

Génétique des interactions plantes-plantes et application en sélection

Timothée Flutre

Génétique Quantitative et Évolution
Université Paris-Saclay – INRAE – CNRS – AgroParisTech
IDEEV, 91190 Gif-sur-Yvette

19/03/2024



anr®

INRAE

CULTIVER
PROTÉGER
autrement

MOBIDiv



Plant2Pro

Parcelle hétérogène sans sélection humaine

Parcelle hétérogène sans sélection humaine

Si interactions plante-plante → **compétition**

Parcelle hétérogène sans sélection humaine

Si interactions plante-plante → **compétition**

Alors sélection des meilleurs compétitrices

Parcelle hétérogène sans sélection humaine

Si interactions plante-plante → **compétition**

Alors sélection des meilleurs compétitrices

⇒ Diminution du rendement des parcelles au fil des générations

Parcelle hétérogène sans sélection humaine

Si interactions plante-plante → **compétition**

Alors sélection des meilleurs compétitrices

⇒ Diminution du rendement des parcelles au fil des générations

Raison : les meilleurs compétitrices allouent leur biomasse plus dans les organes végétatifs que reproducteurs.



Parcelle hétérogène sans sélection humaine

Si interactions plante-plante → **compétition**

Alors sélection des meilleurs compétitrices

⇒ Diminution du rendement des parcelles au fil des générations

Raison : les meilleurs compétitrices allouent leur biomasse plus dans les organes végétatifs que reproducteurs.

Compromis évolutif entre niveaux

« individu » et « groupe »

→ tragédie des communs



Stratégie

Objectif : obtenir de meilleurs rendements par parcelle

Objectif : obtenir de meilleurs rendements par parcelle

- ▶ Appliquer la sélection au niveau du *groupe*
- ▶ Constituer des groupes d'individus très *apparentés*

Stratégie

Objectif : obtenir de meilleurs rendements par parcelle

- ▶ Appliquer la sélection au niveau du *groupe*
- ▶ Constituer des groupes d'individus très *apparentés*

⇒ Parcelles « pures », c-a-d génétiquement homogènes



Stratégie

Objectif : obtenir de meilleurs rendements par parcelle

- ▶ Appliquer la sélection au niveau du *groupe*
- ▶ Constituer des groupes d'individus très *apparentés*

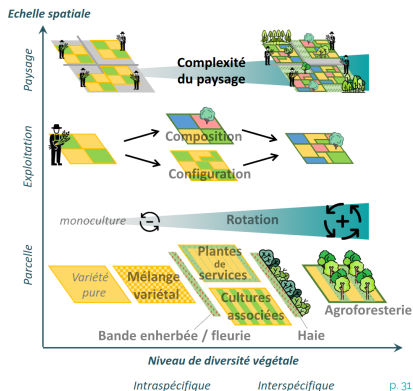
⇒ Parcelles « pures », c-a-d génétiquement homogènes



Mais dépendance notamment aux pesticides de synthèse.

Défi

Or la protection agroécologique des cultures requiert de **diversifier** à différentes échelles

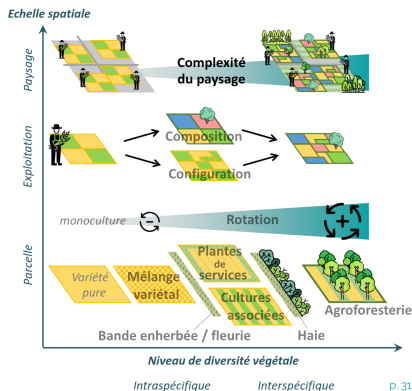


Expertise scientifique collective, INRAE, 2022

Défi

Or la protection agroécologique des cultures requiert de **diversifier** à différentes échelles

- ▶ notamment avec des **peuplements hétérogènes**



Expertise scientifique collective, INRAE, 2022

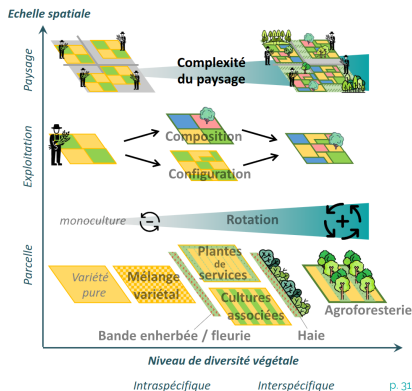
Défi

Or la protection agroécologique des cultures requiert de **diversifier** à différentes échelles

- ▶ notamment avec des **peuplements hétérogènes**

Question : peut-on sélectionner l'**aptitude au mélange** ?

- ▶ capacité à faire du rendement
- ▶ et à laisser les voisins en faire



Expertise scientifique collective, INRAE, 2022

Breeding values directes et sociales

Cas classique d'une parcelle homogène du génotype n°1 :

$$\text{phenotype} = \text{génotype} + \text{environnement}$$

Breeding values directes et sociales

Cas classique d'une parcelle homogène du génotype n°1 :

$$\begin{aligned}\text{phenotype} &= \text{génotype} + \text{environnement} \\ &= BV_1 + E_1 + nonBV_1\end{aligned}$$

- ▶ BV_i : breeding value de i

Breeding values directes et sociales

Cas classique d'une parcelle homogène du génotype n°1 :

$$\begin{aligned}\text{phenotype} &= \text{génotype} + \text{environnement} \\ &= BV_1 + E_1 + nonBV_1\end{aligned}$$

Imaginons maintenant un mélange de deux génotypes, 1 et 2 :

- ▶ BV_i : breeding value de i

Breeding values directes et sociales

Cas classique d'une parcelle homogène du génotype n°1 :

$$\begin{aligned}\text{phenotype} &= \text{génotype} + \text{environnement} \\ &= BV_1 + E_1 + nonBV_1\end{aligned}$$

Imaginons maintenant un mélange de deux génotypes, 1 et 2 :

$$DP_1 = DBV_1 + SP_2 + DE_1 + nonBV_1$$

- ▶ BV_i : breeding value de i
- ▶ D « direct » vs S « social »

Breeding values directes et sociales

Cas classique d'une parcelle homogène du génotype n°1 :

$$\begin{aligned}\text{phenotype} &= \text{génotype} + \text{environnement} \\ &= BV_1 + E_1 + nonBV_1\end{aligned}$$

Imaginons maintenant un mélange de deux génotypes, 1 et 2 :

$$\begin{aligned}DP_1 &= DBV_1 + SP_2 + DE_1 + nonBV_1 \\ &= DBV_1 + (SG_2 + SE_2) + DE_1 + nonBV_1\end{aligned}$$

- ▶ BV_i : breeding value de i
- ▶ D « direct » vs S « social »

Breeding values directes et sociales

Cas classique d'une parcelle homogène du génotype n°1 :

$$\begin{aligned}\text{phenotype} &= \text{génotype} + \text{environnement} \\ &= BV_1 + E_1 + nonBV_1\end{aligned}$$

Imaginons maintenant un mélange de deux génotypes, 1 et 2 :

$$\begin{aligned}DP_1 &= DBV_1 + SP_2 + DE_1 + nonBV_1 \\ &= DBV_1 + (SG_2 + SE_2) + DE_1 + nonBV_1\end{aligned}$$



$$DP_1 = DBV_1 + SBV_2 + \epsilon_{1(2)}$$



$$DP_2 = DBV_2 + SBV_1 + \epsilon_{2(1)}$$

- ▶ BV_i : breeding value de i
- ▶ D « direct » vs S « social »

Breeding values directes et sociales

Cas classique d'une parcelle homogène du génotype n°1 :

$$\begin{aligned}\text{phenotype} &= \text{génotype} + \text{environnement} \\ &= BV_1 + E_1 + nonBV_1\end{aligned}$$

Imaginons maintenant un mélange de deux génotypes, 1 et 2 :

$$\begin{aligned}DP_1 &= DBV_1 + SP_2 + DE_1 + nonBV_1 \\ &= DBV_1 + (SG_2 + SE_2) + DE_1 + nonBV_1\end{aligned}$$



$$DP_1 = DBV_1 + SBV_2 + \epsilon_{1(2)}$$



$$DP_2 = DBV_2 + SBV_1 + \epsilon_{2(1)}$$

- ▶ BV_i : breeding value de i
- ▶ D « direct » vs S « social »

Breeding value totale de i :

$$TBV_i = DBV_i + SBV_i$$

Aptitudes au mélange

Panel de 5 génotypes :

- ▶ tous les mélanges binaires $i-j$

| | G ₁ | G ₂ | G ₃ | G ₄ | G ₅ |
|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|
| G ₁ | | y_{12} | y_{13} | y_{14} | y_{15} |
| G ₂ | | | y_{23} | y_{24} | y_{25} |
| G ₃ | | | | y_{34} | y_{35} |
| G ₄ | | | | | y_{45} |

Aptitudes au mélange

Panel de 5 génotypes :

- ▶ tous les mélanges binaires $i-j$
- ▶ *seul le rendement total est observé*



| | G ₁ | G ₂ | G ₃ | G ₄ | G ₅ |
|----------------|----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|
| G ₁ | | y ₁₂ | y ₁₃ | y ₁₄ | y ₁₅ |
| G ₂ | | | y ₂₃ | y ₂₄ | y ₂₅ |
| G ₃ | | | | y ₃₄ | y ₃₅ |
| G ₄ | | | | | y ₄₅ |

Aptitudes au mélange

Panel de 5 génotypes :

- ▶ tous les mélanges binaires $i-j$
- ▶ *seul le rendement total est observé*



| | G ₁ | G ₂ | G ₃ | G ₄ | G ₅ |
|----------------|----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|
| G ₁ | | y ₁₂ | y ₁₃ | y ₁₄ | y ₁₅ |
| G ₂ | | | y ₂₃ | y ₂₄ | y ₂₅ |
| G ₃ | | | | y ₃₄ | y ₃₅ |
| G ₄ | | | | | y ₄₅ |

Aptitude générale au mélange :

$$GMA_i = DBV_i + SBV_i$$

Aptitudes au mélange

Panel de 5 génotypes :

- ▶ tous les mélanges binaires $i-j$
- ▶ *seul le rendement total est observé*



| | G ₁ | G ₂ | G ₃ | G ₄ | G ₅ |
|----------------|----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|
| G ₁ | | y ₁₂ | y ₁₃ | y ₁₄ | y ₁₅ |
| G ₂ | | | y ₂₃ | y ₂₄ | y ₂₅ |
| G ₃ | | | | y ₃₄ | y ₃₅ |
| G ₄ | | | | | y ₄₅ |

Aptitude générale au mélange :

$$GMA_i = DBV_i + SBV_i$$

Aptitude spécifique au mélange :

$$SMA_{ij} = (DBV_i \times SBV_j) \\ + (DBV_j \times SBV_i)$$

Q° : quelles variances ?

Exemple de mélanges intra-spé. de blé tendre : Forst et coll. (2019)

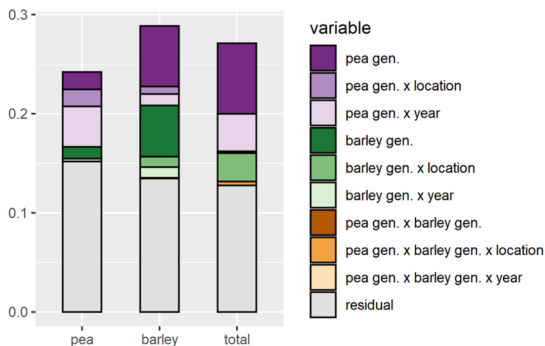
| Response variable | Model | σ_{GMA}^2 | σ_{SMA}^2 | σ_e^2 | $\sigma_{SMA}^2 / \sigma_{GMA}^2$ |
|--|---------|------------------|------------------|--------------|-----------------------------------|
| Yield Le Moulon trial | Model 1 | 63.57 | NA | 50.48 | NA |
| | Model 2 | 63.10 | 2.11 | 48.66 | 0.03 |
| | Model 3 | 54.69 | 14.67 | 47.40 | 0.27 |
| Yield Clermont-Ferrand trial | Model 1 | 95.18 | NA | 19.20 | NA |
| | Model 2 | 95.18 | 0 | 19.20 | 0 |
| | Model 3 | 95.18 | 0 | 19.20 | 0 |
| Number of spikes.m ⁻² Le Moulon trial | Model 1 | 1621.82 | NA | 1531.06 | NA |
| | Model 2 | 1536.02 | 303.75 | 1267.18 | 0.19 |
| | Model 3 | 1357.87 | 822.18 | 1338.40 | 0.61 |

⇒ var_{GMA} modérée à forte

⇒ var_{SMA} faible ou nulle, selon caractère/site/modèle

Q° : quelles variances ?

Exemple de mélanges inter-spé. orge-poïs : Haug et coll. (2023)

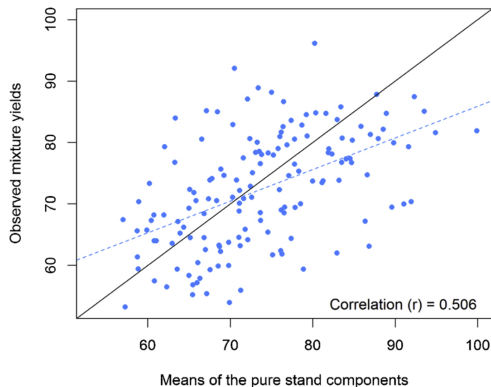


⇒ var_{DBV} et var_{SBV} modérées

⇒ var_{SMA} faible ou nulle

Q° : quelles covariances ?

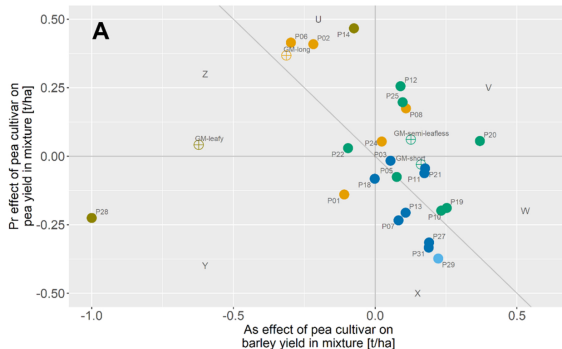
Exemple de mélanges intra-spé. de blé tendre : Forst et coll. (2019)



$\Rightarrow \text{corr}(\bar{Y}_{pur}, Y_{mix})$ modérément positive

Q° : quelles covariances ?

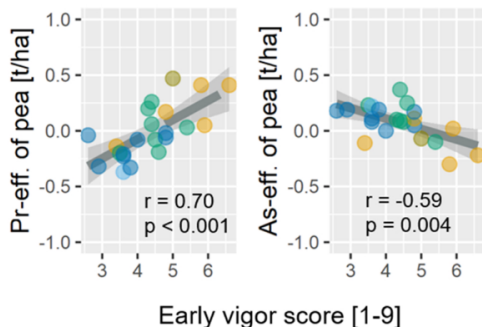
Exemple de mélanges inter-spé. orge-poïs : Haug et coll. (2023)



⇒ $cor_{DBV,SBV}$ fortement négative

Q° : quelles covariances ?

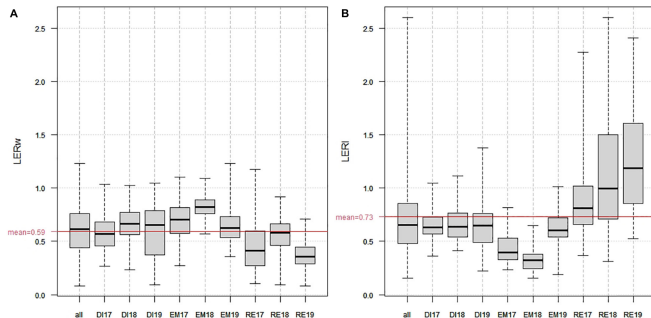
Exemple de mélanges inter-spé. orge-poïs : Haug et coll. (2023)



⇒ $cor(\text{trait en pur}, [D|S]BV)$ forte pour certains caractères

Q° : quelles stabilités multi-environnement ?

Exemple de mélanges blé-pois et blé-féverole : Moutier et coll. (2022)



⇒ mélanges bénéfiques mais variable selon les environnements

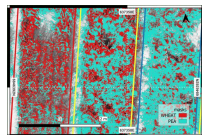
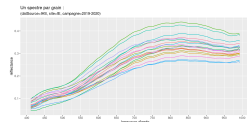
Q° : quelles méthodologies de phénotypage ?

Adaptation des protocoles classiques...

... et **développement de nouvelles technologies**

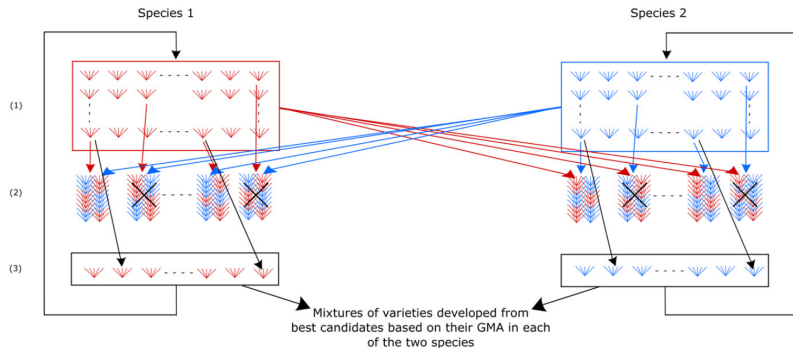
- ▶ Estimations des proportions variétales dans les mélanges intra-spécifiques :
 - ▶ projet PerfoMix sur blé tendre (Saclay, Montpellier)

- ▶ Imagerie haut-débit par drone de mélanges inter-spécifiques :
 - ▶ thèse de V. Freitas sur blé-pois (Saclay)



Q° : quels schémas de sélection ?

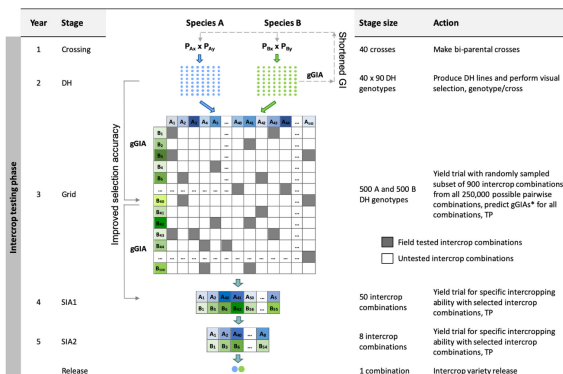
Exemple 1 pour les mélanges inter-spécifiques : Sampoux et coll. (2019)



⇒ comparaison analytiques de schémas de sélection

Q° : quels schémas de sélection ?

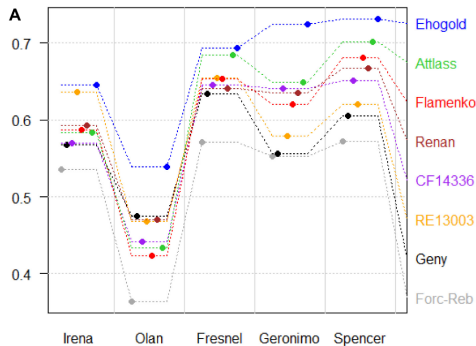
Exemple 2 pour les mélanges inter-spécifiques : Bančič et coll. (2021)



⇒ comparaison par simulation, avec prédiction génomique

Q° : quels schémas de sélection ?

Exemple de mélanges blé-pois et blé-féverole : Moutier et coll. (2022)



⇒ certains « testeurs » sont plus discriminants que d'autres

De nombreux travaux en cours sur des espèces cultivées !

- ▶ Pour les mélanges **intra-spécifiques** :
 - ▶ groupe de travail gwasvarmix (Saclay, Montpellier)
 - ▶ thèse de L. Mathieu et C. Plessis sur blé dur (Montpellier)
- ▶ Pour les mélanges **inter-spécifiques** :
 - ▶ thèse de Z. El Ghazzal sur blé-luzerne (Lusignan)
 - ▶ thèse de N. Salas sur blé-luzerne (Montpellier)
 - ▶ thèse de J. Salomon sur blé-pois (Saclay)
 - ▶ projet InnovAsso sur blé/triticales et pois/féverole (Rennes)

Remerciements

- ▶ GQE (Saclay) : J. Enjalbert
- ▶ Les autres membres du projet MoBiDiv.

Références

- ▶ Bančič J, Werner CR, Gaynor RC, Gorjanc G, Odeny DA, Ojulong HF, Dawson IK, Hoad SP, Hickey JM. 2021. Modeling Illustrates That Genomic Selection Provides New Opportunities for Intercrop Breeding. *Front Plant Sci.* 12 :605172. doi :10.3389/fpls.2021.605172.
- ▶ Expertise scientifique collective « Protéger les cultures en augmentant la diversité végétale des espaces agricoles ». 2022.
- ▶ Forst E, Enjalbert J, Allard V, Ambroise C, Krissaane I, Mary-Huard T, Robin S, Goldringer I. 2019. A generalized statistical framework to assess mixing ability from incomplete mixing designs using binary or higher order variety mixtures and application to wheat. *Field Crops Research.* 242 :107571. doi :10.1016/j.fcr.2019.107571.
- ▶ Haug B, Messmer MM, Enjalbert J, Goldringer I, Flutre T, Mary-Huard T, Hohmann P. 2023. New insights towards breeding for mixed cropping of spring pea and barley to increase yield and yield stability. *Field Crops Research.* 297 :108923. doi :10.1016/j.fcr.2023.108923.
- ▶ Moutier N, Baranger A, Fall S, Hanocq E, Marget P, Floriot M, Gauffreteau A. 2022. Mixing Ability of Intercropped Wheat Varieties : Stability Across Environments and Tester Legume Species. *Front Plant Sci.* 13 :877791. doi :10.3389/fpls.2022.877791.
- ▶ Sampoux J-P, Giraud H, Litrico I. 2019 Oct 31. Which recurrent selection scheme to improve mixtures of crop species ? Theoretical expectations. *G3 : Genes—Genomes—Genetics.* doi :10.1534/g3.119.400809.