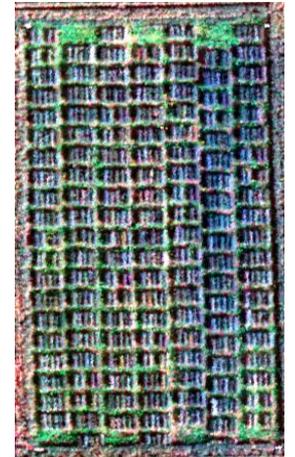
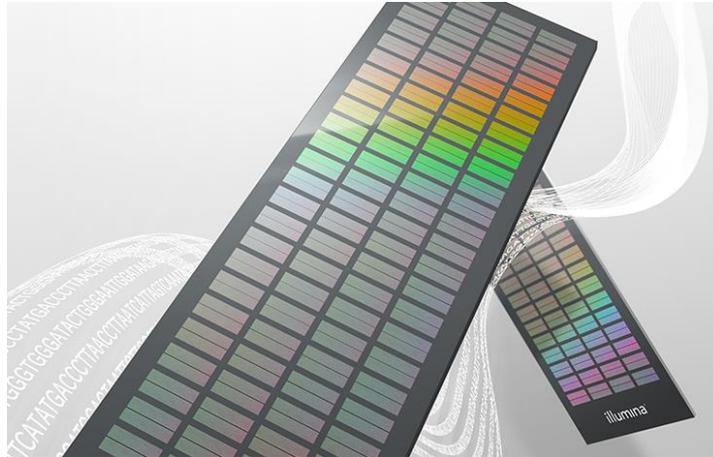


Projet GESEDON

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

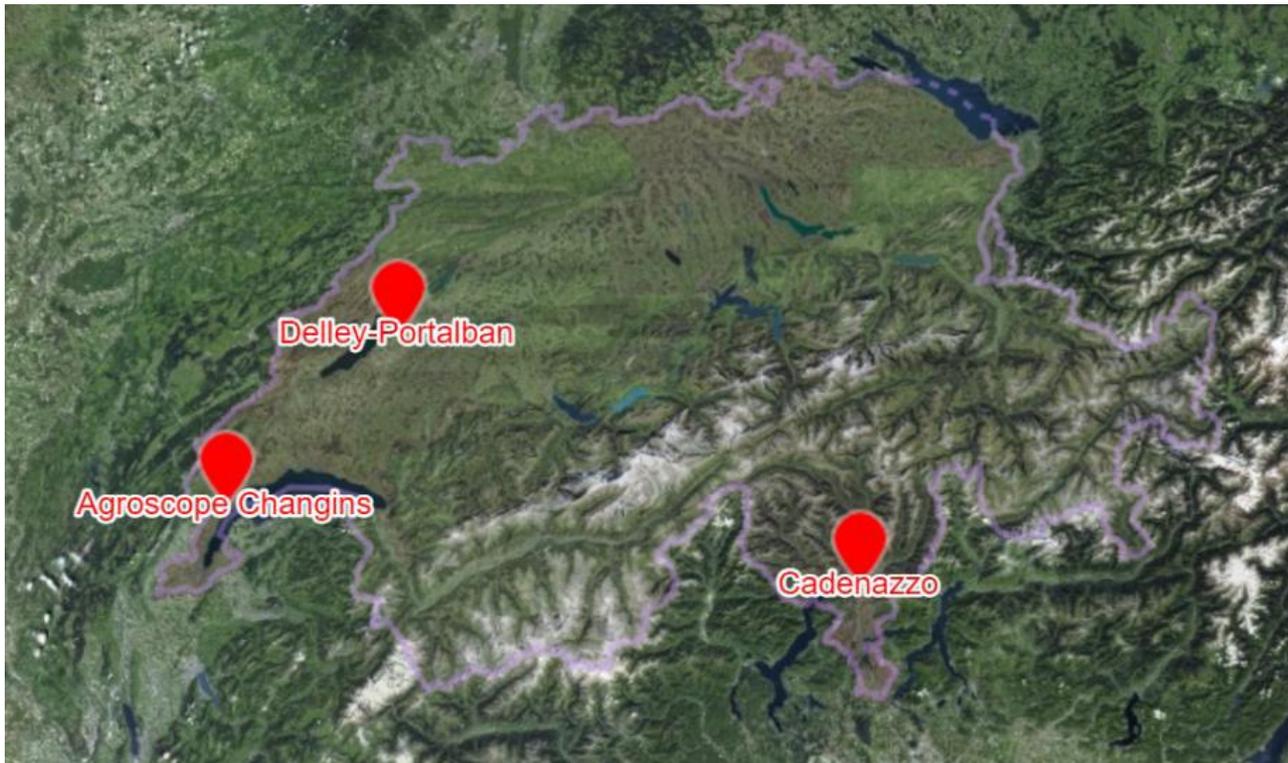
- **Phase 2 «Validation», 2023**

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

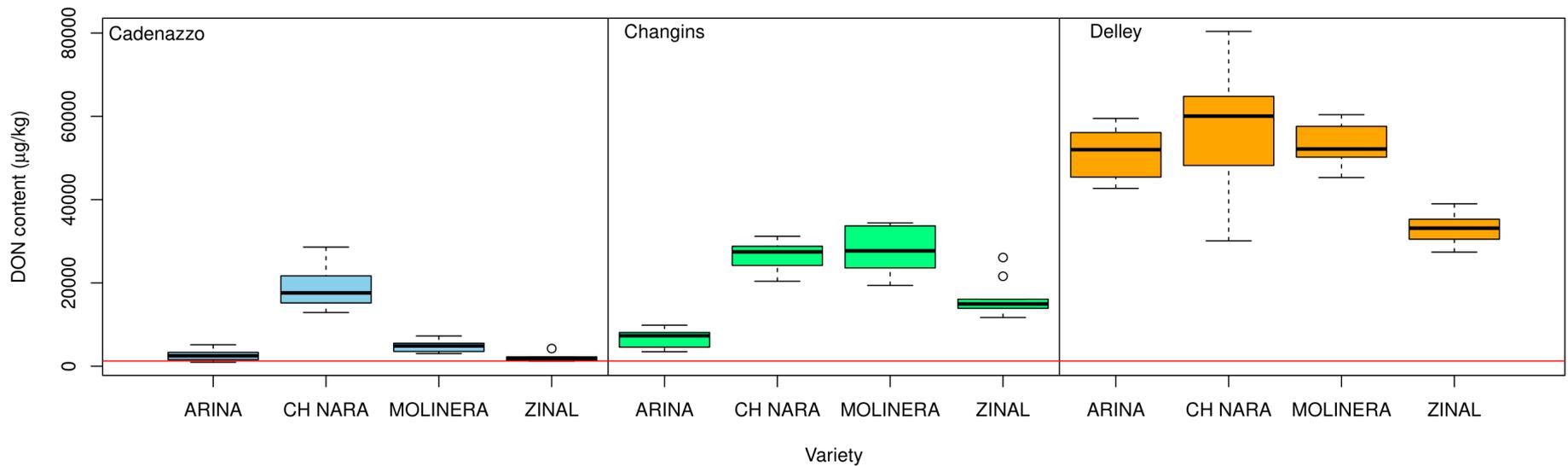
Résultats phénotypiques 2021 - 2022

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

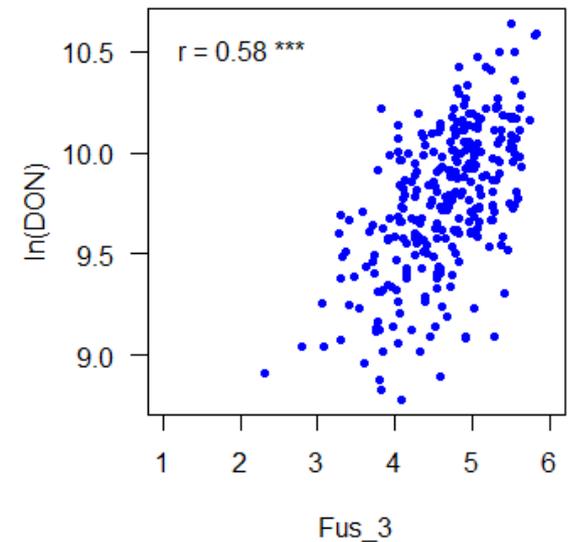
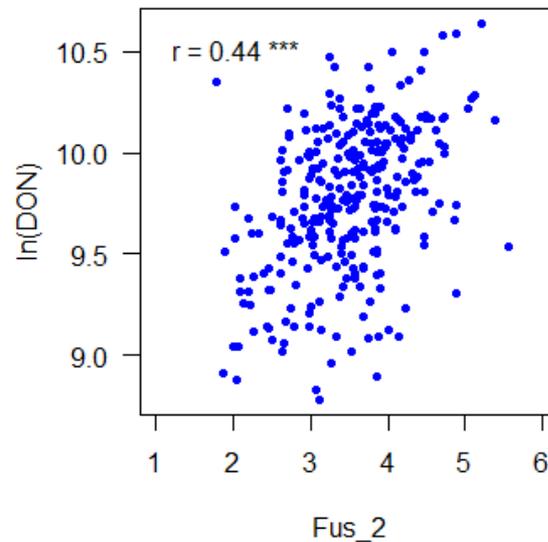
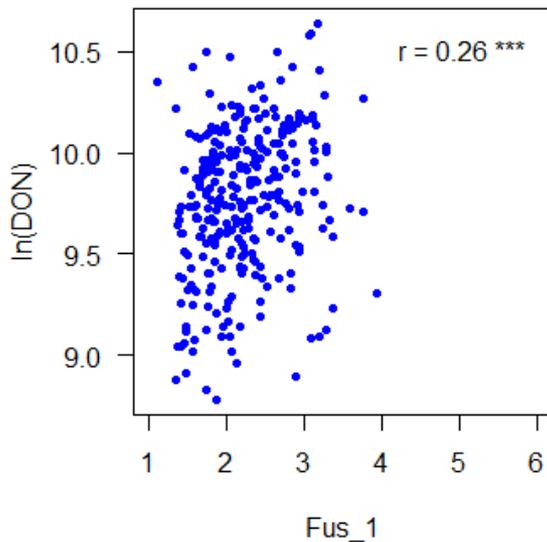
Niveau des teneurs DON dans les 3 lieux, sur la base des 4 variétés témoin:



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

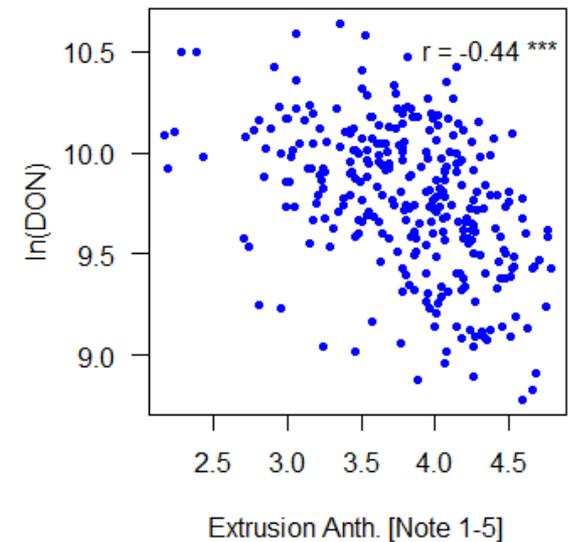
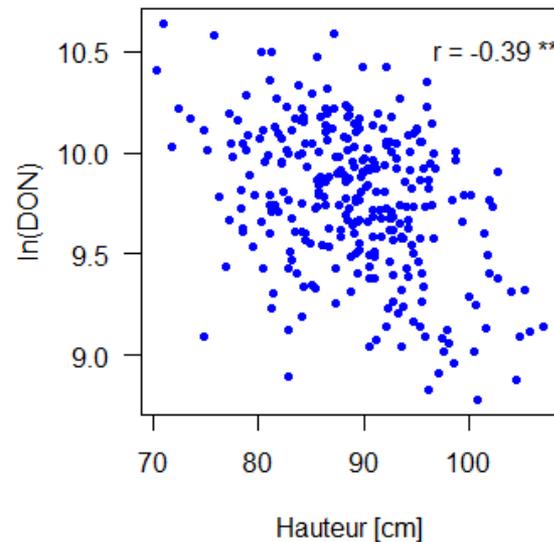
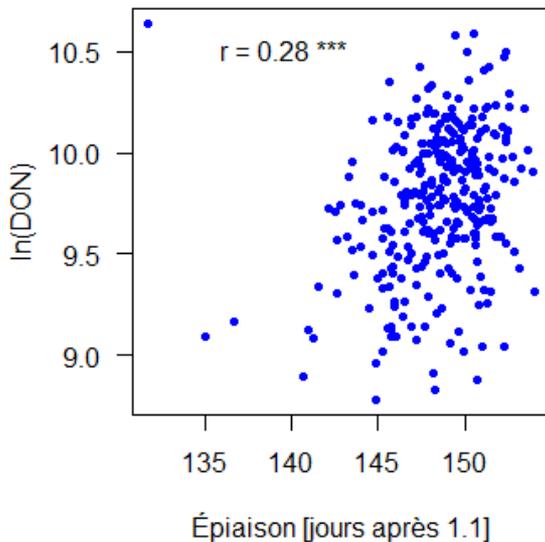
Résultats teneur en DON 2021

Corrélation DON – Notes visuelles Fusariose:



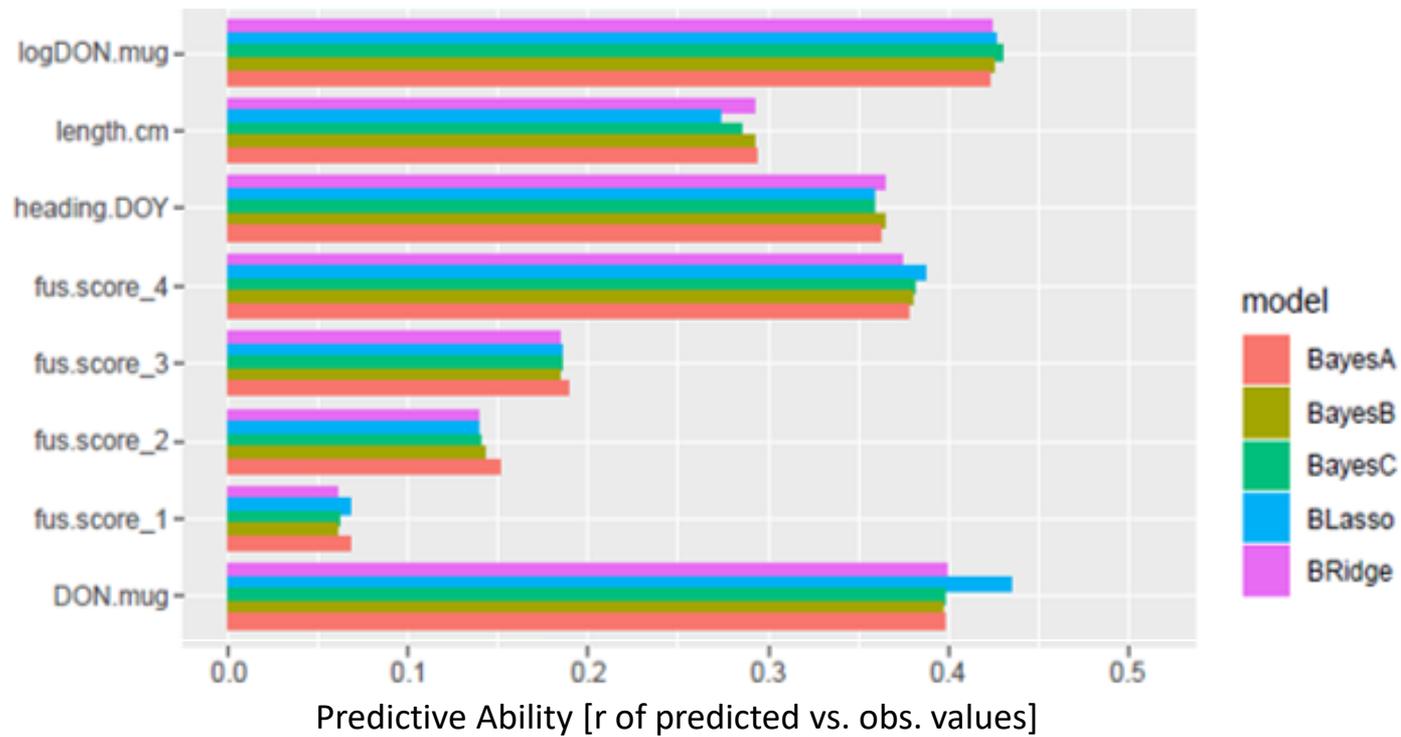
Résultats teneur en DON 2021

Corrélation DON – Autres traits:



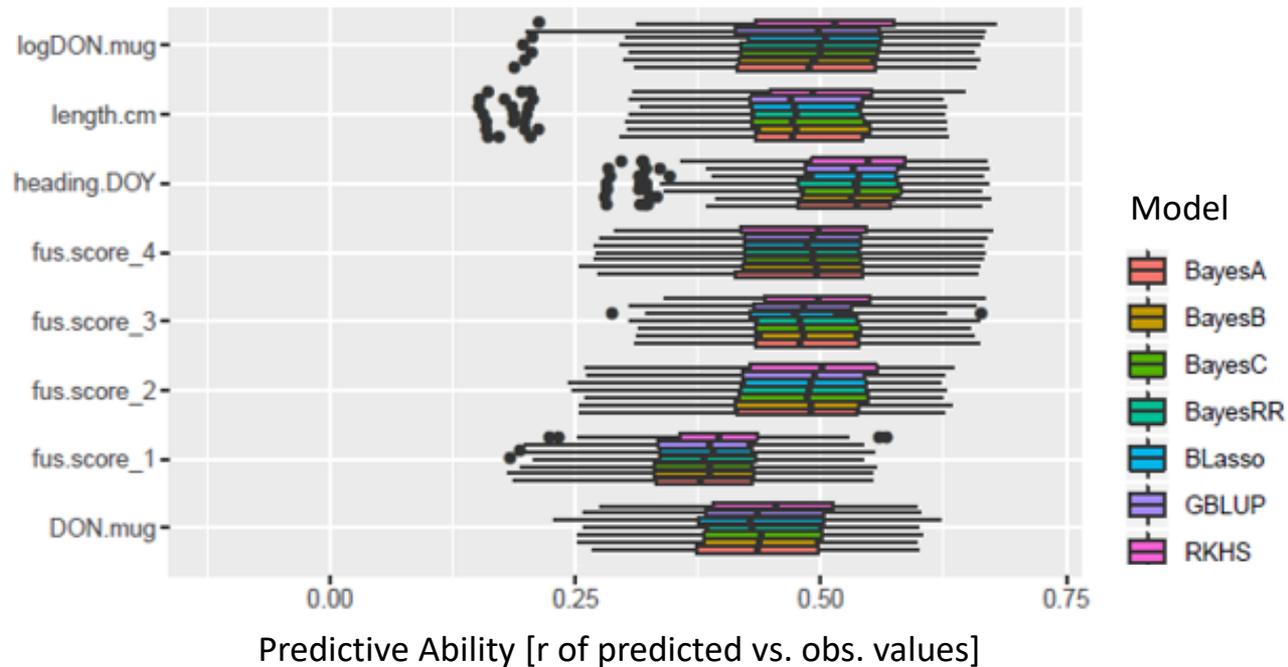
Résultats préliminaires SG (sur base essais 2021)

- 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



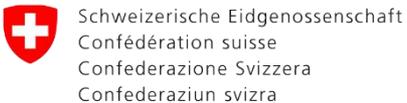
Alfred Zbären, Amélie Volery, François Bardet, Sylvie Daidié, Yogesh Kumar Reddy Ramireddy, Karl-Heinz Camp



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? ...