

ÉVALUATION ET MISE EN ŒUVRE DE LA SÉLECTION PHÉNOMIQUE POUR LA SÉLECTION DU BLÉ TENDRE

Thèse de Pauline **ROBERT**¹

Analysée par Philippe **GATE**²

Directeur de thèse : Jacques le **GOUIS**, Directeur de recherche, INRAE (Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales (GDEC))

Co-encadrement de la thèse : Renaud **RINCENT**, Chargé de recherche, INRAE

Contexte et problématique de la thèse

La thèse s'adresse à l'amélioration des méthodes de sélection du blé tendre, en proposant d'évaluer et de mettre en œuvre une nouvelle méthode, la sélection phénomique. La thèse définit et parcourt tout d'abord les différentes approches de sélection en établissant un diagnostic de leurs performances, de leurs atouts et de leurs limites, de la sélection généalogique à la sélection assistée par l'utilisation de marqueurs moléculaires (ADN mais aussi des marqueurs transcriptomiques ARN et métaboliques), jusqu'à la prédiction génomique.

La thèse insiste aussi en parallèle sur le poids de plus en plus prégnant des conditions environnementales et de leur plus grande variabilité (stress climatiques, stress parasitaires) dans l'évaluation, et donc dans la prédiction de la performance et de l'adaptation des plantes à différents milieux.

La prédiction génomique reste limitée dans ce cadre car les marqueurs moléculaires mobilisés (ADN), indépendants des milieux dans lesquels les plantes se développent, ne permettent pas de prendre en compte les interactions entre la génétique et l'environnement, caractérisées par des modifications de l'expression des gènes, de leur régulation et des interactions entre les gènes (épistasie). Les approches basées sur les marqueurs « omiques » (transcriptomique avec l'ARN, métabolomique avec la synthèse des métabolites) pourraient être potentiellement capables de modéliser les interactions entre les gènes et avec le milieu. Ces méthodes sont actuellement très peu développées par les sélectionneurs, compte tenu des coûts d'investissement et d'obtention et aussi de la difficulté de modéliser (nombre de paramètres importants et variables, lacunes dans l'interprétation physiologique et biochimique...).

Sur la base de ces diagnostics, la thèse se propose d'évaluer une nouvelle méthode : la sélection phénomique en utilisant la spectrophotométrie dans le proche infra-rouge (NIRS)

¹ Thèse de doctorat de l'Université Clermont-Auvergne, spécialité : Biologie végétale, Ecole doctorale des sciences et de la vie, santé, agronomie et environnement, soutenue le 10 mai 2022

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

comme outil de phénotypage afin de prédire différents caractères. En quelque sorte, les longueurs d'onde remplacent les marqueurs, et ce choix est justifié par la capacité des spectres à prendre en charge, au moins partiellement, les effets d'interaction avec l'environnement, par leurs faibles coûts, et en lien, leur plus grande disponibilité d'accès par les entreprises de sélection, grande ou petite.

La méthode est appréciée et comparée à d'autres méthodes, en particulier la sélection génomique, sur deux caractères, le rendement et la date d'épiaison.

Originalité

Au-delà d'évaluer, la thèse met en œuvre la nouvelle méthode proposée sur des données existantes (de sélectionneurs, de l'INRAE sur plusieurs années et sites) et propose son insertion, avec ses différentes modalités, dans des schémas concrets de sélection et les gains générés (gain génétique, raccourcissement du cycle de sélection, exploitation de la diversité).

La thèse ne met pas en concurrence, n'oppose pas les approches de sélection et s'inscrit dans un cadre intégrateur. Les analyses approfondies permettent de proposer des atouts individuels, des complémentarités bénéfiques entre approches, et envisage aussi des combinaisons entre les différentes démarches pour améliorer les performances correspondant à des objectifs particuliers du sélectionneur (capacité de prédiction de certains caractères polygéniques ou monogéniques, de l'interaction génotype-environnement, et aussi connaissance de la diversité génétique, choix des géniteurs...).

Les résultats obtenus sont toujours discutés, interrogés et mis en perspective avec des propositions. La thèse propose par exemple d'établir les spectres NIR sur des variétés témoins communes à tous les environnements afin de faire le pont entre les différentes données. Ceci permettrait à moindre coût de mieux prendre en compte les interactions génétique-environnement. Pour certaines situations, la thèse s'interroge sur la plus-value parfois relative de la mise en œuvre de la méthode comparativement à la sélection génomique : trop faible variabilité des environnements, et notamment d'environnements stressants trop peu présents.

En majorité, les spectres disponibles ont été effectués sur des grains post-récolte, car cette méthode a été utilisée au départ par les filières pour estimer la teneur en protéine des grains. Pauline Robert s'interroge donc sur la pertinence de cette approche pour modéliser différents caractères : faut-il réaliser les spectres sur des tissus végétatifs ou des grains ? à quels stades de culture ? pour quels types de caractères ? Dans quels types d'environnement ? Une question d'importance et très pertinente est formulée sur le fait que les facteurs environnementaux responsables de la variance des spectres ne sont pas forcément les mêmes que ceux agissant sur la variance du rendement. En lien, l'auteure propose également d'établir des relations entre les longueurs d'onde et des « omiques » spécifiques dans le but de détecter les longueurs d'onde les plus informatives. Ce questionnement aurait pu être prolongé par les opportunités d'applications offertes par les nouvelles technologies de phénotypage à haut débit. En effet, au contraire des spectres NIR qui s'apparentent à des modèles de type « boîtes noires », ces nouvelles technologies donnent maintenant accès à des proxis d'indicateurs de phénotypage caractéristiques et intégrateur du comportement des plantes dans des environnements spécifiques (stress abiotiques notamment).

Pauline Robert propose également d'appliquer la sélection phénotypique dans le cadre du prebreeding, c'est-à-dire en amont des croisements parentaux : les spectres peu coûteux pourraient effectivement être mobilisés pour caractériser, en conditions contrôlées, la très grande diversité des ressources, et éliminer par ailleurs les lignées *via* une prédiction de la performance de certains caractères agronomiques.

Principaux résultats

Les résultats montrent que la sélection phénotypique (NIRS) est une solution alternative prometteuse ou un complément à la sélection génomique du blé. Les modèles combinant les spectres de différents environnements maximisent la capacité prédictive du rendement et de la date d'épiaison des lignées, car les environnements ont un effet crucial sur les caractéristiques des spectres. Dans plus de 60% des situations, la capacité prédictive est en effet plus élevée que celle issue de la sélection génomique et notamment pour le rendement, qui est un caractère hautement polygénique et soumis à de plus nombreuses interactions avec l'environnement.

S'agissant des modèles NIRS, les résultats montrent que l'approche HBLUP (on considère toutes les longueurs d'onde) fait en tendance mieux que la méthode LASSO (sélection de longueurs d'onde contribuant le plus à la variance du trait) et qu'il est préférable de combiner les spectres en prenant en compte les interactions, plutôt que les moyenniser. Ces résultats amènent une discussion intéressante sur les environnements les plus informatifs qui pourraient être retenus en priorité dans la conception des modèles.

Contrairement à la sélection génomique, la taille de la population des lignées de calibration pour l'établissement du modèle (qui sert ensuite à prédire) passe par une valeur optimale plus faible (autour de 200), la précision maximale atteinte avec un effectif plus réduit s'expliquant par le caractère polygénique des traits.

Les résultats démontrent aussi l'intérêt d'appliquer la sélection phénotypique (NIRS) pour prédire l'interaction génotype-environnement dans le contexte d'essais multi-locaux menés sur plusieurs années. En moyenne, la capacité de prédiction est supérieure à celle de la sélection génomique, l'approche la plus performante étant celle qui combine tous les spectres et les marqueurs moléculaires. Compte tenu du niveau de précision et d'une plus grande stabilité sur l'ensemble des environnements, la sélection phénotypique peut remplacer la sélection génomique, le risque pour le sélectionneur d'éliminer les réelles meilleures lignées étant très faible.

Là aussi, les écarts de performance entre les deux approches sont davantage améliorés pour le rendement (caractère polygénique soumis de nombreuses interactions) que pour la date d'épiaison. Ce résultat est cohérent avec le fait que les spectres prennent en charge une partie des interactions génétique-environnement à l'inverse des marqueurs. Néanmoins, la plus-value de performance est sans doute sous-estimée, car les environnements, insuffisamment variés, du réseau expérimental, ne permettent probablement pas d'exprimer pleinement les atouts de la sélection phénotypique.

Voies de progrès et perspectives

La thèse propose des applications concrètes des modèles proposés avec des schémas alternatifs innovants (des méthodes de travail qui n'existent pas aujourd'hui), intégrant la sélection phénomique à différentes étapes de la sélection. L'auteure décrit en particulier la possibilité de faire des spectres sur de petits échantillons (plante isolée, un grain) dès la F3, sur des bulks, en s'inspirant des innovations de phénotypage en cours de développement au centre de l'INRAE de Montpellier. Elle instruit également l'opportunité de prédire dès la F4 en mobilisant les modèles développés dans le cadre de la thèse, avec l'objectif de raccourcir le cycle de sélection (deux années) tout en conservant la diversité utile.

Les modèles conçus pourraient aussi permettre de mieux valoriser les ressources génétiques disponibles. L'exploitation de ces ressources devient de plus en plus nécessaire avec une agriculture qui s'oriente vers des pratiques agroécologiques, avec par ailleurs l'occurrence de conditions climatiques plus extrêmes. Les ressources génétiques sont peu valorisées du fait du nombre colossal d'individus dont beaucoup d'entre eux sont peu cultivables, car inadaptées aux pratiques agronomiques d'aujourd'hui. Appliquée en conditions contrôlées, la méthode pourrait lever ces verrous.

Les données spectrales issus des capteurs de phénotypage vont être de plus en plus nombreuses et de plus en plus informatives grâce au couplage avec des connaissances ou des modèles en écophysiologie. De ce fait, on peut s'attendre à une accélération de la capacité de prédiction des interactions « génétique – environnement », et donc à une accélération du progrès génétique sur des caractères d'intérêt difficiles à appréhender jusqu'à présent. A ce titre, la thèse est pionnière, la sélection NIRS ouvrant la voie à des approches phénomiques plus informatives qui devraient se développer car plus proches de l'interprétation physiologique et donc de l'expression des gènes.

Ces travaux novateurs montrent l'intérêt pour l'Académie que cette analyse de thèse figure sur le site de l'Académie et dans le Mensuel.

Références bibliographiques

Publications dans des revues à comité de lecture :

- Robert, P., Auzanneau, J., Goudemand, E., Oury, F. X., Rolland, B., Heumez, E., Bouchet, S., Le Gouis, J., Rincet, R. (2022). Phenomic selection in wheat breeding: identification and optimisation of factors influencing prediction accuracy and comparison to genomic selection. *Theoretical and Applied Genetics*, 1-20. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-04005-8>
- Pauline Robert, Charlotte Brault, Renaud Rincet, Vincent Segura (2022). Phenomic selection: a new and efficient alternative to genomic selection (chapitre accepté pour faire partie de l'ouvrage « Complex Trait Prediction » de la série « Methods in Molecular Biology » édité par Springer) DOI: 10.1007/978-1-0716-2205-6

➤ Pauline Robert, Ellen Goudemand, Jérôme Auzanneau, François-Xavier Oury, Bernard Rolland, Emmanuel Heumez, Sophie Bouchet, Antoine Caillebotte, Tristan Mary-Huard, Jacques Le Gouis, Renaud Rincet. Phenomic selection in wheat breeding: prediction of the genotype-by-environment interaction in multi-environment breeding trials. (Soumis à la revue Theoretical and Applied Genetics le 18/02/2022)

Communications :

- Journées de l'Ecole Doctorale, 14-15 octobre 2020 (Présentation orale).
- Congrès international EUCARPIA : Breeding and Biotechnologies du 03 au 05 novembre 2021 (Présentation orale). Publications scientifiques issues de la thèse.