



HAL
open science

Dossier spécial - Blé

Gis Biotechnologies Vertes (gis Bv), Maxime Szambien

► **To cite this version:**

Gis Biotechnologies Vertes (gis Bv), Maxime Szambien. Dossier spécial - Blé. 2015, 10.15454/wj1h-3t77. hal-03344068

HAL Id: hal-03344068

<https://hal.inrae.fr/hal-03344068v1>

Submitted on 14 Sep 2021

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License

Dossier spécial - Blé

1999 - 2015 : plus de 15 ans de partenariat public-privé pour la recherche sur le blé



Avec plus de 215 millions d'hectares cultivés chaque année, soit la plus importante superficie de culture céréalière, le blé est une des principales céréales cultivées dans le monde. Environ 700 millions de tonnes sont produites chaque année, plaçant le blé en troisième position derrière le maïs et le riz. Première espèce végétale domestiquée et cultivée par l'homme et espèce d'intérêt majeur en agriculture, le blé sert de nourriture de base à près d'un tiers de la population mondiale et contribue fortement à l'apport en protéines et glucides de son alimentation.

Le blé tendre (*Triticum aestivum*) représente l'espèce de blé majoritairement cultivée, en particulier en France. Il s'agit de l'espèce de blé dite panifiable, servant à la fabrication de la farine de froment. Appartenant à la famille des Poacées, le blé tendre a un génome hexaploïde complexe (AABBDD), résultant de deux étapes d'hybridations successives, entre *Triticum urartu* (AA) et une espèce apparentée à *Aegilops speltoides* (BB) d'une part, et entre l'amidonner qui dérivé de ce croisement (AABB) et *Aegilops tauschii* (DD) d'autre part. Composé de 21 paires de chromosomes et plus de 120 000 gènes, le

génome du blé tendre est environ cinq fois plus gros que le génome humain. Les ressemblances entre les trois génomes ancestraux du blé tendre et la proportion élevée de séquences répétées expliquent en grande partie les difficultés rencontrées pour son séquençage.

Depuis 15 ans, de nombreux efforts et programme de recherche ont été consacrés au décryptage du génome du blé. Comme pour l'ensemble des plantes de grande culture, l'identification des gènes contrôlant les caractères d'intérêt agronomique majeur (résistance aux maladies, utilisation de l'azote, rendement, tolérance aux contraintes abiotiques, etc.) est nécessaire pour améliorer les variétés actuelles et faire face aux défis alimentaires et climatiques de demain.

Premier producteur et exportateur européen de blé tendre, la France se classe en cinquième position au niveau mondial. De nombreuses équipes françaises de recherche et entreprises semencières contribuent au séquençage et au déchiffrement génétique du génome du blé tendre. Au mois de juillet 2014, le Consortium international de séquençage du blé (IWGSC) a publié en dans la revue



*Science*¹ une ébauche de la séquence du génome du blé tendre ainsi que la séquence de référence du plus grand chromosome du blé (3B). Les équipes françaises de recherche ont largement contribué à ces travaux. L'IWGSC a pour objectif de séquençer les 20 chromosomes restant d'ici 3 ans pour disposer de la séquence complète du génome.

Depuis 1999, le programme Génoplante (1999 – 2010) a généré 7 brevets une cinquantaine de publications (cf. liste des publications) sur blé. Nous vous proposons ce dossier consacré à l'apport de Génoplante à la recherche sur le blé et aux programmes de recherche actuels.

¹ Slicing the wheat genome¹
Kellye Eversole, Catherine Feuillet, Klaus F. X. Mayer, and Jane Rogers
Science 18 July 2014: 285-287



De Génoplante phase I à Génoplante 2010 : bilan du programme

Les projets de recherche Génoplante-Blé ont débuté en 1999 avec la phase I (1999 - 2001), suivie de la phase II (2002 - 2004). Ces projets Génoplante-Blé ont été articulés autour de deux objectifs : i) développer des outils de biologie moléculaire et de génomique (cartographie

génétique, marqueurs moléculaires, clonage positionnel, études d'association, outils bioinformatique, etc.), et ii) comprendre la génétique des caractères d'intérêt agronomique et technologique (utilisation de l'azote, qualité du grain, résistance aux maladies). Ces objectifs ont

été maintenus au cours des années et appels à projets suivants : Génoplante 2004 (2004 - 2005) et Génoplante 2010 (2005 - 2011). Ces dix années de recherche représentent un montant total d'environ 41,6 millions d'euros (voir tableau ci-dessous).

Génoplante I et II (1999 - 2004) : développer des outils et identifier des caractères d'intérêt agronomique

DEVELOPPEMENT D'OUTILS DE BIOLOGIE MOLECULAIRE ET DE GENOMIQUE

Génoplante phase I (1999 - 2001)

Lors de la phase I, 4500 clones microsatellites ont été séquencés à partir d'espèces diploïdes ancêtres du blé tendre : 404 microsatellites polymorphes ont été cartographiés sur 533 loci et ont permis d'obtenir une bonne couverture de la carte génétique du blé tendre. Une base de données a été développée et transférée à Génoplante-Info (voir dossier GIS BV spécial bioinformatique), pour une intégration dans la base de données Génoplante. 110 000 séquences EST ont été produites à partir de grains en développement, de racines et de feuilles réparties en 15 banques spécifiques. Une méthode rapide de cartographie génétique a été mise au point sur lignées de délétion (collaboration avec Bikram Gill, KSU, USA) et une banque BAC de blé tendre de près d'un million de clones a été produite avec une méthodologie de construction à haut débit (collaboration avec G. Moore, JIC, UK).

Génoplante phase II (2002 - 2004)

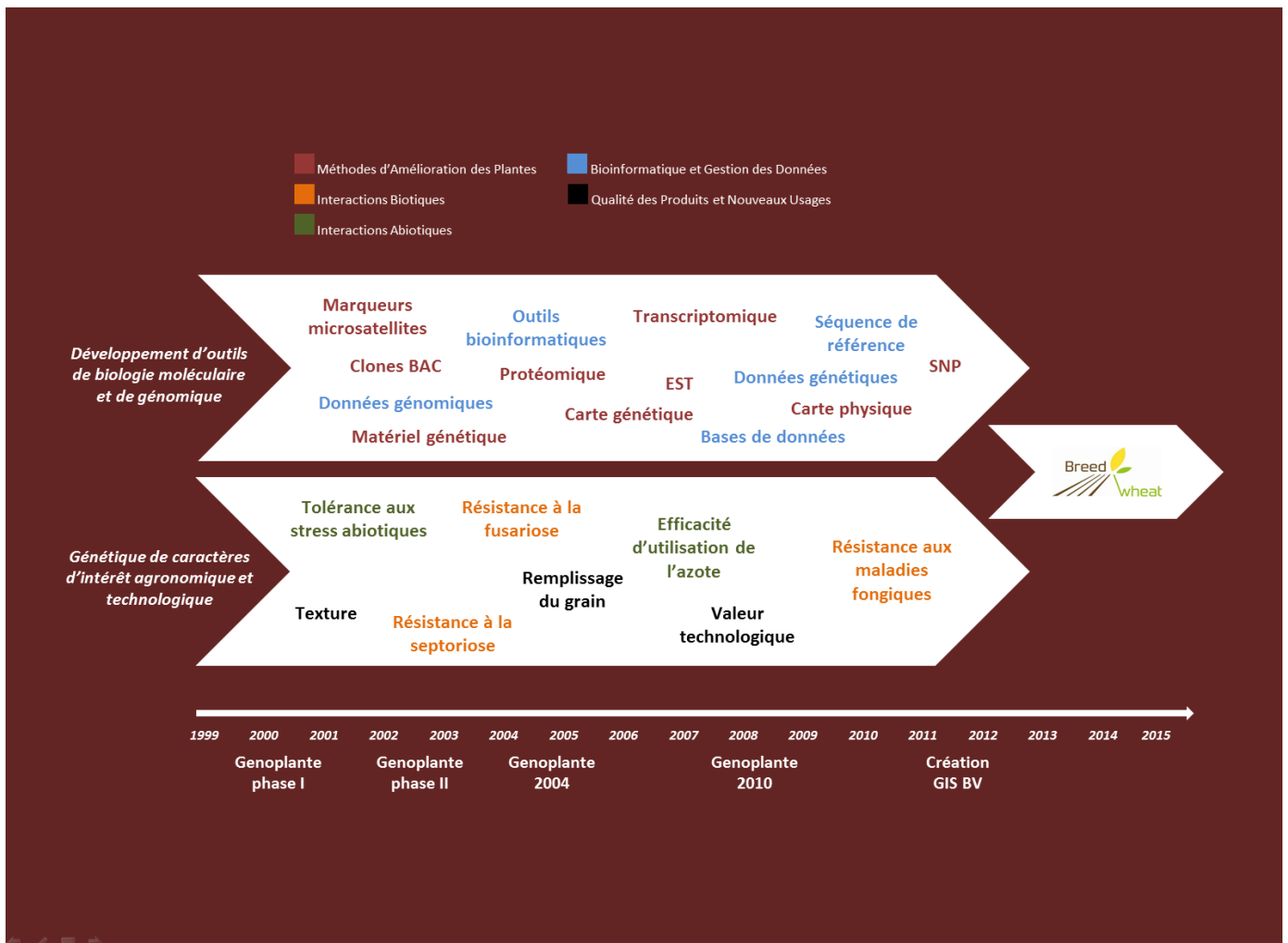
La carte génétique du blé tendre a été améliorée en phase II, avec 1391 loci cartographiés.

Une puce cDNA avec 18 000 gènes (18K) uniques référencés a été développée et utilisée pour réaliser des profils transcriptomiques. Plusieurs gènes d'intérêt (glutamine synthase, deux facteurs de transcription PBF et SPA, deux protéines impliquées dans la qualité du blé, 1 thioredoxine et GSP, la protéine NRP1 impliquée dans la résistance aux champignons) ont été identifiés par cette approche. Une nouvelle méthode pour la découverte de SNP a été développée chez le blé tendre. Elle a permis de mettre en évidence plus de 100 SNP dans environ 22 kpb, dont 3 localisés sur le gène Glu-B1-1, et 3 localisés sur le gène codant pour le facteur de transcription SPA (Storage protein activator), ces 6 SNP pouvant expliquer un PQL (Protein Quantitative Locus) de qualité. 400 gènes d'intérêt ont été caractérisés chez le blé tendre et 10 clones BAC ont été séquencés.

La phase II a également permis la création de deux plateformes bioinformatiques : une pour les annotations des séquences BAC (bacAnalysis.pl), une pour la cartographie *in silico* (loci.pl). Plusieurs milliers de contigs et de séquences ont été annotés et expertisés, conduisant à l'identification de plusieurs centaines de gènes putatifs.

Répartition des montants du programme Genoplante blé (1999 - 2010) en millions d'euros

Origine	Montant (en M €)
Publics	14,2 M€
Privés	20 M€
Subventions	7,4 M€
Total	41,6 M€



Programme Génoplante : 40 projets Blé financés depuis 1999

GENETIQUE DE CARACTERES D'INTERET AGRONOMIQUE ET TECHNOLOGIQUE

Génoplante phase I

Des séquences partielles de gènes codant des enzymes clés du métabolisme de l'azote (nitrate réductase, nitrite réductase, transporteur de nitrate à haute affinité) ont été mises en évidence en phase I chez le blé hexaploïde et ses espèces diploïdes ancêtres donneuses des génomes A, B et D. L'expression des gènes de structure de protéines de réserve (gluténines et gliadines) est apparue directement impliquée dans les variations quantitatives des protéines de réserve du grain. Sur le chromosome 1B, deux gènes importants ont été identifiés : le gène *Glu-B1x* (codant une sous-unité de gluténine)

et le facteur de transcription « Storage Protein Activator » (SPA) (se liant au promoteur du gène *Glu-B1x*). Des gènes localisés sur les chromosomes 2B et 7A sont impliqués dans le remplissage du grain pour la matière sèche et l'azote, le poids du grain et la quantité de protéines accumulées dans le grain. Des QTL de résistance et/ou de défense contre la fusariose de l'épi *Fusarium* sp et la septoriose *Septoria tritici* ont été révélés sur les chromosomes 5A, 2B, 2A et 3B.

Génoplante phase II

En phase II, de nombreux QTL de tolérance à une déficience en azote ont été découverts sur les chromosomes 5D et 4B. Les analyses de protéomique ont permis d'identifier des protéines

intervenant dans la voie de biosynthèse de la lignine. Des QTL de résistance à la fusariose (FHB : Fusarium Head Blight) et à l'accumulation de mycotoxines ont été identifiés ainsi que des gènes candidat pour les QTL de résistance à la fusariose. De nouvelles bibliothèques de cDNA ont été construites pour améliorer la spécificité de la puce 18K développée dans le cadre du programme.



Géno plante 2004 (2004 - 2005): poursuite des phases I et II et intensification de la recherche de cibles d'intérêt

Les projets Géno plante 2004 ont la particularité pour beaucoup d'entre eux d'être transversaux à plusieurs espèces. La plupart se focalise sur les principales espèces modèles (monocotylédones, dicotylédones, Arabidopsis). D'autres projets portent sur des aspects plus méthodologiques, faisant suite au volet « outils » des programmes précédents Géno plante phase I et II. Ces projets ont largement contribué à maintenir une indépendance et une recherche propre à Géno plante.

INTENSIFICATION DE LA RECHERCHE DE CIBLES D'INTERET

Les projets B1 A et B (*Développement, remplissage et dessèchement du grain chez les monocotylédones*) visaient à étudier le déterminisme de la taille et de l'architecture du grain lors du développement précoce, et de l'efficacité du remplissage du grain. Des résultats cruciaux pour l'identification des gènes clés du développement, du remplissage et du dessèchement du grain ont été obtenus : localisation de QTL majeurs, étude du transcriptome développemental, bioanalyse de candidats sous les QTL. Ces projets ont permis de fournir une liste de gènes candidats et des outils utiles pour d'autres cibles que le grain.

L'étude de la génétique des protéines de réserve et des mécanismes enzymatiques associés était l'objectif des projets B2 A, B et C (*Composition protéique, texture du grain et aptitudes technologiques chez les monocotylédones*). Une relation négative rendement-teneur en protéine a été mise en évidence au niveau de l'épi, ainsi que 38 nouveaux marqueurs pour des QTL d'intérêt. 102 gènes candidats sont

apparus comme différentiellement exprimés dans la phase de remplissage du grain et colocalisant avec des QTL. Le gène candidat GSP (Grain Storage Protein) a été validé fonctionnellement.

Les projets B4 A et B (*Amélioration de l'efficacité de l'utilisation de l'azote de la plante modèle aux plantes cultivées*) ont en particulier permis d'obtenir des données pour mettre en œuvre un modèle d'écophysologie chez le blé, ainsi qu'une liste de gènes dérégulés sous contrainte azotée, renforçant les modèles de nutrition azotée existant. Les méta-analyses de QTL se sont poursuivies et des lignées surexprimant GS, RNAi GS et NRT2-1 ont été caractérisées.

Le projet B8 (*Signalétique et stress environnementaux-Tolérance aux maladies des céréales*) portait sur les mécanismes de résistance aux maladies fongiques. Plus de 120 gènes apparaissent dérégulés (sur puce 18k) lors d'une infection fongique, dont 25 correspondent à des QTL. Une cartographie fine des QTL de résistance à *Fusarium* a été réalisée et 4 QTL de résistance ont été mis en évidence sur les chromosomes 2A, 2B, 2D et 5A. Des études sur la résistance à la septoriose ont également débuté dans ce projet.

POURSUITE DU DEVELOPPEMENT DES OUTILS ISSUS DE LA PHASE I

Le projet M2 (*Développement d'un environnement bioinformatique pour la génomique végétale*) a poursuivi le développement des outils bioinformatiques pour l'exploitation des données blé-maïs-riz. Ce projet a permis l'intégration des cartes génétiques et l'ancrage des BAC sur ces cartes,

l'intégration de données publiques et de celles produites dans Géno plante I et II (cartes génétiques et physiques, transcriptome, protéome, QTL, SNP, mutants, interactions épistatiques entre gènes et QTL, métabolome, interactome) et le développement de bases de données et outils génériques pour l'analyse fonctionnelle. Des outils permettant de visualiser les données ont également été mis en place et les programmes d'annotation structurale et fonctionnelle ont été poursuivis.

Le projet M3 (*Mise au point des outils d'exploitation des banques BAC*) visait à maintenir les ressources génomiques (banques BAC et EST) et les acquis obtenus, à pérenniser et développer les outils et méthodes d'exploitation de ces ressources ainsi que maximiser leur utilisation et leur apport au profit des différents objectifs et cibles biologiques (pool des différentes banques de BAC, criblage de banques BAC riches en gènes, hybridation COT, hybridation de clones BAC sur différentes lignées et inversement, fingerprinting par SnaPSHOT, etc.).

Enfin, le projet M4 (*Nouveaux formats de puces*) poursuit le développement de puces chez les espèces cultivées maïs et blé, permettant une forte augmentation du nombre de gènes étudiés et d'accéder à de nouvelles applications comme l'hybridation Génomique Comparative, utilisable pour caractériser rapidement des mutants de délétion. La seconde partie de ce projet a consisté à étudier les moyens d'améliorer les méthodes de détection sur les puces et d'optimiser l'exploitation des données transcriptomiques.



Programme ANR "Réseau de génomique végétale / Génoplante 2010" (2005-2010) : vers un génome de référence du blé

En 2005, le programme « Génoplante 2010 » démarre pour une durée de six ans, grâce aux financements de l'ANR sur la base d'appels à projets annuels. Dix projets « Blé » furent financés au cours de ce programme. Ils ont ainsi bénéficié sur 6 ans de plus de 8 M€ de subventions.



DU DETERMINISME GENETIQUE AUX BASES ECOPHYSIOLOGIQUES DU BLE

Le projet **WHEATGROWTH (2006 - 2008)**, coordonné par Alain Murigneux (Limagrain) avait pour objectif l'étude de l'influence du développement des organes reproductifs et végétatifs et de l'adaptation génotypique aux conditions environnementales sur le rendement du blé. Le projet a notamment permis l'établissement d'une carte génétique à partir des marqueurs et l'identification de QTL et de gènes impliqués dans le contrôle du rendement, ainsi qu'une meilleure compréhension des interactions entre ces QTL et l'environnement. De nouveaux marqueurs développementaux ont été développés. Ils pourront être utilisés dans le cadre de futurs programmes de sélection.

PROTNBLE (2007 - 2010), coordonné par Stéphane Lafarge (Biogemma) visait à identifier les déterminants génétiques et écophysiologiques (i) des relations entre le rendement en grain et sa concentration

protéique et (ii) de la remobilisation de l'azote et de l'absorption durant la phase reproductive. Parmi les résultats marquants, de nouveaux outils de prédiction des caractères liés à l'assimilation de l'azote ont été validés, tout comme de nouveaux outils de phénotypage (spectroscopie et imagerie hyperspectrale). Des marqueurs polymorphiques et des SNP ont été identifiés, et environ 50 gènes ont été cartographiés. Les résultats obtenus ont largement contribué à l'amélioration des connaissances sur l'efficacité d'utilisation de l'azote, fondamentales pour l'optimisation de la qualité et du rendement des cultures.

Coordonné par Sébastien Praud (Biogemma), le projet **WHEAT PERFORMANCE (2008 - 2011)** a permis d'améliorer la connaissance des déterminismes génétiques de l'architecture et de la morphologie de la plante. Il a également servi à développer des outils et approches pour des études d'association, permettant d'accélérer la

découverte et la caractérisation des régions et gènes impliqués dans les composantes du rendement. Il aura contribué à mettre en place le premier modèle de précocité du blé basé sur la régulation des gènes. Des avancées dans le phénotypage de précision ont aussi été réalisées au cours de ce projet, en particulier pour l'étude de la réponse de la plante aux variations de température.

Le projet **PHENOBLE (2011 - 2014)**, coordonné par Katia Beauchene (Arvalis Institut du Végétal) s'est terminé fin 2014. Il visait le développement de nouveaux outils d'analyse des déterminants génétiques de l'efficacité d'utilisation des engrais azotés chez le blé tendre, notamment la mise en place d'une plateforme de phénotypage fin et haut débit en plein champ, qui sera consacrée au blé tendre dans un premier temps, et se focalisera sur les interactions génotype X environnement liées à l'assimilation de l'azote.



Comme pour d'autres traits d'intérêt agronomique, l'identification de marqueurs est un enjeu de taille pour la recherche de gènes de résistance et la sélection de variétés résistantes aux maladies. En 6 ans, le programme a largement contribué à la découverte de ces marqueurs. **SMART (2007 - 2009)**, coordonné par Catherine Feuillet (INRA Clermont) a révélé des gènes impliqués dans la résistance aux maladies fongiques du blé, et permis de développer des marqueurs pour certains loci impliqués dans ces mécanismes de résistance. Ce projet a également contribué à la caractérisation de la séquence du chromosome 3B par la mise en place d'outils informatiques pour l'assemblage et l'annotation de séquences et le développement de marqueurs.

L'étude du champignon *Septoria tritici*, une des principales causes de la septoriose, et de ses interactions avec le blé, a fait l'objet du projet **TWIST (2009 - 2011)**, coordonné par Marc-Henri Lebrun (INRA Grignon). Par des approches de transcriptomique développées dans le cadre de ce projet, les chercheurs ont identifié chez le blé des gènes candidats impliqués dans les interactions blé-

septoriose. Ces gènes pourront servir de base à des futurs projets d'amélioration de résistance du blé à la maladie, pour identifier des effecteurs fongiques, ou en tant que marqueurs de la maladie.

Le projet **CerealDefense (2010 - 2013)** porté par Jean-Benoit Morel (INRA Montpellier), s'est focalisé sur l'étude de la fusariose via des approches de génomique comparative avec le riz, pour transférer les connaissances des voies de régulation des mécanismes de résistance d'une espèce à l'autre.

LA SEQUENCE DU CHROMOSOME 3B : UNE RESSOURCE UNIQUE POUR L'AMELIORATION VARIETALE DU BLE

Le projet **3BSEQ (2010 - 2012)**, financé conjointement par l'ANR et France Agrimer, et coordonné par Catherine Feuillet (INRA Clermont) avait pour objectif le séquençage, l'assemblage et l'annotation de la séquence du chromosome le plus long du blé, le chromosome 3B (1 Gb). Le projet visait aussi à exploiter les résultats pour la caractérisation structurelle et fonctionnelle du génome et la production de marqueurs. Au-delà du développement

de nombreux outils et méthodes pour l'annotation des séquences, et pour le développement d'une carte des transcrits du génome, la principale réussite de ce projet est production de la séquence de référence du chromosome 3B, première séquence de référence d'un chromosome de blé tendre. Cette ressource unique a permis d'ouvrir de nouvelles pistes pour l'identification de gènes à fort intérêt agronomique. Le projet 3BSEQ constitue aujourd'hui un modèle international pour le séquençage des 20 autres chromosomes dans le cadre du Consortium International de Séquençage du Génome du Blé (IWGSC).

Enfin, le projet **GAIN-SPEED (2010 - 2013)**, coordonné par Sébastien Faure (Biogemma), a permis la mise en place d'éléments permettant une sélection assistée par marqueurs plus efficace en s'appuyant sur toutes les ressources disponibles et en tenant compte d'objectifs industriels et de recherche fondamentale. Le développement de nouveaux marqueurs a été facilité par la disponibilité de la séquence génomique produite dans le cadre du projet 3BSEQ.

« Le programme Génoplante a permis de lancer les recherches sur la génétique de l'efficacité de l'utilisation de l'azote chez le blé tendre »

**Article rédigé par Jacques Le Gouis
INRA, UMR 1095 Génétique, Diversité, Ecophysiologie des Céréales (GDEC)**

Dès le départ, cette thématique a été soutenue par les différents partenaires pour apporter des solutions aux questions agronomiques et environnementales liées à l'utilisation des fertilisants azotés. Profitant des ressources et du réseau de connaissances apportés par Génoplante, nous avons pu dès le début des années 2000 développer des outils permettant de réellement lancer cette thématique :

cartes génétiques sur la base de microsattellites, séquences de gènes candidats du métabolisme azoté, transcriptome et protéome de plantes carencées, expérimentations de populations dans des réseaux multilocaux... Cet effort s'est rapidement traduit par des résultats significatifs qui ont été publiés au milieu des années 2000 (Barhman et al 2004, Boisson et al 2005 ;

Laperche et al 2006...). C'est sur cette base que les projets suivants ont été édifiés (ProtNBlé, PhénoBlé) et que nous construisons aujourd'hui encore les travaux conduits dans BreedWheat. Ces recherches ont ainsi permis aux équipes impliquées d'occuper une place reconnue sur cette thématique au niveau international.

BreedWheat : un projet ambitieux pour la filière française de sélection du blé



Piloté par l'UMR Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales (GDEC) de l'INRA de Clermont-Ferrand, et coordonné par Jacques Le Gouis, le Projet Investissements d'Avenir BreedWheat (9 ans) vise à soutenir la filière française de sélection du blé, en répondant aux besoins économiques et sociétaux d'une production compétitive et durable.

Représentant un investissement total de 34M€ (subvention : 10M€), ce projet vise à identifier les facteurs génétiques impliqués dans les principaux caractères d'intérêt agronomique pour la sélection du blé tendre (rendement, qualité, tolérance aux stress environnementaux, résistance aux maladies), via l'utilisation de nouvelles techniques de génotypage et phénotypage à haut-débit, et la caractérisation de ressources génétiques.

L'une des puces de génotypage les plus importantes jamais développées chez le blé a été mise au point dans le cadre du projet, à partir d'une combinaison de marqueurs d'origines diverses.

Avec plus de 423 000 SNP, cette puce AXIOM (Affymetrix) a permis le génotypage de plus de 7000 lignées. Démarré en septembre 2011, le projet s'inscrit dans la continuité des projets de recherche Génoplante précédents, notamment en utilisant des Enabling Technologies (ET) issues de ces projets. Il a déjà généré plus d'un milliard de données (contre 33 millions envisagées), la majorité en génotypage et en phénotypage. Il doit permettre le développement de nouvelles méthodes de sélection et l'identification de nouveaux allèles d'intérêt pour créer des variétés plus performantes.

www.breedwheat.fr

Partenaires : INRA (Bordeaux, Clermont-Ferrand, Nantes, PACA, Toulouse, Versailles-Grignon), LIMOS (CNRS), Arvalis - Institut du végétal, GEVES, RAGT 2n, Florimond Desprez, Biogemma, Limagrain Europe, Syngenta France, Agri-Obtentions, Momont, Caussade Semences, Bayer CropScience, Secobra Recherches, Céréales Vallée

AGENCE NATIONALE DE LA RECHERCHE
ANR



Apport des programmes Génoplante au développement de la génomique végétale et à l'amélioration des espèces d'importance agronomique, l'exemple du blé tendre

Point de vue de Thierry Langin et Pierre Sourdille

INRA, UMR 1095 Génétique, Diversité, Ecophysiologie des Céréales (GDEC)

L'amélioration variétale des espèces végétales de grande culture, comme le blé tendre, représente un enjeu majeur depuis l'invention de l'agriculture moderne. Les nouvelles variétés devront répondre à un double challenge : être à même d'assurer une production de qualité répondant aux besoins alimentaires d'une population mondiale en forte croissance, tout en prenant en compte les nouveaux paradigmes d'une agriculture plus durable et l'impact du changement climatique. La création variétale, qui a longtemps reposé sur la génétique classique et l'exploitation de la variabilité existante, a connu ces 30 dernières années deux révolutions : l'introduction des outils de la biologie moléculaire, rendant possible le développement de nouvelles méthodologies comme la sélection assistée par marqueurs (SAM), qui ont largement contribué à améliorer l'efficacité des programmes de sélection, et plus récemment la génomique végétale, qui ouvre la voie à la sélection génomique.

Il y a une vingtaine d'années, les outils et données de génomique végétale étaient limités aux espèces modèles à petit génome tels *Arabidopsis thaliana*, et dans une moindre mesure, le riz. L'effort important consenti dans le cadre des programmes Génoplante successifs a donné un gigantesque coup d'accélérateur au développement de la génomique végétale française (données, ressources, outils), en particulier pour les espèces de grande culture comme le maïs, la tomate, le colza, le tournesol et bien sûr, le blé

tendre. Cet effort sans précédent, réalisé le plus souvent dans le cadre de partenariats public-privés, a permis de générer des cartes génétiques saturées de marqueurs moléculaires, des informations partielles ou totales de séquences de gènes, des banques de grands fragments (BAC) et des cartes physiques.

En ce qui concerne le blé tendre, les projets Génoplante ont permis le développement de plusieurs centaines de marqueurs microsatellites et SNP, l'établissement des premières cartes génétiques haute-densité, l'identification d'un grand nombre de locus (gènes ou QTL) contrôlant des caractères agronomiques majeurs tels que l'assimilation de l'azote, la résistance aux maladies, etc. Ils ont alimenté les bases de données internationales avec quantité d'étiquettes de séquences exprimées (EST), alors que seulement huit séquences étaient disponibles au lancement du programme Génoplante. Enfin, ils ont également largement participé à la mise au point des outils et méthodes permettant la création de banques BAC spécifiques d'un chromosome ou d'un bras de chromosome.

L'ensemble de ces ressources et outils est à la base de la stratégie adoptée par le consortium international IWGSC pour le séquençage du génome du blé tendre. En dépit de la très grande taille de ce génome (17 000 Mb) et de son caractère polyploïde, cet objectif ambitieux est aujourd'hui en passe d'être réalisé : la

première séquence de référence d'un chromosome de blé tendre a été publiée en 2014 dans la revue *Science*, en même temps qu'une ébauche de la séquence complète du génome, ainsi qu'un inventaire quasi-exhaustif des gènes présents chez le blé tendre. Une séquence de référence de l'ensemble du génome de blé tendre devrait être disponible d'ici 3 ans, ce qui sera indiscutablement une avancée majeure pour la sélection de nouvelles variétés. En effet, disposer d'une séquence complète ordonnée et correctement annotée a déjà montré toute sa puissance chez les espèces pour lesquelles elle est soit acquise, soit en voie d'acquisition (riz, maïs, colza, orge...).

Les données et outils déjà disponibles chez le blé sont à la base de très nombreux programmes de recherche. C'est le cas du Projet Investissement d'Avenir BreedWheat, dont la construction a été rendue possible non seulement par le grand nombre de ressources et l'importante masse de données générées ces dernières années chez le blé tendre mais également par l'expérience acquise des partenariats public-privés, et par un cadre conceptuel et théorique offrant une vision à long terme de l'amélioration génétique du blé tendre, et plus largement des espèces d'intérêt. L'obtention d'une séquence complète et de très haute qualité du génome de blé représentera indiscutablement un nouveau saut technologique chez cette espèce cultivée majeure, et les programmes Génoplante y auront très largement contribué.



La recherche française, leader au sein des initiatives internationales pour la filière de sélection du blé



Créé en 2005 à l'initiative des acteurs publics et privés de la filière de sélection du blé, le Consortium International de Séquençage du Génome du Blé (IWGSC) a pour mission de porter les recherches génétiques et génomiques sur le blé tendre au niveau international. L'IWGSC, au sein duquel l'INRA occupe une position de leader, comprend plus de 1000 membres, répartis dans 57 pays. Il s'est donné comme ambition de i) réaliser une première ébauche de la séquence des 21 chromosomes du blé tendre, ii) développer des cartes physiques pour chaque chromosome, et iii) finaliser la séquence de référence pour chacun de ces chromosomes. En juillet 2014, l'IWGSC a atteint le premier de ses objectifs en publiant une ébauche de la séquence du

génome complet de blé et en dévoilant l'ensemble des gènes portés par ses 21 chromosomes.

LA WHEAT INITIATIVE SOUTIENT L'IWGSC POUR FINALISER LE SEQUENCAGE DU BLE

La Wheat Initiative a vu le jour en 2011 sous l'égide des ministres de l'agriculture du G20 et avec le soutien de la communauté internationale de recherche sur le blé. Pilotée par Hélène Lucas (INRA), également présidente du directoire opérationnel du GIS BV, la Wheat Initiative a pour ambition de coordonner les efforts de recherche internationaux publics et privés sur le blé et regroupe aujourd'hui 16 pays, 2 centres de recherche internationaux et 9 entreprises

de sélection privées. L'Agenda de Recherche Stratégique (ARS) de la Wheat Initiative publié en juillet 2015 identifie les priorités de recherche nécessitant des actions intégrées ou coordonnées au niveau international. L'ARS fournit un cadre de référence pour que les scientifiques publics et privés, les financeurs et les pouvoirs publics travaillent ensemble pour résoudre le défi de l'augmentation de la production de blé et contribuent ainsi à la sécurité alimentaire mondiale. La finalisation de la séquence de référence du blé constitue une des priorités de cet Agenda de Recherche Stratégique et la Wheat Initiative accompagne l'IWGSC dans la recherche des financements nécessaires. www.wheatinitiative.org

*Suivez l'actualité des biotechnologies végétales et du
GIS BV sur les réseaux sociaux !*



*Ou en vous abonnant à notre lettre d'information à
partir de notre site internet.*

www.gisbiotechnologiesvertes.com

GIS Biotechnologies Vertes

28 rue du Docteur Finlay

75015 Paris - France

Tél : +33 (0)1 42 75 95 86

gisbv@genoplante.com

