

Les apports des biotechnologies en sélection variétale pour faire face au changement climatique



Isabelle LITRICO-CHIARELLI *Cheffe du département de Biologie et Amélioration des Plantes, INRAE*

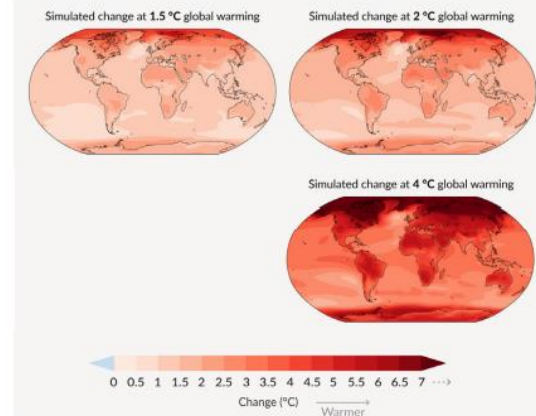


Les enjeux et les objectifs de l'amélioration des plantes face au changement climatique

Des tendances

[CO₂] atmosphérique
Température
Sécheresse ...

...et des aléas



Adaptation au CC

Produire et **stabiliser les productions** en faibles intrants et face au changement climatique

Atténuation du CC

Impacter de façon **positive l'environnement** notamment en améliorant la **séquestration du carbone**



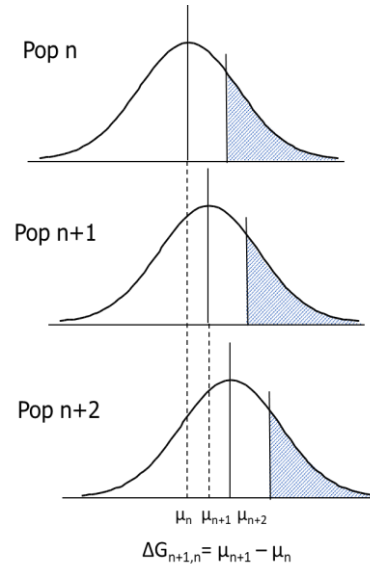
Les nouvelles pratiques
La génétique

Base de la sélection

Plusieurs cycles de sélection d'individus portant des traits/comportements d'intérêt

Série de croisements permettant de combiner les traits/comportements d'intérêt

Le processus de sélection est long (plusieurs années pour élaborer une nouvelle variété)



Efficacité de la sélection sur les allèles favorables aux QTL / gènes +++

Nécessite d'une diversité des traits/comportements d'intérêt

=> Intérêt de conserver et caractériser la diversité génétique des espèces

=> intérêt de créer de la diversité

De la sélection sur phénotype à la sélection sur génotype

Utilisation des marqueurs en sélection

La découverte des **marqueurs moléculaires** a révolutionné le travail du sélectionneur, son travail gagne en efficacité et en précision

Etude du déterminisme des caractères

Cartographies de **gènes majeurs** (ou régions du génome = QTL)

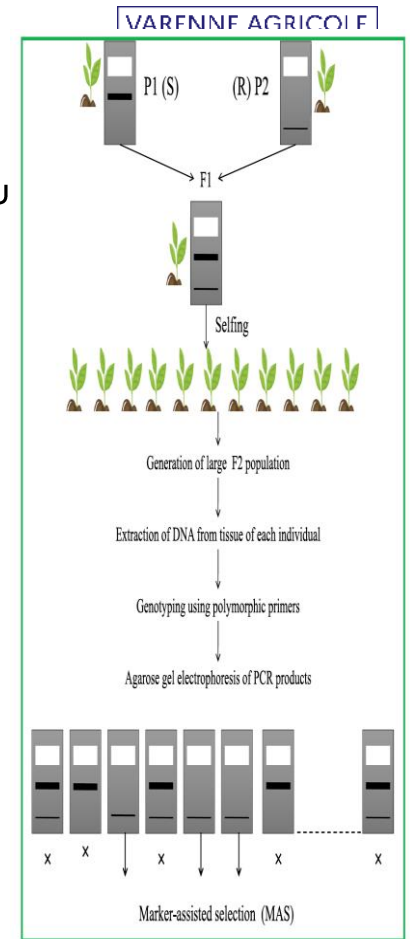
=> **effet fort** sur la variation de caractères d'adaptation, de tolérance...

=> sélection plantes stades jeunes (voire des embryons non germés)

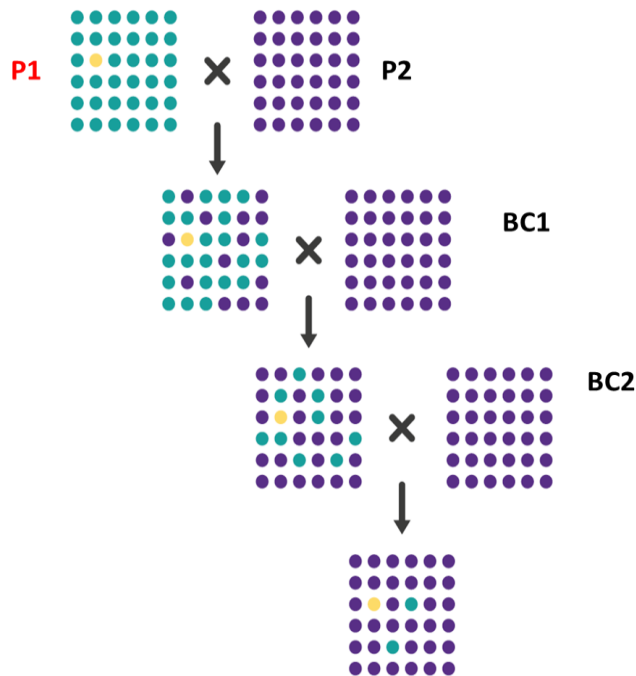


=> **Sélection assistée par marqueurs (SAM)**

Associations statistiques entre un marqueur moléculaire et un caractère



Les grandes approches de sélection assistée par marqueurs



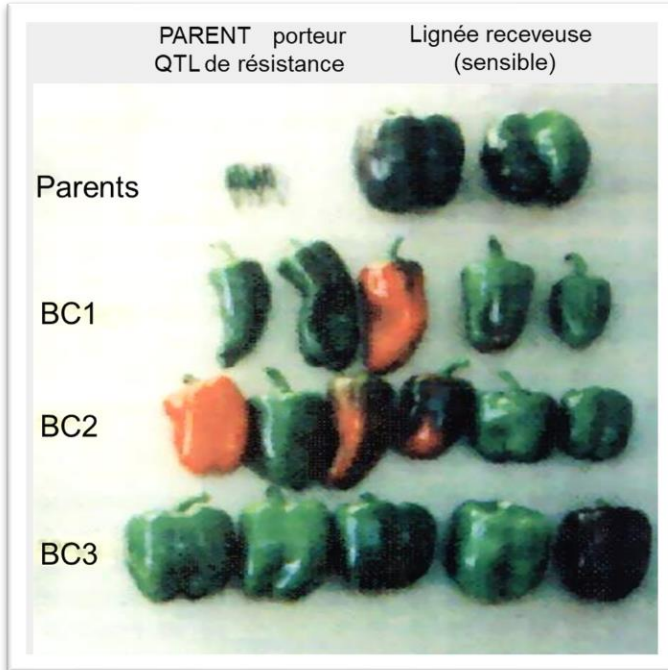
- ✓ La prédiction de **valeurs génétiques** sur la base des **QTL** trouvés

Remplace tout ou partie de l'évaluation phénotypique
=> gain de temps
=> meilleure efficacité
=> réduction des coûts

- ✓ L'**introgression d'allèles** provenant de ressources génétiques
- ✓ La **sélection génomique**

Introgression de QTL de résistance à *Phytophthora capsici* chez le poivron

(Thabuis et al., 2004)



Introgression de 4 QTL de résistance issus d'un parent « sauvage » par trois générations de back-cross assistées par marqueurs

La lignée obtenue après sélection était plus résistante que la lignée receveuse et avait le même rendement en fruits

Nombreux autres exemples dans la littérature (gènes majeurs)

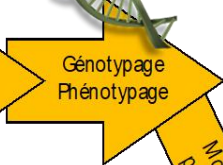
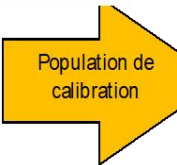
LIMITES SAM

Temps et coût pour les phénotypes facilement mesurables
Efficacité faible pour des caractères à déterminisme complexe
=> beaucoup de QTL à effets individuels faibles

Sélection Génomique

Lorsque de nombreux gènes ont des effets assez faibles
 => Construction de formules de prédiction avec des marqueurs sur l'ensemble du génome
 => Utilisation de tous les marqueurs comme prédicteurs

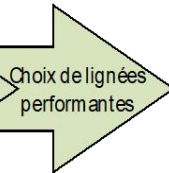
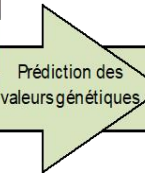
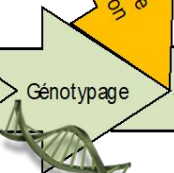
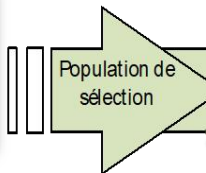
Estimations d'effets dans une population de référence génotypée et phénotypée (calibration)



$$y = Xb + Zu + e$$

GBLUP, LASSO, machine learning...

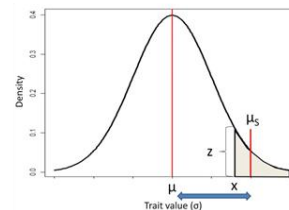
Modèle de prédiction



Amélioration des schémas de sélection

Prédiction dans la population de sélection sur marqueurs seuls (sans phénotype)

(adapté de Heffner *et al.* ; 2009)



Une vraie révolution chez les animaux depuis plusieurs années :
Bovins, volailles, porcs, caprins et ovins, poissons

Montée en puissance chez les plantes :

- ✓ **Preuves de concept** dans la littérature (soja, maïs, blé, colza, riz, tournesol,, tomate, fourragères...)

Yc. pour les **réponses aux variables climatiques**

Crop Science

Crop Breeding & Genetics | Open Access

Genetic Gains in Grain Yield Through Genomic Selection in Eight Bi-parental Maize Populations under Drought Stress

Yoseph Beyene, Kassa Semagn, Stephen Mugo, Amsal Tarekne, Raman Babu, Barbara Meisel, Pierre Sehabiague, Dan Makumbi, Cosmos Magproksho, Sylvester Oikeh, John Gakunga ... See all authors

First published: 01 January 2015 | <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.07.0460> | Citations: 143

Effacité sélection conventionnelle phénotypique <<
Sélection génomique sous contrainte hydrique

- ✓ De plus en plus d'**applications en routine** chez les semenciers



LES +

- Réduction du temps de sélection
- Meilleure précision
- Réduction des coûts de phénotypage
- Sélection possible aux stades précoces
- Prise en compte de la variabilité **entre individus** le long du génome



Mais

Nécessité d'une population de référence (phénotypage et génotypage)
La population de sélection doit être génotypée
La population de sélection = même génération ou de descendants
Effet de l'environnement et prise en compte du GxE à travailler

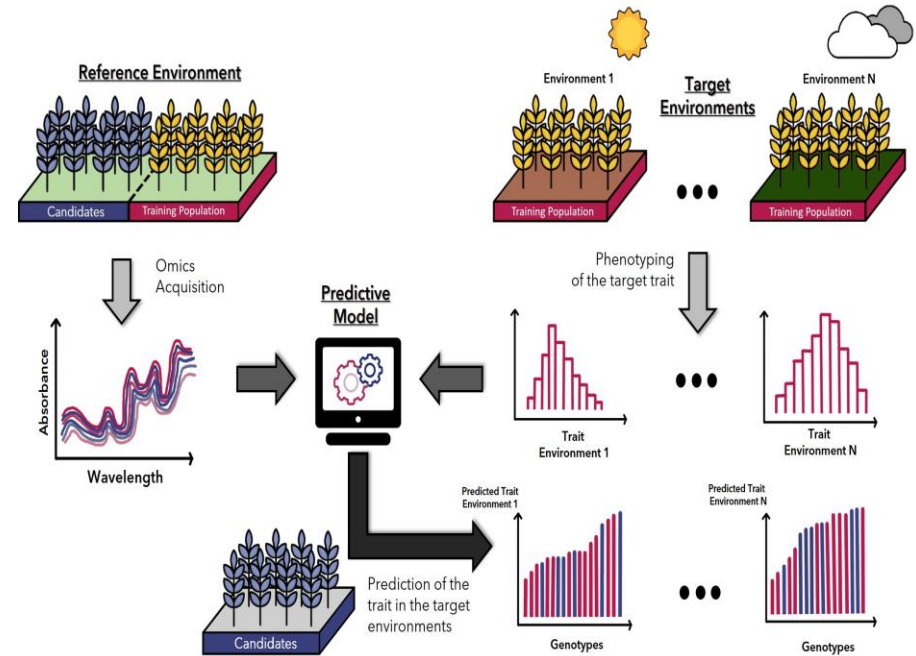


Progrès du génotypage toutes espèces et diminution des coûts
Progrès du phénotypage haut débit

=> **belles perspectives pour la Sélection Génomique**

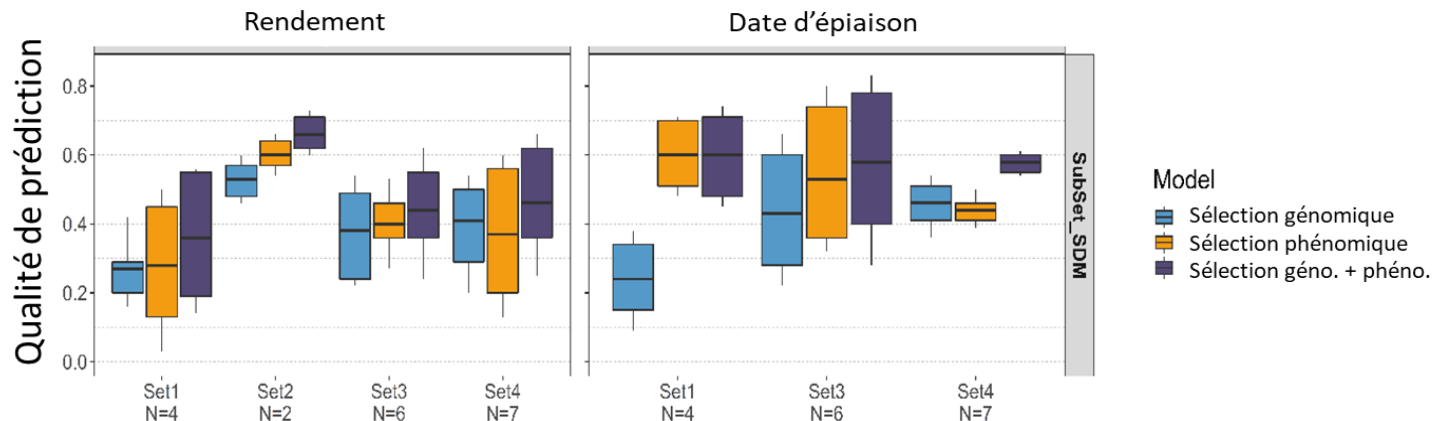
La sélection phénotypique

- ✓ Même principe que la sélection génomique => prédictions
- ✓ **Spectroscopie proche infrarouge**
 Réflectance (proportion de lumière réfléchiée par surface de matériau) / absorbance - caractérise indirectement la composition moléculaire d'un échantillon
- ✓ Population de calibration/référence et population candidate à évaluer
- ✓ Non destructive et sélection précoce possible



Première mise en œuvre : **Blé et Peuplier**

Matériel de sélection



LES +

- **Qualité de prédiction** en moyenne au moins aussi bonne que la sélection génomique
- Approche validée sur de **nombreuses espèces** (céréales, plantes pérennes, arbres fruitiers et forestiers)
- **Immédiatement disponible** pour toutes les espèces (y compris orphelines)
- Très **abordable** (<< SG)

Mais spectres influencés par l'environnement

New Plant Breeding Technologies (NPBT)



New plant breeding techniques
State-of-the-art and prospects
for commercial development

Maria Lusser, Claudia Parisi,
Damien Plan and Emilio Rodríguez-Cerezo

SAUVETAGE D'EMBRYONS INTERSPÉCIFIQUES

RNA-dependent DNA methylation (RdDM)

Biologie de synthèse

Reverse breeding

HAPLODIPLOIDY

Edition des génomes (CRISPR/Cas9)

Cis-génèse / intra-génèse

Greffage (sur porte greffe OGM)

CRISPR-Directed Mutagenesis (ODM)

Transgénèse

ARN interférent

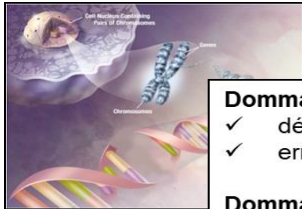
Diversité génétique et amélioration des plantes

Origine de la diversité génétique

Mutations naturelles

Env. 10 cassures de l'ADN par cellule et par jour

Taux de mutation par génération : 1 toutes les 100 millions de bases



Dommmages endogènes :

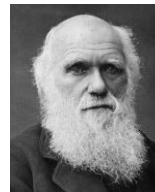
- ✓ dérivés réactifs de l'oxygène
- ✓ erreurs de réplication

Dommmages exogènes :

- ✓ UV
- ✓ Gamma



- l'instabilité génétique est vraie pour tous les types de semences et est à la base de la sélection variétale ou massale.

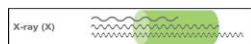
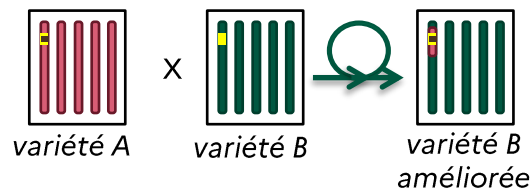


« la clé est la puissance de la sélection cumulative de l'homme: la nature donne variations successives; l'homme les ajoute dans certaines directions utiles pour lui »
(Darwin, 1859)

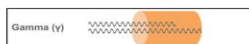
Quelques limitations en Amélioration des plantes

Principe de l'amélioration des plantes :
Combiner ces mutations pour obtenir des variétés aux caractéristiques intéressantes

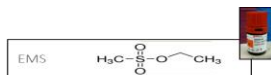
- ✓ Croisements interspécifiques
- ✓ Mutations spontanées
- ✓ Mutations induites



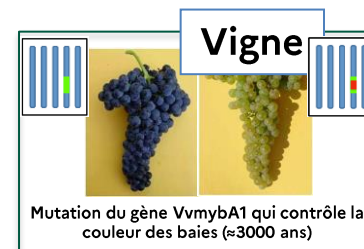
Cerisier
auto-fertile, 1985



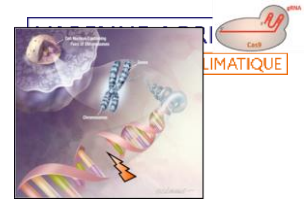
Blé
Résistance à la rouille, 1966



Tomate
Haute teneur en vitamine C, 1977



- Difficulté des croisements interspécifiques
- La barrière de la compatibilité sexuelle
- Risque d'introgession de caractères indésirables dans la nouvelle variété
- Le plan de sélection est contrôlé par la durée du cycle végétatif de la plante

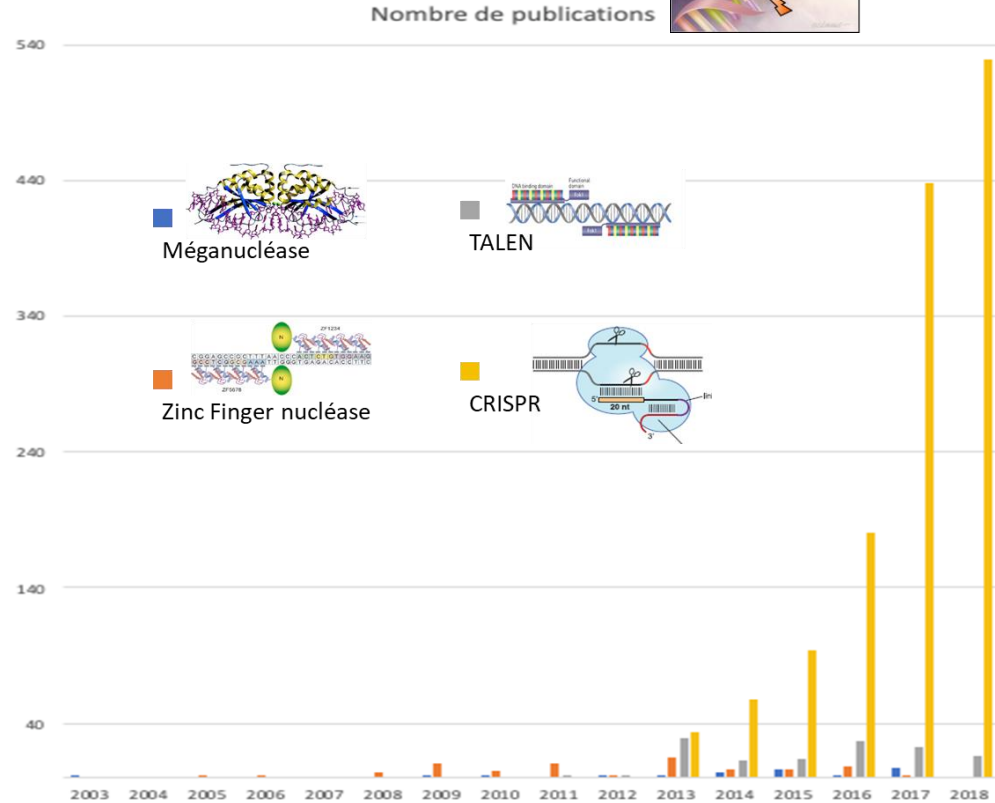


Modification ciblée des gènes

- Issue de travaux chez les micro-organismes
- Utilisation récente chez les végétaux et les animaux (2012-2013)

CRISPR/Cas9

- Nucléase ciblée parmi d'autres (e.g., TALEN, Zinc finger)
- Plus facile à mettre en œuvre que les autres
- Permet de modifier n'importe quel gène dans le génome
- A la portée de la majorité des laboratoires



Edition des génomes par CRISPR-CAS9

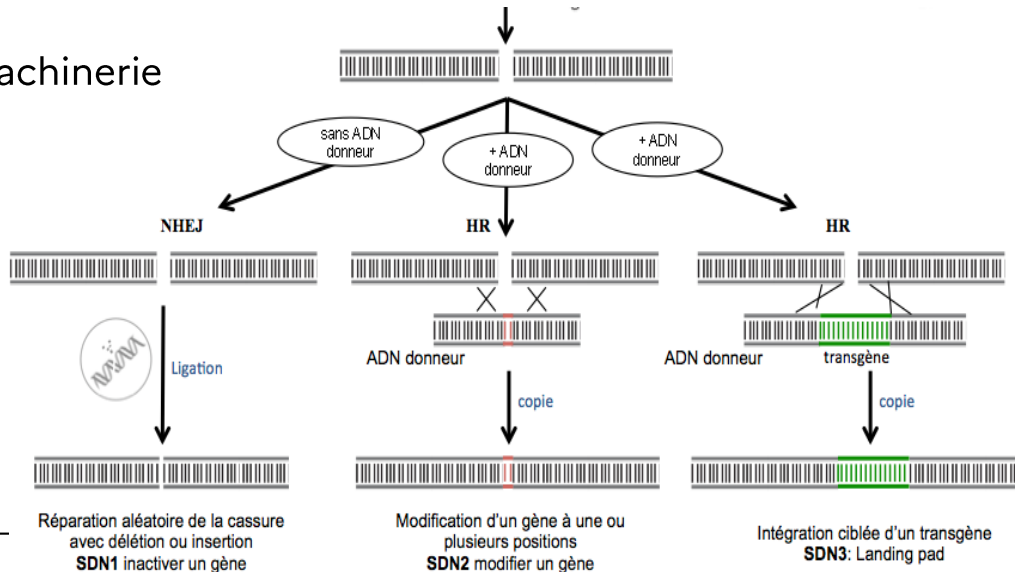
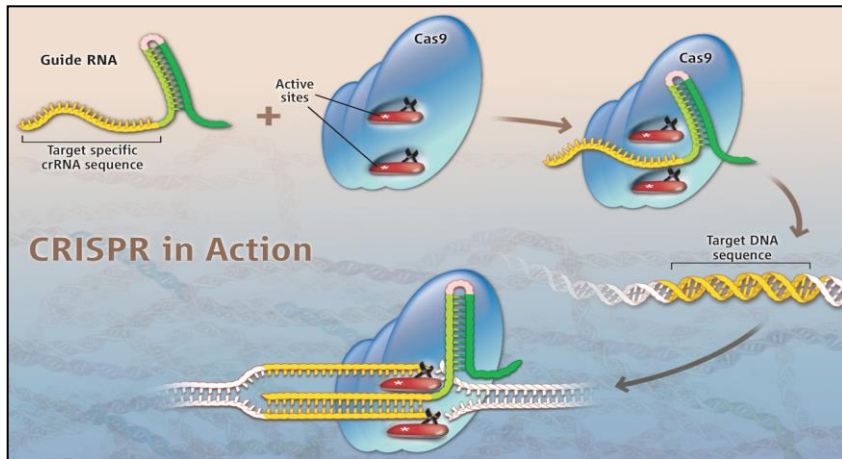
Deux étapes

Étape 1- Coupure de l'ADN à un site choisi
ARN guide pour cibler le site de coupure dans le génome + nucléase (Cas9) pour couper les deux brins de l'ADN

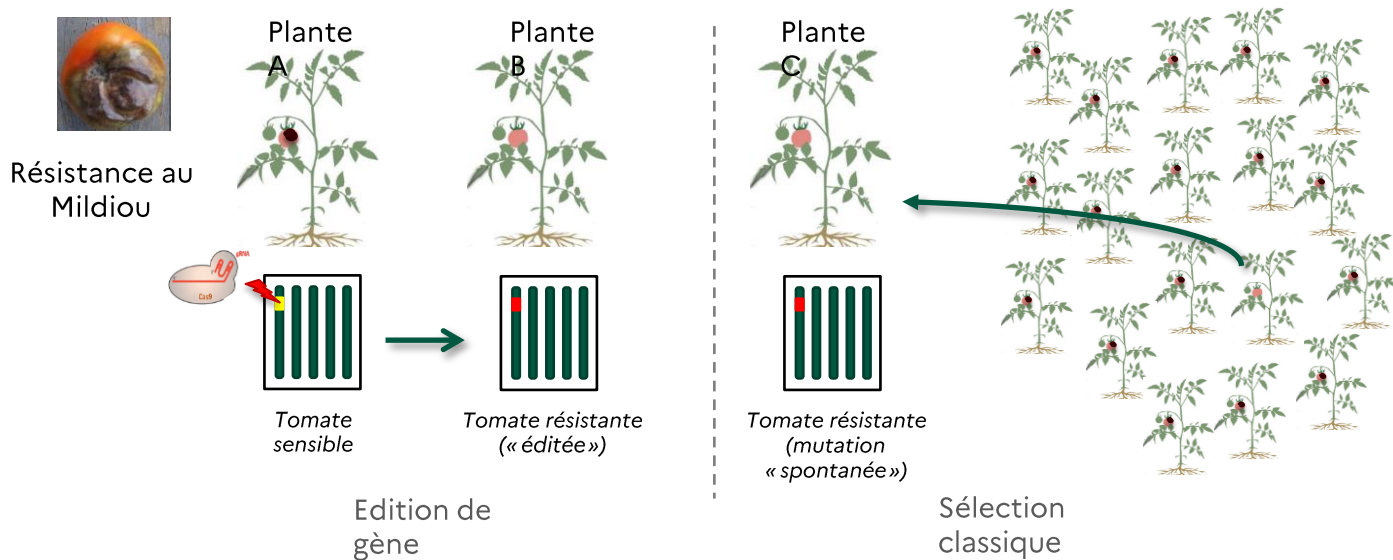
Étape 2- Réparation de la coupure par la machinerie cellulaire

3 possibilités:

- Sans matrice de réparation
⇒ Inactivation par insertion/délétion (SDN1)
- Avec matrice de réparation
⇒ Modification ponctuelle du gène (SDN2)
⇒ Insertion d'un fragment d'ADN (SDN3)



Amélioration par édition du génome



- Possibilité d'obtenir une plante dont un gène a été éditée (plante B) qui :
- Contient une mutation qui pourrait être présente dans le **pool génétique de l'espèce**
 - **Ne peut pas être distinguée** phénotypiquement ni moléculairement d'une variété conventionnelle (plante C)

Potentiel pour l'innovation variétale

Exemples issus des laboratoires de recherche

Résistance aux maladies



référence



Plante CRISPR

Résistance chancre bactérien des agrumes

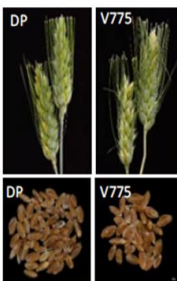
Raccourcissement du cycle de sélection

Espèces pérennes

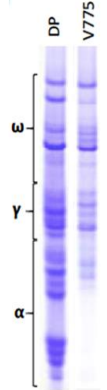
Qualité des aliments

Blé CRISPR

référence



Blé « faible gluten »



Modification concomitante de 35 gènes

Diversification des usages



60% acide oléique



17% acide oléique

Composition en huile de la cameline

Référence

Plante CRISPR



17%

69%

Absence de variants dans l'espèce

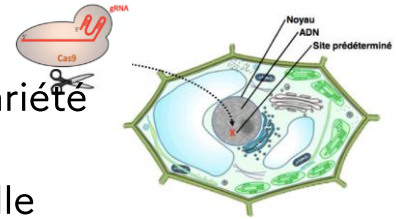
Rendement en condition de stress hydrique



Modification du promoteur du gène ARGOS8 via SDN2

➤ Meilleur rendement en grain en condition de stress hydrique

Shi et al., 2017



- ✓ Annule le risque d'introgression de caractères indésirables dans la nouvelle variété
=> Modification du **gène cible uniquement**
- ✓ Contourne les difficultés des croisements / barrière de la compatibilité sexuelle
=> Possibilité d'aller chercher des **gènes d'intérêt chez d'autres espèces**
- ✓ Gains pour la **rapidité d'assemblage** des allèles/gènes d'intérêt
- ✓ Opportunité pour augmenter la diversité génétique en l'absence de variabilité
=> concept de « **rewilding** »

Mais

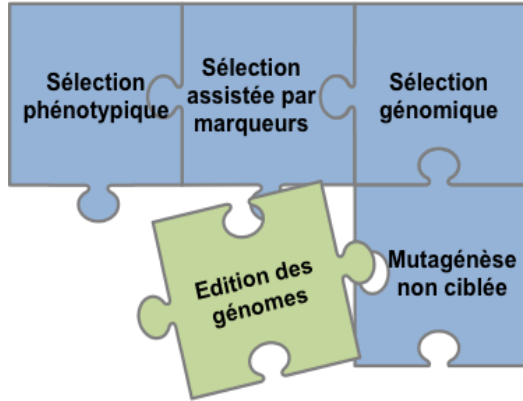
- ✓ Amélioration de la techno a conduire – espèces récalcitrantes
- ✓ Besoin de connaissances du génome pour modification du/des caractères d'intérêt
- ✓ Off-targets = mutations hors cible : Prédicibles, faibles, éliminables ?
- ✓ Règlementation

→ Prise en compte du caractère apporté à la nouvelle variété et non de la technologie d'obtention de ce nouveau caractère ? (Canada, USA)



Les biotechnologies pour le changement climatique

Des outils complémentaires



Articuler les approches

Adaptation au CC

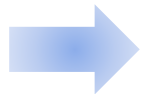
Produire et stabiliser les productions en faibles intrants et face au changement climatique

Tolérance/résistance des plantes
Efficience acquisition/utilisation de l'eau
Précocité d'installation et floraison
Plasticité
Aptitude à l'association et optimisation des traits pour les couverts diversifiés
Traits d'interaction plante-microbiote ...

Atténuation du CC

Impacter **positivement l'environnement** notamment en améliorant la **séquestration du carbone**

Pérennité, Ratio biomasse végétative/racinaire, Architecture et profondeur d'enracinement, composition biochimique des parties végétatives ...



CAPITALISER SUR LES CONNAISSANCES ACQUISES
CONTINUER D'ACQUERIR DES CONNAISSANCES SUR LES TRAITS ET LES GENOMES
CONTINUER D'AMELIORER LES METHODOLOGIES