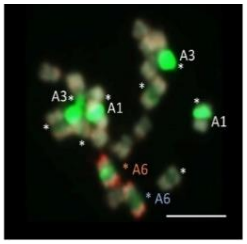
Biotechnologies et utilisation des ressources génétiques des espèces apparentées chez le colza

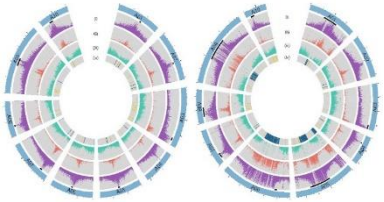
Anne-Marie CHEVRE

Colloque AFBV 2023 « Biotechnologies végétales et biodiversité »
19 octobre 2023, Paris

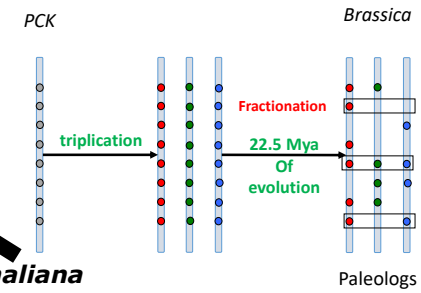
Présentation du modèle Brassica



(Boutte et al. 2020; FIPS)
=> pangénomes



1 gène = plusieurs copies



23 Mya

2-4
MYA

B. rapa
2n=20, 529Mb

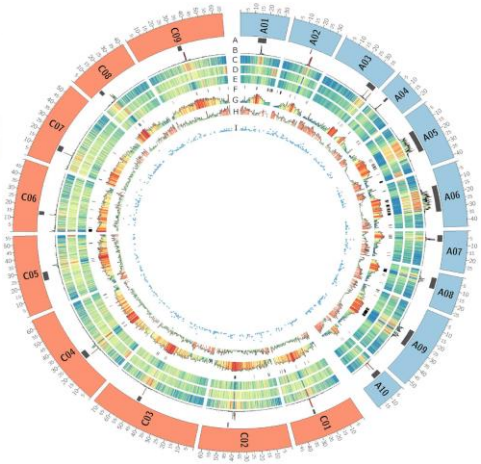
B. oleracea
CC, 2n=18, 630Mb

Belser et al. 2018

A. thaliana

Allopolyploïdie
(~7500 years)

***B. napus* (4x)**
AACC, 2n=38



Rousseau-Gueutin et al. 2020

Evènements de polyploïdisation

Importantes variations structurales entre variétés de colza

Faible diversité du colza
⇒ Recherche de sources d'adaptation aux contraintes climatiques et biotiques
⇒ Recherche de stratégies optimales d'introgression dans le colza

Recherche de variabilité chez les deux espèces parentales du colza

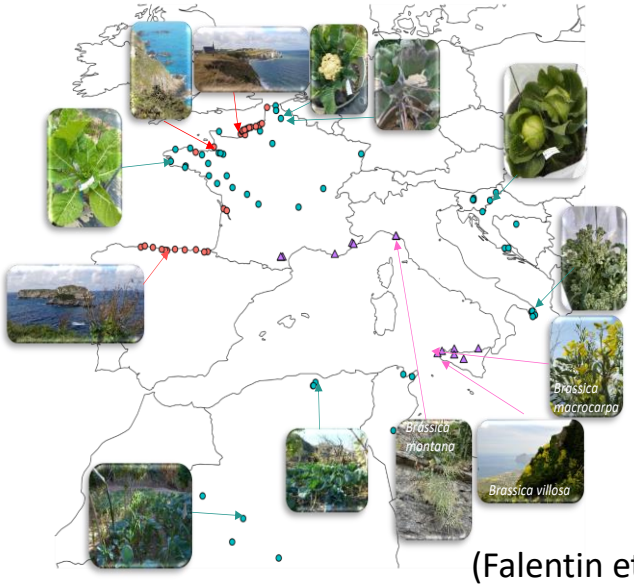
BrasExplor

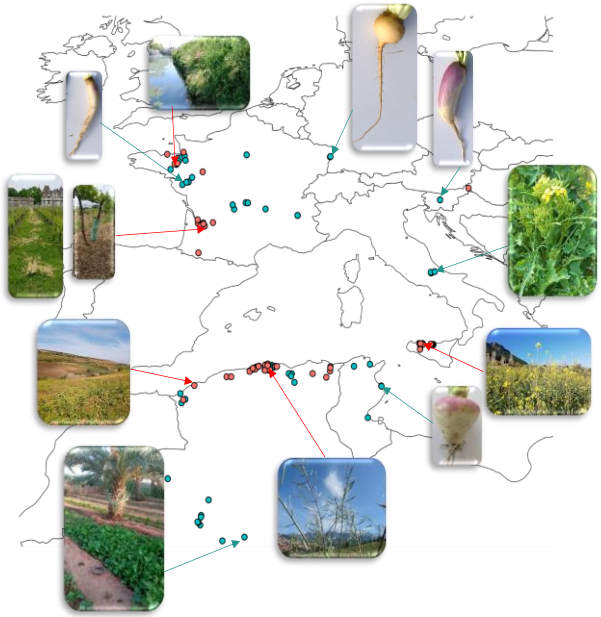
11 partenaires – 6 pays

GRB BrACySol
Brassica – Allium - Cynara - Solanum

100 / 112 *B. oleracea* : 44 populations sauvages + 56 populations fermières
+ 14 espèces apparentées

131/154 *B. rapa* : 63 populations sauvages + 68 populations fermières





(Falentin et al. subm)

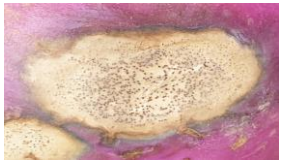
Séquençage 50x de bulks de 30 plantes/pop et mapping sur les génomes de référence

- Structuration de la diversité génétique, core collections + GEA (AGAP)
- variabilité pour la germination en conditions de stress (GEVES)
- variabilité pour la réponse aux températures chaudes et froides + RNA seq (CREA Italie, INIA Espagne)
- variabilité pour l'autoincompatibilité / structure des Pop (USTHB, Algérie)
- A partir des cores, expérimentations dans 6 sites contrastés: Algérie (INRAA, ITCMI), France (IGEPP), Italie (UNIPA), Slovénie (KIS), Tunisie (INRAT)

- En cours….

Travaux en cours

⇒ Identification des gènes et allèles favorables: populations de prebreeding / pays
⇒ Promotion des variétés fermières (livre de recettes de cuisine)



Questions:

* Phénotypage des différentes populations vis-à-vis des contraintes abiotiques, biotiques et du microbiote? Analysis génétique et marquage moléculaire

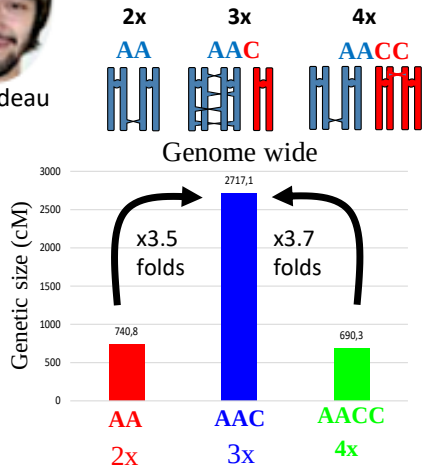
* Disponibilité du matériel végétal? (Nagoya) + Rôle des CRB vs brevets?

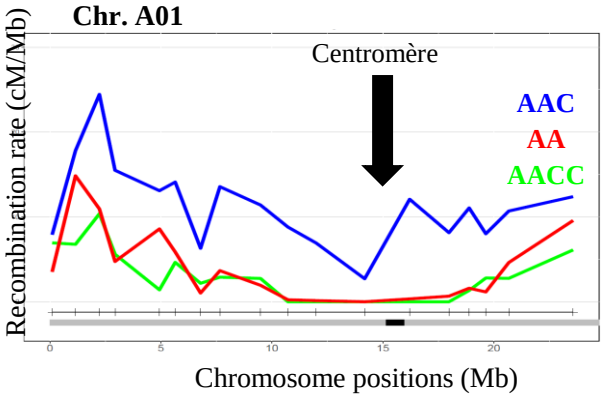
* Comment exploiter cette diversité chez le colza?

A. Pelé

F. Boideau

Introduction de cette diversité génétique dans le colza





Pelé et al. (2017) Plos Genetics; Boideau et al. (2021) Biology

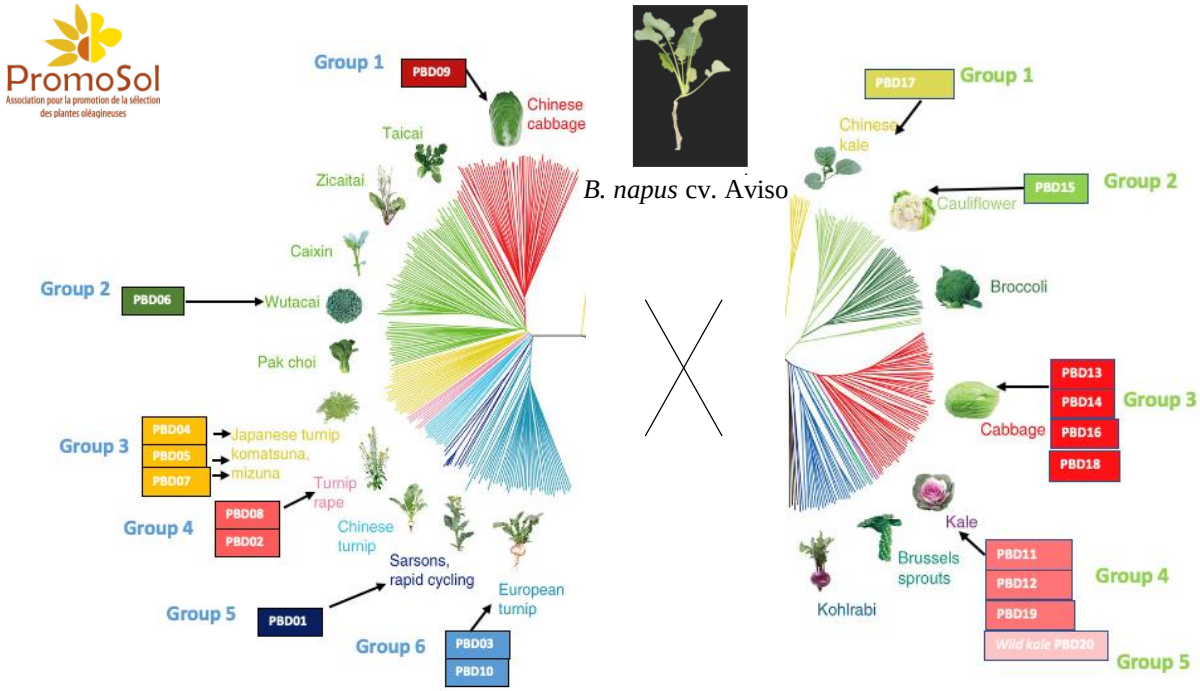
Boost de recombinaison homologue permettant d'introduire de petites régions génomiques

Application de cette stratégie pour générer des populations de pre-breeding

S. Paillard

Croisements d'un colza pivot mâle stérile cv. Aviso par les populations des core-collections de *B. rapa* (10 populations) et de *B. oleracea* (10 populations)

2x → F1 → B1F1 → B1F1I1 → HD



Diffusion aux sélectionneurs de 50 à 100 graines de chaque B1F1I1 (1 192 plantes comme population de pre-breeding)

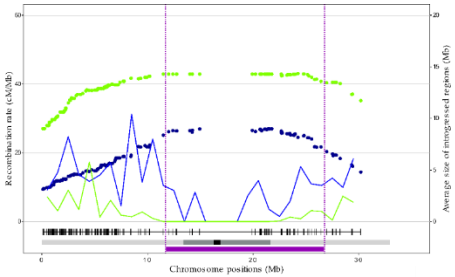
A partir de plantes B1F1I1 représentatives de la diversité initiale -> production de 453 haploïdes doublés (~250 envoyés aux partenaires)

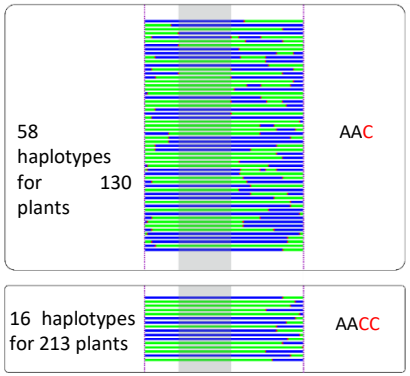
RapsodyN

INVESTISSEMENTS D'AVENIR

N.Nési

Utilisation du boost de recombination pour modifier le DL dans une région ou aller au clonage d'un gène

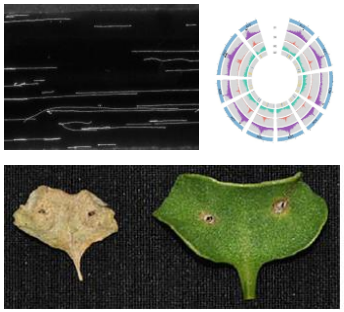




Boideau et al. (2021) Biology
Tourette et al. (2021) Genet. Sel. Evol.

M. Devers

Séquençage de la région candidate et validation fonctionnelle



réduction de l'intervalle : **200 kb !**

Durabilité?

Conclusion:

- Exploitation et caractérisation de la diversité génétique chez les diploïdes
- Caractérisation phénotypique pour les lignées introgressées pour les stress biotiques, abiotiques, métabolites spécialisés en s'appuyant sur les données moléculaires
- Contraintes: déterminisme génétique + Un gène = plusieurs copies + Connaissance des allèles efficaces

INRAE - IGEPP

Franz Boideau (ex Ph.D.)
Mateo Boudet
Severine Bouvet (ex CDD)
Anne-Marie Chèvre
Olivier Coriton
Gwenaëlle Deniot
Frédérique Eber
Cyril Falentin
Olivier Filangi
Marie Gilet
Pascal Glory
Antoine Gravot
Virginie Huteau
Marie Devers (CDD)
Christine Lariagon
Anne Laperche
Fabrice Legeai
Nadege Le Garrec (CDD)
Maryse Lodé-Taburel
Marie-Odile Lucas
Loeiz Maillet
Jérôme Morice
Nathalie Nesi
Sophie Paillard
Alexandre Pelé (ex Ph.D)
Mathieu Rousseau-Gueutin
Mathieu Tiret
Gwenn Trotoux
Patrick Vallée
Vincent Richer
Sylvain Théréné
Stéphane Doré

Merci beaucoup!

https://www6.rennes.inrae.fr/igepp_eng/Research-teams/DEBI

Séquençage et génotypage

Jean-Marc Aury
Caroline Belser
Corinne Cruaud
Benjamin Istace
Karine Labadie
Benjamin Noel
Patrick Wincker

M. Falque
O. Martin

Eric Jenczewski

Financements

The PRIMA programme is supported under Horizon 2020 the European Union's Framework Programme for Research and Innovation.