

L'amélioration des espèces fourragères pérennes

Philippe Barre

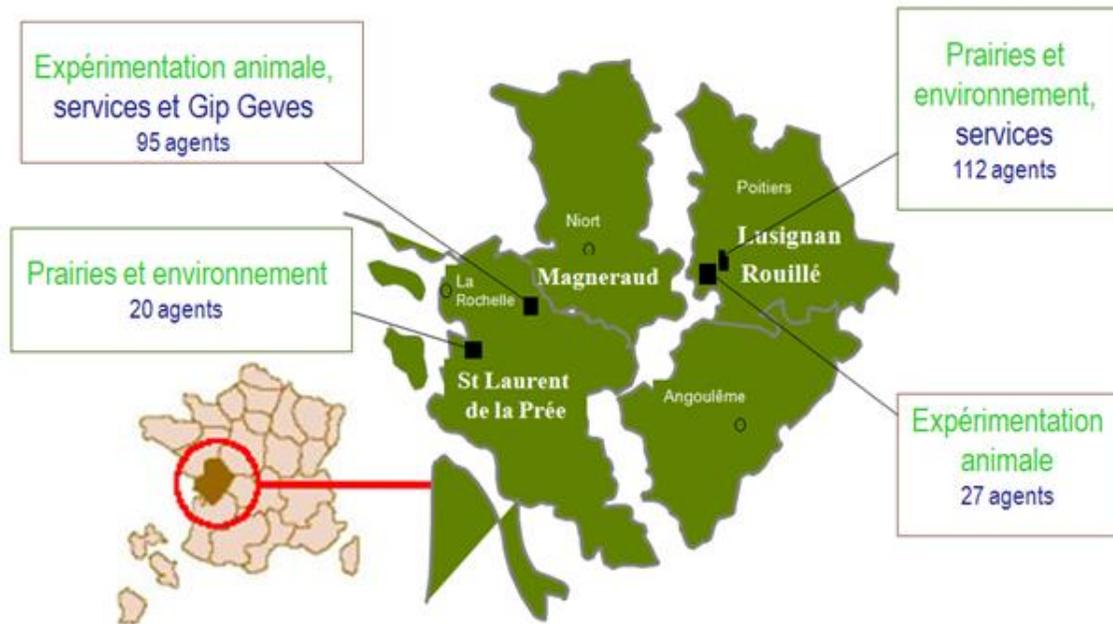
INRA Centre Poitou-Charentes

UR4 : Unité de Recherche Pluridisciplinaire, Prairies et Plantes Fourragères
(URP³F)



Poitiers M1 Biologie Ecologie 9 Novembre 2015

Centre INRA Poitou-Charentes



Unité de Recherche
Pluridisciplinaire, Prairies
et Plantes Fourragères



Comprendre le fonctionnement des prairies semées pour améliorer leurs services (production, biodiversité, qualité de l'eau, stockage de carbone) via de la sélection génétique et des pratiques culturales

Plan

É Introduction

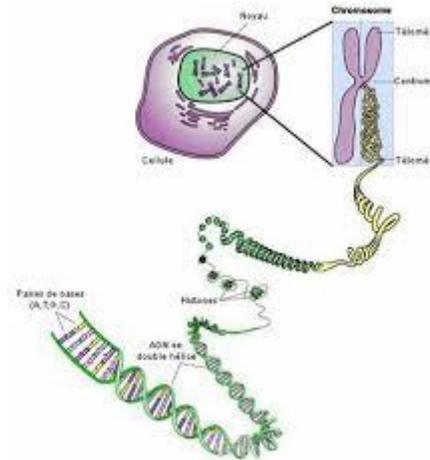


É L'amélioration phénotypique



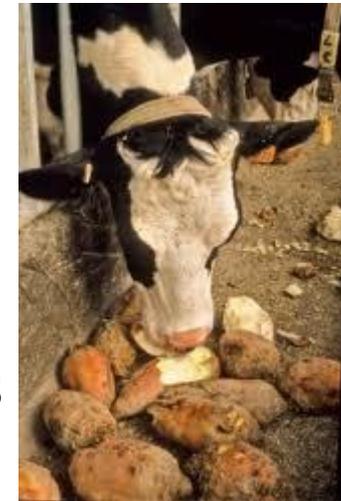
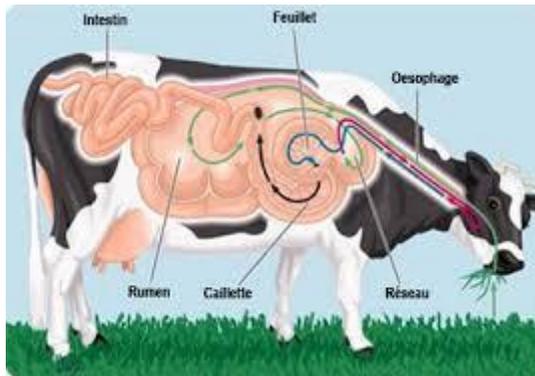
É L'apport des marqueurs moléculaires

É Conclusion



Définition des plantes fourragères

Espèces de plantes servant à l'alimentation des animaux domestiques **herbivores**



Annuelles

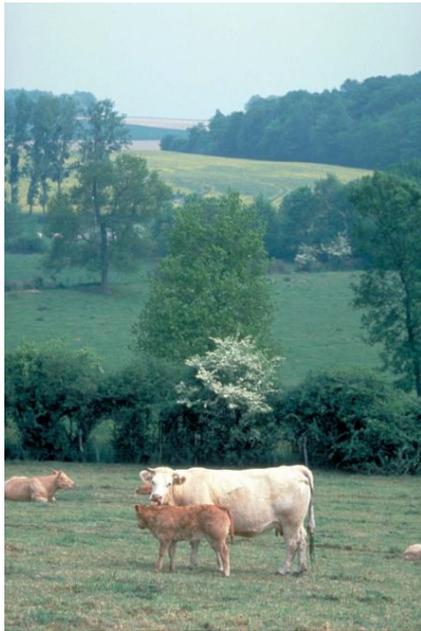


Pérennes



Les prairies

Prairies permanentes
(plus de 5 ans)



Prairies temporaires:
semées régulièrement (au
moins tous les 5 ans)



Prairies
artificielles:
légumineuse pure



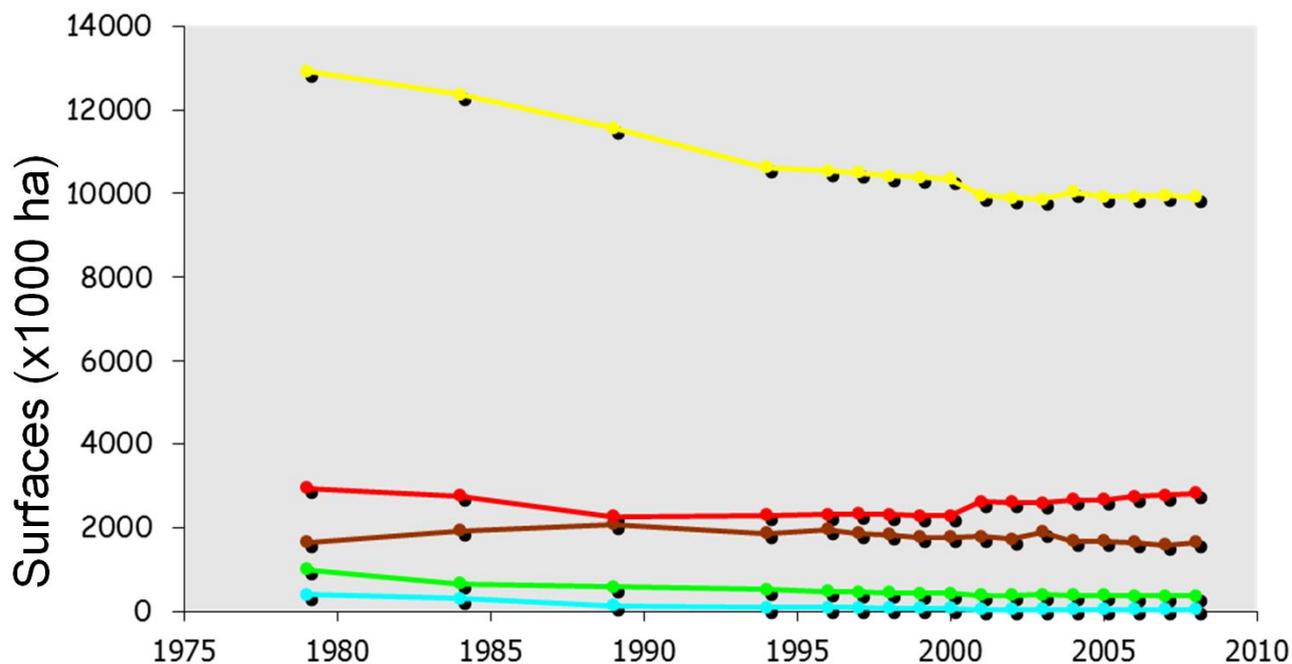
Rendement

<

Diversité

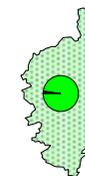
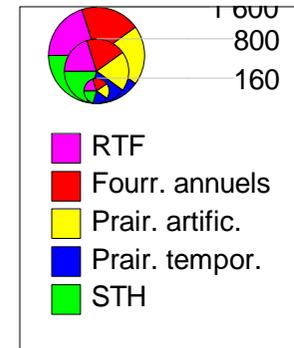
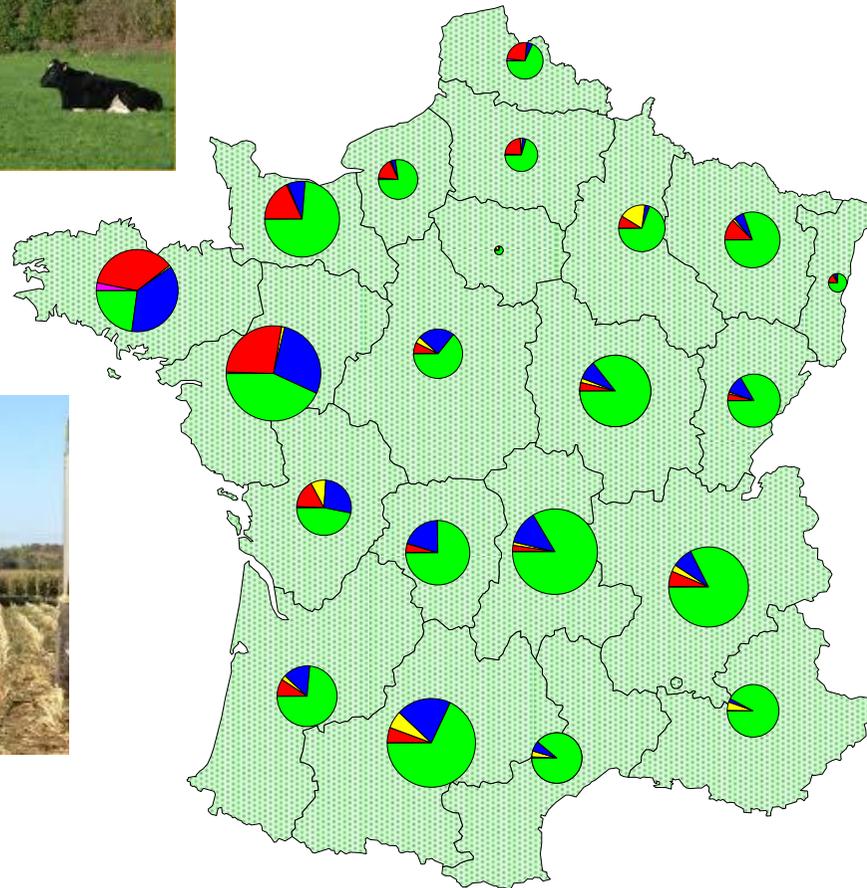
>

Evolution des surfaces fourragères en France

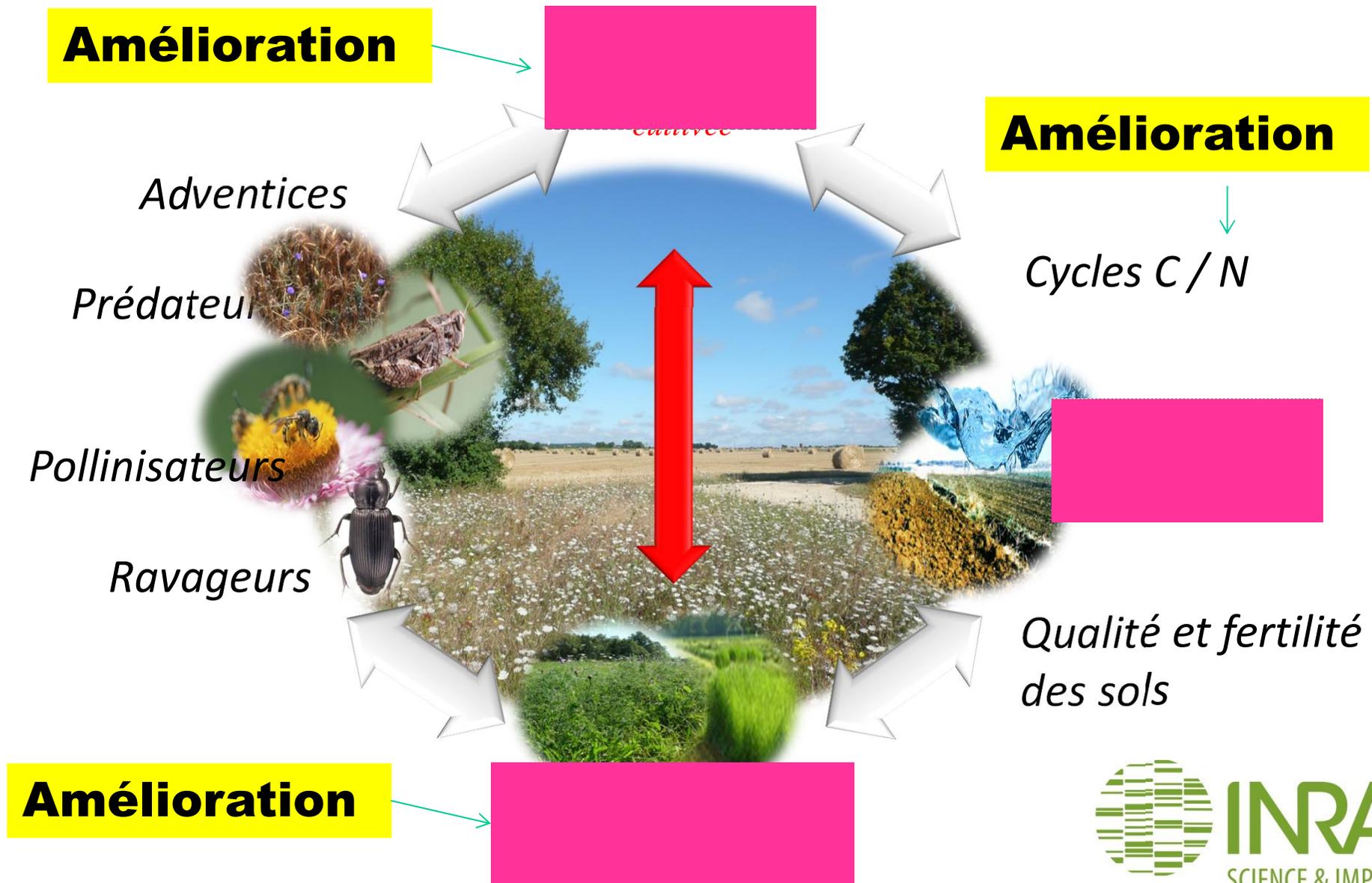


SAU française de 29 Millions ha
dont environ 45% en prairies
dont environ 21% en prairies temporaires

Répartition des cultures fourragères en France



A quoi servent les prairies ?



Comment on améliore ?

Pratiques culturales



fertilisation



labour



fréquence de
défoliation



intensité de pâturage

Le semis ou sur-semis
de variétés améliorées



choix des espèces



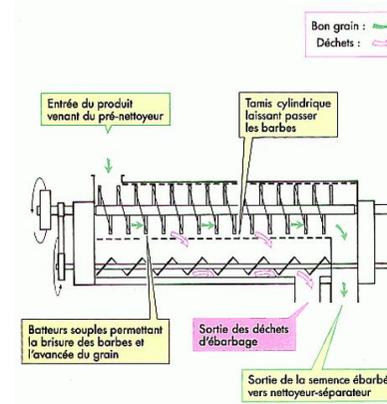
choix des variétés

D'où viennent les graines ?

É Distributeurs



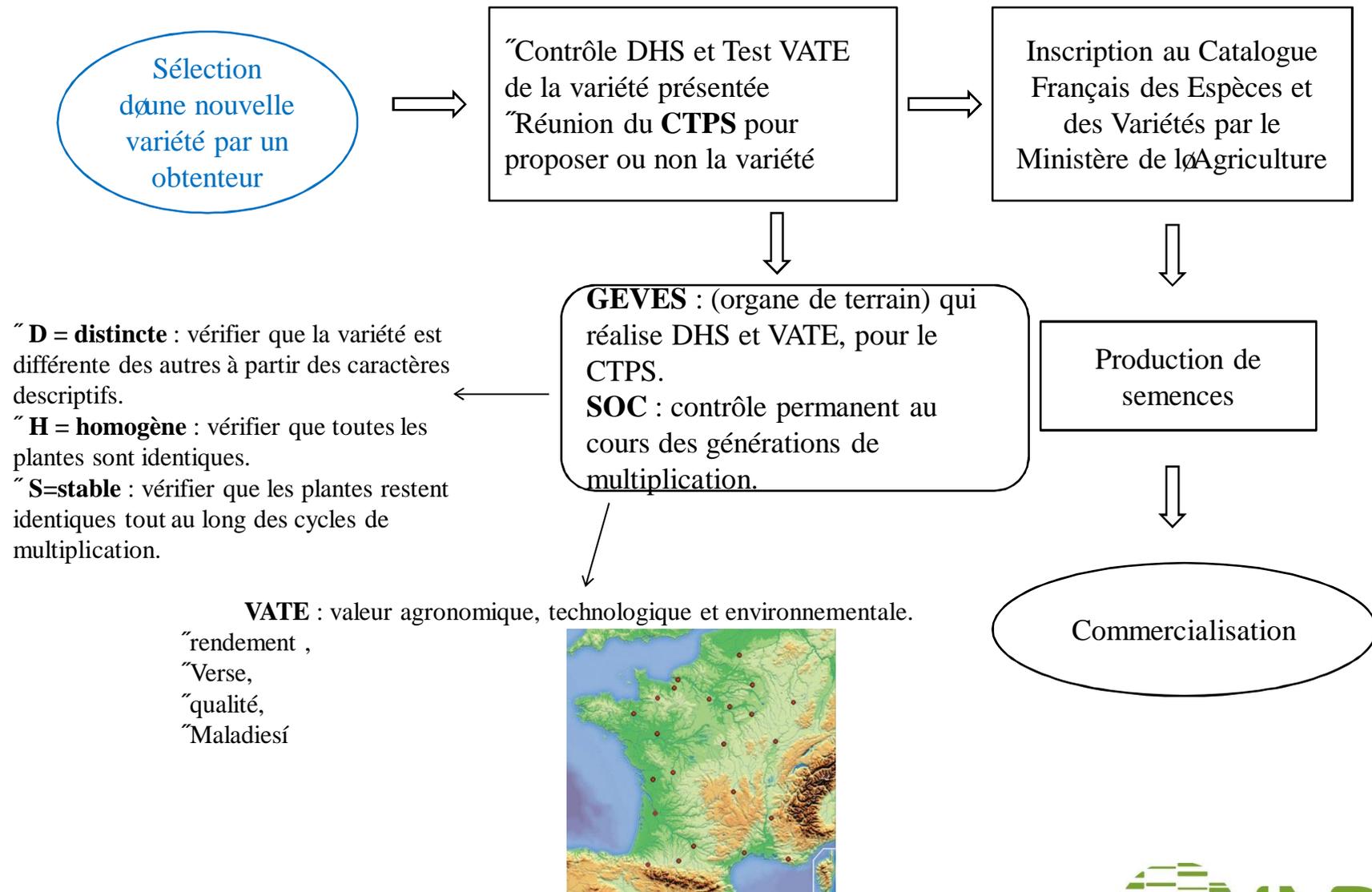
É Multiplicateurs



É Sélectionneur



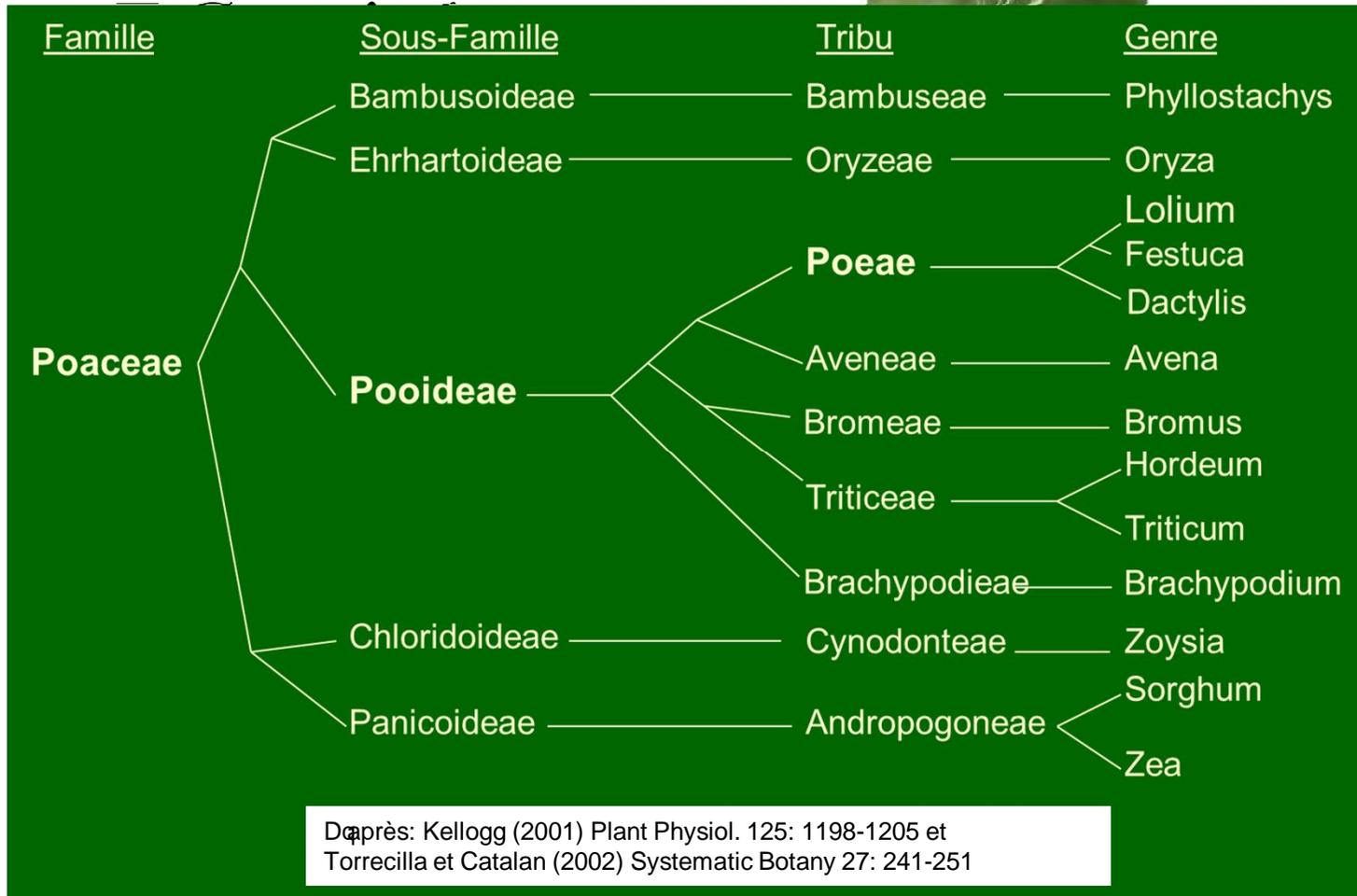
PARCOURS D'UNE VARIÉTÉ



CTPS : Comité Technique Permanent de la Sélection ; Semences ;
SOC : Service Officiel de Contrôle et des Certifications.

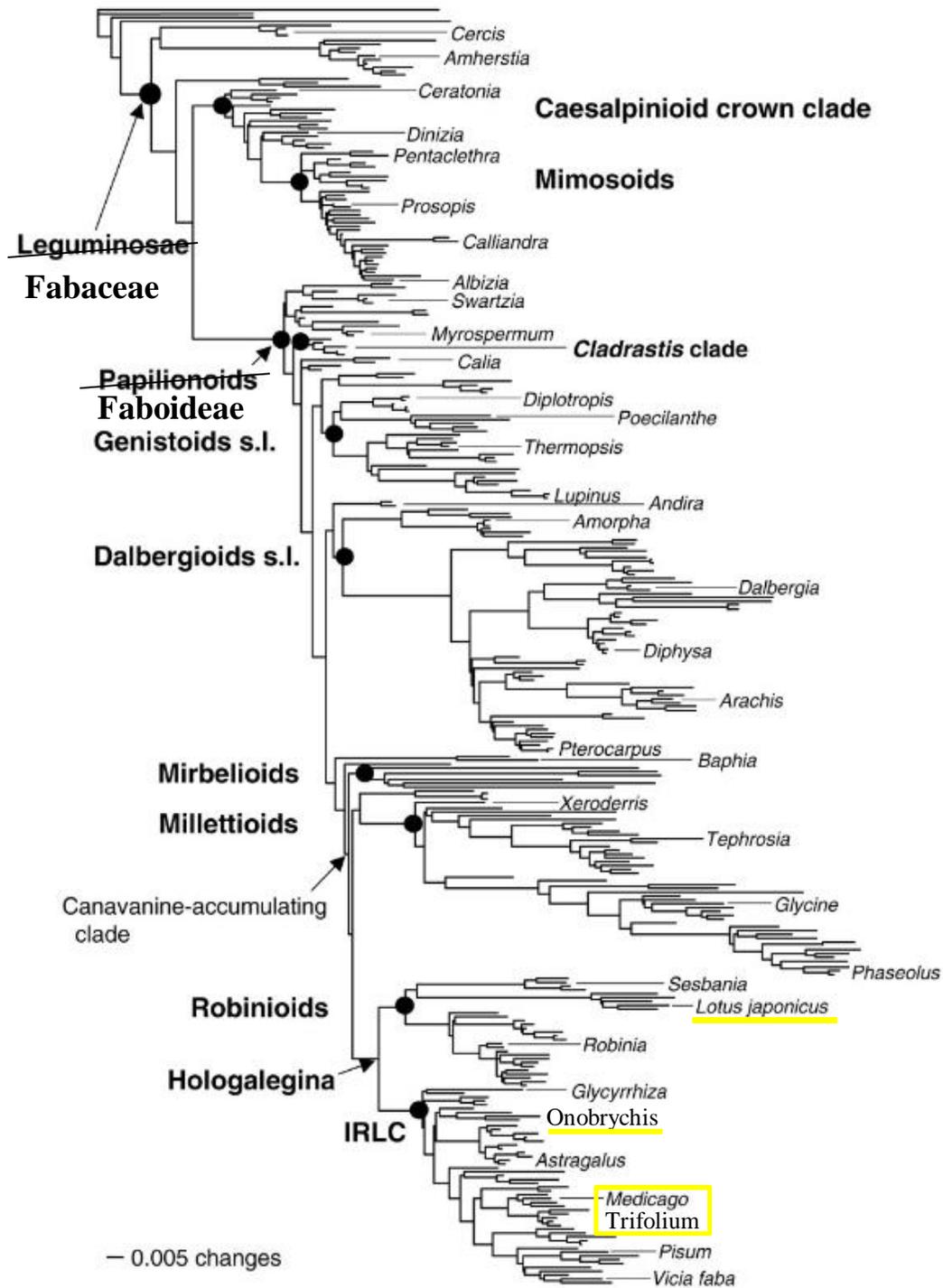
GEVES : Groupe d'Études et de Contrôle des Variétés et des Semences

Les principales espèces fourragères sous climat méditerranéen



D'après: Kellogg (2001) Plant Physiol. 125: 1198-1205 et
Torrecilla et Catalan (2002) Systematic Botany 27: 241-251





es fourragères npéres

s)
se)
a)



Plan

É Introduction

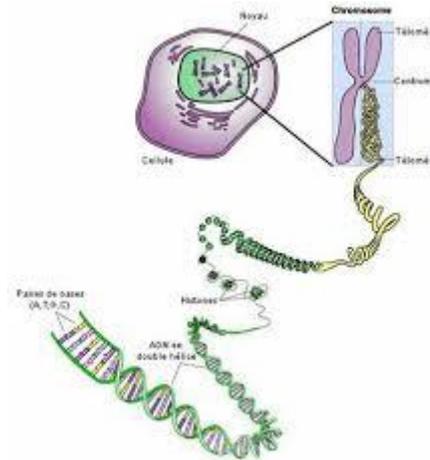


É L'amélioration phénotypique



É L'apport des marqueurs moléculaires

É Conclusion



L'œamélioration génétique

Diversité

Population à améliorer

Evaluation

Sélection

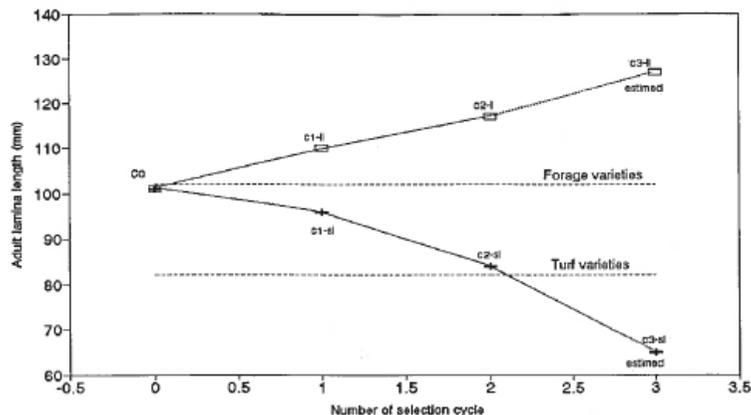
Inter-croisement

Population améliorée



Un cycle de sélection

Variété

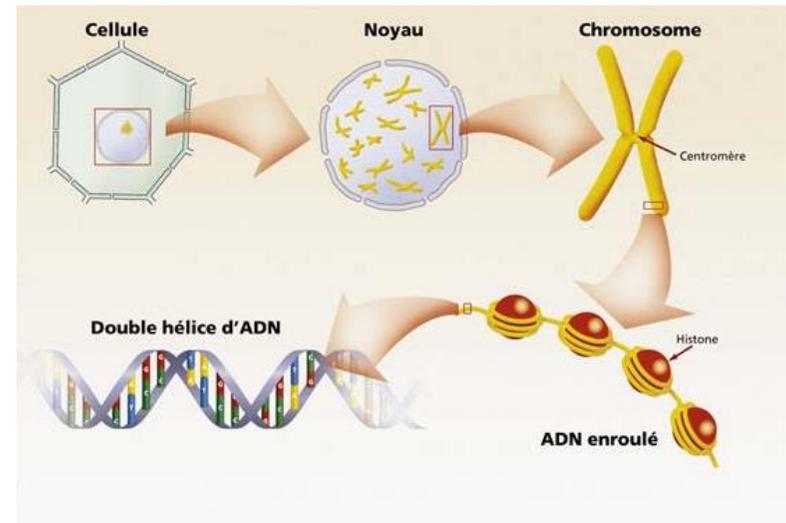


Phénotype / Génotype

É Phénotype : l'ensemble des caractères observables d'un individu



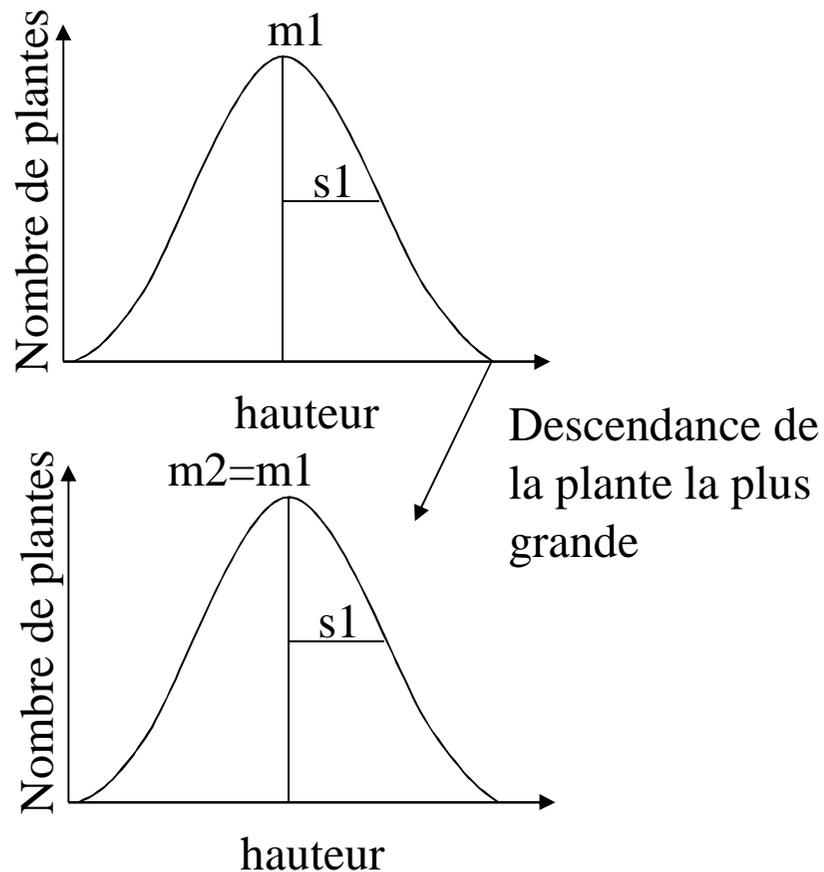
É Génotype : l'ensemble de l'information génétique d'un individu



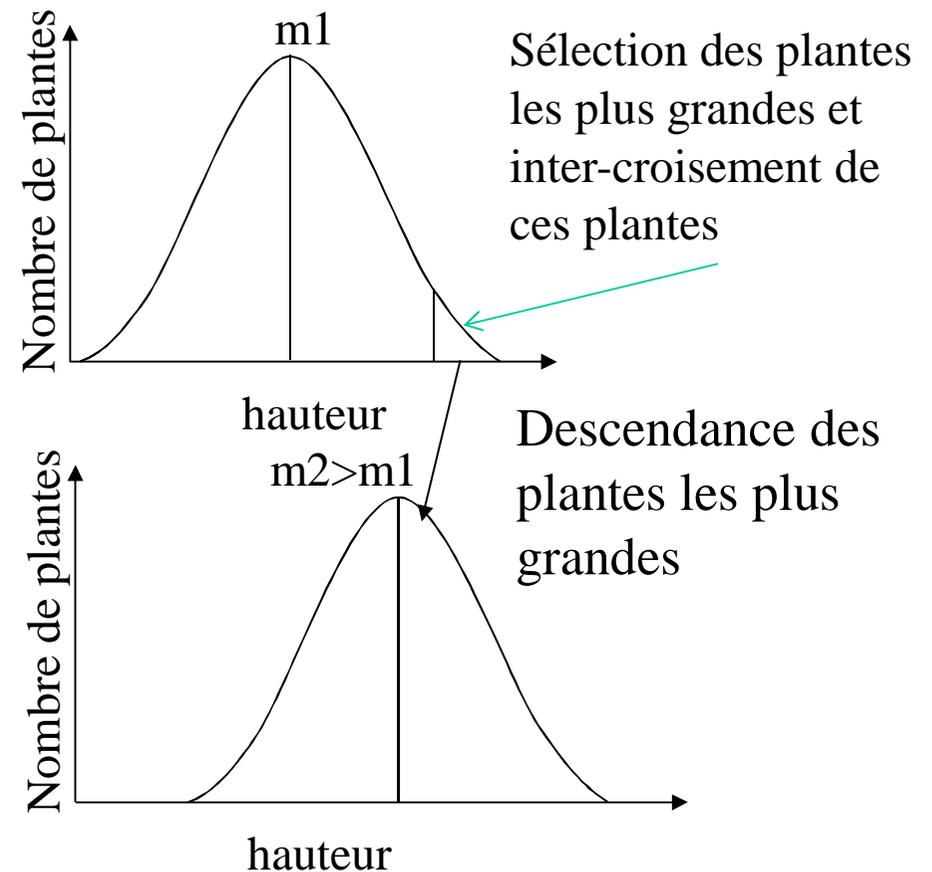
Phénotype = Génotype + Environnement
Seul le Génotype est héritable

Phénotype = Génotype + Environnement

Une lignée de blé



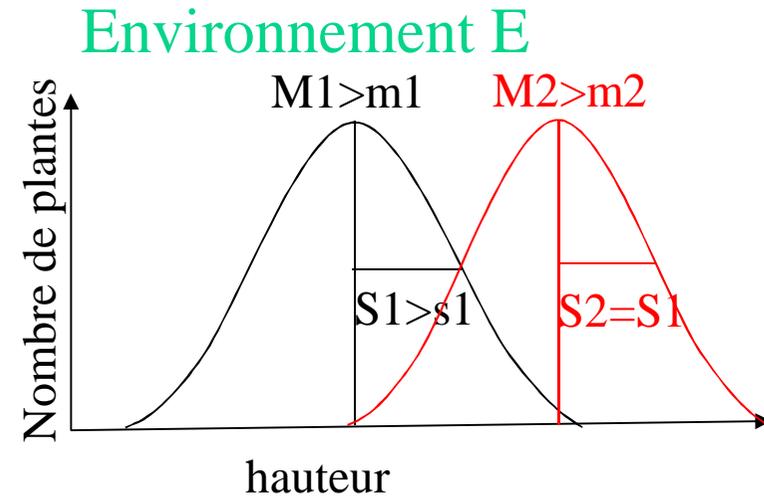
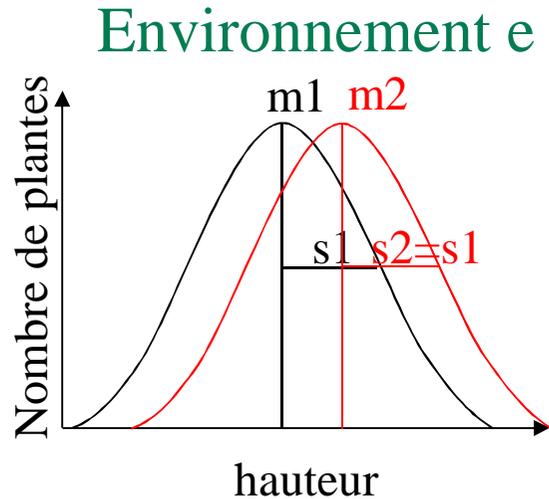
Une population d'individus génétiquement différents



Progrès génétique: $m_2 - m_1$

Génétique quantitative

Exemple: hauteur des plantes de lignées de blé 1 et 2 dans les environnement e et E



Interaction Génotype x environnement :
 $M2 - M1 > m2 - m1$

But : séparer l'effet génétique qui est héritable de l'effet environnement et de leur interaction GxE

Le travail du sélectionneur:

maximiser le progrès génétique

É Apporter de la variabilité « intéressante »

É « mélanger »: inter-croisements

É Estimer le mieux possible la partie héritable du phénotype

- ó Caractères fortement héritables : pas besoin de répétitions

- ó Caractères peu héritables : besoin de répétitions

É Estimer les corrélations entre les caractères et voir s'il est possible de les casser ou non

É Sélectionner

É Multiplier

Exemples

É Le ray-grass anglais

- diploïde **$2n=2X=14$** avec un génome de taille moyenne $1C=2.3$ Gb (séquençage en cours)
- très polymorphe : 1 SNP (Single Nucleotide Polymorphism) / 15-30 bases
- présentant un **système de auto-incompatibilité** et une forte **dépression de consanguinité**



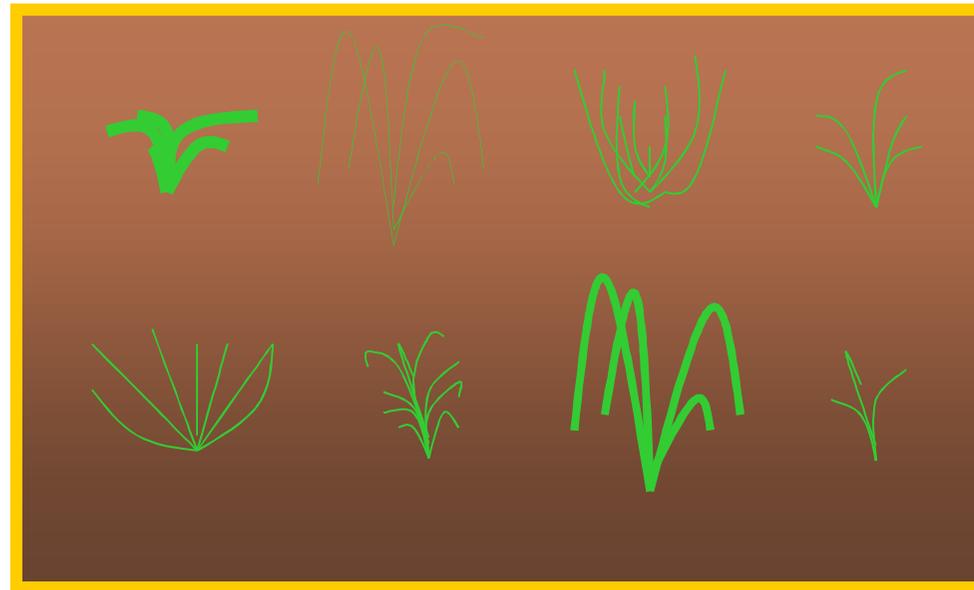
É La luzerne

- Auto-tétraploïde **$2n=4X=32$** avec un génome de taille moyenne $1C= 1,7$ Gb (séquençage en cours)
- fort polymorphisme : 1 SNP / 30-60 bases
- présentant une forte **dépression de consanguinité**



Chez le ray-grass anglais comme chez de nombreuses
espèces fourragères et à gazon
⇒ variétés synthétiques

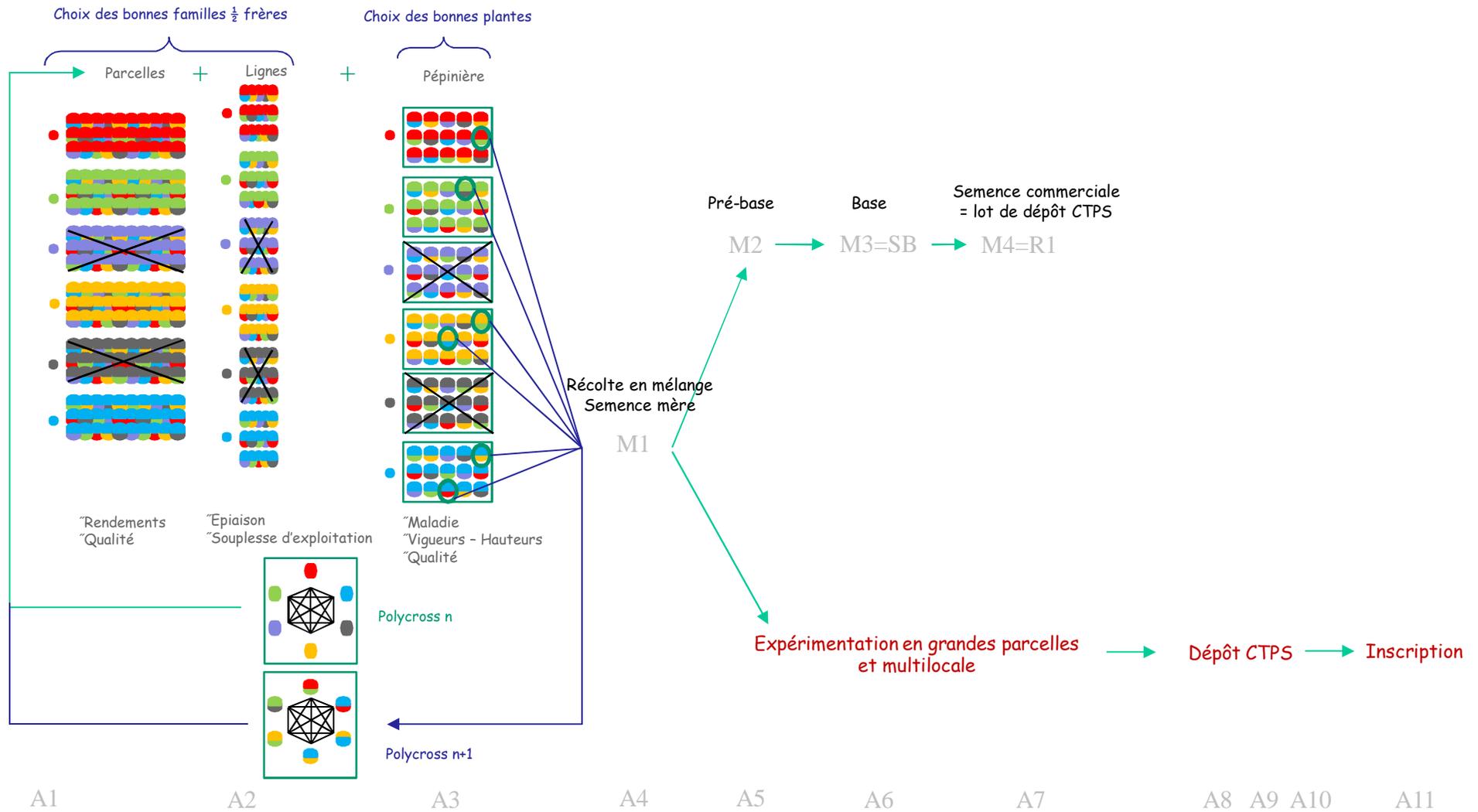
X constituants
 $4 < X < 300$ (ou plus)



3 ou 4 générations de « panmixie »

Variété synthétique
commercialisée

Une longue histoire...



Ray-grass anglais fourrage

1. Type intermédiaire

1. Type intermédiaire		Expérimentation CTPS 2011-2012-2013			
Variété	Nombre de résultats	Alutus	Barmilka	Indra	Milca
Dossier CTPS		1013999	68873	4047215	65584
Code Cultivar		1012784	156418	1032927	153706
Année d'inscription		2008	1999	2014	1996
Ploïdie		Diploïde (1)	Diploïde (1)	Diploïde	Diploïde (1)
Caractères agronomiques					
Groupe de précocité		Intermédiaire	Demi tardif	Intermédiaire	Demi tardif
Alternativité	-	-	-	-	-
Départ en végétation	8	98	99	97	99
Date d'épiaison	5	139	150	139	144
Souplesse d'exploitation	4	55	65	55	60
Remontaison	9	2,8	1,6	1,5	2,0
Pérennité	5	8,4	7,7	8,4	8,1
Résistance au froid	3	5,5	5,2	6,4	5,7
Résistance à la sécheresse	1	7,0	7,8	7,8	6,8
Résistance à la verse	1	7,3	6,3	7,0	6,3
Résistance aux maladies diverses	-	-	-	-	-
Résistance aux rouilles sp.	4	6,9	5,6	6,8	5,3
Résistance à l'helminthosporiose	8	5,6	5,6	5,9	4,4
Résistance aux viroses	1	6,5	6,0	5,3	5,0
Rendements en herbe					
		(2)	(2)	(2)	(2)
1 ^{ère} coupe A2 + A3	10	3,3 t /ha (105%)	2,9 t /ha (91%)	3,6 t /ha (114%)	3,3 t /ha (104%)
Printemps A2 + A3	12	10,7 t /ha (103%)	10,0 t /ha (96%)	10,6 t /ha (103%)	10,4 t /ha (101%)
Été - Automne A2 + A3	11	5,4 t /ha (99%)	5,4 t /ha (99%)	5,6 t /ha (102%)	5,5 t /ha (102%)
Total A1 + A2 + A3	16	20,4 t /ha (101%)	19,7 t /ha (98%)	20,8 t /ha (103%)	20,4 t /ha (101%)
Valeur technologique					
		(3)	(3)	(3)	(3)
Teneur en matière azotée totale	4	13,6 %	13,5 %	13,3 %	13,6 %
Teneur en ligno-cellulose	4	24,3 %	22,7 %	22,0 %	22,7 %
Teneur en sucres solubles réducteurs	4	16,5 %	18,8 %	21,4 %	19,0 %

(1) Témoin des variétés de ray-grass anglais diploïdes Intermédiaires à demi-tardives

(2) Rendements en herbe exprimés en tonne de matière sèche par hectare et en pourcent du témoin théorique intermédiaire à demi tardif (Milca + Barmilka + Alutus) / :

(3) Teneurs en nutriments exprimées en pourcent de matière sèche, obtenues par spectrophotométrie proche infrarouge (NIRS), pondérées par le rendement des coupe



Progrès chez le ray-grass anglais

122

J.-P. Sempoux et al. / Field Crops Research 123 (2011) 117-129

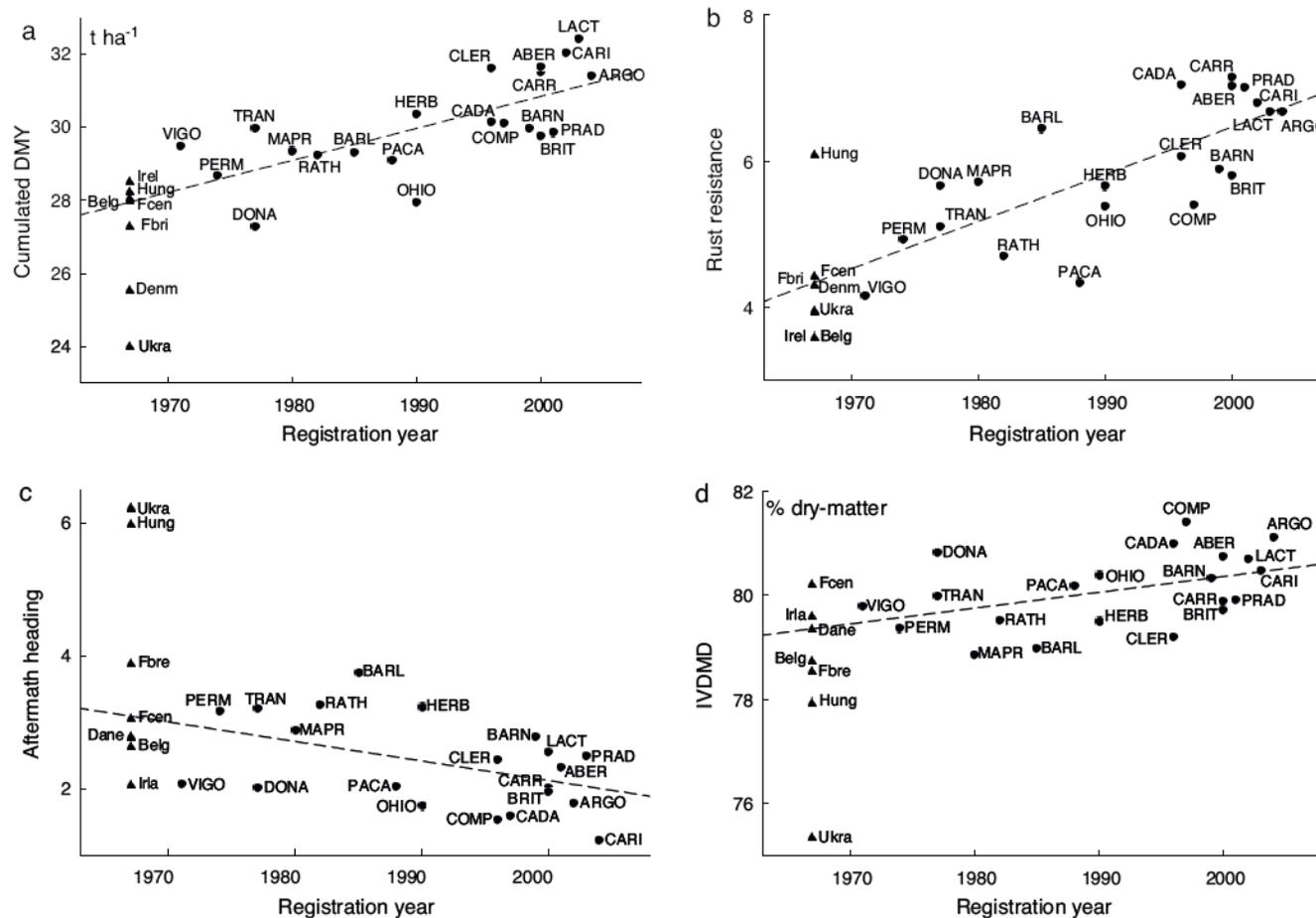


Fig. 1. Cumulated yield (a), rust resistance (b), aftermath heading (c) and IVDMD (d) of a set of 21 diploid perennial ryegrass cultivars (●) bred for pasture usage plotted against their year of first registration in a European country. Dotted lines display trait regression on cultivar registration year. Natural population data (▲) are presented as additional data and arbitrary placed on the horizontal axis. Cultivar and population means are least-squares means computed from a network of four trial locations. Cumulated yield is the sum of dry-matter yields of successive cuttings throughout the 3-year duration of experiment. Rust resistance and aftermath heading are scores from 1 (most severe rust damage, no spike re-growth) to 9 (no rust damage, highest spike re-growth abundance). Codes of cultivars and natural populations are given in Table 1.

Luzerne

		Expérimentation CTPS 2009-2010-2011				
Variété	Nombre de résultats	Bardine	Cannelle	Comète	Etincelle	Harpe
Dossier CTPS		1028805	67845	66683	1029104	65516
Code Cultivar		1026227	155484	154533	1026334	159285
Année d'Inscription		2014	1998	1996	2014	1996
			(2)	(1)		(1)
Caractères agronomiques						
Dormance hivernale (3)	4	3,9	4,2	3,3	4,2	4,0
Vigueur en sortie d'hiver	3	4,9	5,3	5,2	5,5	5,4
Vigueur de repousse à l'automne	4	5,2	5,1	5,5	4,9	5,1
Départ en végétation	4	102	102	102	101	102
Date de floraison	-	-	-	-	-	-
Pérennité	5	8,3	8,3	8,1	8,1	8,3
Résistance au froid	-	-	-	-	-	-
Résistance à la sécheresse	-	-	-	-	-	-
Résistance à la verse	11	6,7	5,5	7,2	6,3	6,7
Résistance aux maladies diverses	2	4,5	5,0	2,9	5,0	4,6
Résistance à la verticilliose (4)	2	6,4	5,8	4,7	7,0	7,1
Résistance au pseudopeziza	2	7,0	6,9	6,6	6,9	6,5
Résistance à l'anthracnose	-	-	-	-	-	-
Résistance aux viroses	-	-	-	-	-	-
Résistance aux nématodes (4)	1	6,5	5,8	7,4	4,6	5,2
Rendements en herbe						
		(5)	(5)	(5)	(5)	(5)
1 ^{ère} coupe A2 + A3	16	12,3 t /ha (100%)	12,5 t /ha (102%)	12,2 t /ha (99%)	12,8 t /ha (104%)	12,4 t /ha (101%)
Printemps A2 + A3	16	21,5 t /ha (102%)	21,5 t /ha (102%)	21,0 t /ha (100%)	21,9 t /ha (104%)	21,2 t /ha (100%)
Eté - Automne A2 + A3	16	12,3 t /ha (105%)	12,2 t /ha (105%)	11,6 t /ha (100%)	12,5 t /ha (108%)	11,7 t /ha (100%)
Total A1 + A2 + A3	21	39,7 t /ha (104%)	39,6 t /ha (104%)	37,7 t /ha (99%)	40,1 t /ha (106%)	38,3 t /ha (101%)
Valeur technologique						
		(6)	(6)	(6)	(6)	(6)
Teneur en matière azotée totale	3	19,5 %	18,8 %	18,8 %	19,0 %	19,2 %
Teneur en ligno-cellulose	3	28,4 %	29,2 %	29,6 %	28,6 %	28,9 %



(1) Témoins des variétés de luzerne type nord

(2) Témoin stagiaire

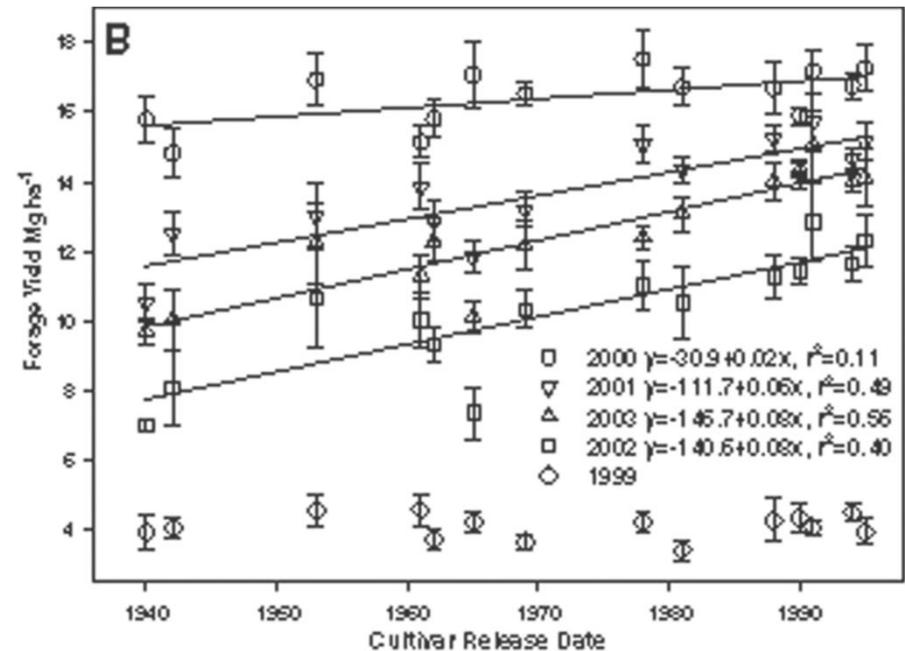
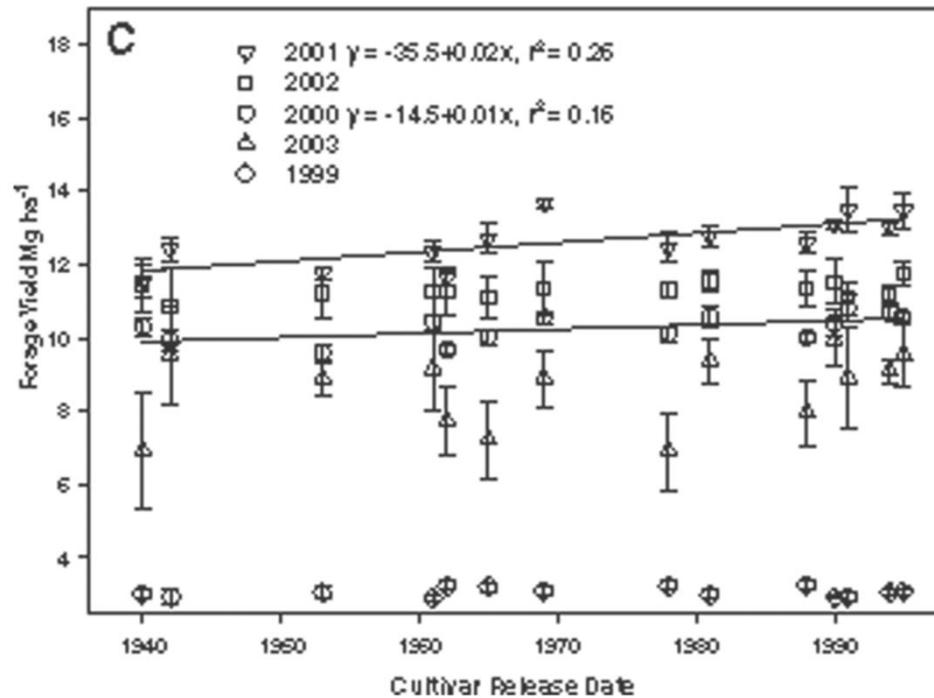
(3) Données collectées en 2010, 2011, 2012 et 2013

(4) Tests réalisés en conditions contrôlées, niveau de résistance exprimé en note de 1 = très sensible à 9 = résistante

(5) Rendements en herbe exprimés en tonne de matière sèche par hectare et en pourcent du témoin théorique (Harpe + Comète) / 2

(6) Teneurs en nutriments exprimées en pourcent de matière sèche, obtenues par spectrophotométrie proche infrarouge (NIRS), pondérées par le rendement des coupes correspondantes

Progrès chez la luzerne



(Lamb et Brummer 2006)

Pas de pression
parasitaire :
Pas de progrès visible sur
le rendement annuel

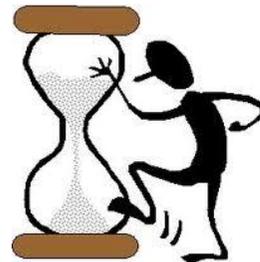
Pression parasitaire :
Progrès visible sur le
rendement annuel

Conclusion sur l'amélioration phénotypique

ÉÇa marche depuis longtemps !!!!



ÉMais c'est long í



ÉComment faire mieux ?



Plan

É Introduction

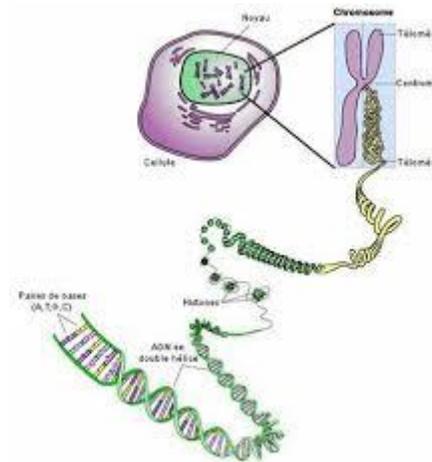


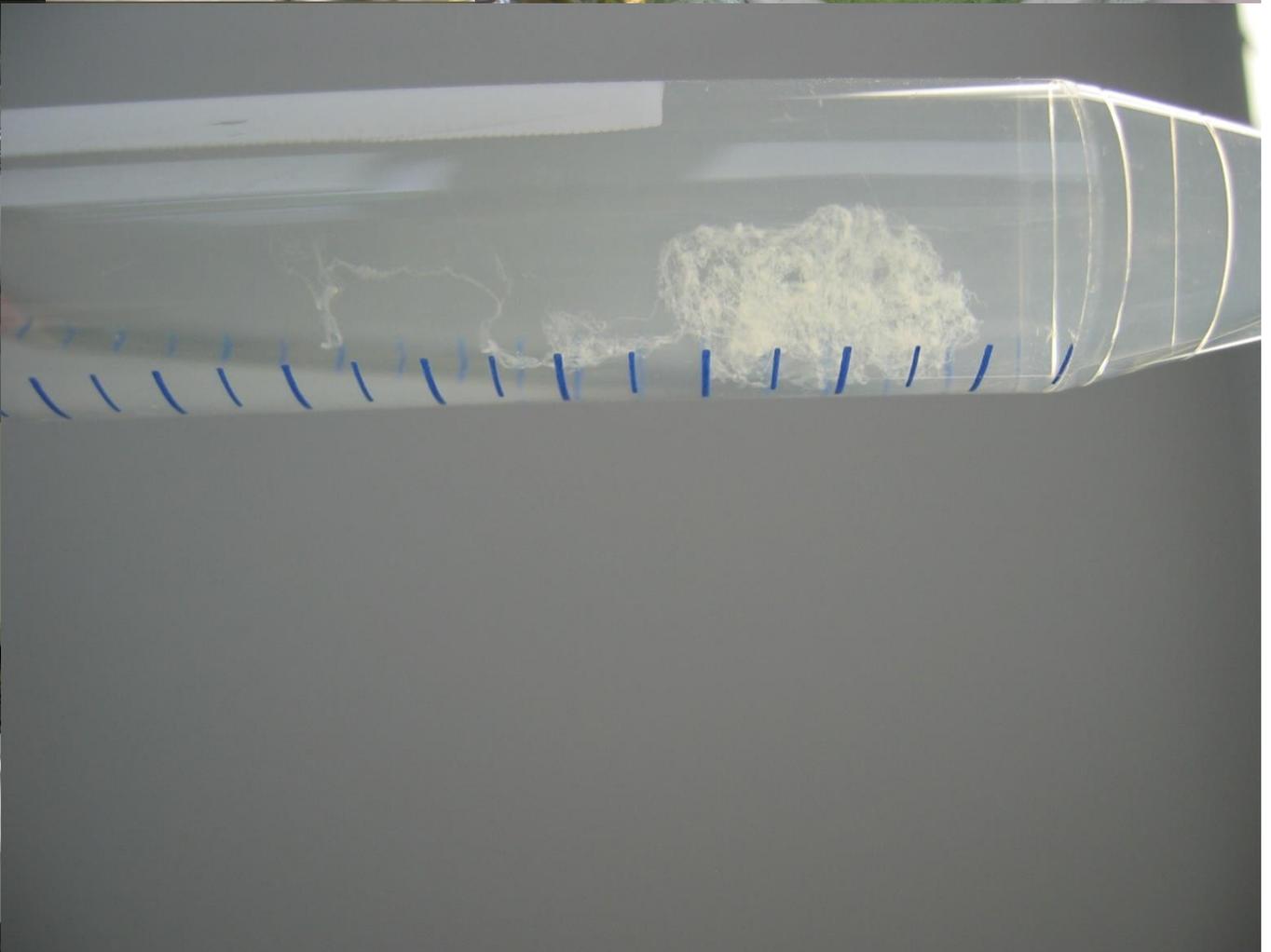
É L'amélioration phénotypique



É L'apport des marqueurs moléculaires

É Conclusion





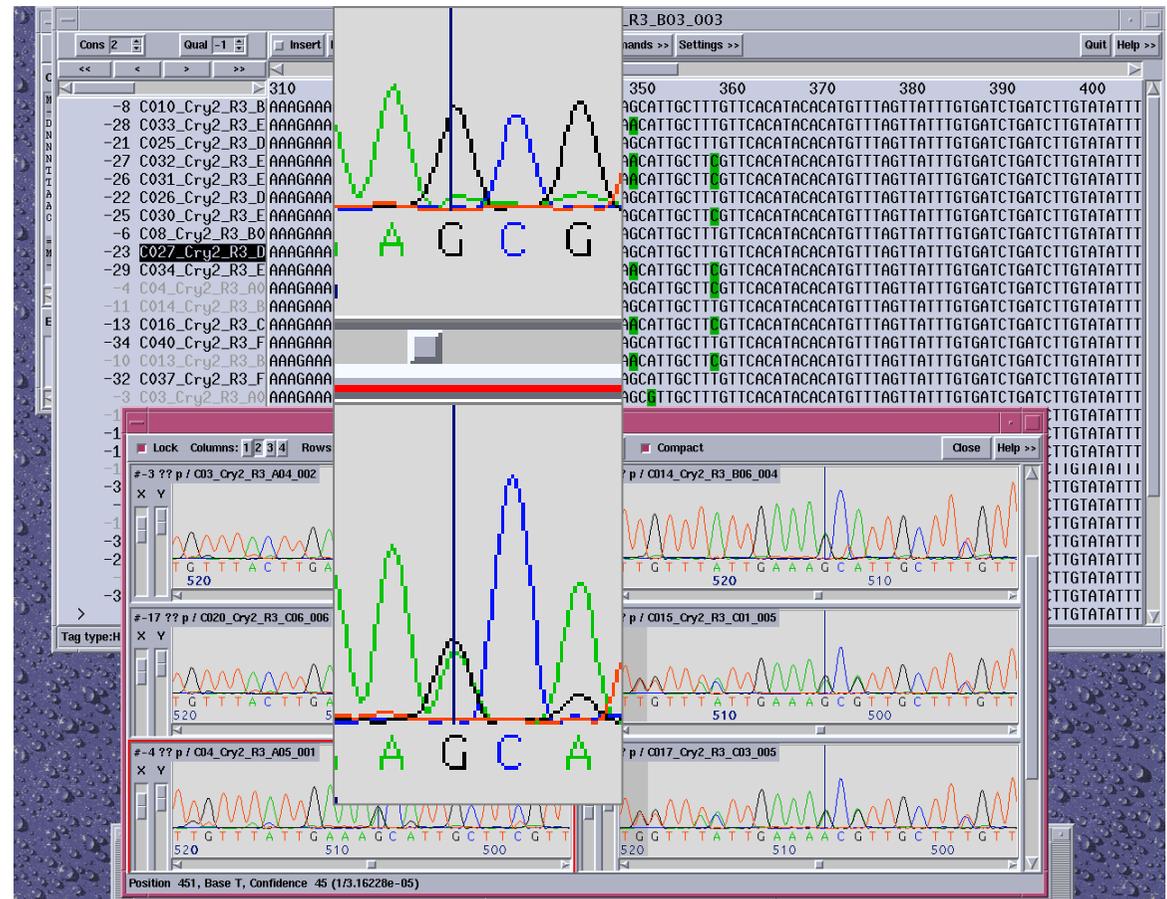
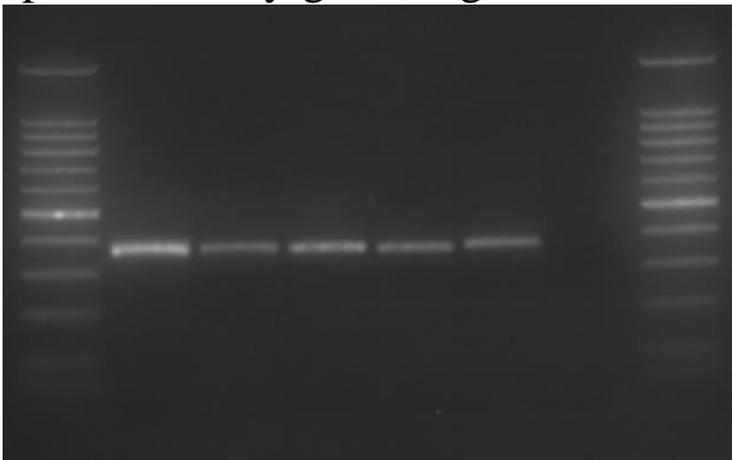
Données moléculaires

Définition de amorces sur le gène GAI

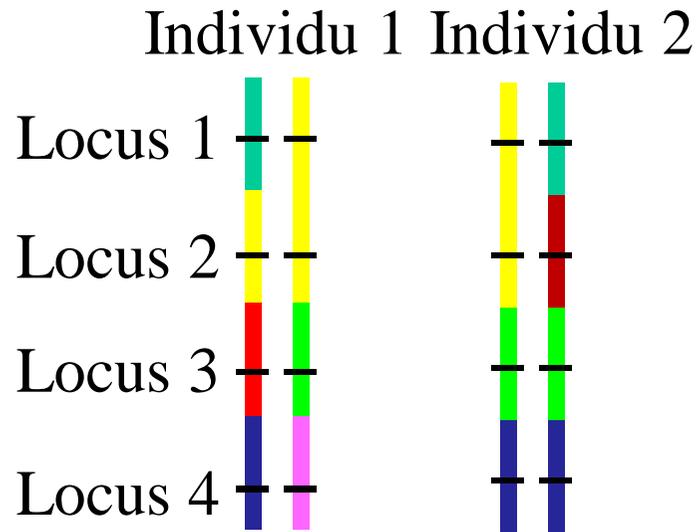
```
QUERY 484 tcgcacctggccacggacacccgtgcaactacaaccctcggacctctcctcctggggtcgag 543
QUERY 544 agcatgctttccgagctcaacgcgcgcgctgccccctatcccgccagcgcgcgcgggtgcc 603
QUERY 604 cgccatgcttccacctcgtccactgtcaccggcggcgggtggtagcggcttctttgaactc 663
QUERY 664 ccagccgctgccgactcgtcgagtagcacctacgcctcaggccgatctccttaccgggtg 723
QUERY 724 gtggcgacggctgaccctcggtgctgactcggcgagggacacaagcggatgcgcaact 783
```

Etude du polymorphisme de séquence par séquençage direct de produit PCR

Amplification du gène GAI chez 5 plantes de ray-grass anglais



Génotypage



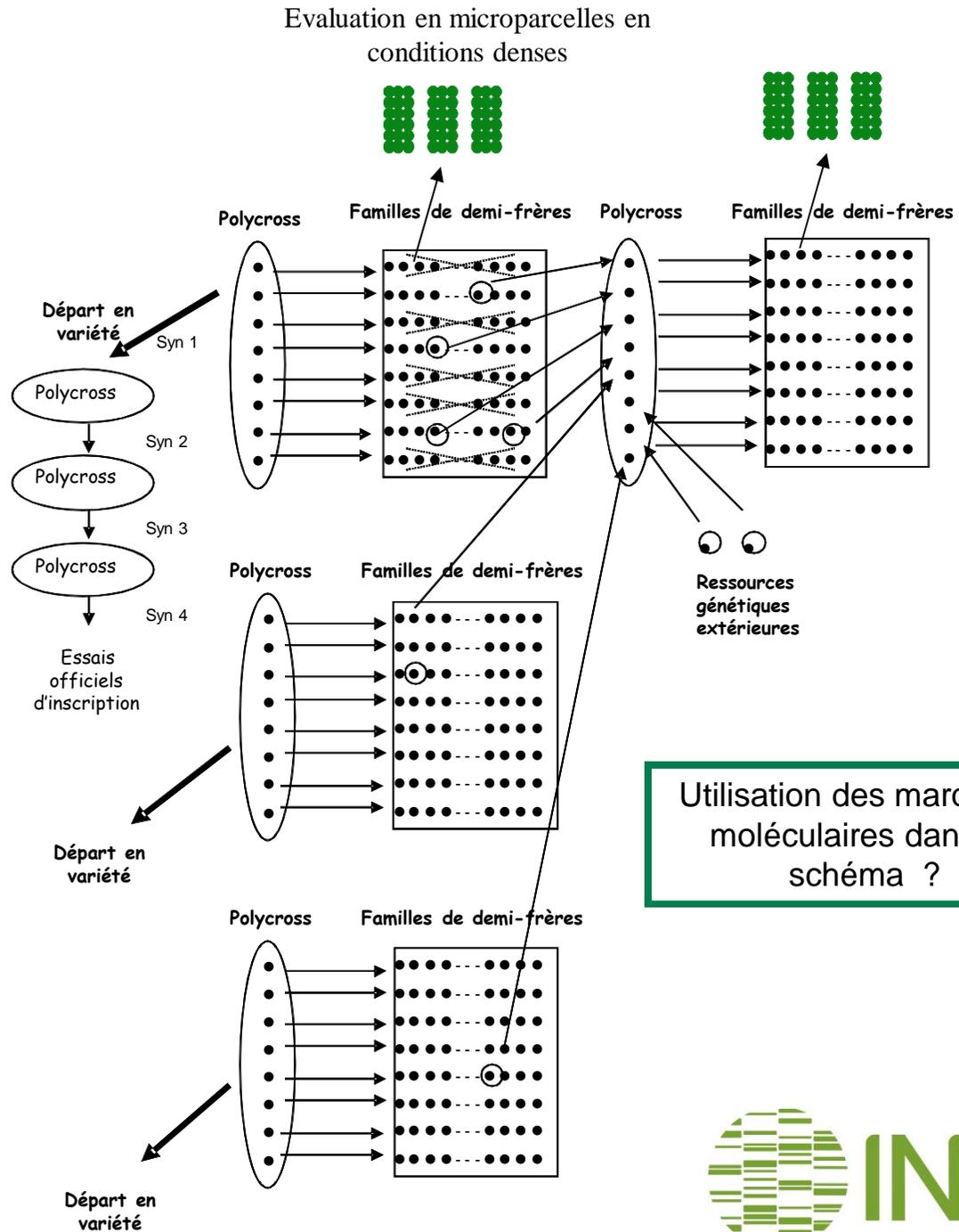
	Indiv. 1	Indiv. 2	í	Indiv. n
Locus 1	1	1		í
Locus 2	2	1		í
Locus 3	1	0		í
Locus 4	1	2		í
í				
Locus 1	í	í		í

Pour plusieurs centaines d'individus et de marqueurs

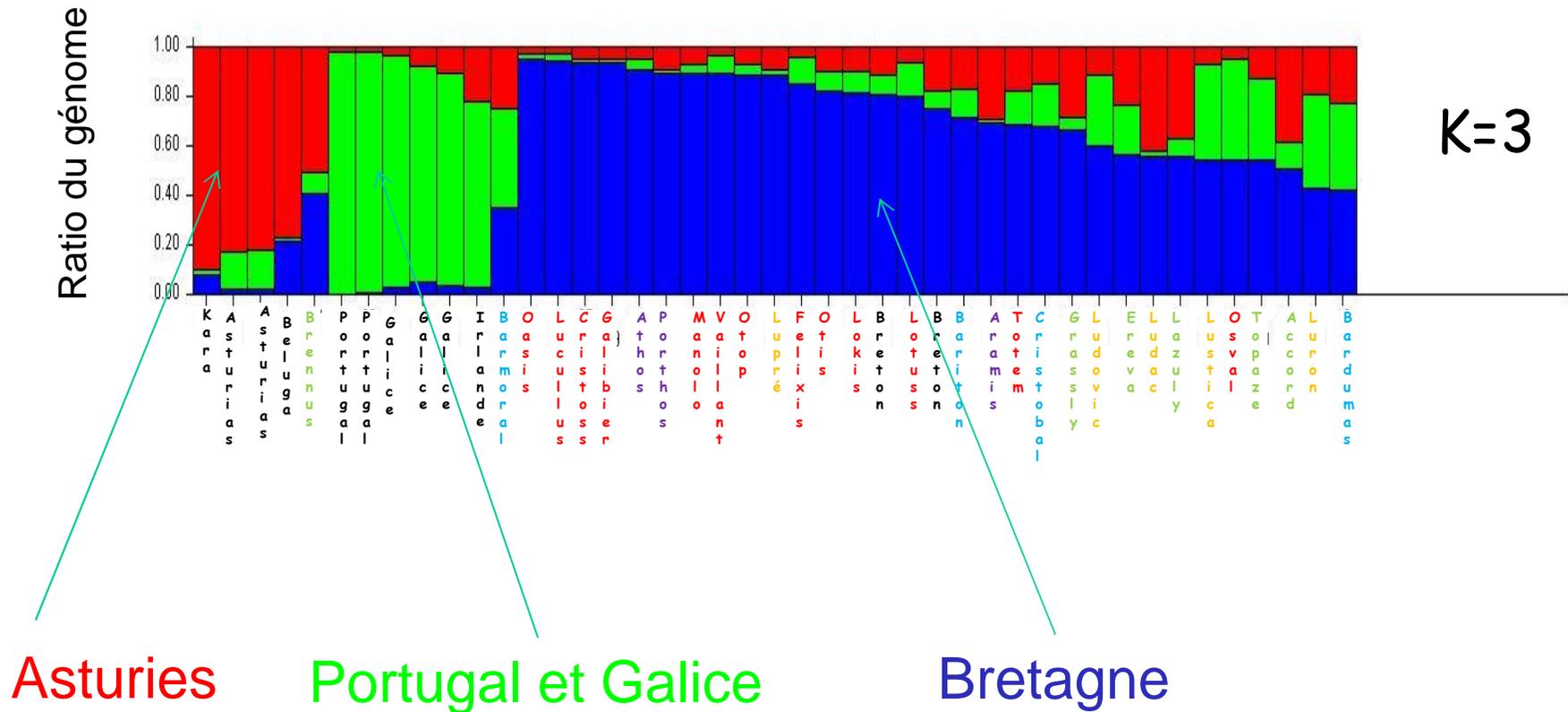
Schéma de création variétale du ray-grass anglais



Variétés
synthétiques



1/ Structuration de la diversité utilisée: exemple chez le dactyle à partir d'AFLP

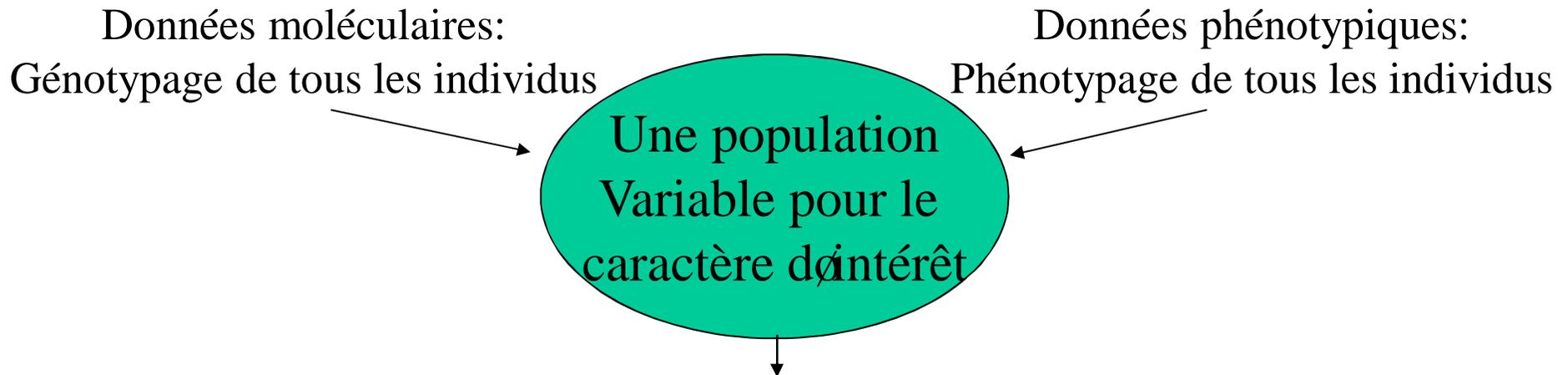


Identification d'origines génétiques favorables

2/ Bases génétiques de caractères:

les régions du génome qui expliquent les variations
phénotypiques (QTL)

É Comment fait-on ?



Recherche des corrélations entre les données moléculaires et les
données phénotypiques

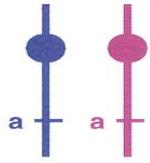
c.a.d. Est-ce que les individus qui ont l'allèle i au locus x sont plus
grands que ceux qui ont l'allèle j au locus x

Objectif : augmenter la fréquence des
allèles favorables aux QTL

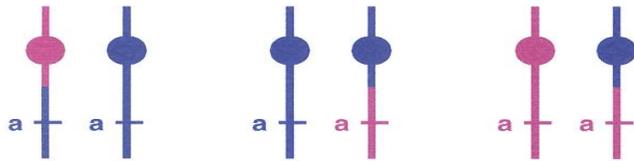
Génotype



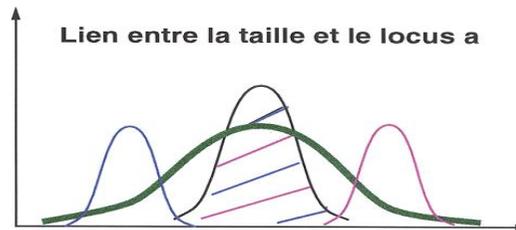
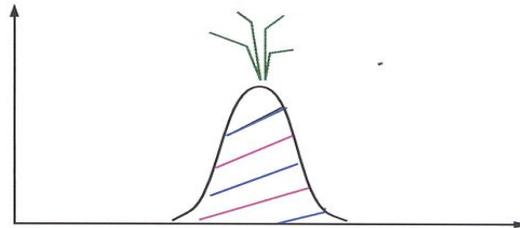
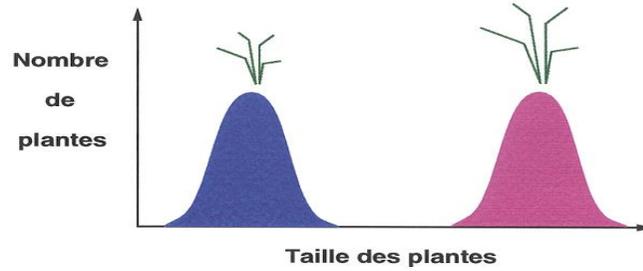
X



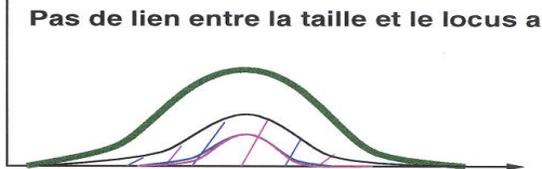
X



Phénotype



OU



QTL de la
taille des
plantes



Pas QTL

Matériel végétal

Prospection en France (1983-84)



Sélection des types tardifs

Polycross D

Feuilles longues

Feuilles courtes

Px1

Px1

Px2

Px2

Px3

Px3

1 plante à feuilles longues :

1 plante à feuilles courtes :

FL42

FC61

X

Population de cartographie

8490.

172 génotypes

Parents différents pour la longueur de feuille

Pop. F1 entre deux parents hétérozygotes



Phénotypage



D1 : Oct. 99 Pépinière
Longueur de limbe

D2 : Apr. 00 Pépinière
Longueur de limbe



D3 : Dec. 01 Serre
Longueurs de limbe et de
gaine, LER and LED

Génotypage



É Marqueurs dominants :

ó RAPD

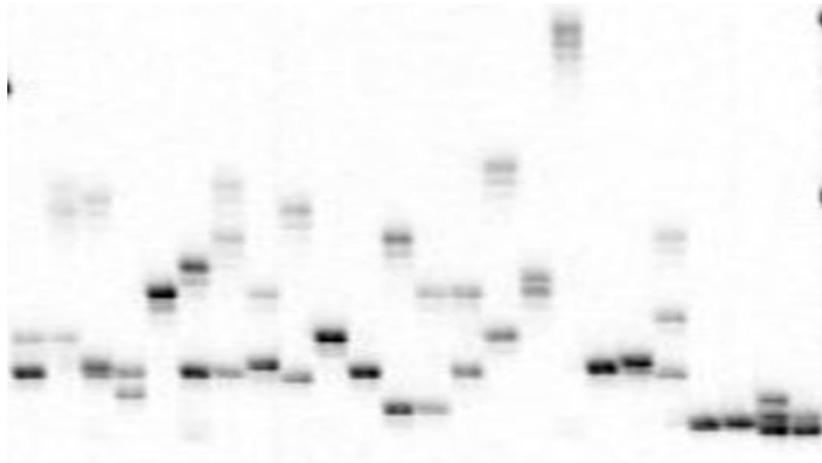
ó AFLP

É Marqueurs co-dominants

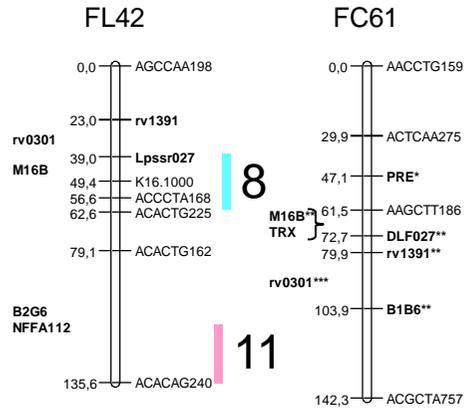
ó STS

ó SSR

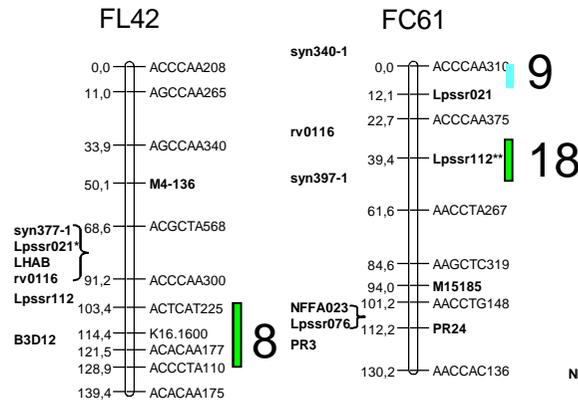
ó SNP



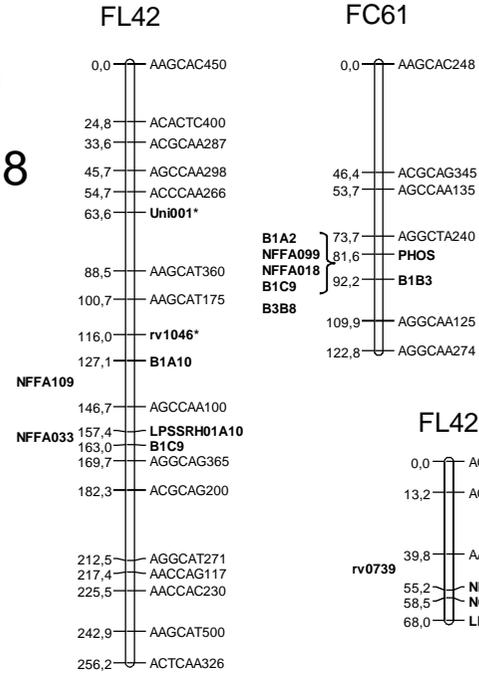
LG1



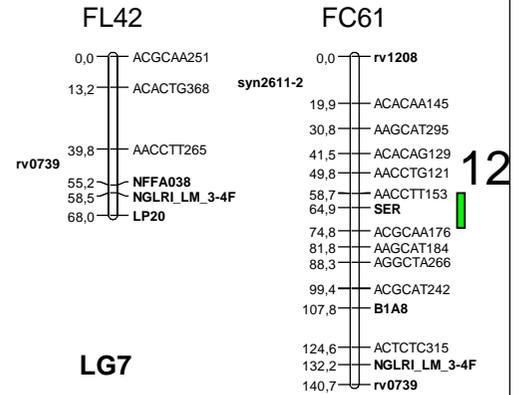
LG2



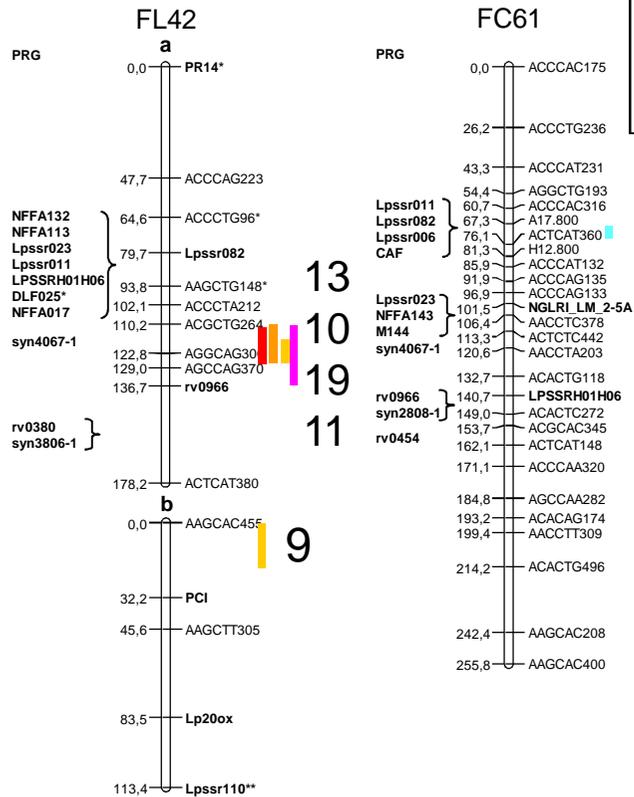
LG3



LG6



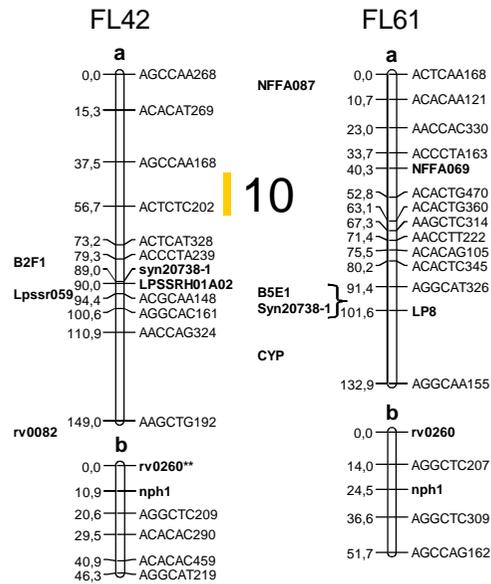
LG4



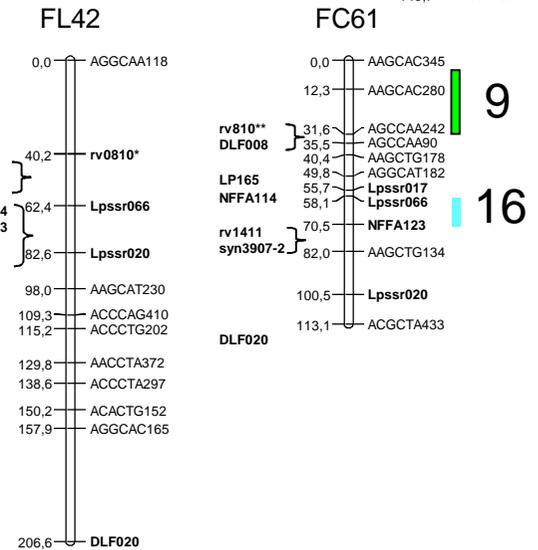
Légende des QTL



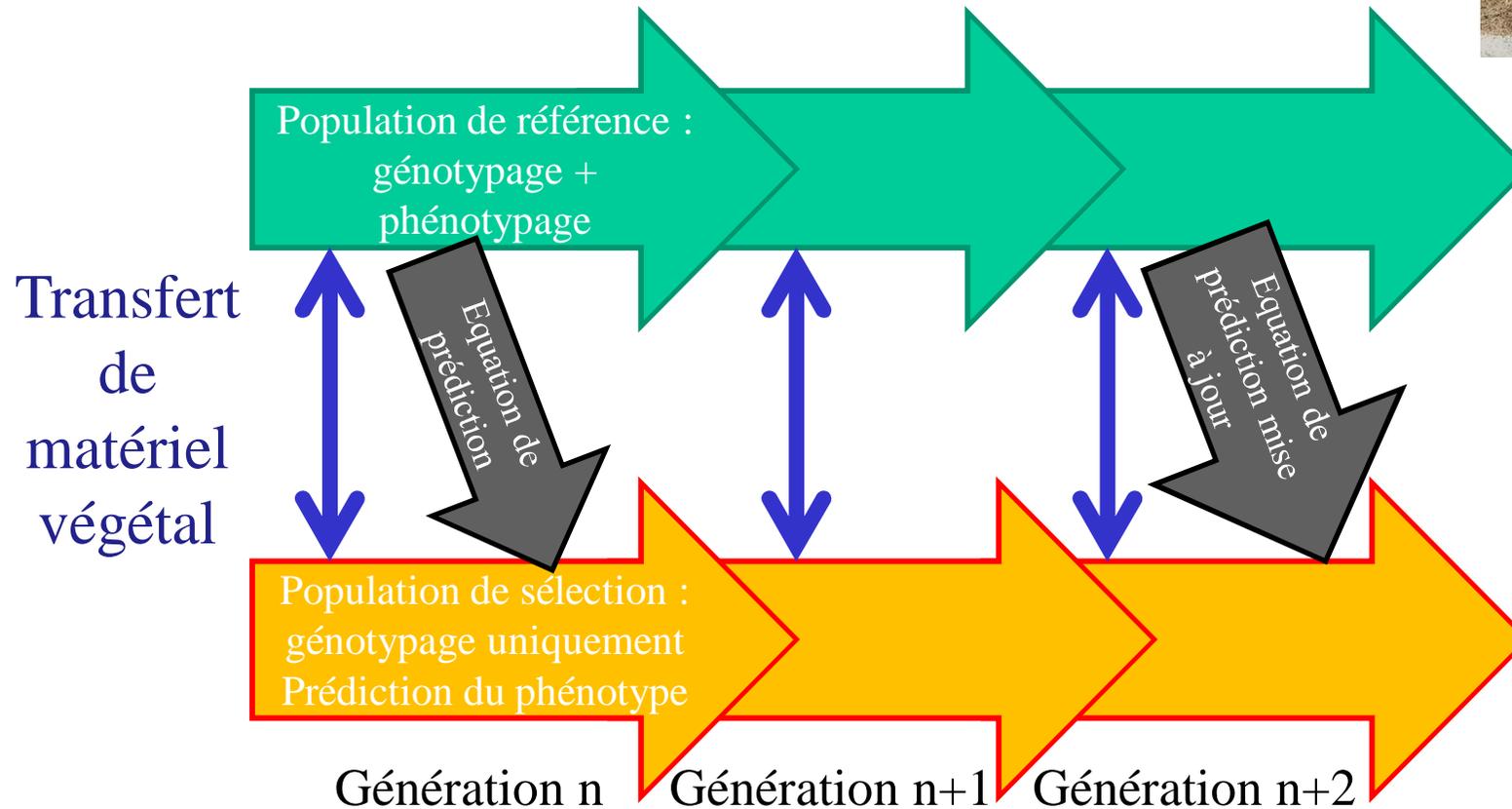
LG5



LG7



3/ Sélection génomique



Equation de prédiction: $\text{Phénotype} = \text{fonction}(\text{Génotype})$

Coût génotypage < coût phénotypage
Génotypage plus rapide que phénotypage

Sélection assistée par marqueurs ??

É Permet:

- ó Progrès plus rapide
- ó Gain plus important

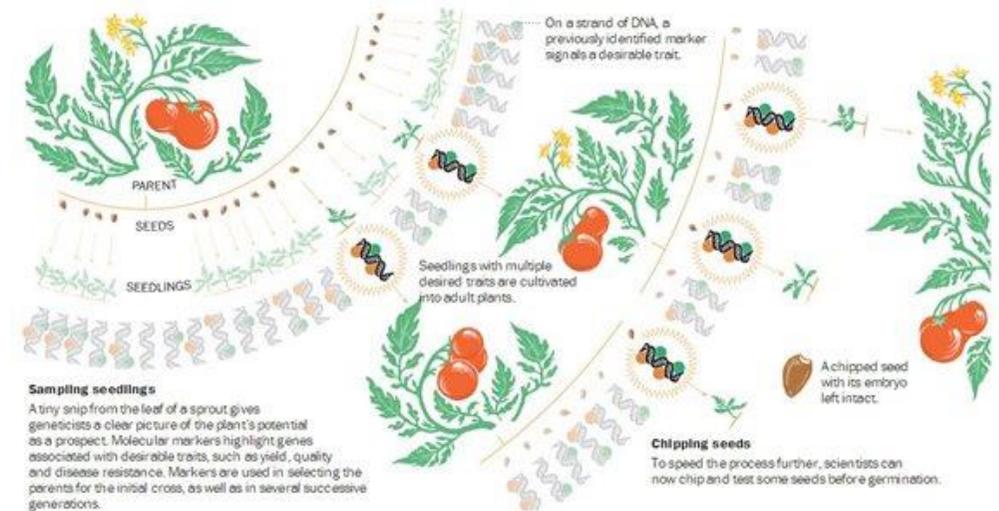
É Dépend :

- ó du coût par rapport aux bénéfices
- ó de la facilité de mise en œuvre (personnes compétentes, marqueurs moléculaires disponibles, rapidité de génotypage et d'analyse)
- ó de la précision de prédiction avec les marqueurs

Screening genes for better breeding

By Patterson Clark, Published: April 16, 2014

Marker-assisted selection is a technique used by plant breeders to locate and assemble desirable traits — shaving years off the time needed to create a new commercial hybrid. This method works with genetic material native to a prospective plant and allows a much larger population to be screened than with conventional breeding.



SOURCE: Monsanto, Syngenta

Plan

É Introduction

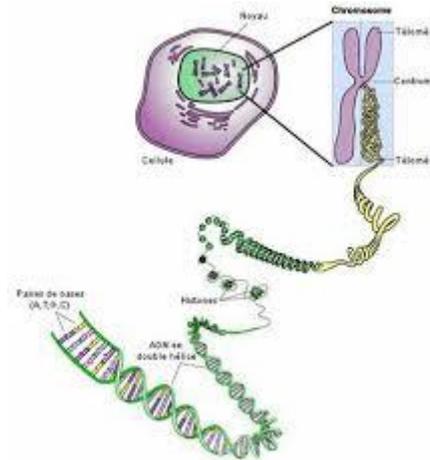


É L'amélioration phénotypique



É L'apport des marqueurs moléculaires

É Conclusion



L'amélioration des plantes fourragères

É Un progrès indéniable

É Une longue route

É Des outils pour aller plus vite et plus loin

É Un challenge avec l'amélioration pour des
mélanges pour plusieurs services



Être sélectionneur

É Généticien

É Agronome

É Pathologiste

É Moléculariste

É Eco-physiologiste

É Chimiste

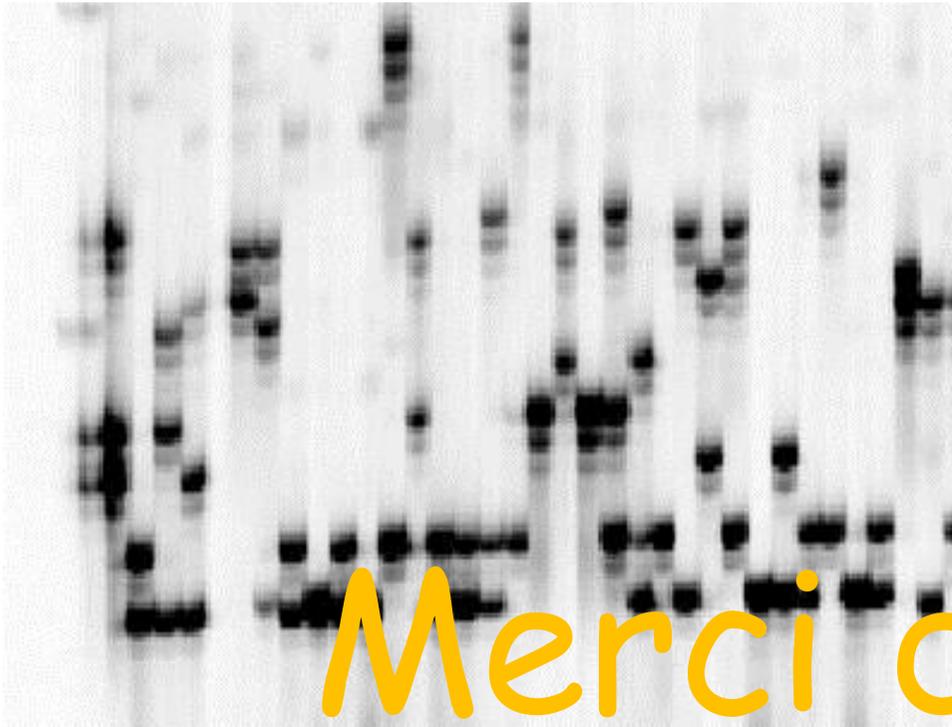
É Commercialí



Ouha



Demande du secteur privé : intégrer les données du terrain et labos



Merci de votre
attention!



A screenshot of a bioinformatics software interface, likely a sequence alignment viewer. The window title is "[AU249224ref...] X". The main display shows a consensus sequence: "GGAGAG - AACAAAGAT - AAATT - AGCAGTGAATCC - AAGC - A - TTACAGGTGCGGATCCAATTATTTTC - AA". Below this, multiple individual sequencing reads are listed, with some characters highlighted in red to indicate mismatches. On the right side, there is a "Read Mapping Settings" panel with various options: "Read layout" (Compactness: Packed), "Gather sequences at top" (checked), "Show sequence ends" (checked), "Show mismatches" (checked), "Packed read height: Medium", "Find Conflict" button, "Low coverage threshold: 8", "Find Low Coverage" button, "Sequence layout" (No spacing), "Numbers on sequences" (checked), "Relative to: 1", "Numbers on plus strand" (checked), "Lock top sequence" (checked), "Hide labels" (unchecked), and "Lock labels" (checked).