



HAL
open science

ArchiRac : Caractérisation de la diversité génétique de l'architecture racinaire chez le blé tendre et le blé dur

Renaud Rincent, Christophe Salon, Jacques Le Gouis, Pierre P. Roumet, Stephane S. Lafarge, Katia Beauchene

► To cite this version:

Renaud Rincent, Christophe Salon, Jacques Le Gouis, Pierre P. Roumet, Stephane S. Lafarge, et al.. ArchiRac : Caractérisation de la diversité génétique de l'architecture racinaire chez le blé tendre et le blé dur. Sélectionneur Français, 2019, 70, pp.31-38. hal-03561256

HAL Id: hal-03561256

<https://hal.inrae.fr/hal-03561256v1>

Submitted on 8 Feb 2022

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.

ArchiRac : CARACTERISATION DE LA DIVERSITE GENETIQUE DE L'ARCHITECTURE RACINAIRE CHEZ LE BLE TENDRE ET LE BLE DUR

Renaud RINCENT¹, Christophe SALON², Jacques LE GOUIS¹, Pierre ROUMET³,
Stéphane LAFARGE⁴, Katia BEAUCHENE⁵

¹UMR GDEC 1095 INRA/UCA, 5 chemin de Beaulieu, 63000 Clermont-Ferrand

²UMR Agroécologie INRA/Univ. Bourgogne/AgroSup, 17 rue Sully BP 86510, 21065 Dijon Cedex

³UMR AGAP, Campus Supagro, 2 Place Viala, 34060 Montpellier Cedex 2

⁴Limagrain Europe, Bâtiment 1, Route d'Ennezat, 63720 Chappes

renaud.rincent@inra.fr

RÉSUMÉ

Le système racinaire constitue la partie invisible des plantes mais il joue néanmoins un rôle primordial dans leur développement. C'est par le système racinaire que la plante va prélever des éléments qui sont indispensables à sa survie, et c'est donc, au moins en partie, les caractéristiques de ce système racinaire qui vont lui permettre de résister à des stress abiotiques. Il a été notamment montré que des caractères liés à l'architecture racinaire pouvaient être responsables d'une meilleure tolérance à des stress hydriques. Le projet FSOV ArchiRac vise à caractériser un grand nombre de variétés élites et de diversité de blé tendre et de blé dur pour leur architecture racinaire grâce à des expérimentations en plateforme de phénotypage haut-débit 4PMI (Jeudy *et al.*, 2016). Les mesures réalisées sur cette plateforme seront confrontées à des mesures d'architecture racinaire réalisées au champ dans des conditions optimales ou de stress hydriques, et à des mesures de caractères agronomiques dans le réseau d'essais du projet BreedWheat. Des analyses de génétique d'association et de prédiction génomique seront réalisées pour détecter des QTLs d'intérêt et calibrer des équations de prédiction de manière à valoriser ces résultats en sélection. Les premiers résultats sont prometteurs et illustrent la grande variabilité phénotypique disponible sur ce matériel.

Mots-clés : architecture racinaire, blé tendre, blé dur, variabilité génétique, génétique d'association, prédiction génomique

1 – INTRODUCTION

Une stagnation des rendements du blé a été constatée en Europe depuis une quinzaine d'années. En France, cette stagnation serait due pour une partie substantielle au changement climatique (-0.2 à -0.5 q/ha/an), alors que le progrès génétique continue de croître (+1.0 à +1.3 q/ha/an) (Brisson *et al.*, 2010). L'analyse des données historiques et des simulations ont permis d'identifier le stress hydrique comme l'un des facteurs principaux affectant le rendement à travers des épisodes de sécheresse (Brisson *et al.* 2010 ; Gouache *et al.*, 2015). Par exemple, les années sèches 2003 et 2011 se sont traduites par des rendements nationaux inférieurs de 5 à 10 q/ha par rapport à la tendance actuelle. Selon le dernier rapport du panel intergouvernemental sur le changement climatique (IPCC Fifth Assessment Report, 2013), ces épisodes devraient s'intensifier à moyen terme (2016-2035) pour la France, à la fois par une baisse des précipitations et par une augmentation de l'évaporation.

L'une des principales pistes pour contrer cet effet est de développer des variétés tolérantes au stress hydrique. Pour cela, l'architecture racinaire est un caractère particulièrement intéressant à travailler, car une exploration du sol plus large et plus rapide par les racines peut permettre à la plante d'accéder à plus d'eau. Pour des environnements secs australiens il a été montré que l'extraction d'1 mm d'eau supplémentaire entraînait des gains de rendement d'environ 0.55 q/ha (Manschadi *et al.*, 2006 ; Kirkegaard *et al.*, 2007). L'accès à toute la ressource en eau disponible lors de la montaison et du remplissage peut également être contraint en France par des excès d'eau en début de cycle : Gouache *et al.*, (2015) ont en effet montré que ceux-ci affectent très négativement les rendements, notamment en milieu méditerranéen. L'hypothèse sous-jacente est qu'un ennoiment empêche la croissance racinaire et contraint l'accès ultérieur à l'eau. Cet effet serait plus marqué sur le blé dur. Plusieurs études ont montré qu'il existait une variabilité génétique pour les caractères racinaires chez le blé tendre (Manschadi *et al.*, 2008 ; Lopes and Reynolds 2010) et le blé dur (Canè *et al.*, 2015).

Le développement de nouveaux outils de phénotypage haut débit de l'architecture racinaire permet depuis peu de caractériser un grand nombre de génotypes dans des conditions contrôlées. Nous proposons donc à travers le projet FSOV ArchiRac (INRA, Arvalis, Biogemma) de caractériser un grand nombre de variétés élites et de diversité de blé tendre et de blé dur pour leur architecture racinaire grâce à des expérimentations sur la plateforme 4PMI (Phenotyping Platform for Plant and Plant Micro-organisms Interactions) de l'INRA de Dijon (Jeudy *et al.*, 2016). Ce projet vise également à confronter mesures réalisées en plateforme et mesures réalisées au champ, de manière à identifier des caractères d'intérêt. Une analyse génétique de ces caractères sera réalisée à travers de la génétique d'association pour identifier des QTL, et des prédictions génomiques pour cribler du matériel non phénotypé.

2 - PRESENTATION DU PROJET

Pour répondre à ces différents objectifs, le projet ArchiRac s'organise en quatre parties complémentaires :

2.1 - Analyse de la variabilité génétique inter et intra-spécifique de l'architecture racinaire en conditions contrôlées

Les caractères d'architecture racinaire ont été peu étudiés jusqu'à présent, du fait de la complexité à les observer *in situ* de manière non destructive. Il n'existe pas encore d'outil fiable de mesures haut débit de traits racinaires (architecture, biomasse...) au champ, mais des plateformes de phénotypage ont été récemment développées, permettant d'accéder à ces traits en conditions contrôlées. La plateforme 4PMI offre d'excellentes facilités pour caractériser finement et à haut débit l'architecture racinaire de grands nombres de génotypes grâce à un dispositif de rhizotrons. Cet outil nous semble un élément clé pour accéder à des sources de variabilité importantes de caractères qui ont été peu ou pas exploités jusqu'à présent, et qui sont essentiels pour l'adaptation au changement climatique.

L'objectif de cette première partie est de caractériser finement l'architecture racinaire de panels de blé tendre et de blé dur présentant une très grande diversité. Dans cette première partie, le phénotypage sera fait en condition optimale, de manière à bien caractériser l'architecture racinaire avec un nombre important de répétitions.

Les panels de blé tendre élite (275 variétés) et de diversité (500 variétés) du projet BreedWheat, ainsi que le panel de diversité de blé dur EPO (Evolutionary Pre-breeding Population, David *et al.*, 2014) seront donc analysés sur la plateforme 4PMI à travers trois expérimentations sur

l'ensemble du dispositif (1200 rhizotubes) en conditions optimales pour les caractères mesurés en dynamique (racinaires : angles, vitesse d'élongation, nombre, diamètre, profondeur ; aérien : surface foliaire) ou en destructif en fin d'expérimentation (biomasses aérienne et racinaire, surface foliaire). Les importantes quantités de mesures réalisées par la caméra et les capteurs seront analysées en premier lieu par des algorithmes spécialement développés par la plateforme 4PMI pour traiter ce type de données, et calibrés pour notre matériel et nos conditions.

Des analyses statistiques classiques seront menées pour estimer l'héritabilité et la variabilité génétique des différents caractères d'architecture mesurés dans chacun des panels. Les variétés seront regroupées en grands types d'architecture racinaire correspondant potentiellement à différentes stratégies adaptatives et donc différents idéotypes. L'évaluation conjointe de blé tendre et de blé dur permettra de comparer la variabilité et les stratégies adaptatives propres à ces deux espèces.

Les informations disponibles sur les variétés qui composent les panels seront utilisées pour identifier d'éventuelles pertes de diversité entre matériel ancien et matériel élite récent. Cette première étude permettra d'identifier des caractères sur lesquels il y aurait potentiellement un intérêt à réintroduire de la diversité dans le matériel récent.

2.2 - Etude de la robustesse des caractères mesurés sur la plateforme 4PMI

L'objectif de cette partie est d'évaluer la robustesse des observations effectuées sur la plateforme 4PMI.

Dans un premier temps, les mesures des traits racinaires obtenues sur la plateforme 4PMI seront confrontées à celles obtenues sur d'autres plateformes. Le panel de blé tendre élite sera en effet phénotypé pour les caractéristiques d'architecture racinaire (angle des racines séminales et nombre de racines émises) en pot transparent (Richard *et al.*, Plant Methods 2015) par Biogemma. Il sera donc possible de comparer les résultats obtenus sur les différentes plateformes, et ainsi d'évaluer la robustesse des mesures.

Dans un deuxième temps, la pertinence des traits mesurés sera évaluée en les confrontant à des données phénotypiques obtenues en plateformes de phénotypage au champ semi-contrôlées, dans lesquelles le contrôle du stress hydrique peut se faire finement (par rapport à des expérimentations plein champ classiques). Ces deux essais basés sur les variétés du panel élite BreedWheat ont été réalisés sous abri roulant en 2016 sur les plateformes Phénofield (Arvalis, Ouzouer-le-Marché) et Phéno3C (INRA, Clermont-Ferrand). Le panel de diversité de 500 variétés de blé tendre a été phénotypé dans un troisième essai sur la plateforme Pheno3C en 2017.

Enfin, nos résultats seront évalués face à des données phénotypiques obtenues sur réseau multilocal dans un contexte large d'interactions génotype x environnement. Les variétés du panel élite BreedWheat ont en effet été évaluées dans un réseau d'essais au champ conséquent (environ 40 environnements) pour des caractères de phénologie et de rendement dans des conditions très variables. Certains essais ont subi des stress hydriques et/ou thermiques clairement établis.

Pour le blé dur, les données racinaires obtenues seront mises en regard d'un référentiel agronomique duquel nous pourrions extraire des données de production et de qualité du grain, de vitesse de sénescence, d'efficacité d'assimilation des éléments minéraux (P notamment). Les moyennes de ces performances mais également la stabilité de ces performances seront prises en compte.

Globalement, au sein de cette partie, ces données seront utilisées pour identifier des corrélations entre des caractères de l'architecture racinaire et des caractères de tolérance au stress

hydrique en plein champs mesurés dans le cadre de BreedWheat (température de canopée, composantes du rendement...). Les performances au champ des différents types d'architecture racinaire en condition de stress hydrique et/ou thermique pourront être comparées. Cette partie devrait aboutir à l'identification de traits d'intérêts mesurables sur plateforme et expliquant une partie de la tolérance au stress hydrique en plein champ.

2.3 - Déterminisme génétique des caractères d'architecture racinaire et développement de modèles génétiques prédictifs

Les objectifs de cette partie sont de décortiquer l'architecture génétique des caractères observés, c'est-à-dire d'identifier les régions du génome ayant un effet, d'estimer cet effet et de développer des modèles génétiques prédictifs. Tous les individus phénotypés dans la première partie ont déjà été densément génotypés (puce TaBW420k SNP pour le blé tendre et le blé dur, Rimbart *et al.*, 2018). Les données collectées dans la partie 1 pourront donc être utilisées pour réaliser des études de génétique d'association. Les éventuelles colocalisations de QTL de différents caractères seront identifiées et comparées avec les régions identifiées dans le cadre du projet BreedWheat. Ces résultats pourront trouver des applications en sélection à travers des approches d'introgession de QTL et d'utilisation en sélection assistée par marqueurs. Tout le matériel ayant été génotypé avec une même puce, il sera également possible de comparer les QTL identifiés chez les deux espèces. Il sera intéressant de regarder si des zones chromosomiques orthologues sont identifiées sur les génomes A et B, communs aux deux espèces.

Il sera également possible de comparer les niveaux de polymorphisme des QTL chez les deux espèces. Le second objectif de cette partie est de développer des modèles statistiques permettant de prédire l'architecture racinaire et la tolérance au stress hydrique au champ de nouvelles variétés (génotypées mais non phénotypées), grâce à des modèles de prédiction génomique. Nous nous intéresserons particulièrement aux caractères identifiés comme étant fortement reliés au comportement au champ. Les résultats de détection de QTL seront utilisés pour améliorer les modèles de prédiction génomique et les corrélations entre caractères seront prises en compte. La qualité des prédictions obtenues sera évaluée par validation croisée. Cette tâche permettra donc d'orienter les sélectionneurs vers des approches de sélection adaptées aux différents caractères : QTL ou sélection génomique, ou combinaison des deux.

Le modèle prédictif sera ensuite utilisé pour explorer et valoriser la diversité présente dans les collections de blés (4600 accessions de blé tendre du CRB-Clermont-Ferrand génotypées dans le cadre de BreedWheat).

2.4 - Caractérisation sur plateforme de génotypes extrêmes et validation par essais au champ

Le premier objectif de cette partie est d'évaluer la plasticité de l'architecture racinaire de génotypes extrêmes (en termes d'architecture racinaire) en condition de stress hydrique sur plateforme. Le second objectif est de valider ces observations sur plateforme par du phénotypage en plein champ de caractères racinaires et de tolérance au stress hydrique ou à l'enneigement. Pour cela 16 génotypes de blé dur et de blé tendre présentant des architectures racinaires extrêmes seront sélectionnés sur la base des mesures sur plateforme ou par prédiction génomique sur du matériel de diversité plus large.

Ces génotypes extrêmes seront ensuite évalués sur la plateforme 4PMI de Dijon sous trois conditions hydriques : absence de stress, stress modéré, stress intense. Les mêmes mesures qu'en partie 1 seront réalisées. Elles permettront d'une part de valider la qualité des prédictions génomiques pour les génotypes nouvellement introduits, et d'autre part d'estimer la réponse de ces génotypes aux différents scénarios de stress hydrique. Des indices de plasticité ou de réponse au stress pourront être estimés pour chacun des caractères et chacun des génotypes.

En parallèle, les mêmes 16 génotypes seront observés dans un réseau de 4 essais au champ (INRA Montpellier, INRA Clermont-Ferrand, Arvalis Gréoux, et Nîmes pour un essai ennoiment). La plateforme Phéno3C de Clermont-Ferrand permettra de finement piloter les conditions de stress hydrique. Deux conditions seront appliquées sur ces quatre sites : une condition témoin et une condition stressante (stress hydrique ou ennoiment). Sur chacun des 4 sites, des prélèvements racinaires seront réalisés pour mesurer les angles d'insertion des racines séminales ainsi que les biomasses racinaires et aériennes à 4 dates, du semis à la floraison. Les 16 génotypes seront également caractérisés pour chaque site et sous chaque condition pour des caractères aériens : température de canopée, surface foliaire, biomasse, quantité d'azote et composantes du rendement. Ces résultats pourront ensuite être confrontés aux observations réalisées sur plateforme pour estimer l'adéquation entre expérimentations sur plateforme et essais au champ pour les différents caractères (biomasse racinaire et plasticité de réponse au stress).

3 - PREMIERS RESULTATS

3.1 – Caractérisation de la variabilité phénotypique dans les différents panels

Le projet étant en cours, seules les deux premières expériences sur 4PMI ont été réalisées sur l'ensemble du matériel génétique. Elles révèlent une très grande diversité pour tous les caractères observés sur la plateforme (Figure 1). Les biomasses racinaires et aériennes peuvent varier du simple au quadruple (Figure 2). A une même date, certaines variétés vont prospecter à des profondeurs 2,5 fois plus élevées que d'autres. Et on note une tendance du panel de blé tendre élite (BTEli) à aller plus rapidement en profondeur que le matériel de diversité (BTDiv). Il s'agit donc peut-être d'un caractère qui aurait été indirectement sélectionné. Nous pourrions tester cette hypothèse en regardant si la date d'inscription est corrélée à ce caractère dans le matériel élite. On note également une diversité moindre dans le panel élite pour la biomasse racinaire en fin de manip.

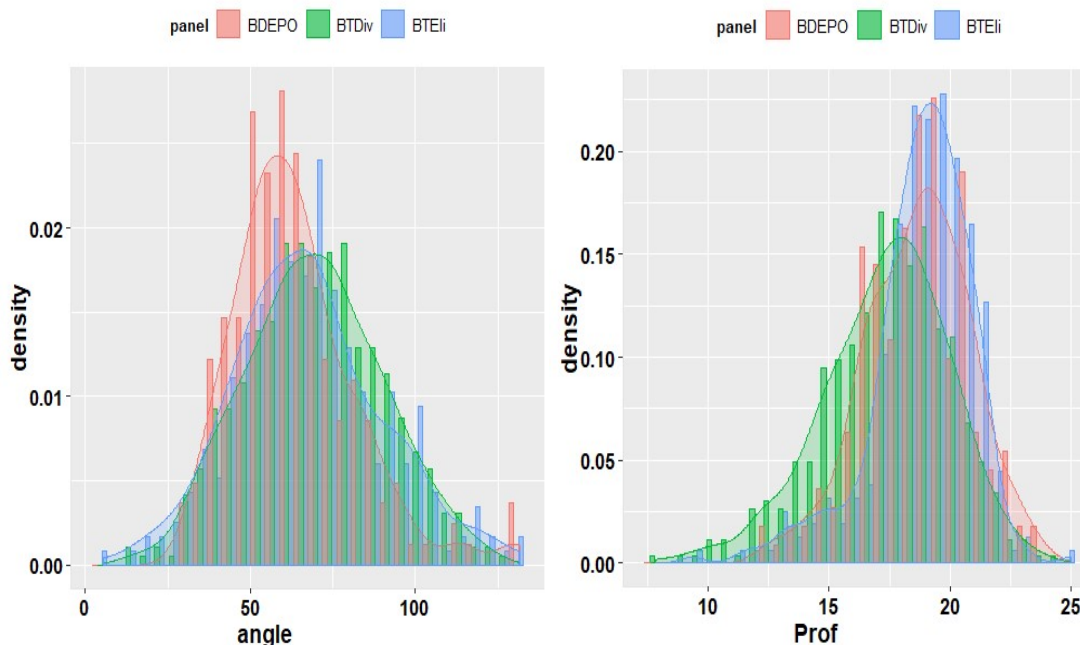


Figure 1. Histogramme pour les panels de blé tendre élite (BTEli), de diversité (BTDiv) et le panel de diversité de blé dur (BDEPO) pour les caractères angle d'insertion des racines séminales (angle) et profondeur de prospection (Prof).

On retrouve la très forte corrélation entre biomasse racinaire et aérienne dans les trois panels (Figure 2). Il semble toutefois que certaines variétés s'écartent de cette relation et produisent donc un excès ou un déficit de biomasse racinaire par rapport à ce qu'elles produisent en aérien. Il nous semble intéressant de travailler ce caractère plus en détail et notamment de le confronter à des indices de tolérance aux stress abiotiques.

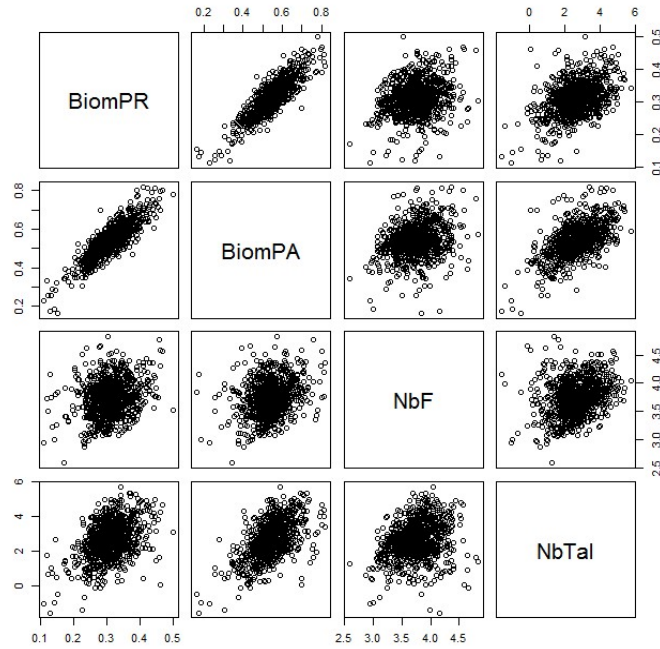


Figure 2. Distribution pour la biomasse racinaire (BiomPR) aérienne (BiomPA) le nombre de feuilles (NbF) et de talles (NbTal) au moment du prélèvement.

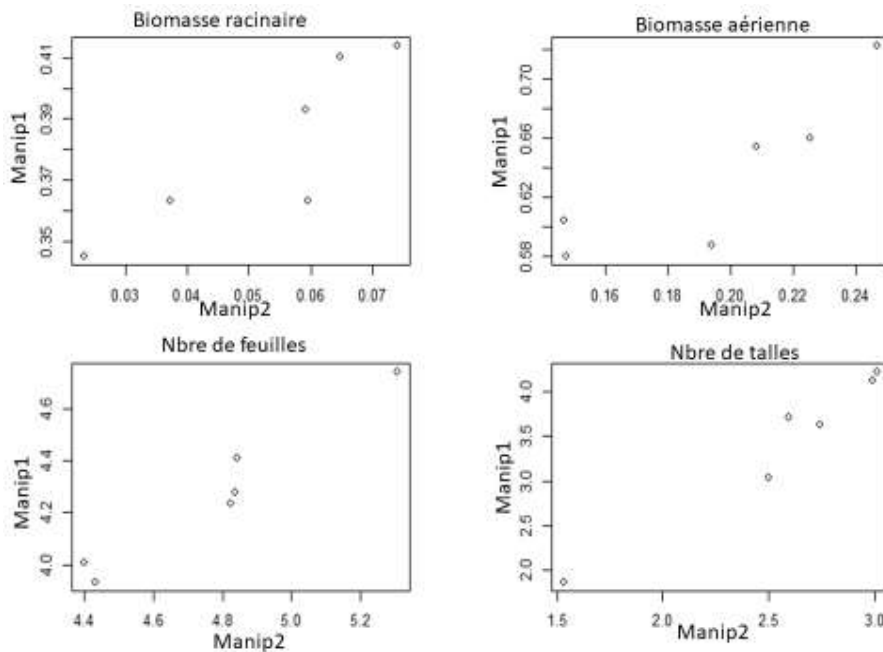


Figure 3. Confrontation des moyennes ajustées des six variétés témoins calculées sur les deux premières expérimentations 4PMI. Les quatre caractères sont la biomasse racinaire et la biomasse aérienne (g), le nombre de feuilles et de talles en fin d'expérimentation.

3.2 – Adéquation entre les deux premières expérimentations 4PMI

Ces deux premières expérimentations ont eu lieu en Octobre 2017 et en Juillet 2018, donc avec des contraintes climatiques extérieures très différentes. Il semble donc pertinent de vérifier que ces deux expérimentations produisent bien des résultats similaires. Six variétés témoins ont été répétées un grand nombre de fois (>20) sur chacune des expérimentations, et sont donc très bien connues. La confrontation des moyennes ajustées de ces six variétés calculées pour chacune des deux expérimentations permet de voir que les résultats sont très cohérents et que les interactions génotype x environnement étaient donc faibles (Figure 3). Les autres variétés n'étaient répétées que deux fois (deux plantes dans un rhizotron), les corrélations entre les deux expérimentations sont donc plus faibles à cause d'une variance d'erreur importante, mais le calcul de moyennes ajustées intégrant l'ensemble des trois expérimentations devrait aboutir à des héritabilités élevées.

4 - CONCLUSIONS

Ces premiers résultats illustrent donc une très grande variabilité phénotypique dans les trois panels étudiés. La variabilité n'est cependant pas la même dans chacun des panels (en général moindre dans le panel élite), et les moyennes peuvent également différer. On remarque par exemple que les lignées de blé tendre élite et de blé dur vont plus rapidement en profondeur que le matériel de grande diversité. Les prochaines expérimentations sur la plateforme 4PMI et dans le réseau d'essais permettront de compléter ce premier jeu de données prometteur. Nous pourrons donc ensuite confronter les résultats collectés sur la plateforme 4PMI aux mesures de caractères racinaires ou agronomiques en condition de plein champ. Il sera également possible de réaliser les analyses génétiques (détection de QTL et calibration de modèle de prédiction génomique) sur les caractères qui ressortiront de cette étude.

Journée Scientifique ASF du 7 février 2019

" Le système racinaire et la rhizosphère en amélioration des plantes "

BIBLIOGRAPHIE

Brisson, N., Gate, P., Gouache, D., Charmet, G., Oury, F.-X., Huard, F. (2010). Why are wheat yields stagnating in Europe? A comprehensive data analysis for France. *Field Crops Res* 119, 201–212.

Canè MA, Maccaferri M, Nazemi G, et al (2014) Association mapping for root architectural traits in durum wheat seedlings as related to agronomic performance. *Mol Breed* 34:1629–1645.

David J, Holtz Y, Ranwez V et al (2014) Genotyping by sequencing transcriptomes in an evolutionary pre-breeding durum wheat population. *Mol Breed* 34:1531–1548. doi:10.1007/s11032-014-0179-z

Gouache D, Boucheon AS, Jouanneau E, Le Bris X (2015) Agrometeorological analysis and prediction of wheat yield at the departmental level in France. *Agricultural and Forest Meteorology* 209, 1–10.

IPCC Fifth Assessment Report. Climate Change 2013: The Physical Science Basis.

Jedy C, Adrian M, Baussard C, et al., (2016) RhizoTubes as a new tool for high throughput imaging of plant root development and architecture: test, comparison with pot grown plants and validation. *Plant Methods* 12,31.

Kirkegaard JA, Lilley JM, Howe GN, Graham JM (2007) Impact of subsoil water use on wheat yield. *Aust J Agric Res* 58:303.

Lopes MS, Reynolds MP (2010) Partitioning of assimilates to deeper roots is associated with cooler canopies and increased yield under drought in wheat. *Funct Plant Biol* 37:147.

Manschadi AM, Christopher J, Devoil P, Hammer GL (2006) The role of root architectural traits in adaptation of wheat to water-limited environments. *Functional Plant Biology* 33, 823–837.

Manschadi AM, Hammer GL, Christopher JT, deVoil P (2008) Genotypic variation in seedling root architectural traits and implications for drought adaptation in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Soil* 303:115-129.

Richard CA, Hickey LT, Fletcher S, Jennings R, Chenu K, Christopher JT (2015) High-throughput phenotyping of seminal root traits in wheat. *Plant Methods* 11:1–13

Rimbert H, Darrier B, Navarro J, et al (2018) High throughput SNP discovery and genotyping in hexaploid wheat. *Plos One* 13:e0186329. doi: 10.1371/journal.pone.0186329

Tuberosa, R (2012) Phenotyping for drought tolerance of crops in the genomic era. *Frontiers in Plant Physiology* 3:1-26.

Uga Y, Sugimoto K, Ogawa S, et al. (2013) Control of root system architecture by DEEPER ROOTING 1 increases rice yield under drought conditions. *Nat Genet* 45:1097–1102.