
**CONTRIBUTIONS À LA GESTION DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE
DANS LES PROGRAMMES D'AMÉLIORATION DU MAÏS
UTILISANT LA SÉLECTION GÉNOMIQUE**

Thèse d'Antoine **ALLIER**¹

Analysée par Mathilde **CAUSSE**²

Directeur de thèse : Alain CHARCOSSET – Directeur de recherche INRAE, UMR Génétique Quantitative et évolution – Le Moulon, Gif/Yvette

Co-encadrante : Christina LEHERMEIER – Responsable de l'Unité de Statistiques Génétique, RAGT 2n, Rodez

La thèse présentée par Antoine ALLIER porte sur la gestion de la diversité génétique dans les programmes d'amélioration variétale afin de concilier les objectifs d'amélioration génétique à long terme et les impératifs de création variétale à court terme. Elle s'intéresse à des questions importantes à une époque où la sélection génomique se généralise. Celle-ci est basée sur la confrontation du génotypage au niveau du génome entier et de la caractérisation phénotypique d'une population de référence afin d'établir un modèle de prédiction des phénotypes uniquement basé sur le génotypage. La sélection génomique permet d'assembler rapidement des facteurs génétiques favorables dans une même variété, offrant un gain de temps et d'espace, mais elle induit le risque d'épuiser rapidement la diversité utile et les potentiels de gain génétique que recèle le matériel représenté par la population de référence. L'élargissement de la base génétique de cette population comporte, lui, le risque de conduire à du matériel qui s'écarte trop du type performant, dit « élite », et de pénaliser l'efficacité immédiate de la création variétale.

La thèse propose une série de démarches facilitant (1) un diagnostic de l'état du potentiel du matériel brassé par le programme d'amélioration, (2) le choix de matériels complémentaires - les donneurs - pour procéder à un élargissement de la diversité, et (3) le choix des combinaisons parentales les plus efficaces pour ce faire.

L'ensemble est argumenté par des modélisations et des simulations et étayé par des validations et illustrations sur des données acquises sur le maïs dans le programme de recherche français d'investissements d'avenir, *Amaizing*. La thèse est réalisée dans un partenariat CIFRE impliquant la société RAGT 2n.

¹ Thèse de Doctorat de L'Université Paris-Saclay, Ecole doctorale n° 581 : Agriculture, Alimentation, Biologie, Environnement, Santé (ABIES), Spécialité de doctorat : Sciences agronomiques, préparée dans l'Unité de recherche : Université Paris-Saclay, INRAE, CNRS, AgroParisTech, GQE - Le Moulon, 91190, Gif-sur-Yvette, France

² Membre correspondant de l'Académie d'agriculture de France, section 1 « Productions végétales ».

La thèse, rédigée en anglais, est présentée sous la forme de cinq chapitres correspondant à cinq publications parues en 2019 et 2020 dans des revues de très bon niveau, *Theoretical and Applied Genetics* (x2), *Genes Genomes, Genetics*, et *Frontiers in Genetics*.

L'introduction pose bien le cadre général et rappelle quelques éléments clés de l'amélioration des plantes et de la génétique quantitative, ainsi que l'état de l'art sur la question objet de la thèse.

Le premier article porte sur la mesure de la « durabilité » dans le temps des programmes d'amélioration du maïs grain en Europe. Il montre la perte globale de la diversité génétique parallèlement à l'amélioration des populations en l'absence d'introduction de matériel exotique, mais aussi l'hétérogénéité des réponses suivant les régions du génome.

Dans la suite, Antoine Allier s'intéresse aux méthodes de gestion de la diversité notamment par l'identification des croisements les plus pertinents afin d'optimiser le progrès génétique à court et long terme simultanément. Un modèle est présenté pour le cas de croisements biparentaux (article 2) ou multi-parentaux (article 3), proposant un critère dénommé critère d'utilité et contributions parentales (UCPC) qui permet de prédire la performance moyenne et la diversité attendues dans la fraction sélectionnée de la descendance d'un croisement. Le quatrième article compare différents plans de croisements par simulation. Il est tout d'abord observé qu'une sélection des croisements basée sur le critère d'utilité maximise le gain à court et long terme comparativement à une sélection basée sur la moyenne des performances parentales sans prise en compte de la ségrégation attendue de leur descendance.

L'article présenté au chapitre 5 constitue une généralisation des réflexions précédentes et compare, sur la base de simulations, différents cas de figure avec différents modes et différents rythmes d'élargissement de la diversité avec ou sans recours à des croisements « ponts ». Il met en avant l'intérêt de recourir à des donneurs améliorés et fournit une grille de réflexion pour ajuster la stratégie globale.

La discussion générale synthétise des éléments avancés dans les discussions des différents articles et en fait une synthèse tout à fait utile pour la sélection moderne.

En conclusion, cette thèse apporte une quantité impressionnante de résultats de grande qualité, et dresse des perspectives essentielles en termes de recherche et de sélection et mérite de figurer sur le site de l'Académie d'agriculture de France, à titre de valorisation.

Mots-clés : Maïs, Diversité génétique, Sélection génomique, Sélection optimale de plan de croisements, Critère d'utilité, Elargissement de la base génétique

Publications à comité de lecture :

- Allier A, Teyssède S, Lehermeier C, Claustres B, Maltese S, Melkior S, Moreau L, Charcosset A. (2019) Assessment of breeding programs sustainability: application of phenotypic and genomic indicators to a North European grain maize program. *Theor Appl Genet.* 132(5):1321-1334. doi: 10.1007/s00122-019-03280-w.
- Allier A, Teyssède S, Lehermeier C, Charcosset A, Moreau L. (2020) Genomic prediction with a maize collaborative panel: identification of genetic resources to enrich elite breeding programs. *Theor Appl Genet.* 2020 Jan;133(1):201-215. doi: 10.1007/s00122-019-03451-9.
- Allier A, Moreau L, Charcosset A, Teyssède S, Lehermeier C. (2019) Usefulness Criterion and Post-selection Parental Contributions in Multi-parental Crosses: Application to Polygenic Trait Introgression. *G3 (Bethesda).* 7;9(5):1469-1479. doi: 10.1534/g3.119.400129.
- Allier A, Lehermeier C, Charcosset A, Moreau L, Teyssède S. (2019) Improving Short- and Long-Term Genetic Gain by Accounting for Within-Family Variance in Optimal Cross-Selection. *Front Genet.* 10:1006. doi: 10.3389/fgene.2019.01006. eCollection 2019
- Allier A, Teyssède S, Lehermeier C, Moreau L, Charcosset A. (2020) Optimized breeding strategies to harness genetic resources with different performance levels. *BMC Genomics.* 21(1):349. doi: 10.1186/s12864-020-6756-0.