Analyse des déterminants génétiques et écophysiologiques des interactions génotype x environnement abiotique et de leur valorisation pour des systèmes agroécologiques

Anne Laperche

▶ **To cite this version:**

Anne Laperche. Analyse des déterminants génétiques et écophysiologiques des interactions génotype x environnement abiotique et de leur valorisation pour des systèmes agroécologiques. Biodiversité et Ecologie. Université de Rennes1, 2021. tel-03236521

HAL Id: tel-03236521
https://hal.science/tel-03236521

Submitted on 26 May 2021

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Habilitation à Diriger des Recherches
Délivrée par l'Université de Rennes 1

soutenue le 11 mars 2021

Anne LAPERCHE
Maître de Conférences Institut Agro - AGROCAMPUS OUEST
UMR 1349 Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes (IGEPP)

Analyse des déterminants génétiques et écophysiologiques des interactions génotype x environnement abiotique et de leur valorisation pour des systèmes agroécologiques

Jury

Présidente
Anne-Marie CORTESERO Professeure à l'Université de Rennes 1

Rapporteurs
Alexandra JULLIEN Professeure à AgroParisTech
Karine CHENU Senior Research Fellow at Centre for Crop Science - Queensland Alliance for Agriculture and Food Innovation Australia
Jacques DAVID Professeur à l'Institut-Agro- Montpellier SupAgro

Examinateurs
Sébastien PRAUD Global maize traits coordinator chez LIMAGRAIN
Grégoire THOMAS Professeur, inspecteur général de l'agriculture au ministère de l'agiculture et de l'alimentation

Préambule

Après 17 ans, je tente à travers cette HDR, le rituel de passage de Padawan à Jedi. J'aspire ainsi à pouvoir former en retour de nouveaux doctorants-padawan et à apporter ma contribution à l'ordre des Jedis de la recherche agronomique.

A travers ce document je retrace de manière synthétique les principales questions de recherche abordées au cours de ma thèse (2003-2005) et de mes années passées à l'IGEPP depuis mon recrutement en tant que maître de conférences en 2006. L'aventure a commencé avec maître Le Gouis en 2003 par l'analyse génétique de l'efficacité d'utilisation de l'azote chez le blé tendre. Cette expérience a été décisive et m'a permis de fixer deux points importants dans la suite de mes activités : 1) une volonté forte de connecter mes activités avec l'amélioration des plantes, que mes résultats et projets de recherche restent en lien avec le monde professionnel et participent, à leur niveau, à accompagner la transition agroécologique et 2) la révélation que tout est une histoire de phénotypage et d'identification des bons traits fonctionnels cibles pour traiter une question agronomique. Lors de ma thèse, j'ai pu passer deux ans au sein de l'équipe d'écophysiologie de l'UMR EGC, ce qui m'a permis de comprendre l'intérêt des démarches d'écophysiologie et modélisation dans les programmes de génétique et de nouer des collaborations solides et fructueuses, qui m'ont accompagnées tout au long de mes activités. Dans cette aventure grignonnaise, je n'oublie surtout pas la rencontre avec Bertrand Ney et la découverte *in vivo* de la vie des enseignants-chercheurs. C'est donc, en partie en connaissance de cause, que je me suis lancée avec bonheur dans l'aventure de l'enseignement supérieur agronomique en 2006 à AGROCAMPUS OUEST.

L'adaptation à l'environnement breton s'est faite dans la continuité puisque j'ai eu l'opportunité de mener des travaux de recherche sur l'analyse génétique de la réponse aux stress abiotiques et de l'efficacité d'utilisation de l'azote, chez le colza cette fois-ci. J'ai aussi collaboré à d'autres thématiques dont la résistance génétique à la hernie des crucifères (avec Maria Manzanares-Dauleux et Antoine Gravot) ou les interactions complexes plante/microbiote de la rhizosphère (avec Christophe Mougel, Edith Le Cadre). Au cours de ce parcours, j'ai co-encadré 3 thèses de doctorats et 20 stagiaires de M2 (masters ou ingénieurs), et coordonné des actions de recherche avec plusieurs partenaires académiques et privés (projet PIA RAPSODYN, projets financés par PROMOSOL, …). Dans ce parcours, je remercie le soutien et l'accompagnement sans faille de Nathalie Nesi, responsable de l'équipe « Rendement sous Contraintes Abiotiques » de l'IGEPP auprès de laquelle j'ai fait mes armes.

Enfin, je n'oublie surtout pas l'apport à la recherche qu'est l'enseignement supérieur agronomique ! Ces deux aspects sont intimement liés et la recherche d'un enseignant-chercheur est tout aussi « drivée » par ses enseignements que ses activités d'enseignements sont « drivées » par ses activités de recherche. Je remercie chaleureusement ici Grégoire Thomas de m'avoir donné l'opportunité de monter dans le navire, et l'équipe pédagogique d'amélioration des plantes (Maria Manzanares-Dauleux, Mélanie Jubault et Solenn Guichard) pour maintenir le cap au quotidien.

Que serait tout ceci sans les étudiants ? Certains courageux nous suivent sur le long cours, depuis les activités pédagogiques proposées en L3, M1 jusqu'à la thèse. Pour les autres, je suis toujours très heureuse de pouvoir les accompagner jusque dans leur intégration professionnelle. Ce sont eux qui, une fois en poste, facilitent nos relations et nos collaborations avec le monde professionnel de la filière semences et assurent à leur manière le continuum enseignement-recherche-valorisation.

Enfin, un remerciement chaleureux à l'ensemble des membres du jury qui ont accepté d'examiner mon mémoire. La combinaison de vos différentes expertises est garante j'en suis sûre de débats et de questionnement intéressants !

Motivations à obtenir le diplôme d'HDR

L'obtention de l'HDR, en plus de la reconnaissance académique de ma capacité à encadrer des activités de recherche (encadrement de doctorants, proposition et suivi de projets), est aussi porteuse d'enjeux pour le développement de mes futures activités.

A titre personnel, l'HDR me permettra de proposer des sujets de thèse et ainsi de faire progresser mes thématiques de recherche, tout en participant à la formation de futurs chercheurs. C'est aussi une étape dans ma carrière professionnelle, qui me permettra de faire évoluer mes activités de recherche et d'enseignement ; en me permettant à terme de pouvoir postuler à des postes de professeur. Avant cela, dès son obtention, elle me permettra d'acquérir une meilleure visibilité/lisibilité vis-à-vis des partenaires académiques comme professionnels. Ces partenaires sont à la fois de potentiels collaborateurs, mais aussi les employeurs de « nos » étudiants. J'y vois aussi l'opportunité d'être proactive dans la mise en place de collaborations et d'interface avec d'autres scientifiques (de l'équipe, de l'UMR, et en dehors) pour co-construire des projets, en particulier autour de co-encadrements de thèse. De la même manière, ce diplôme me permettra de participer plus activement à des jurys de thèse, ces moments étant porteurs d'échanges scientifiques toujours intéressants, et parfois de futures collaborations.

A l'échelle de l'équipe RCA (UMR IGEPP), nous sommes 9 chercheurs et enseignants-chercheurs, dont 4 possèdent l'HDR. Obtenir l'HDR me permettra de renforcer le potentiel d'encadrement de l'équipe et ainsi de confirmer l'ancrage des thématiques « résistance aux contraintes abiotiques » et « vigueur » dans l'UMR. Pour l'IGEPP comme pour AGROCAMPUS OUEST augmenter le nombre d'HDR de leur institut/établissement est un élément important de leur politique scientifique, et permet d'assoir leur représentation dans les différentes instances de pilotage (écoles doctorales, …)

Table des matières

Bilan scientifique 1

1 Analyse du déterminisme génétique de la tolérance à une carence azotée chez le blé d'hiver et le colza. 2

1.1 Analyse génétique de la tolérance à une carence azotée chez le blé tendre. 3

1.2 Analyse génétique de la tolérance à une carence azotée chez le colza oléagineux d'hiver. 4

2 Analyse génétique de l'efficacité d'utilisation de l'azote en utilisant un cadre d'analyse écophysiologique 7

3 Analyse des interactions génotype x environnement et caractérisation de la réponse des génotypes à des combinaisons de contraintes abiotiques 12

4 Analyse de la modulation de la résistance à un stress biotique par la disponibilité en azote. 16

5 Analyse de la diversité génétique et développement de populations résolutives pour l'analyse génétique des caractères complexes. 14

Projet Scientifique 20

1 Analyse des interactions Génotype x Environnement x Pratique 23

2 Investigation des déterminants génétiques de la vigueur 25

2.1 Contexte scientifique 25

2.2 Analyse de vigueur germinative et de la vigueur au départ 26

2.2 Analyse de la vigueur au départ et de la vigueur à l'automne 28

3 Etude des interactions plante/sol 29

3.1 Contrôlé génétique de l'architecture racinaire 30

3.2 Analyse génétique des interactions plante/rhizosphère 31

Compétences et positionnement 34

1 Une expertise en génétique quantitative déclinée au sein de l'équipe et de l'IGEPP 34

1.1 Positionnement scientifique 34

1.2 Animation scientifique 34

2 Relations entre activités de recherche et d'enseignement. 35

2.1 Articulation entre activités de recherche et d'enseignement 35

2.2 Projet d'enseignement 36

3 Activités d'animation, participation aux instances 37

Références bibliographiques 38

Annexe 1 CV détaillé : 43

Annexe 2 : Titres et Travaux 49

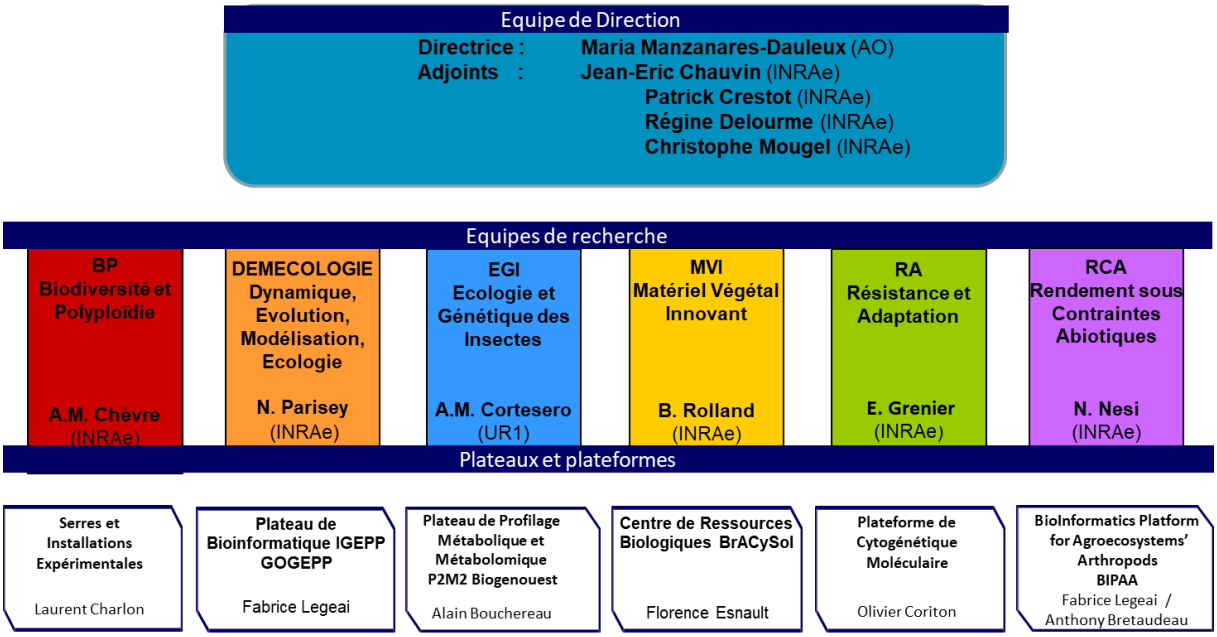


Fig 1 : **Organigramme de l'UMR IGEPP.** L'Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes (IGEPP) est sous la tutelle de l'INRAe, l'Institut Agro (Agrocampus Ouest) et l'Université de Rennes. L'IGEPP est rattachée aux départements « Biologie et Amélioration des Plantes » et « Santé de Plantes et Environnement » de l'INRAe. L'IGEPP est un collectif de 270 agents répartis en 6 équipes de recherche : BP, Démécologie, EGI, MVI, RA et RCA. Pour supporter les travaux des équipes plusieurs plateaux et plateformes sont disponibles. Je suis rattachée à l'équipe RCA « Rendement sous Contraintes Abiotiques », dont le principal modèle d'étude est le colza.

Bilan scientifique

- **Description de mon parcours de recherche**

Dans le cadre de ma formation, j'ai réalisé un premier stage d'initiation à la recherche au sein du laboratoire de Plant Breeding à l'université de Wageningen (2001). A l'issue de cette première expérience de trois mois, j'ai choisi de m'orienter vers la recherche et plus particulièrement appliquée à l'amélioration des plantes, et ce en suivant en parallèle au cours de ma dernière année à la fois la spécialisation de « Génétique et Amélioration des Plantes » du cursus ingénieur agronome, et le DEA « Stratégie et adaptation des plantes cultivées, option : amélioration des plantes et biotechnologie » cohabilité entre l'école nationale supérieure agronomique de Rennes et l'université de Rennes 1. Pour valider ces deux formations, j'ai effectué mon stage de fin d'études au sein de l'unité Génétique et Amélioration des Plantes Fourragères de l'INRA de Lusignan sous la direction d'Yves Barrière sur « l'analyse du déterminisme génétique de la digestibilité du maïs ensilage » (stage en 2002, Barrière et al, 2005). J'ai poursuivi ensuite par une thèse co-encadrée par Jacques Le Gouis (UMR SDAV, INRA-Univ de Lille, Mons-en-Chaussée) et Florence Devienne-Barret (UMR EGC, INRA-INA-PG, Thiverval-Grignon) sur « l'étude du déterminisme génétique de la tolérance à une carence en azote chez le blé tendre d'hiver » (2003-2005). Suite à ma thèse, j'ai été recrutée en 2006 comme maître de conférences à AGROCAMPUS OUEST, dans l'équipe pédagogique d'amélioration des plantes du laboratoire « Sciences du Végétal pour l'Agriculture et l'Horticulture» pour le volet enseignement, et dans l'équipe « Rendement sous Contraintes Abiotiques » de l'UMR IGEPP (Fig 1) pour le volet recherche, et ce dans l'objectif de développer des programmes de recherche sur l'analyse de l'efficacité d'utilisation de l'azote chez le colza.

- **Thématiques de recherche : présentation générale**

Au cours de mon parcours de recherche, je me suis attachée à l'étude du déterminisme génétique de la stabilité du rendement en conditions de contrainte azotée chez deux espèces de grande culture, le blé (en thèse) et le colza (depuis mon recrutement). Les systèmes agricoles actuels sont en pleine mutation et doivent répondre à des nouvelles exigences, à la fois en termes de coûts de production et de coûts environnementaux, ainsi que s'adapter à de nouvelles contraintes (dérèglement climatique, …). Les espèces agricoles doivent maintenir un service de production, dans des environnements contraints et fluctuants, cumulant des contraintes biotiques et abiotiques, tout en assurant de nouveaux services pour l'agroécosystème dans lequel elles évoluent. La gestion de l'azote est un des facteurs clés de l'adaptation des espèces à ce nouveau contexte.

Mes activités de recherche ont d'abord consisté à étudier le déterminisme génétique de **l'efficacité d'utilisation de l'azote** chez le blé et le colza, et à caractériser les gènes ou QTL impliqués dans l'adaptation des variétés à des niveaux de fertilisation sub-optimaux (cf §1). Pour les deux espèces, le blé et le colza, l'importance du processus d'**absorption** dans l'efficacité d'utilisation de l'azote a été mis en évidence. Pour aller plus loin dans la compréhension des processus impliqués dans ces réponses, une approche complémentaire a été mise en place, basée à la fois sur l'utilisation d'un cadre conceptuel modélisant le fonctionnement de la plante et sur l'analyse de **l'architecture racinaire**, comme élément clé dans la régulation de l'absorption (cf §2).

Puis, je me suis intéressée à repositionner les interactions GxN dans un contexte agronomique correspondant à la **co-occurrence de plusieurs contraintes/stress abiotiques et/ou biotiques**. Pour cela j'ai initié deux démarches en parallèle, une première sans *a priori* a consisté en l'analyse de réseaux d'essais *a posteriori* pour identifier quels stress/contraintes abiotiques interagissaient, et quel(s)

moment(s) du cycle, et ainsi comprendre globalement les interactions génotype x environnement qui expliquent jusqu'à 10% des variations de rendement de colza dans les essais (cf §3). Dans une deuxième démarche, plus analytique, je me suis intéressée à la réaction du colza à un stress azoté combiné à un stress biotique, la hernie des crucifères, et ai investigué comment la résistance à l'agent pathogène est modulée par la contrainte abiotique (cf §4). Pour mener à bien ces différentes actions, j'ai mis en place une démarche couplant des approches de génétique quantitative et d'écophysiologie. Pour cela, j'ai utilisé à la fois des ressources génétiques et disponibles au sein de l'UMR, du Centre de Ressources Biologiques (CRB) BraCySol ou chez les partenaires des projets, mais j'ai aussi développé et caractérisé de nouvelles ressources génétiques (cf §5).

1 Analyse du déterminisme génétique de la tolérance à une carence azotée chez le blé d'hiver et le colza.

Les enjeux économiques et environnementaux favorisent la mise en place d'itinéraires techniques à faibles niveaux d'intrants chimiques. Ces itinéraires techniques à faibles intrants sont caractérisés par une réduction de la fertilisation azotée. Grâce à des méthodes et outils de pilotage de la fertilisation au plus juste des besoins de la culture, les apports ont diminué pouvant entraîner momentanément l'apparition de carences. Depuis le développement de ces méthodes et outils de diagnostic largement basés sur la méthode du bilan prévisionnel (Rémy et Hébert, 1977), de nouveaux modes de raisonnement de la fertilisation azotée ont été développés, principalement sur le blé, proposant des nouvelles trajectoires de fertilisation au cours desquelles la culture est conduite en conditions de carences temporaires tout en étant maintenue au-dessus d'un seuil de stress plancher, sans pour autant affecter le rendement final et/ou le bilan économique pour l'agriculteur (méthode APPI-N, Ravier et al, 2017). Dans ce nouveau contexte, il est nécessaire de proposer une offre variétale adaptée à ces changements de pratiques. Jusque dans les années 1990-2000, les programmes de sélection (et les épreuves Valeur Agronomique et Technologique d'inscription des variétés au catalogue officiel) étaient conduits selon des itinéraires techniques d'assurance. A partir de 2011, s'est posée la question de développer des programmes de recherche ainsi que la mise en place de critères de VAT.E (Valeur Agronomique, Technologique et Environnementale), en visant notamment le processus d'efficacité d'utilisation de l'azote et permettant de maintenir les rendements en conditions de carences temporaires et/ou d'intensité moyenne.

Chez le blé, comme chez le colza, une démarche sans *a priori* a été mise en place pour identifier les QTL (par des approches de liaison ou d'association) impliqués dans l'efficacité d'utilisation de l'azote. Cette démarche s'est basée sur l'analyse de réseaux d'essais multi-locaux et pluri-annuels conduits pour deux niveaux de fertilisation azotée (non-limitante *vs* limitante). Dans ces essais différentes populations ont été expérimentées, le rendement et ses composantes ont été estimés. Pour chacun des environnements (combinaison lieu x année), le fait d'avoir mis en place deux niveaux de fertilisation azotée permet d'accéder à la réaction de chaque génotype à un delta de fertilisation donné, toutes conditions étant égales par ailleurs. L'analyse de l'ensemble du réseau permet ensuite de tester la stabilité de ces comportements en fonction des conditions pédoclimatiques. C'est-à-dire de considérer à la fois les interactions GxN et GxE.

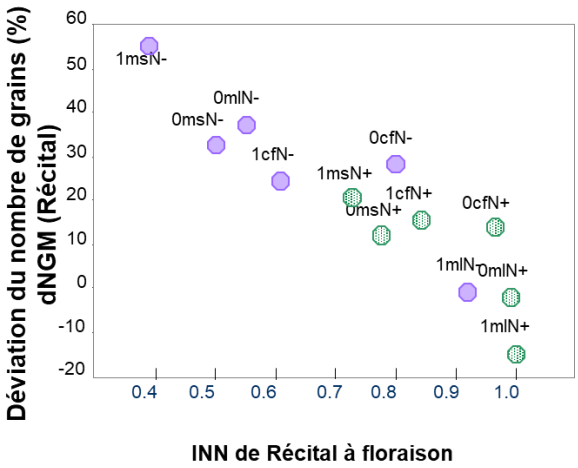


Fig 2 : **Relation entre la déviation du nombre de grains** par rapport à la courbe enveloppe (représentant les pertes de nombre de grains par rapport à des conditions de culture non limitantes) **et l'Indice de Nutrition Azoté** (INN) mesuré à la floraison pour le génotype Récital au sein du réseau d'essais « blé » mobilisé au cours de ma thèse. Les ronds violets représentent des essais conduits en fertilisation azotée limitante et les ronds verts des essais conduits en fertilisation azotée non limitante. Le nom de chaque essai commence par un chiffre représentant l'année de culture (1 pour 2001 et 0 pour 2000), les deux lettres suivantes représentent la localisation de l'essai : ms pour Mons (80), ml pour le Moulon (91), cf pour Clermont-Ferrand (63). La dernière partie du code de l'essai correspond au niveau de fertilisation fixé.

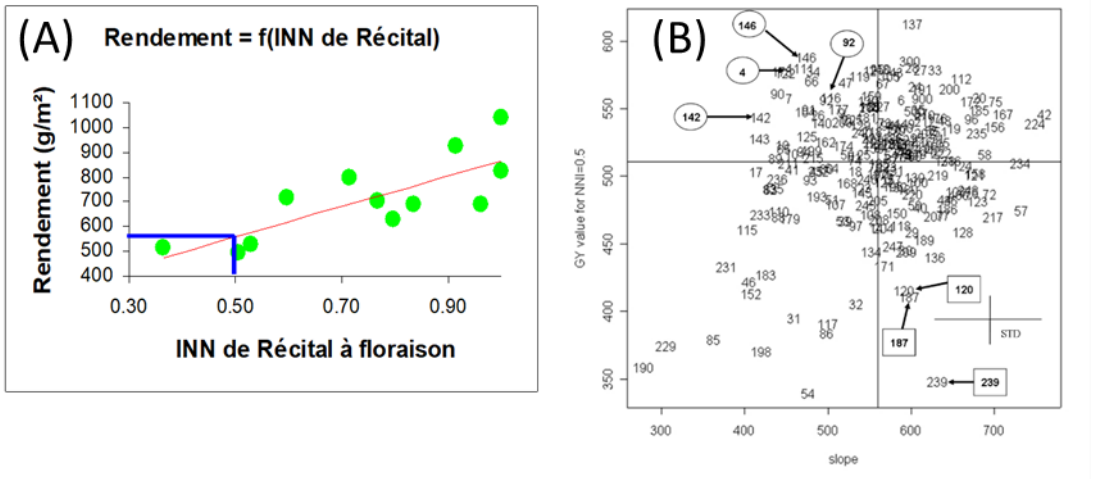


Fig 3. **Evolution du rendement observé pour un génotype donné au sein du réseau « blé »** (2A). Chaque point correspond en ordonnée à la valeur moyenne du rendement observé pour ce génotype dans un essai. La valeur en abscisse correspond à l'INN de Récital mesuré sur l'essai considéré. A l'aide de la figure 2A on peut caractériser chaque génotype par deux grandeurs : la pente de la droite de régression, et la valeur de rendement prédite pour un essai dont l'INN moyen de Récital serait de 0.5. La figure 2B représente **la variabilité observée au sein de la population d'étude**. Chaque génotype est représenté en ordonnée par sa valeur de rendement prédite pour une valeur d'INN de 0.5 et en abscisse la pente de la régression présentée dans la figure 2A. Les génotypes présents dans le quartier en haut à gauche présentent de forts rendements quand l'azote est limité et sont peu sensibles à un apport supplémentaire d'azote, alors que les génotypes présents dans le quartier en bas à droite valorisent fortement l'azote apporté mais ne sont pas performants quand les conditions sont limitantes. Les génotypes en haut à droite présentent des bons rendements en conditions limitantes, et sont capables de valoriser les apports supplémentaires.

Ces dispositifs permettent de mettre en évidence des QTL majeurs contrôlant le rendement quelque soient les conditions pédoclimatiques ou les itinéraires techniques, ainsi que des régions du génome plus spécifiques de la réponse à la fertilisation azotée, et plus reliées à des processus biologiques d'absorption/remobilisation de l'azote.

Pour mener à bien l'analyse de ces jeux de données, un préalable est de pouvoir caractériser précisément le stress subi par les cultures. En effet, bien que les niveaux de fertilisation soient définis par la méthode du bilan prévisionnel, les conditions pédoclimatiques particulières peuvent conduire à des carences non désirées, ou bien au contraire à l'absence de carence malgré une réduction de la dose « X ». Aussi, pour analyser *a posteriori* les données issues d'un réseau d'essais, il est nécessaire de disposer d'outils de diagnostic de l'intensité du stress azoté subi.

La concentration en azote dans les parties aériennes diminue au cours du cycle de culture et il existe une relation allométrique entre l'absorption d'azote et l'accumulation de la matière sèche dans les parties aériennes (Lemaire *et* Salette, 1984). La stabilité de cette relation met en évidence un contrôle de l'absorption d'azote par la croissance de la culture (Lemaire *et* Gastal, 1997). La relation entre la concentration en azote de la plante et la matière sèche accumulée au champ a permis de définir les concepts de concentration en azote critique (Greenwood *et al*, 1990) et de courbe de dilution de l'azote (Justes *et al*,1994, Lemaire *et* Gastal, 1997). La concentration en azote critique correspond à la concentration en azote minimale nécessaire pour produire une biomasse aérienne maximale à n'importe quel moment de la croissance végétative. Cette relation est définie par la courbe de dilution de l'azote. Un paramétrage spécifique de la courbe de dilution a été effectué pour le blé (Justes *et al*, 1994) ou le colza (Colnenne *et al*, 1998), permettant à chaque moment du cycle végétatif d'estimer la teneur en azote critique pour un prélèvement de biomasse donné, et de définir l'Indice de Nutrition Azotée (INN) comme le rapport entre la teneur en azote réelle observée dans les tissus prélevés et la teneur en azote critique. Dans les deux études, blé et colza, la caractérisation du statut azoté des d'essais a été réalisée grâce à des mesures d'INN.

1.1 Analyse génétique de la tolérance à une carence azotée chez le blé tendre.

L'analyse chez le blé s'est basée sur un réseau de 7 combinaisons année x lieu conduites chacune pour deux niveaux de fertilisation azotée (limitante et non-limitante). Pour chaque essai (combinaison année x lieu x N) la population bi-parentale Arche x Récital a été expérimentée ainsi que quatre variétés témoins (Arche, Récital, Soissons, Ritmo). Il a tout d'abord été montré qu'au sein de l'ensemble du réseau, les variations de rendement observées étaient principalement dues à des diminutions du nombre de grains, et pas à des réductions du poids des grains, ceci indiquant la prédominance de stress pendant la phase végétative. De plus, l'INN à floraison du génotype Récital a été indiqué comme le principal facteur ayant affecté la diminution du nombre de grains (Laperche *et al*, 2006a) (Fig 2).

Le réseau étudié permet donc bien d'analyser les différences de comportement par rapport à la disponibilité en azote, même si certaines combinaisons lieu x année sont caractérisées par l'absence de stress (INN >1 même pour la modalité définie comme limitante). Cette première analyse du réseau a permis de mettre en évidence que les interactions GxN étaient d'autant plus fortes que l'INN était faible, c'est-à-dire quand des conditions plus limitantes, la part d'interaction GxN augmente. Cette étude a aussi permis de définir de nouveaux outils pour caractériser la diversité génétique en utilisant deux grandeurs :

la sensibilité à l'azote, représentée par la pente de la régression factorielle représentant l'évolution du rendement en fonction de l'INN de Récital à floraison, et leur rendement prédit pour un environnement pédoclimatique moyen et une valeur d'INN de 0,5 (Laperche *et al*, 2006a) (Fig 3).

A l'issue de cette première étape, l'analyse du réseau a permis de définir un descripteur de l'intensité du stress azoté subi dans chaque essai, avec l'INN estimé à floraison pour le génotype Récital, et de disposer de deux grandeurs pour décrire la sensibilité à l'azote des génotypes et leur capacité à effectuer un rendement en conditions « vraiment » limitante, en considérant à la fois la pente de la régression factorielle expliquant les variations de rendement de chaque génotype au sein du réseau d'essai par l'INN de Récital à la floraison, et le rendement estimé grâce à cette relation pour un INN de 0,5. Ces caractéristiques ont ensuite été utilisées pour identifier des QTL spécifiques de la réponse à la fertilisation azotée, en complément des données de rendement et de delta de rendement entre les deux niveaux de fertilisation ; et ce de manière à s'affranchir des interactions GxE et des spécificités des combinaisons lieu x année.

Une première analyse QTL effectuée pour le rendement et ses composantes estimés dans chaque essai (lieu x année x N) a permis de mettre en évidence un nombre important de QTL (118 QTL détectés au total). Deux patterns se sont dégagés de cette première détection : un grand nombre de QTL sont détectés en proximité des gènes majeurs Ppd-D1, Vrn, Rht-B1 impliqués respectivement dans le contrôle de la photopériode, la vernalisation et la taille des plantes et ayant largement été utilisés dans les programmes de sélection du blé tendre. Le deuxième pattern consiste dans le fait que la majorité des QTL ont été détectés pour les deux niveaux de fertilisation azotée, alors que seulement 8 régions ont été identifiées spécifiquement à un niveau de fertilisation. La présence de ces QTL N-spécifiques traduit la présence de régions impliquées dans le contrôle de la réponse spécifique à l'azote, *ie* dans l'interaction GxN. Pour confirmer ces régions, ou être plus résolutif, des détections de QTL supplémentaires ont été réalisées pour les variables précédemment définies pour représenter la sensibilité à l'azote et la performance en conditions contraintes (différence de rendement entre les deux niveaux de fertilisation pour chaque environnement, pente de la régression factorielle et rendement estimé pour un INN de 0,5). Grâce à ces variables, 125 QTL ont pu être détectés, et ont permis l'identification de 9 nouvelles régions interactives, la confirmation de 14 QTL déjà identifiés comme interactifs, même si certains avaient été détectés pour les deux niveaux de fertilisation (Laperche *et al*, 2007).

1.2 Analyse génétique de la tolérance à une carence azotée chez le colza oléagineux d'hiver.

Le colza est une espèce oléagineuse majeure pour la sole française, cependant le bilan environnemental de cette culture a une image négative, en raison de l'utilisation importante d'insecticide et de fertilisation azotée minérale (jusqu'à 250 kg N/ha). Cette importante fertilisation est la source de nuisances environnementales *via* l'émission de gaz à effet de serre ou la pollution de l'eau par le lessivage de nitrates. Réduire les apports minéraux d'azote est donc un enjeu majeur pour cette culture, combiné à un objectif de stabilisation des rendements dans des conditions sub-optimales. La gestion de l'azote chez le colza présente certaines spécificités par rapport aux autres cultures.

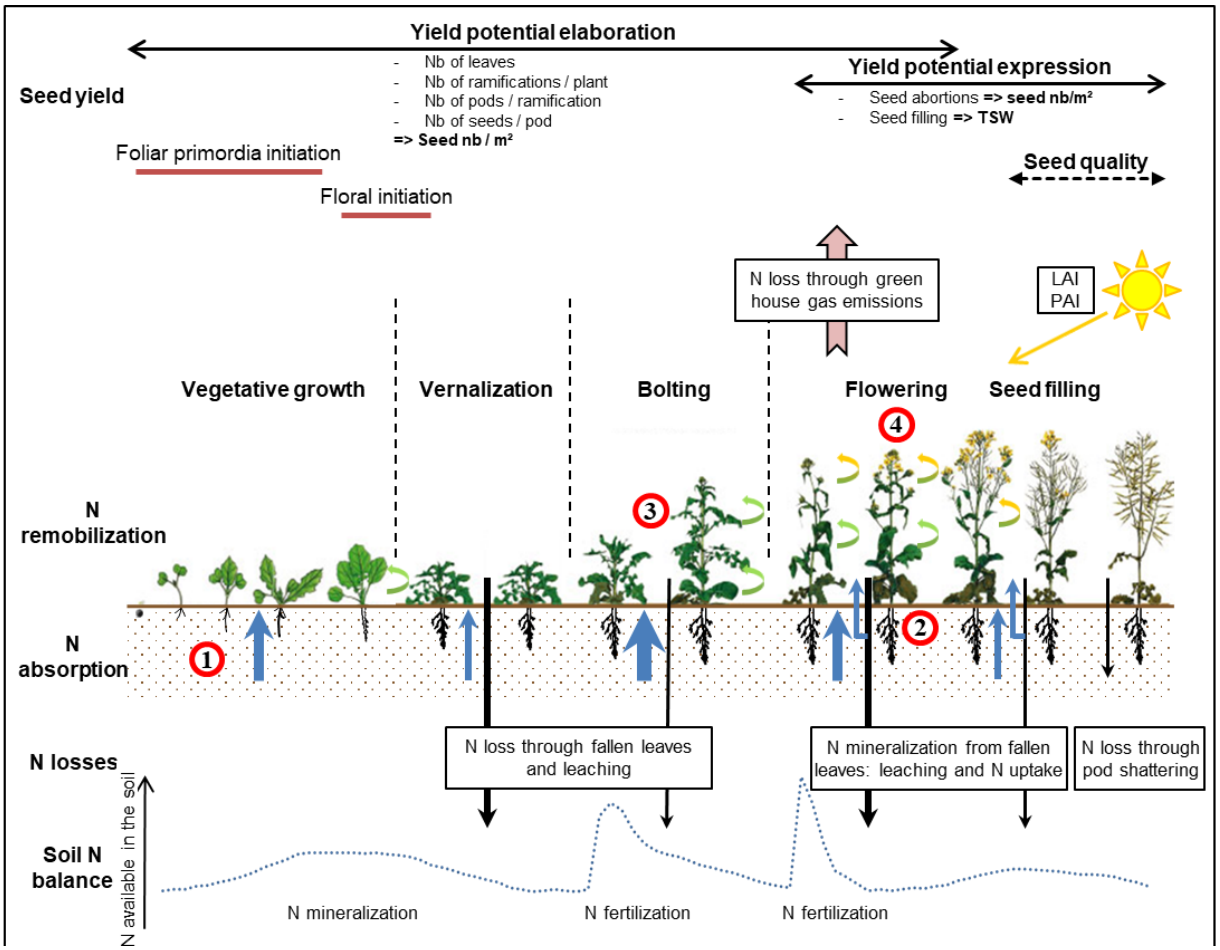


Fig 4. **Représentation du cycle cultural du colza d'hiver et des relations entre la croissance de la plante, les dynamiques d'azote dans le continuum sol-plante-atmosphère et la mise en place des composantes du rendement (d'après Bouchet *et al*, 2016a).** La figure du bas représente la dynamique de l'azote dans le sol. Un itinéraire avec un fractionnement de la fertilisation azotée minérale en deux apports (à la reprise de végétation et deux à trois semaines après) est représenté. A l'automne, l'azote organique du sol est minéralisé (en fonction des conditions climatiques), participant au renouvellement du stock d'azote minéral disponible pour la plante. Ce stock est ensuite consommé par le peuplement végétal, avec des pics d'absorption principalement à l'automne, à la reprise de végétation à la sortie de l'hiver et avant la floraison. Le graphique au-dessus représente la mise en place et le développement du peuplement végétal au cours du cycle. Le semis a lieu entre fin aout et début septembre, et est suivi d'une phase de croissance automnale pendant laquelle la plante a une forte dynamique de mise en place de biomasse (mise en place de la rosette). C'est pendant cette période entre la levée et la mise en place des premières feuilles que la culture est sensible notamment aux dégâts d'insectes. Ensuite pendant l'hiver climatique le peuplement subit une phase de vernalisation. Au cours de cette période, on note une accélération de la chute de feuilles, ce qui représente une perte d'azote pour le système. Cependant l'azote présent dans les feuilles chutées à l'automne et à l'hiver peut être recyclé et être de nouveau disponible plus tard pour la culture. A la sortie de l'hiver a lieu la reprise de végétation. Pendant la phase de montaison, la remobilisation séquentielle de l'azote a lieu (remobilisation de l'azote de feuille à feuille), puis à partir de la floraison on observe majoritairement un phénomène de sénescence monocarpique (vers les organes reproducteurs). En parallèle, l'élaboration du rendement se fait de manière continue. Les bonnes conditions de début de cycle permettent de mettre en place un potentiel de rendement élevé, qui est ensuite exprimé à partir de la floraison et se traduit par la mise en place d'un nombre de grains par m² et par leur remplissage (poids de mille grains). Cependant chez le colza, la mise en place des ramifications et ensuite des siliques sur les ramifications se met en place de manière séquentielle, ce qui explique la forte capacité de compensation observée chez cette culture.

Le colza présente une bonne capacité d'absorption de l'azote pendant la phase végétative, mais l'azote absorbé et utilisé réellement par la culture va dépendre de la biomasse produite à l'automne et au printemps (avant la floraison), de la dynamique de chute des feuilles le long du cycle (avec des teneurs en azote importantes), de la dynamique de remobilisation de l'azote (entre feuilles puis vers la graine), ainsi que de la capacité à maintenir une absorption tout au long du cycle (Fig 4). Dans ce contexte, une analyse génétique de la stabilité du rendement en conditions d'azote limitantes a été initiée, en se basant sur la méthodologie mise en place précédemment sur le blé tendre (paragraphe §1.1).

Une première analyse génétique a été menée en phénotypant une population bi-parentale (Aviso x Montego) sur le site du Rheu trois années consécutives, chaque expérimentation était conduite selon deux niveaux de fertilisation azotée : un niveau non-limitant correspond à la dose estimée par la méthode du bilan prévisionnel pour un rendement visé de 35 qtx/ha, et un niveau limitant pour lequel les apports ont été réduits de 80 unités. La caractérisation des intensités de stress azoté subis dans les différents essais a mis en évidence des stress modérés à très faibles dans l'ensemble des essais « N-limitant » (INN compris entre 0,75 et 0,97).

Cette première analyse a permis de détecter une centaine de QTL pour le rendement et ses composantes. Cependant, très peu de loci ont été détectés comme spécifiques d'un niveau de fertilisation, et l'instabilité entre les QTL détéctés était principalement liée aux différences entre années (Bouchet *et al*, 2014). Pour être plus résolutif dans l'analyse génétique de la stabilité du rendement, des expérimentations complémentaires ont été réalisées pour aboutir à un large réseau d'expérimentations multi-locales (représentant les principales zones de culture du colza en France) et pluri-annuelles ainsi qu'à l'étude de différentes populations et fonds génétiques : une deuxième population en ségrégation et deux panels emboités ont été utilisés pour réaliser des analyses d'association (un panel de 96 génotypes et un panel de 200 lignées de colzas oléagineux d'hiver représentant la diversité génétique et enrichi en lignées élites). Les résultats obtenus confirment la faible part de variation expliquée par les interactions GxN (1%) relativement aux interactions GxE (10%) pour le rendement. Plusieurs centaines de loci ont été détectés pour l'ensemble des analyses individuelles (une population x un lieu x une année x une dose N), alors qu'uniquement 9 ont pu spécifiquement être caractérisés comme des locus impliqués dans l'interaction GxN et 25 spécifiquement impliqués dans l'interaction GxE (un environnement étant la combinaison d'une année et d'un lieu) (Bouchet *et al*, 2016b). Dans un deuxième temps, nous nous sommes intéressés à comprendre l'organisation génomique des QTL de rendement, dans la perspective de prioriser les QTL intéressants pour des programmes de sélection assistée par marqueurs, ainsi que pour comprendre l'impact des duplications génomiques dans le contrôle génétique des caractères polygéniques d'intérêt agronomique.

Le colza est une espèce allopolyploïde (2n=38) récente issue du croisement interspécifique entre les deux espèces diploïdes *Brassica oleracea* L. (2n=2X=18) et *Brassica rapa* L. (2n=2X=20), ces deux espèces étant issues d'un génome ancestral « brassica » ayant subi une triplication. Il en résulte que le génome du colza est organisé en régions dupliquées homéologues (régions similaires originaires des deux génomes diploïdes AA et CC), ou paralogues (régions similaires issues des événements de triplication/duplication du génome). L'hypothèse sous-jacente, étant que des régions homéologues portent en partie des gènes ou des QTL identiques. Ainsi, une fois un QTL identifié, il est possible d'aller comparer plus précisément les zones homéologues et paralogues correspondantes, et mettre en évidence la présence (ou la perte) de polymorphisme intéressant pour le trait d'intérêt (qui n'aurait pas été détectées pour des raisons de puissance d'analyse par exemple).

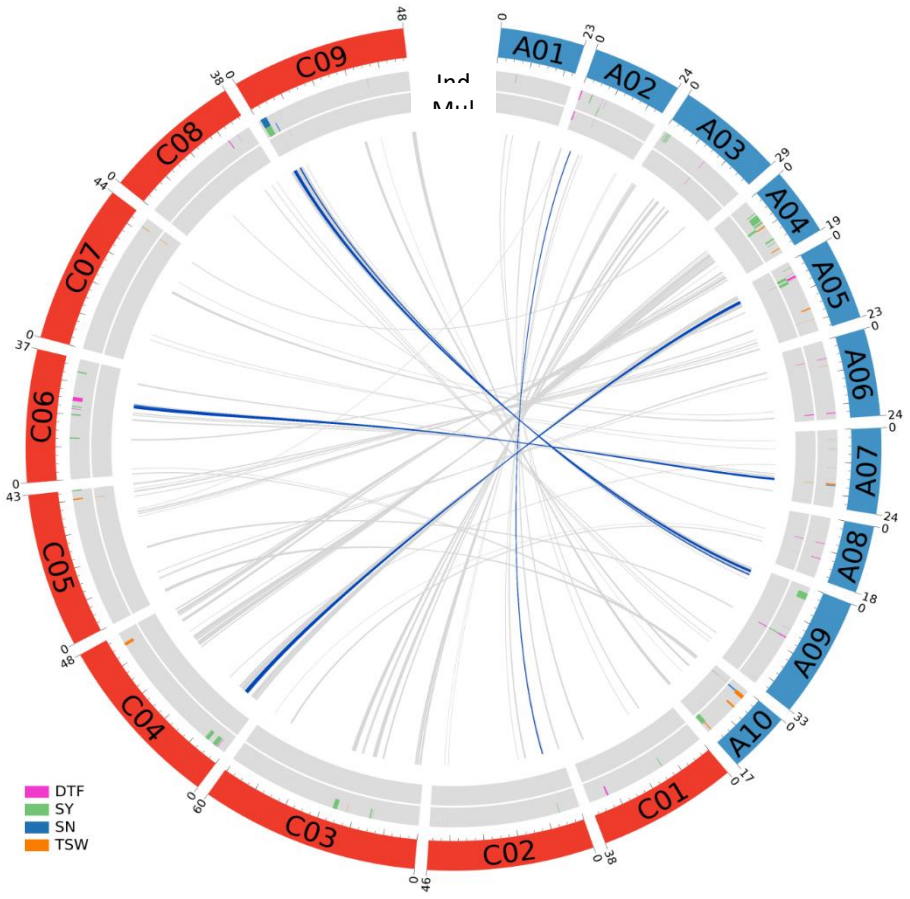


Fig 5 : **Résultats de la détection de QTL par GWAS au sein des essais du réseau RAPSODYN**. Une première analyse GWAS (analyse individuelle) a été conduite pour chaque combinaison année x lieu x traitement azoté (une combinaison = un essai) et pour chaque caractère phénotypique (date de floraison- DTF-, rendement –SY-, nombre de grains –SN-, poids de mille grains (TSW). Un QTL a été déclaré valide quand il a été mis en évidence dans au moins deux essais. Une deuxième détection de QTL (analyse multi) a été réalisée en utilisant les BLUE des effets de chaque génotype à l'échelle du réseau entier. Les résultats de la détection de QTL sont présentés sur le CIRCOS. Les chromosomes A01 à A10 sont représentés en bleu et les chromosomes de C01 à C09 sont représentés en rouge. Homéo-QTL de rendement. La piste du haut représente les résultats des analyses individuelles, et la deuxième piste représente les résultats de l'analyse « multi ». Les courbes grises représentent les relations d'homéologie pour tous les SNP présents dans l'intervalle de confiance des QTL. Les courbes sont représentées en bleu quand un QTL pour le même trait a été détecté dans la zone homéologue du QTL considéré. Ainsi on remarque les deux régions homéologues A05 et C04 portent toutes les deux un QTL de rendement (en vert). Les homéo-QTL identifiés correspondent aux zones A05-C04 ; A02-C02 ; A07-C06 et A09-C09.

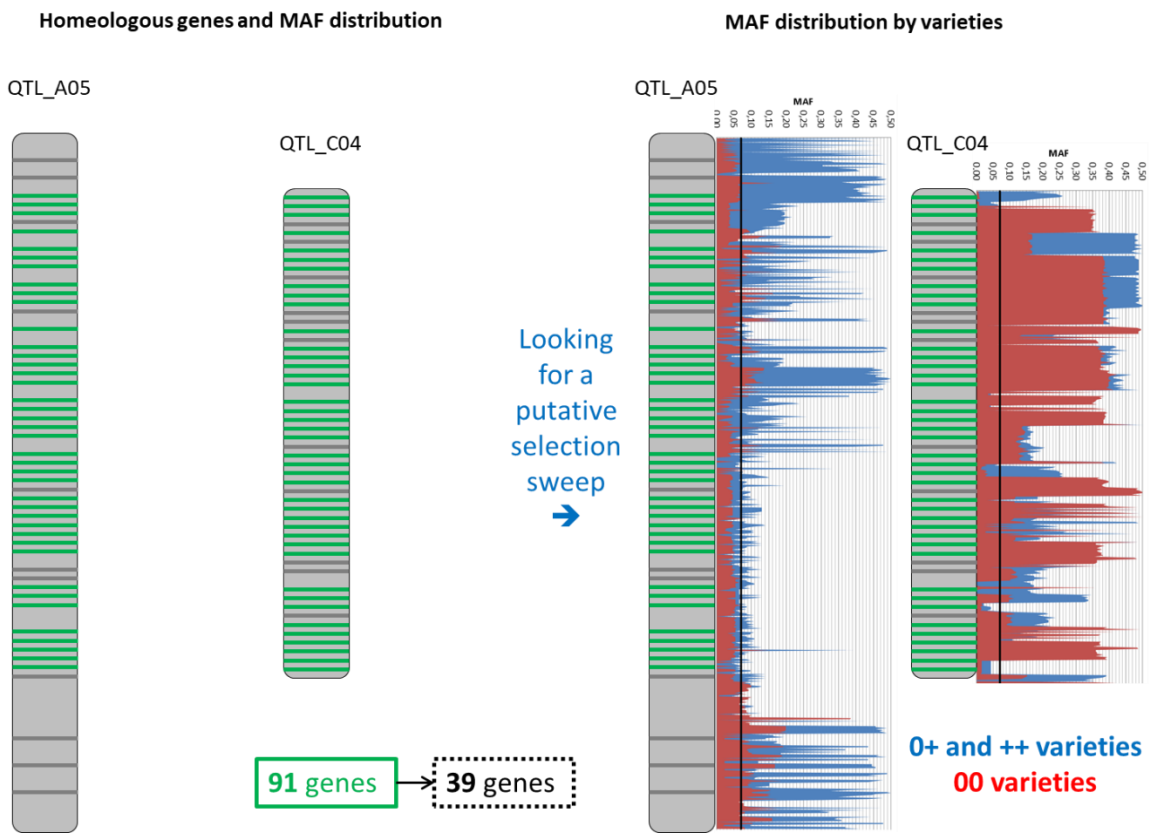


Fig 6 : **Représentation de la méthodologie basée sur l'homéologie et l'analyse des fréquences alléliques pour diminuer le nombre de gènes candidats sous-jacents à un QTL**. Ici, on s'est intéressé au couple d'homéo-QTL A05-C04 détecté pour le rendement. La première hypothèse est que les gènes contrôlant le rendement dans ces deux régions homéologues doivent avoir la même origine, et doivent donc être présents dans les deux régions. En comparant les 134 gènes candidats présents dans l'intervalle de confiance du QTL A05 et les 150 gènes candidats présents dans l'intervalle de confiance du QTL C04 on a pu identifier 91 gènes communs, et ainsi réduire une première fois le nombre de candidats. Dans un deuxième temps, on a considéré le QTL A05. L'allèle favorable pour le rendement était majoritairement fixé dans le matériel élite du panel, et les accessions les plus anciennes « 0+ » et « ++ » étaient majoritairement celles qui présentaient l'allèle défavorable. Cette constatation laisse supposer la présence d'une signature de sélection dans la région. On a ensuite étudié l'évolution de la MAF (fréquence de l'allèle minoritaire) le long de l'intervalle de confiance du QTL A05 et identifié une zone plus réduite pour laquelle la MAF était faible (<7%), la deuxième hypothèse étant que les allèles favorables des gènes causaux ont été fixés, et que les gènes candidats se trouvent dans cette région à faible MAF. Cette étape a permis de réduire le nombre de gènes candidats de 91 à 39. Finalement, peu de variation de MAF ont été identifiées sur le chromosome homéologue C04, laissant penser que des allèles favorables pourraient encore être identifiés et introgressés dans le matériel élite.

Après une analyse des QTL détectés pour le rendement et ses composantes sur l'ensemble du réseau, trois couples d'homéo-QTL ont été identifiés pour le rendement (Fig 5), c'est-à-dire que chacune des deux régions homéologues porte un QTL de rendement. Parmi ces trois couples, le couple A05-C04 revêt un intérêt particulier. En effet le QTL détecté pour le rendement sur le chromosome A05 correspond au QTL à l'effet le plus fort (8%) et a été détecté pour l'ensemble du réseau. En regardant les effets des allèles à ce locus, on remarque que l'allèle favorable est porté par l'ensemble des lignées élites et du matériel le plus récent, l'allèle défavorable étant représenté par les accessions les plus anciennes. Ce locus est bien impliqué dans le contrôle du rendement, mais a déjà été fixé au cours des processus de sélection. Plus intéressant, son homéo-QTL sur le chromosome C04 montre un effet plus faible (7%) et n'est détecté que dans une partie des essais du réseau, cependant il existe encore de la diversité génétique à ce locus parmi les lignées élites, laissant supposer que ce locus pourrait être intéressant pour des applications en sélection assistée par marqueurs. De plus cette région A05 présente des régions paralogues sur les chromosomes A04 et C04 portant aussi des QTL de rendement et de poids de mille grains.

L'utilisation de ces relations d'homéologie a aussi été valorisée pour essayer d'accéder aux gènes candidats présents sous ces régions, sans avoir recours à des démarches de cartographie fine très consommatrices en temps et en ressources et pas forcément assez résolutives pour des QTL avec des effets faibles comme c'est le cas ici (r^2<10%). L'intervalle de confiance autour du pic d'association sur le A05 comprend 134 gènes et le celui du pic du C04 150 gènes. La première hypothèse est que le gène causal se retrouve en position homéologue dans les deux régions, une première réduction du nombre de gènes candidats a donc été faite en ne considérant que les gènes présents dans les deux régions homéologues, réduisant ainsi la liste à 91 gènes candidats. Dans un deuxième temps, l'intervalle de confiance du QTL sur le chromosome A05 a été réduit en ne prenant en compte que la zone « fixée » et caractérisée par une faible valeur de MAF (minor allele frequency) (MAF< 7%) réduisant ainsi la liste à 39 candidats (Fig 6). Les deux autres couples d'homéo-QTL pour le rendement (A02-C02 et A09-C09) présentent le même pattern : un des deux homéo-QTL présente une zone de faible MAF laissant penser à une fixation de l'allèle favorable. En appliquant la même démarche, on a pu réduire le nombre de gènes candidats du couple A02-C02 de 186 à 43 gènes candidats, et de 664 à 47 pour le couple A09-C09.

- Cette thématique a été l'objet :
- De la réalisation d'une partie de ma thèse (**Laperche *et al*, 2006a, 2006b, 2007, 2008 ; Hanocq *et al*, 2007**)
- Du co-encadrement de la thèse d'AS Bouchet (avec N. Nesi) (**Bouchet *et al*, 2014, 2016a, 2016b**)
- De l'encadrement de 4 stages de niveau M2
- a été soutenue par différents projets ANR conduits dans le cadre d'un partenariat public-privé (GénoPlante blé CP2P1, Arcole, GENERGY, PIA RAPSODYN)

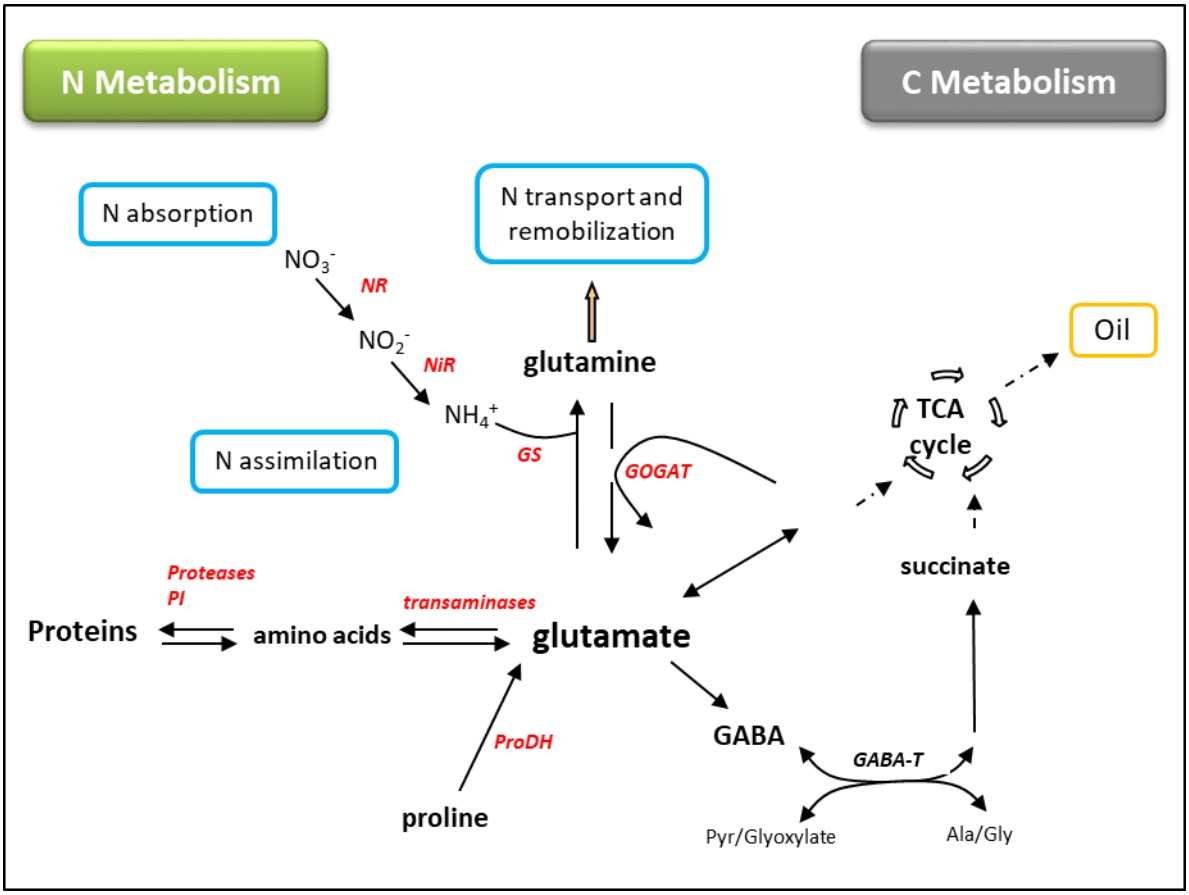


Fig 7 : **Représentation schématique des principales étapes du métabolisme de l'azote chez les plantes.** L'azote est principalement absorbé sous forme de nitrate (NO_3^-) et assimilé par la nitrate reductase (NR) en nitrite, puis en ammonium ($NH4^+$) par nitrite reductase (NiR). L'ammonium est ensuite métabolisé en glutamine par la glutamine synthase (GS). La glutamine est une forme d'azote qui peut être rémobilisée et/ou transportée dans la plante. Le cycle GS-GOGAT (glutamine oxoglutarate aminotransferase) est à l'origine de la synthèse de glutamine et de glutamate. Le glutamate est un metabolite clé qui peut à la fois être dégradé sous forme d'acides aminés ou de proline (éléments transportables), et qui permet aussi de relier le métabolisme de l'azote à celui du carbone, via le cycle de Krebs (ou TCA cycle : cycle des acides tricarboxyliques).

2 Analyse génétique de l'efficacité d'utilisation de l'azote en utilisant un cadre d'analyse écophysiologique

Dans les analyses précédentes, basées sur des réseaux d'expérimentation, des QTL ont été détectés à la fois pour la capacité des plantes à maintenir leur rendement en conditions azotées limitantes (stabilité du rendement) et/ou pour la réponse des plantes à la fertilisation (variables de sensibilité). Les génotypes ont été caractérisés en fonction d'un comportement agronomique. Pour aller plus loin dans la compréhension des mécanismes impliqués dans cette réponse à la fertilisation et ensuite proposer des combinaisons de mécanismes efficaces, il est important de pouvoir identifier et caractériser les processus physiologiques et écophysiologiques sous-tendant ces comportements. La capacité du couvert à maintenir son rendement pour des faibles quantités d'azote disponibles correspond à une forte efficacité d'utilisation de l'azote (NUE : Nitrogen Use Efficiency), telle que définie par Moll *et al* (1982). La NUE est exprimée comme le rapport entre le rendement en grains et la quantité d'azote disponible (N dans le sol et issu du processus de minéralisation ainsi que les apports dus à la fertilisation). D'un point de vue plus fonctionnel, la NUE se décompose en deux processus : la NUpE (Nitrogen Uptake efficiency) ou efficacité d'absorption, et la NUtE (Nitrogen Utilization Efficiency), efficacité de remobilisation de l'azote. La NUpE correspond à la quantité d'azote présent dans la plante divisée par la quantité d'azote disponible pour la plante, et la NUtE le rendement réalisé divisé par la quantité d'azote présente dans la plante (Moll *et al*, 1982).

Chez le blé Le Gouis *et al* (2000) ont montré l'importance de la NUpE pour expliquer les variations de rendement au champ, alors que pour le colza, la littérature insiste sur la faible NUtE et l'intérêt de son amélioration pour augmenter la NUE (Dejoux *et al*., 2000 ; Etienne *et al*., 2007 ; Avice *et* Etienne,2014). Ces deux processus se mettent en place tout au long du cycle et leur contribution relative et dynamique à la NUE est faiblement documentée. La NUpE va être déterminée par des fonctions liées à l'absorption (efficacité des transporteurs de nitrate, nitrate reductase, nitrite réductase, activité glutamine synthase, glutamate synthétase…) (Fig 7), des fonctions liées à la mise en place de la surface d'échange, *ie* l'architecture racinaire et la capacité d'exploration du sol (Svecnjak et Rengel, 2006), ainsi qu'à la dynamique d'expansion foliaire et de captation du rayonnement pendant la période végétative (Lemaire *et al*, 2008). La NUtE correspond à la capacité d'assimiler et de transporter/stocker ces sources d'azote (stockage dans la vacuole ; mise en place, transport, dégradation de protéines de réserve) vers le grain, ou entre organes végétatifs (importance de la remobilisation feuille à feuille chez le colza) et ce afin de maintenir une activité photosynthétique pendant la fin de la phase végétative et ensuite le remplissage des grains.

2.1 Contributions de la NUpE et de la NUtE à la NUE chez le colza

Bien que l'on étudie les mêmes processus (NUE, NUpE, NUtE) chez le blé et chez le colza, ces deux espèces ont des particularités telles que des processus différents seront sans doute nécessaires à mobiliser pour améliorer la NUE de chacune d'elles. Le colza a la particularité d'avoir de forts besoins en azote comparés aux céréales. L'élaboration d'une tonne de grains de colza nécessite 65 kg d'azote contrairement au blé dont les besoins ne sont que de 30kg d'azote par tonne produite. Les deux espèces se différencient principalement par leur cycle de développement, l'étalement de la durée de la floraison ainsi que leur capacité de compensation. Pour le blé, l'élaboration du nombre de grains a lieu pendant la phase végétative, puis à partir de 3 jours après la floraison le remplissage des grains se met en place.

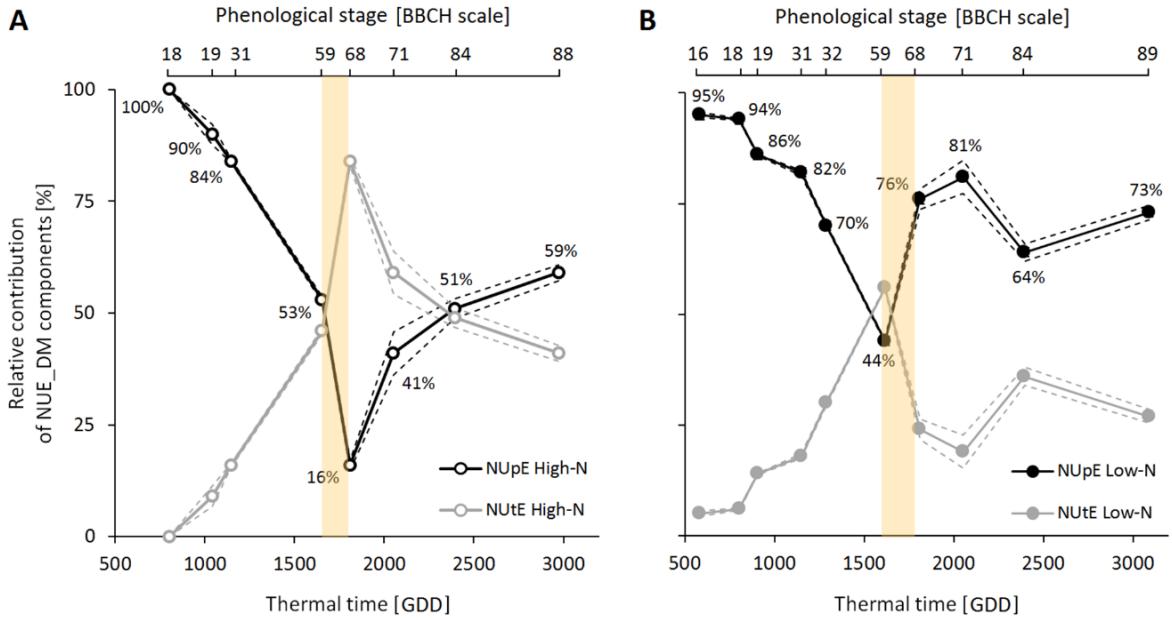


Fig 8 : **Contribution de la NUpE** (efficience d'absorption de l'azote, en noir) **et de la NUtE** (efficience de remobilisation de l'azote) **à la NUE_DM** (efficience d'utilisation de l'azote, en gris). La NUE_DM est calculée comme le produit de la NUpE et de la NUtE. En utilisant les données des expérimentations LR15 (le Rheu, 2015 - 6 génotypes conduits en conditions high-N et low-N) et GR18 (Grignon, 2018 - 5 génotypes conduits en conditions low-N) la contribution relative (en%) de la NUpE et de la NUtE à la NUE_DM a été calculée d'après Moll *et al* (1982) pour chaque point cinétique. Les points cinétiques sont exprimés selon leur stade de développement exprimé d'après l'échelle BBCH ainsi qu'en temps thermique (GDD). La période de la floraison a été identifiée en jaune sur les graphiques. Le graphe de gauche (A) correspond à l'évolution des contributions relatives en conditions High-N ; le graphe de droite (B) correspond à l'évolution des contributions relatives en conditions low-N.

Pour le colza, au cours de la phase végétative un nombre très variable de ramifications va être mis en place, en fonction de la densité de semis, mais aussi des conditions de nutrition de la plante ; on peut observer de quelques ramifications en conditions limitantes et pour une forte densité de semis, jusqu'à une vingtaine de ramifications portant elles-mêmes des ramifications d'ordre inférieur (Hebinger, 2013). La mise en place d'un nombre important de ramifications, ainsi que l'étalement de la floraison au sein d'une même ramification ont pour conséquence un étalement de la durée de la floraison pendant trois semaines. Il en résulte que les différents organes, et notamment les organes reproducteurs d'une même plante ne sont pas au même stade au même moment, ce qui impacte la mise en place et le fonctionnement des différents processus d'absorption et de remobilisation (Jullien *et al*, 2011).

Prendre en compte la dimension temporelle des processus d'absorption et de remobilisation ainsi que leur contribution relative à l'efficacité d'utilisation de l'azote (NUE) chez le colza est donc primordial. Cependant, la plupart des analyses faisant la relation entre la NUE et ses composantes NUpE et NUtE ne considèrent que la NUE estimée à la fin du cycle, et estimée grâce à la quantité d'azote contenue dans les grains (Stahl *et al*, 2017). Les analyses plus fines d'absorption ou de remobilisation qui décortiquent ces deux mécanismes sont cependant souvent menées à des stades plus précoces, par exemple en utilisant de l'azote marqué, et font rarement le lien avec la NUE (Avice et Etienne, 2014). C'est pourquoi, nous avons défini une nouvelle variable NUE_DM pour estimer la NUE ; calculée comme le ratio entre la matière sèche totale générée par la plante à un moment donné (matière sèche présente dans les parties aériennes, les parties racinaires incluant les racines fines, et la matière sèche contenue dans les feuilles chutées) et la quantité d'azote disponible pour la plante (fertilisation et azote apporté par le sol). Cette variable permet de quantifier la NUE à n'importe quel moment du cycle, de suivre son évolution de manière dynamique, ainsi que l'évolution de la contribution relative de la NUpE et de la NUtE à la NUE au cours du temps. Nous avons mis en place des expérimentations en extérieur avec des plantes individualisées dans des bacs en conditions de peuplement similaire à celui du champ (*Bissuel et al, 2015*). Cela a permis de mettre en évidence que la NUE_DM était bien corrélée à la NUE estimée à la récolte à partir de l'azote contenu dans les graines, et ce dès la fin de l'élongation (Vasquez-Carrasquer et al, submitted). En effet dès le stade de développement BBCH59 (Lancashire et al, 1991), les différences génotypiques observées pour la NUE_DM sont de bons estimateurs des différences génotypiques observées à maturité pour la NUE. Ce premier résultat met l'emphase sur l'importance des processus ayant lieu au cours de la phase végétative pour représenter les différences de comportements entre génotypes. Si l'on considère de manière temporelle la contribution relative de la NUpE et de la NUtE à la NUE (Fig 8), on met en évidence une contribution majoritaire de la NUpE pendant la phase végétative (elle explique jusqu'à 100% des variations observées pour la NUE). Cette contribution diminue ensuite pendant la floraison (et atteint une valeur minimale de 16% en conditions d'azote non limitante et 44% en conditions d'azote limitante) et réaugmente pendant la phase reproductrice. En conditions de fertilisation azotée limitante, la contribution de la NUpE à la NUE est toujours supérieure à 44% (Fig 8). Ainsi la capacité à maintenir une absorption efficace tout au long du cycle, et particulièrement en conditions de fertilisation azotée limitante, permet de contribuer significativement à améliorer l'efficacité d'utilisation de l'azote chez le colza.

2.2 Utilisation du modèle conceptuel ARNICA comme cadre d'analyse au fonctionnement de la plante en conditions de limitations en azote, chez le blé et chez le colza.

Pour aller plus loin dans la compréhension des processus impliqués dans ces réponses, à la fois pour le blé et pour le colza, une approche complémentaire a été mise en place, basée sur l'utilisation d'un cadre conceptuel modélisant le fonctionnement de la plante (modèle ARNICA, Richard-Molard et al, 2009).

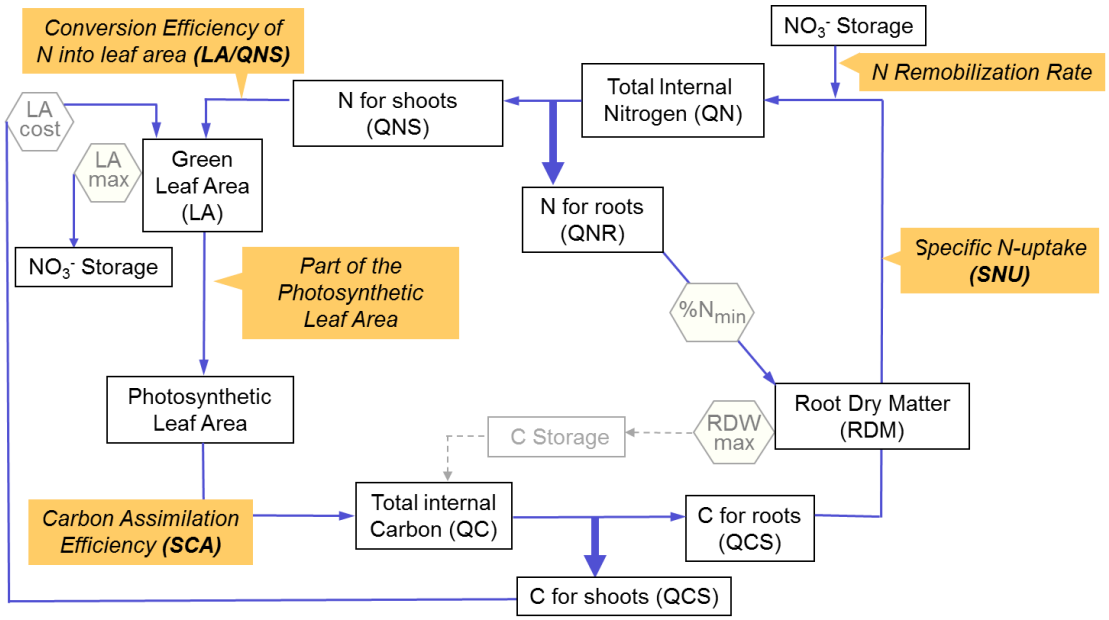


Fig. 9 : **Modèle ARNICA, mis au point pour expliciter le fonctionnement C/N de la plante d'Arabidopsis pendant la phase végétative** (Richard-Molard *et al*, 2009). Les efficiences du modèle (représentées en jaune) permettent de mettre en relation des variables d'état représentées dans les cadres. Des règles de priorisation des allocations sont établies pour la répartition du carbone et de l'azote au sein de la plante. La variabilité génétique a été investiguée pour l'ensemble des efficiences et a mis en avant l'intérêt de la SNU (specific N-uptake ; absorption spécifique de l'azote) pour les démarches de sélection variétale et d'analyse du déterminisme génétique de la NUE.

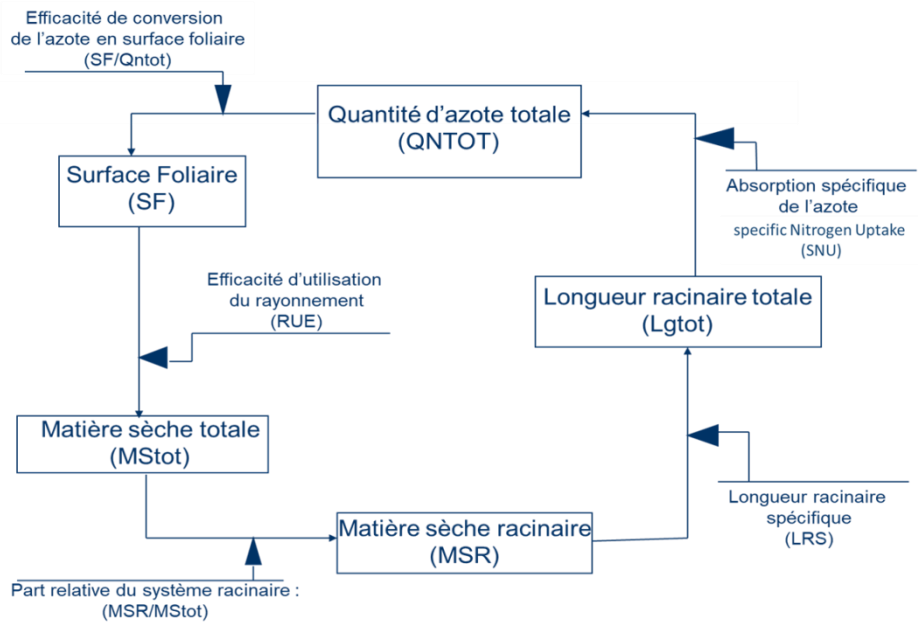


Fig 10 : **Adaptation du modèle ARNICA (Fig 10) pour l'analyse des relations carbone/azote chez le blé tendre pendant la phase végétative**. Les simplifications effectuées sont les suivantes : la surface foliaire n'est pas limitée par une valeur maximale, le pool de stockage de l'azote sous forme de nitrate n'est pas identifié, le stock de carbone est directement estimé via la production de biomasse, le stock d'azote total n'est pas différencié entre azote des parties aériennes et des parties racinaires et enfin la surface foliaire permet directement de simuler une production de biomasse, sans passer par l'estimation d'une surface foliaire photosynthétiquement active (ou surface foliaire projetée).

Il s'agit ici de compléter l'analyse du contrôle génétique des variables d'état (*ie* mesurées lors des expérimentations : biomasse, surface, longueurs, teneur en azote/carbone) par une analyse des variables processus (ou efficiences), permettant un meilleur ciblage des fonctions/gènes sous-jacents. Pour les deux espèces, blé et colza, il a été choisi d'adapter un modèle structure-fonction (ARNICA : ARabidopsis NItrogen CArbon) mis au point sur l'espèce modèle *Arabidopsis thaliana*, et dont la particularité est d'être basé sur les interactions entre les flux de carbone et d'azote à la fois dans le compartiment aérien et souterrain. (Richard-Molard *et al*, 2009) (Fig 9). Chez Arabidopsis, ce modèle a permis de montrer que les importantes interactions GxN observées pour une collection de mutants cultivés dans différentes conditions de fertilisation azotée étaient principalement expliquées par des différences d'absorption spécifique de l'azote. Ce modèle a été simplifié pour pouvoir être utilisé pour l'analyse de la NUE chez le blé à un stade précoce (Fig 10). Une expérimentation menée en conditions contrôlées a permis de mesurer les différentes variables d'état impliquées dans ce modèle simplifié pour une population en ségrégation conduite en condition de fertilisation azotée limitante. Une fois ces variables d'état obtenues, les différentes efficiences (Radiation Use Efficiency, Rapport d'allocation de la biomasse au compartiment racinaire, longueur racinaire spécifique, absorption spécifique de l'azote et le rapport entre la surface foliaire et la quantité d'azote de la plante) ont pu être estimées. Les analyses génétiques de ces variables ont permis de montrer que les variations observées sur la biomasse, les quantités d'azote (les variables d'état) entre les génotypes étaient dues à des variations entre génotypes pour l'absorption spécifique de l'azote (Laperche *et al*, 2006b). De plus une analyse QTL de ces traits a permis de mettre en évidence des colocalisations entre les QTL d'absorption spécifique et des QTL de réponse à l'azote au champ (Laperche *et al*, 2005).

Chez le colza, le modèle ARNICA a aussi été utilisé comme cadre d'analyse préliminaire à des analyses génétiques pour identifier les efficiences pour lesquelles il existe une variabilité génétique. Cependant, la transposition du formalisme « Arabidopsis » vers le colza présente des difficultés supplémentaires par rapport à son utilisation directe pour analyser le comportement de variétés de blé à des stades précoces. En effet, même au cours de la phase végétative, le colza est soumis à une sénescence séquentielle (une chute de feuilles), correspondant à une perte de biomasse et de carbone par le système, ce qui se traduit par une relation non directe entre la surface verte présente sur la plante à un instant donné et la surface verte générée. De même, une fois le stade rosette dépassé, à la montaison, la plante met en place et allonge sa tige, compartiment de la plante connu pour pouvoir servir de lieu de stockage de l'azote (Malagoli *et al*, 2005) et constituant un compartiment à part entière, ne pouvant pas être assimilé aux feuilles ; enfin le système racinaire est composé à la fois d'un pivot et de racines fines qui n'ont pas le même rôle dans l'absorption de l'azote. Utiliser ce cadre conceptuel comme outil pour identifier des traits phénotypiques d'intérêt pour des analyses génétiques nécessite d'abord de valider/adapter ce modèle pour le colza. Pour ce faire, dans le cadre des travaux de thèse de Victor Vasquez-Carrasquer, des données obtenues sur des plantes individuelles ont été utilisées. Les plantes ont été conduites dans des tubes PVC de 1m de haut et de 16 cm de diamètre et regroupées dans des bacs pour reconstruire une densité de 35 plantes par m² (Bissuel *et al*, 2015). Les plantes ont été semées et récoltées dans les mêmes conditions climatiques qu'une culture au champ. Sept prélèvements ont été réalisés au cours du cycle pour décrire les dynamiques de surface, biomasse, teneur en azote et en carbone des différents compartiments de la plante (feuilles vertes, feuilles sénescentes, feuilles tombées, tige, siliques, fleurs, pivot racinaire, racines fines).

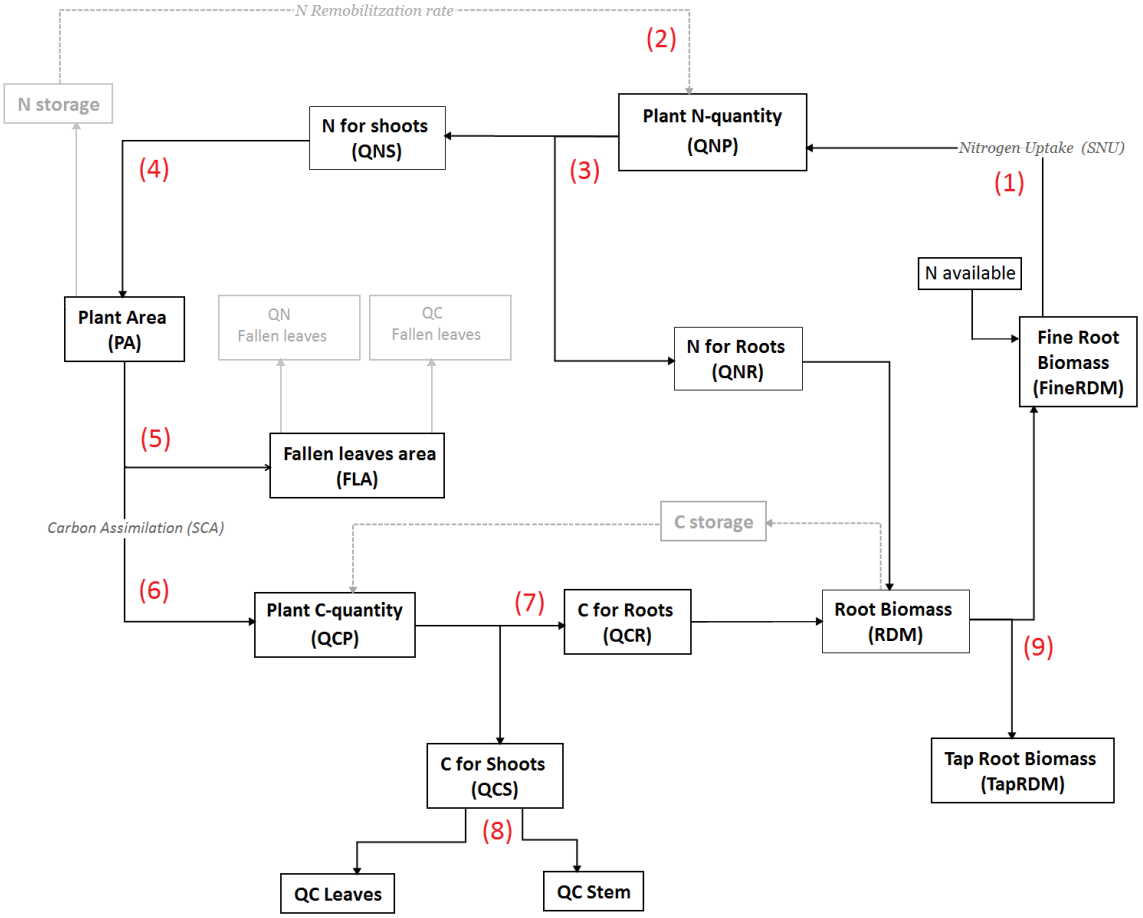


Fig 11 : **Adaptation du cadre ARNICA pour l'analyse du fonctionnement C/N du colza en phase précoce** (V. Vasquez-Carrasquer, C. Richard-Molard). Pour adapter le cadre d'analyse sur l'ensemble de la phase végétative chez le colza, des modules ont été ajoutés au modèle ARNICA pour pouvoir modéliser la perte de carbone et d'azote via la chute des feuilles au cours de la sénescence séquentielle, ainsi que la structure du système racinaire. Le colza met rapidement en place un système racinaire composé d'un pivot (et de racines tubérisées) et d'un système de racines latérales fines, ces deux compartiments ayant des rôles fonctionnels différents. L'absorption de l'azote se fait principalement par le biais des racines latérales. Sur ce schéma les différentes efficiences sont représentées par des numéros rouge entre parenthèses. Un effet génétique a été mis en évidence pour toutes les efficiences sauf la (1), un effet de la fertilisation azotée a été mis en évidence sur toutes les efficiences sauf la (4) et la (5).

Le cadre ARNICA tel que modifié pour l'analyse du fonctionnement du colza est présenté en Fig 11. Les relations qui ont dû être ajustées sont celles qui touchent au processus d'absorption de l'azote ainsi qu'à l'efficacité d'utilisation du rayonnement. Le modèle ARNICA propose de modéliser l'absorption en prenant en compte la biomasse totale du système racinaire comme un proxy de la longueur totale. Le système racinaire du colza est constitué d'un pivot et de racines fines. Dans le cadre de la thèse de V. Vasquez-Carrasquer, il a été montré que ces deux compartiments avaient des rôles différents, le pivot étant préférentiellement un organe de stockage alors que les racines fines constituent le principal lieu d'absorption de l'azote. Dans la mesure où il est difficile dans les conditions expérimentales décrites d'avoir accès à la longueur de racines fines, celle-ci a été approximée par leur matière sèche. La relation « Fine root ratio » (relation (9) sur la fig 11) permet d'expliquer la répatition de la biomasse racinaire entre ces deux compartiments. L'adaptation des processus mis en jeu dans l'entrée de carbone dans le système est encore en cours et permettra de finir l'adaptation du modèle ARNICA au colza. Jusqu'au stade BBCH32 (début de la montaison) les relations entre la quantité d'azote totale dans la plante et la répartition de l'azote dans les parties aériennes et racinaires sont toujours des relations linéaires, de même que pour les relations entre la quantité d'azote dans les feuilles et la surface foliaire ; et entre la quantité de carbone dans la plante et la quantité de carbone dans les racines et dans les parties aériennes. L'efficience SNU quant à elle est modélisée par deux relations logistiques reliant la quantité totale d'azote absorbée par la plante à la biomasse cumulée de racines fines. Enfin, des données obtenues pour six génotypes ont montré des différences génotypiques pour toutes ces efficiences sauf pour le SNU (fig 12A). Ceci illustre le fait que le SNU n'est pas à l'origine des différences variétales observées pour l'efficacité d'absorption de l'azote chez le colza, qui sont liées à des différences de mise en place de la surface d'absorption et pas à des quantités d'azote absorbé par unité de surface. Cela est illustré par la relation significative entre la NUpE et la longueur cumulée de racines fines jusqu'à l'élongation de la tige (BBCH32), stade auquel 58 à 82% de l'azote total de la plante a été absorbé dans nos conditions expérimentales, en fonction des conditions de fertilisation (fig 12 B,C).

2.3 Analyse de la variabilité génétique de la réponse de l'architecture racinaire à la contrainte en azote

A l'issue des approches précédemment décrites, l'importance de la contribution de la NUpE à la NUE a été mis en évidence, et ce pour les deux espèces. Ce processus est prépondérant pendant la phase végétative, mais contribue de manière non négligeable à la NUE pendant la phase reproductrice. L'utilisation du modèle conceptuel ARNICA comme cadre d'analyse a permis de mettre en évidence chez le blé l'efficience SNU comme l'efficience présentant le plus de variabilité génétique et constituant ainsi un trait d'intérêt pour la sélection. Chez le colza, après adaptation du cadre d'analyse, une variabilité génétique a été mise en évidence pour la plupart des efficiences, et contrairement au blé, la SNU est peu variable au sein de la gamme de génotypes testés. Pour compléter la caractérisation des fonctions et des mécanismes d'adaptation de ces deux espèces à la faible disponibilité en azote, ainsi que l'estimation de leur variabilité génétique, il est aussi nécessaire de considérer l'architecture racinaire. Le cadre d'analyse ARNICA a permis une première prise en compte du compartiment racinaire en opérant un bouclage avec le compartiment aérien via la répartition du carbone et de l'azote, mais l'architecture racinaire y est limitée à une biomasse de racines. Il a été démontré chez plusieurs espèces que l'organisation spatiale des racines (nombre, angle, profondeur d'exploration, nombre et répartition des racines latérales, ...) et leur capacité à explorer le milieu étaient des facteurs importants de l'adaptation de la plante à des environnements contraints (Koevoets *et al.,* 2016).

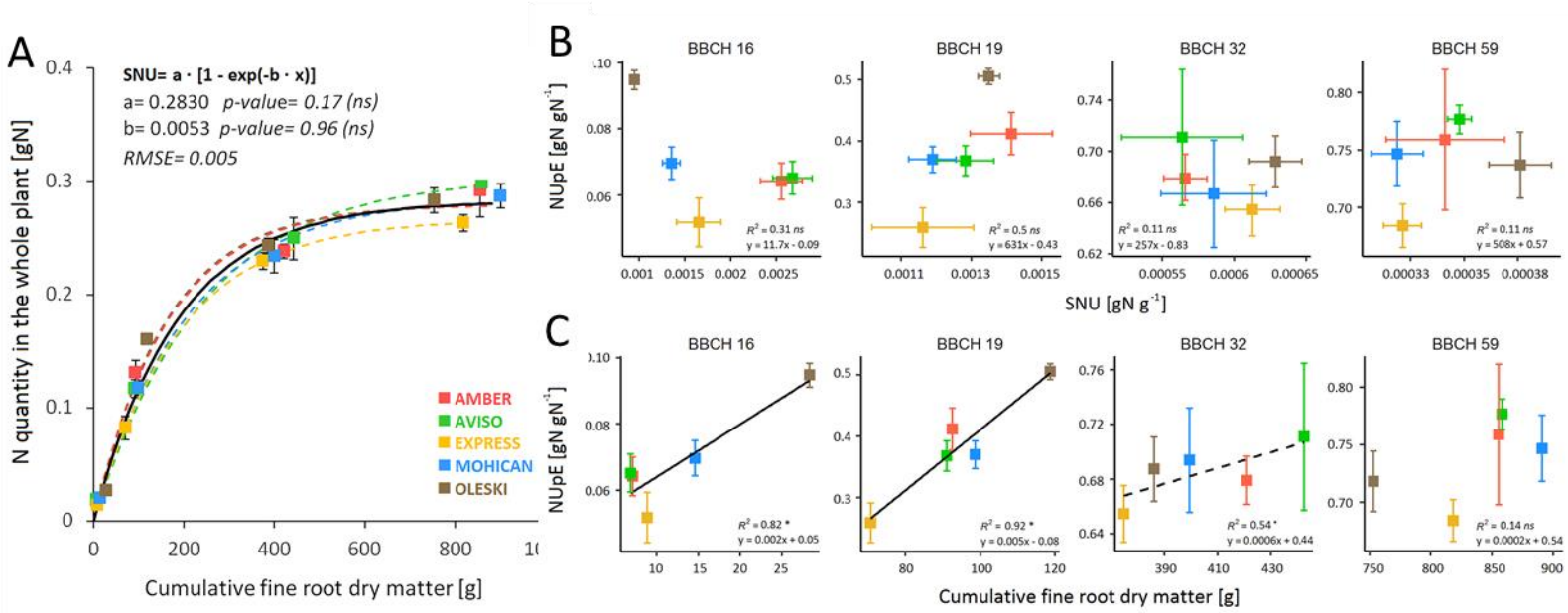
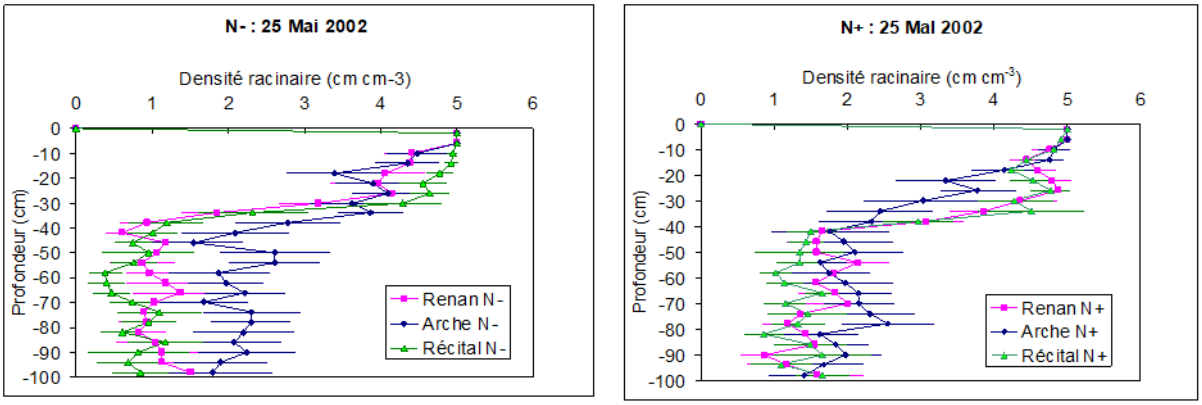


Fig 12**. Estimation de la courbe de réponse du SNU (absorption spécifique de l'azote) comme la relation entre la quantité totale d'azote absorbée par la plante et la surface cumulée de racines fines, ici approximée par la biomasse cumulée (A). Corrélations entre l'efficacité d'absorption de l'azote "NUpE" et le SNU (B) et entre la NUpE et la quantité cumulée de racines fines (C)** à différents points cinétiques au cours du cycle (BBCH16 : début de croissance de la rosette, BBCH 19 : fin de croissance de la rosette, BBCH32 : début de l'élongation de la tige, BBCH59 : fin de l'émergence de l'inflorescence). Chaque sous-figure illustre la diversité observée entre 5 génotypes de colza choisis pour leur réponse contrastée au champ à la fertilisation azotée (AMBER, AVSO, EXPRESS, MOHICAN et OLESKI). Pour la figure A, les différences de SNU entres les génotypes ne sont pas significatives, une relation unique a été représentée par une ligne pleine en noir. Pour les figures B et C, les corrélations sont réalisées pour les données moyennes obtenues pour chaque génotype ; lorsque la relation est significative à un seuil de risque □=5%, la droite de regréssion est représentée par une ligne continue ; quand la relation est significative à un seuil de risque □=10%, la la droite de régression est représentée en pointillés.

A)



B)

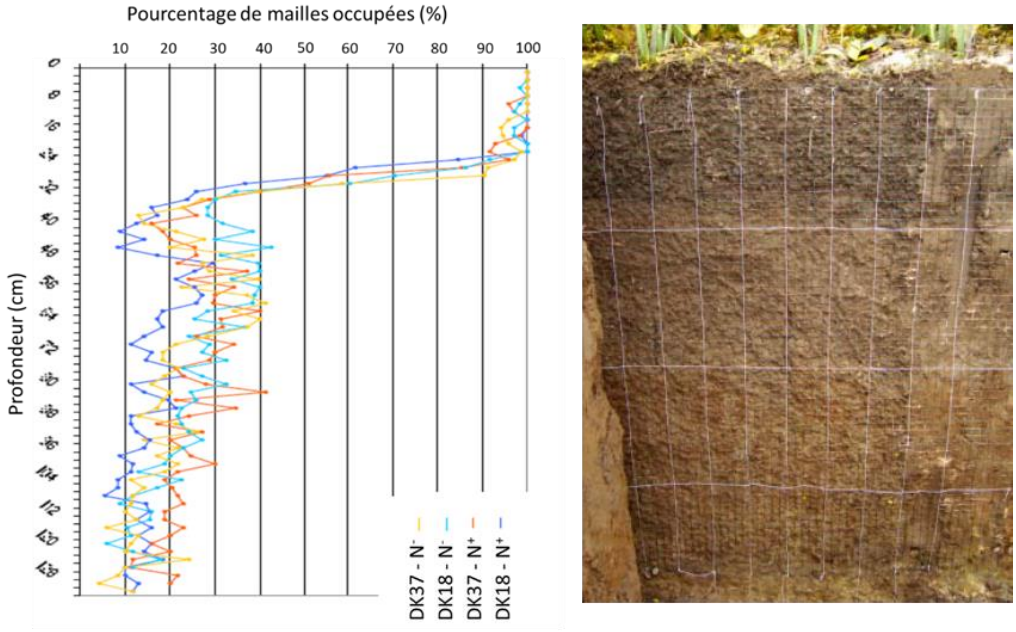


Fig 13 : **Profils racinaires effectués pour le blé et le colza pour différents génotypes et différentes fertilisations azotées**. A) **Profils racinaires obtenus pour les variétés Arche, Renan et Récital pour deux niveaux de fertilisation azotée** le 25 mai 2002 (stade floraison). Les données sont exprimées en cm/cm3 de sol, en fonction de la profondeur d'enracinement. Les différences significatives sont les suivantes : Récital > Arche à N- à –10, -15 et –20 cm. Arche>Récital à N- de –35 à –100 cm. Données obtenues par J. Le Gouis et F. Devienne-Barret en 2002. B) **Exploration du profil de sol par le système racinaire chez le colza à la floraison**. Le pourcentage de mailles occupées par des racines par horizon de sol est représenté pour deux génotypes (DK18 en bleu clair/bleu foncé et DK37 en orange/rouge) conduits dans la même parcelle mais avec deux fertilisations différentes (une fertilisation non limitante : bleu foncé et rouge) et une fertilisation limitante (orange et bleu clair). En high-N, DK18 occupe en moyenne 32.4% des mailles et DK37 40.2%, en conditions low-N, DK18 occupe 41.5% des mailles, contre 37.4% pour DK37. La réponse différentielle à l'azote pour DK18 a préférentiellement lieu entre 30 et 80 cm de profondeur.

Pour ces deux espèces, des premières observations au champ ont été réalisées à l'aide de profils racinaires selon la méthode de Tardieu *et* Manichon (1986) (Fig 13) et ont mis en évidence des différences génotypiques pour la réponse de l'exploration racinaire du profil de sol à une limitation en azote.

Pour aller plus finement dans l'analyse génétique de ces différences d'architecture, des populations en ségrégation issues de deux parents contrastés pour les profils racinaires ont été phénotypées en conditions contrôlées, à des stades précoces et en conditions de fertilisation azotée limitante, et ce à la fois pour le blé (Laperche *et al*, 2006b) et pour le colza : phénotypage réalisé dans le cadre du projet RAPSODYN sur la plateforme 4PMI de Dijon en 2019 (collaboration C. Richard-Molard), ainsi qu'à des stades très précoces en hydroponie (collaboration C. Hermans).

Pour le blé, 5 QTL ont été détectés pour des caractères d'architecture racinaire (taille moyenne des racines latérales, taux de ramification, longueur relative des racines latérales) sur les chromosomes 4B, 5A, 5D et 7B. Contrairement aux variables de biomasse et de longueur totale, ces traits d'architecture ne sont pas affectés par la présence du gène de nanisme rht-b1 (en ségrégation dans la population de cartographie). En regardant les colocalisations avec d'autres QTL détectés au champ en conditions de fertilisation azotée limitante, le QTL présent sur le chromosome 5A a été priorisé. En effet cette région contrôle à la fois la longueur de racines latérales générée par unité de longueur des racines principales ainsi que des QTL de réponse du rendement à l'azote et de poids de mille grains au champ. A ce locus, l'allèle qui favorise la croissance en longueur du système racinaire latéral est associé à une plus forte réactivité du rendement à l'azote. Ce QTL a ensuite été retenu pour des programmes de sélection assistée par marqueurs.

Pour le colza, l'analyse du déterminisme génétique de l'architecture racinaire a été récemment initiée au travers de deux collaborations (2019). La première, avec Céline Richard-Molard (UMR ECOSYS, Grignon) est une collaboration de longue date qui a pu être concrétisée dans le cadre du projet PIA RAPSODYN. Après un screening préliminaire, les génotypes AVISO et EXPRESS se sont montrés contrastés, à la fois en termes des critère d'architecture (Express fait plus de racines latérales, plus fines et plus longues qu'AVISO (Gruau, 2018)), mais aussi en termes de fonction sous-jacentes à la mise en place de l'architecture racinaire, définies par les paramètres du modèle de mise en place de l'architecture racinaire ArchiSimple (Pagès *et a*l, 2014). Cent lignées recombinantes issues du croisement entre AVISO et EXPRESS, obtenues à l'IGEPP dans le cadre du projet Brassinam, ont été expérimentées en conditions de fertilisation en azote limitante sur la plateforme de phénotypage haut-débit 4PMI de l'INRA de Dijon pour caractériser leur architecture à des stades précoces (stade rosette avec environ 9 feuilles). En plus de mesures destructives de biomasse et surface (aérien, racinaire) réalisées 8 semaines après le semis ; des acquisitions d'images aériennes, et surtout racinaires obtenues à l'aide des rhizotubes (Jeudy *et al*, 2016) ont été obtenues en cours de culture, de manière non destructrive et permettent l'accès à toutes les variables d'architecture racinaire de manière dynamique. Ces données brutes ont été acquises en 2019, et l'exploitation des images est encore en cours (Fig 14).

En complément de ces démarches de caractérisation de l'architecture racinaire jusqu'à un stade 8 feuilles à l'aide du dispositif en rhizotubes, une approche au stade plantule permettant de cribler des populations de taille plus importante a été initiée par l'équipe de Christian Hermans (Université Libre de Bruxelles) et à laquelle je collabore. Dans le système d'étude, six plantules croissent verticalement en hydroponie sur un support de papier buvard. Dans cette étude deux panels de diversité, dont un panel utilisé dans le cadre du projet RAPSODYN pour le phénotypage au champ (cf paragraphes § 1.2 et 3) ainsi que deux populations de lignées recombinantes issues du dispositif Brassinam (cf paragraphe § 5) ont été choisies.

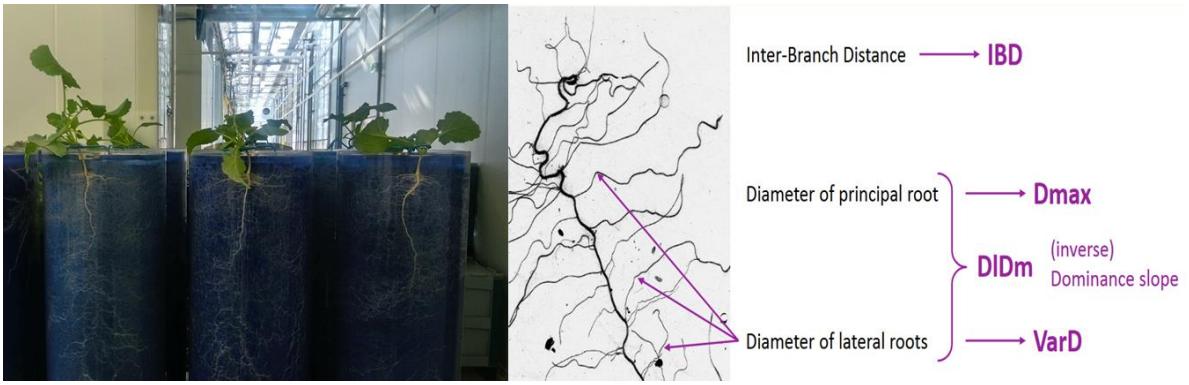


Fig 14 **: Illustrations du dispositif de la plateforme 4PMI** (INRAe de Dijon) sur lequel ont été acquises les données de caractérisation de l'architecture racinaire pour la population Aviso x Express. La figure de droite illustre certains paramètres issus du modèle de culture ArchiSimple qui ont aussi été phénotypés (source C. Richard-Molard)

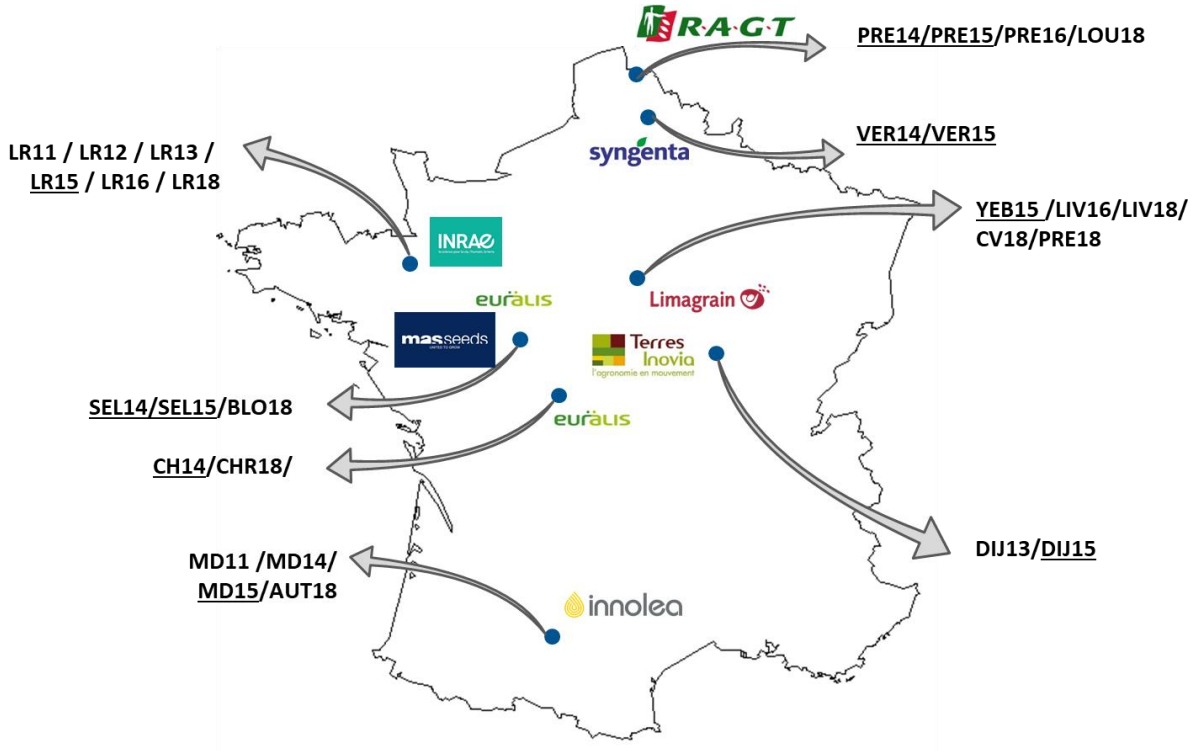


Fig 15 : **Présentation des environnements constituant le réseau d'essais RAPSODYN**. Chaque environnement en codé en fonction de son lieu (lettres) et de l'année de récolte (chiffre). En fonction des environnements, il peu y avoir eu plusieurs essais sur le même site (N-limitant et non limitant). Les essais sont répartis en fonction des partenaires qui les ont pris en charge. Le panel d'association a été expérimenté dans les essais soulignés.

Ces populations ont été expérimentées en conditions de fertilisation azotée limitante et non-limitante pour caractériser les réponses précoces de l'architecture des différents génotypes à la disponibilité en azote pour identifier les QTL sous-tendant ces phénomènes, ainsi que les gènes candidats associés. Suite au séjour de Loïc Haelterman à l'IGEPP, une première analyse a permis d'identifier des régions génomiques et les gènes candidats sous-jacents (Haelterman *et al*, 2019, Louvieaux *et al*, in prep).

- Cette thématique a été l'objet :
- De la réalisation d'une partie de ma thèse (Laperche et al, 2007)
- Du co-encadrement de la thèse de Victor Vasquez-Carrasquer (co-encadrement Céline Richard-Molard, Michael Chelle, Christine Bissuel) (**Vasquez-Carrasquer et al, submitted**)
- Du co-encadrement de deux stages de niveau M2
- D'une collaboration longue avec Céline Richard-Molard (UMR ECOSYS), ainsi que d'une collaboration avec Christian Hermans (Université Libre de Bruxelles) **(Louvieaux et al, in prep)**
- De 7 communications orales lors de colloques internationaux
- a été soutenue par différents projets ANR conduits dans le cadre d'un partenariat public-privé (GénoPlante blé CP2P1, Arcole, GENERGY, PIA RAPSODYN)

3 Analyse des interactions génotype x environnement et caractérisation de la réponse des génotypes à des combinaisons de contraintes abiotiques

Comme précisé dans le paragraphe §1.2, les analyses génétiques menées sur le colza à l'aide d'un réseau d'essais conduits selon deux niveaux de fertilisation azotée ont mis en évidence une faible part de variation expliquée par les interactions GxN (~1%) alors que les interactions GxE expliquaient 10 fois plus de variation. Dans la thèse d'Erwan Corlouer (co-encadrement avec Nathalie Nesi), nous avons cherché à caractériser ces interactions GxE, identifier quels autres stress abiotiques sont impliqués. L'objectif de cette caractérisation est multiple. Dans un premier temps il s'agit de comprendre quels autres stress co-occurrent lors de la mise en place de cultures selon un itinéraire technique à faible intrants azotés, et ainsi élargir la caractérisation des génotypes par rapport à ces combinaisons de stress. Il s'agit aussi d'identifier des scénarios de combinaisons de stress pédoclimatiques. Enfin, il s'agit d'utiliser ces résultats de caractérisation des réseaux d'essais pour améliorer la compréhension des interactions génotype x environnement et du déterminisme génétique de cette interaction, et ainsi de contribuer à la valorisation de ces résultats pour la sélection, via le choix de QTL cibles pour des programmes de sélection assistée par marqueurs, et/ou via l'optimisation des prédictions génomiques.

Pour avoir une vision la plus exhaustive des facteurs abiotiques ayant pu limiter le rendement dans les conditions françaises de production nous avons collecté des données correspondant aux expérimentations agronomiques menées dans le cadre du projet RAPSODYN. Pour l'ensemble des essais une caractérisation pédoclimatique des environnements (recueil des données météorologiques, accès aux données de textures de sol, mise à disposition des reliquats d'azote du sol au semis et à l'entrée de l'hiver) a été réalisée et deux génotypes communs ont été suivis (données l'INN après la dernière fertilisation, suivi phénologique, données de rendement). Au total, 60 essais (i.e. combinaisons 'lieu x année x itinéraire technique N') ont été collectés. Certains essais sont regroupés localement (2 doses N expérimentées sur la même parcelle, dans les mêmes conditions pédoclimatiques), alors que certains essais n'ont été réalisés qu'en conditions limitantes sur une parcelle agronomique donnée (Fig 15).

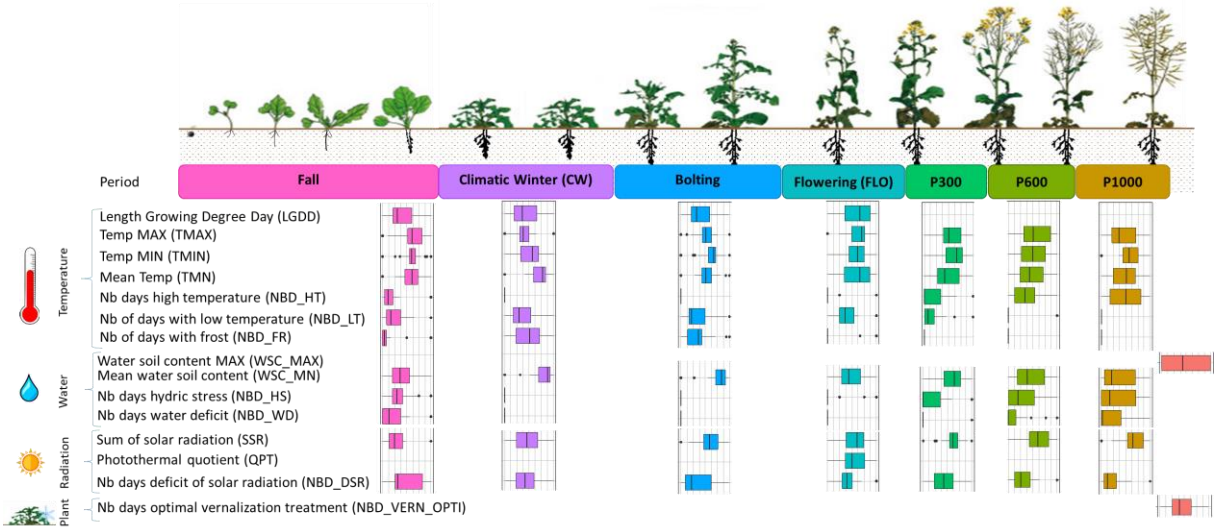


Fig. 16 : **Indicateurs pédoclimatiques utilisés pour caractériser le réseau d'essais RAPSODYN et gamme de variabilité de ces indicateurs dans le réseau**. Les indicateurs sont classés par catégorie (thermique, hydrique, radiatif, …). Les indicateurs sont déclinés par période : automne, hiver climatique, la montaison, la floraison, P300 (les 300°C.J suivant la floraison et correspondant à la phase de fixation du nombre de grains), P600 (les 300°C.J suivant la phase P300 et correspondant à la phase préférentielle d'allocation des réserves aux enveloppes) et P1000 (les 400°C.J suivant la période P P600 et correspondant à la phase d'allocation préférentielle des réserves à la graine). Certains indicateurs comme la réserve utile ou le nombre de jours pour lesquels les conditions de vernalisation étaient optimales ne sont pas déclinés en fonction des périodes. Les indicateurs « N » ne sont pas représentés sur ce graphique.

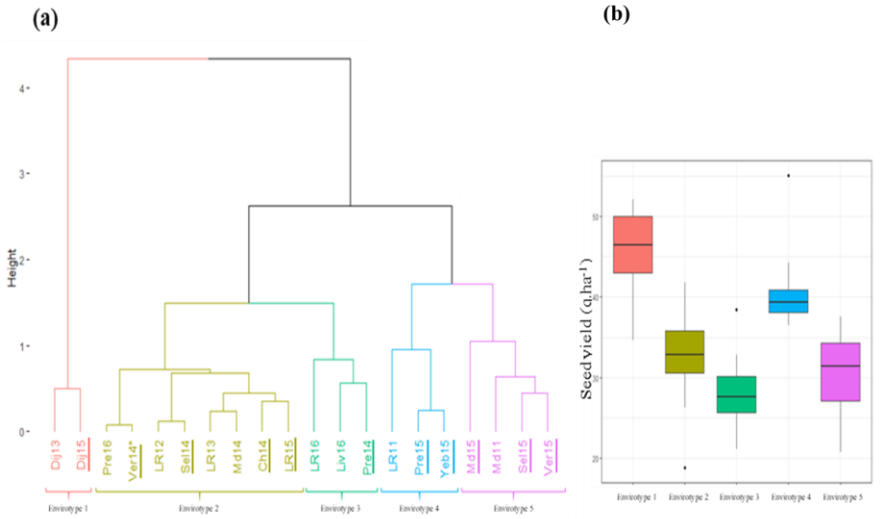


Fig 17 : **Regroupement des environnements « N+ » du réseau RAPSODYN**. Une PLS a prédit le rendement moyen des génotypes témoins Aviso et Montégo en fonction des indicateurs pédoclimatiques décrits dans la fig 16. Sur la base des résultats, un clustering est réalisé pour regrouper les environnements (uniquement les essais conduits en fertilisation azotée non limitante) en 5 envirotypes, c'est-à-dire selon leur profil pour les indicateurs qui ont significativement impacté le rendement. (**a**) Le dendrogramme représentant les 20 environnements du réseau. (**b**) Distribution du rendement (q. ha^{-1}) moyen d'Aviso et de Montégo par envirotype.

Pour caractériser les potentiels facteurs limitant le rendement, nous avons mis au point un set d'indicateurs basés sur un découpage du cycle du colza en sept phases (automne, hiver climatique, montaison, floraison, phase de l'élaboration du nombre de grains, la phase de croissance des siliques, et la phase de remplissage des graines) (Fig 16). Pour chacune de ces phases des indicateurs représentant les principaux stress ont été définis : des indicateurs thermiques (températures moyennes, minimales et maximales de la période, nombre de jours de gel, nombre de jours de stress thermiques,…), des indicateurs hydriques basés sur l'élaboration du bilan hydrique simplifié (réserve utile, teneur en eau du sol moyenne, nombre de jours en stress hydriques de la culture), des indicateurs radiatifs (rayonnement moyen, minimal et maximal, nombre de jours en déficit radiatif, coefficient photothermique,…), des indicateurs caractérisant la qualité de la vernalisation, ainsi que des indicateurs relatifs à l'état azoté de la culture et à sa fertilisation (azote apporté, reliquats d'azote dans le sol, INN, teneur en eau du sol après la fertilisation, nombre de jours de pluie avant et après les fertilisations,...). L'analyse du réseau a eu lieu en deux temps. **Dans une première approche**, uniquement les essais correspondant aux environnements n'ayant pas subi de contrainte azotée ont été analysés.

Cette première approche a permis de mettre en évidence, par une méthode basée sur la PLS, 10 facteurs (combinaison d'un indicateur calculé pour une période donnée) ayant limité le rendement (les conditions de vernalisation, la température maximale à la floraison, le stress thermique et le manque de rayonnement pendant la période de croissance des siliques, la température minimale à l'automne, le stress thermique pendant la phase d'élaboration du nombre de grains, le manque de rayonnement pendant la floraison, le stress hydrique et la température pendant le remplissage des graines). Les environnements ont ensuite pu être regroupés en cinq envirotypes sur la base de ces facteurs limitants (Fig 17, Fig 18). Le regroupement des environnements en envirotypes a permis de faire baisser la part des interactions GxE à l'intérieur des envirotypes et d'améliorer la stabilité du classement des génotypes à l'intérieur d'un envirotype, comparativement à la variabilité de son classement au sein du réseau (Corlouer *et al*, 2019). Cette approche a fait l'objet d'une collaboration avec Arnaud Gauffreteau (UMR Agronomie, Grignon).

L'intérêt de ce premier envirotypage a été testé pour la sélection génomique, en valorisant les données de phénotypage et de génotypage obtenues pour un panel de 174 accessions de colza d'hiver expérimentés dans au moins un des environnements de chaque envirotype. La comparaison d'une calibration globale en utilisant les valeurs de rendement moyennes obtenues à l'échelle du réseau a été comparée à une démarche de calibration locale en établissant une équation de calibration par envirotype. Dans le cas où l'on cherche à prédire la performance d'un nouveau génotype dans un environnement donné, alors en fonction des environnements, la prédiction locale peut permettre un gain d'accuracy par rapport à la prédiction globale (notamment pour les environnements de l'envirotype 3 : caractérisé par un faible rayonnement et de faibles températures pendant la phase reproductrice). Dans le cas où l'on cherche à prédire la performance d'un génotype connu (ayant été utilisé pour la calibration des modèles) dans un nouvel environnement (un environnement indépendant que l'on peut attribuer à un cluster *a posteriori* en fonction de ses caractéristiques pédoclimatiques), il n' a pas été montré de gain à utiliser une calibration locale *vs* la calibration globale à l'échelle du réseau (Retailleau, 2018).

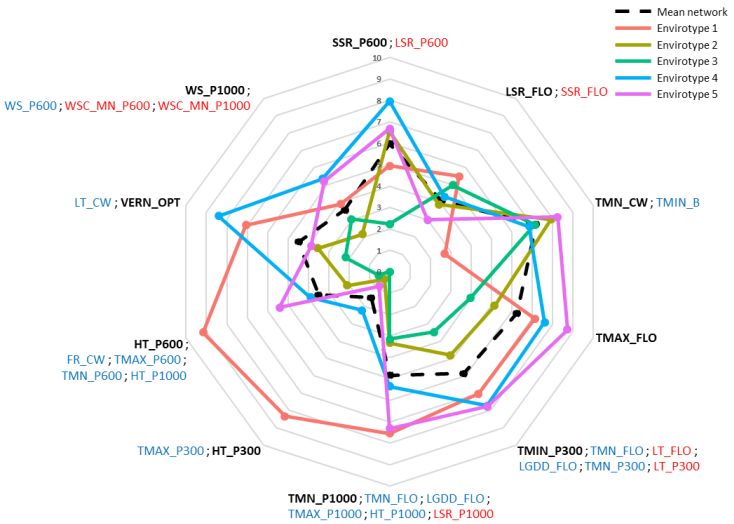
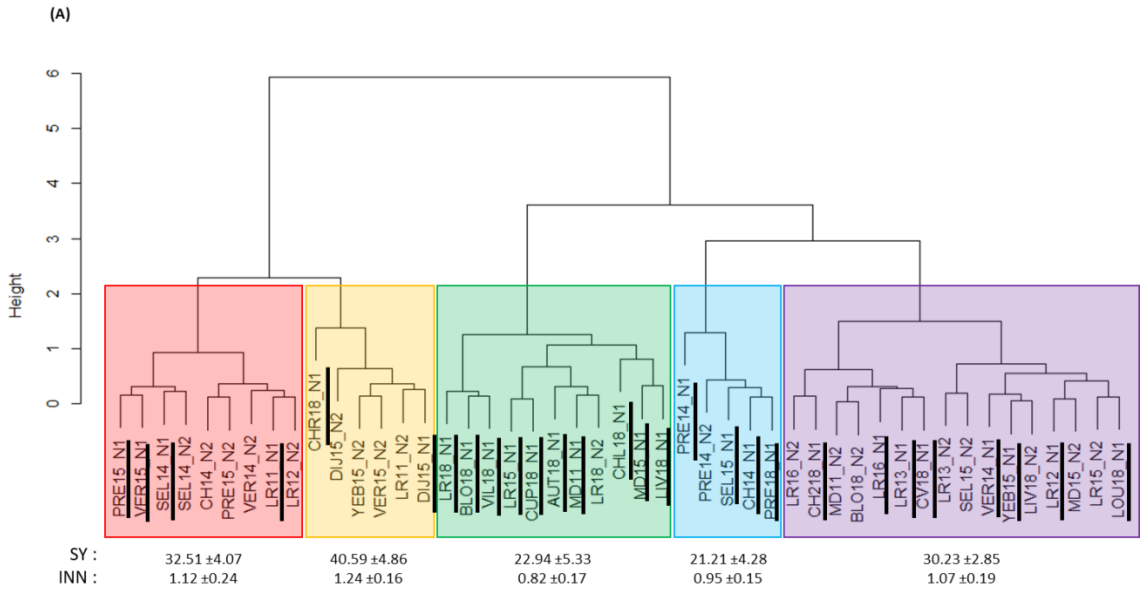


Fig 18 : **Caractérisation des 5 envirotypes composant le réseau d'essais RAPOSDYN** limité aux essais en fertilisation azotée non limitante (Fig 17). Les 10 indicateurs limitant le rendement sont écrits en noir. Les indicateurs qui leur sont corrélés sont indiqués en bleu (r>0) ou en rouge (r<0). Tous les indicateurs ont été recalculés sur une échelle de 0 à 10 (0 valeur minimale observée dans le réseau, et 10 valeur maximale). Le réseau moyen est représenté par le tracé en pointillés. TMN_CW (température moyenne Durant l'hiver climatique), TMAX_FLO (température maximale pendant la floraison), TMIN_P300 (température minimale pendant la période de fixation du nombre de grains), TMN_P1000 (température moyenne durant la période de remplissage des grains), HT_P300 (nombre de jours de stress thermique pendant la période de fixation du nombre de grains), HT_P600 (nombre de jours de stress thermique pendant la période d'allocation des réserves aux enveloppes), VERN_OPT (nombre de jours présentant des conditions optimales de vernalisation), WS_P1000 (nombre de jours de stress hydrique pendant la période de remplissage des grains), LSR_FLO (nombre de jours présentant un déficit radiatif pendant la période de floraison).

Dans une seconde approche, l'ensemble des essais a été considéré et analysé selon la même démarche que précédemment mais en intégrant des indicateurs liés à la fertilisation azotée. Dans cette approche, les indicateurs ont été définis sur la base de la bibliographie et de dire d'experts. Chez d'autres espèces, les modèles de culture ont démontré leur intérêt pour prédire des d'indicateurs du milieu en lien avec les pratiques à pas de temps journalier (par ex. SUNFLO chez le Tournesol, Mangin et al, 2017). Cependant, chez le colza, peu de modèles ont été développés et le modèle de culture AZDOYN-COLZA, (Jeuffroy *et al*, 2006) n'est pas encore assez résolutif pour être utilisé à cet usage (cf partie Projet Scientifique §1). A l'issue de la PLS, 13 facteurs ont été retenus comme impactant le rendement, dont 3 liés à la fertilisation azotée (INN, la dose totale d'azote minéral apportée, le nombre de jours sans pluie pendant les 10 jours qui suivent la fertilisation). La classification des essais sur la base de ces facteurs a permis d'identifier cinq groupes d'essais (Fig 19), deux groupes correspondant à des essais principalement conduits en limitation d'azote (envirotypes 3 et 4), et trois groupes correspondant à des conditions azotées non-limitantes (envirotypes1,2,5 pour lesquels l'INN moyen est supérieur à 1). Cette première classification est importante, car elle a permis de réattribuer les essais à chacun de ces deux groupes *a posteriori*, et ainsi de requalifier certains essais, conduits de manière déclarative en conditions limitantes mais n'ayant pas subi de contrainte, ou inversement, des essais définis comme non-limitants et ayant tout de même subi une contrainte azotée. On comprend que ces essais ont contribué à la mauvaise estimation de l'effet de l'azote, et surtout de l'interaction GxN dans les approches décrites dans le paragraphe §1.2.

Finalement, la difficulté à séparer les effets GxN et GxE se traduit par le fait qu'en conditions de fertilisation limitante, ce ne sont sans doute pas les mêmes facteurs pédoclimatiques qui ont eu un impact sur le rendement, qu'en conditions optimales. Pour tester cette hypothèse, nous avons refait des analyses séparées, une à l'échelle du réseau constitué d'environnements appartenant aux envirotypes 3 et 4 d'une part (réseau N limitant), et une à l'échelle du réseau formé des envirotypes 1,2,5 (réseau N optimal) de l'autre. 13 facteurs pédoclimatiques limitants (hors facteurs liés à la fertilisation) pour le réseau N limitant, contre seulement 6 pour le réseau Nopt ont été mis en évidence. En conditions limitantes, les facteurs limitants sont positionnés majoritairement à la montaison et pendant la phase de mise en place du nombre de grains et de croissance des siliques, alors que dans le réseau N optimal, les facteurs limitants ont lieu principalement à l'automne et pendant l'hiver (Rio, 2019). Des analyses génétiques sont en cours à l'issue de ce travail, dans le cadre de la thèse d'Erwan Corlouer, pour réanalyser la spécificité des QTL détectés dans 22 essais par génétique d'association, cette approche est basée sur la réalisation de GWAS pour chaque envirotype, et pour l'ensemble des SNP identifiés comme associés, de tester leur interaction avec les facteurs limitants pour comprendre les méta-fonctions biologiques sous-jacents à ces locus. Ainsi on s'attend à identifier des marqueurs, utilisables en sélection assistée par marqueurs, permettant d'améliorer le rendement dans des conduites en azote limitantes, et ce pour différents scénarios de combinaisons de stress abiotiques représentant les conditions de culture françaises.



(B)

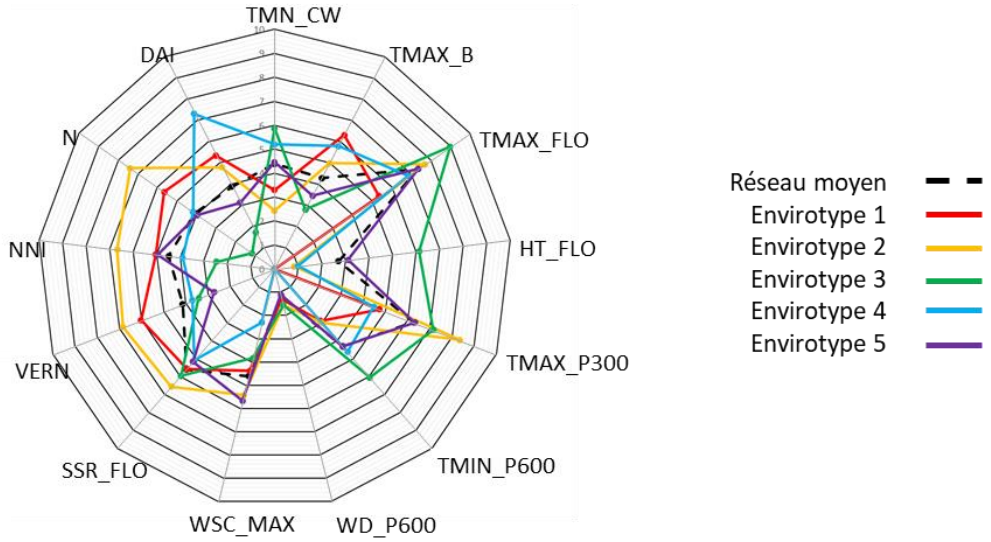


Fig 19. **Description du réseau d'essai RAPSODYN incluant les essais conduits en fertilisations azotées limitantes et non limitantes**. A) Présentation des envirotypes obtenus après la PLS effectuée en utilisant les indicateurs pédoclimatiques et les indicateurs « N ». Pour chaque envirotype, le rendement moyen observé ainsi que l'INN moyen à montaison est indiqué. Les essais mis en place selon un protocole de fertilisation limitante sont soulignés. Les envirotypes 3 et 4 présentent les rendements et les INN les plus faibles. Certains essais considérés comme limitants sont regroupés dans des envirotypes non-limitants et inversement. Les essais soulignés sont ceux déclarés « N1 » B) : Description des envirotypes en fonction des indicateurs identifiés comme ayant significativement impacté le rendement. Chaque indicateur est réexprimé sur une échelle de 0 à 10. Les envirotypes sont représentés selon le même code couleur que dans la figure A). Le réseau moyen est représenté en pointillés noirs. TMN_CV : Température moyenne durant l'hiver climatique, TMAX_B : Température maximale pendant la montaison, TMAX_FLO : température maximale pendant la floraison, HT_FLO : nombre de jours de stress thermique pendant la période de floraison, TMAX_P300 : teméprature maximale pendant la période de fixation du nombre de grains, TMIN_P600 : Température minimale pendant la période d'allocation préférentielle des assimilats aux enveloppes, WD_P600 : nombre de jours de stress hydrique pendant la période d'allocation préférentielle des assimilats aux enveloppes, WSC_max : réserve utile, SSR-FLO : somme des rayonnements pendant la période de floraison, VERN : nombre de jours présentants des conditions optimales de vernalisation, NNI : indice de nutrition azotée, N : somme des apports d'azote minéral lors des fertilisations, DAI : nombre de jours sans pluie durant les 10 jours suivant la fertilisation.

Pour le blé, dans le prolongement de l'analyse du réseau d'essai pour identifier les QTL impliqués dans la réponse à la contrainte azotée et les interactions GxN (paragraphe §1.1), une caractérisation plus large des essais a été réalisée à l'aide de covariables environnementales (hydriques, radiatives, thermiques,…..) mesurées sur un set de quatre génotypes révélateurs, et a permis de décomposer les interactions GxE observées pour le nombre de grains et le poids de mille grains en une somme d'interactions entre le génotype et 4 covariables environnementales pour le nombre de grains et 6 covariables environnementales pour le poids de mille grains. Les GxE pour le nombre de grains étaient principalement expliquées par des stress azotés (indicateurs INN) et des différences de durée de phases reproductrices (durée en degrés-jours de la phase entre floraison et stade grain laiteux, ...). Pour les GxE observées pour le poids de mille grains, elles étaient principalement expliquées par des stress hydriques et des stress radiatifs. Enfin, la décomposition des interactions GxE en une somme d'interactions QTL x covariables environnementales a été réalisée en testant les interactions entre les QTL identifiés pour le poids de mille grains et le nombre de grains et le nombre de grains (paragraphe §1.1) et les covariables environnementales sélectionnées, ainsi qu'en calculant les QTL pour les pentes des régressions factorielles utilisant ces covariables environnementales comme caractérisation des environnements. Certains QTL de poids de mille grains et de nombre de grains sont stables, *ie* ils n'interagissent pas avec des covariables environnementales et ils ne colocalisent pas avec des QTL de régression factorielle, alors que d'autres sont sensibles aux variations de l'environnement. Cette approche a permis d'identifier les variables environnementales à l'origine de cette instabilité, ainsi que les QTL de la plante impliquée dans la sensibilité à ces variables (Zheng *et al*, 2010).

- Cette thématique a été l'objet :
- D'une collaboration suite à ma thèse (**Zheng *et al*, 2010**)
- Du co-encadrement de la thèse de Erwan Corlouer (**Corlouer *et al*, 2019 et article in prep**)
- De l'encadrement de deux stages de niveau M2 et d'un stage de M1
- D'une collaboration avec Arnaud Gauffreteau (UMR Agronomie)
- D'une communication orale lors d'un colloque international
- Cette thématique a été soutenue par différents projets ANR conduits dans le cadre d'un partenariat public-privé (GENERGY, PIA RAPSODYN)

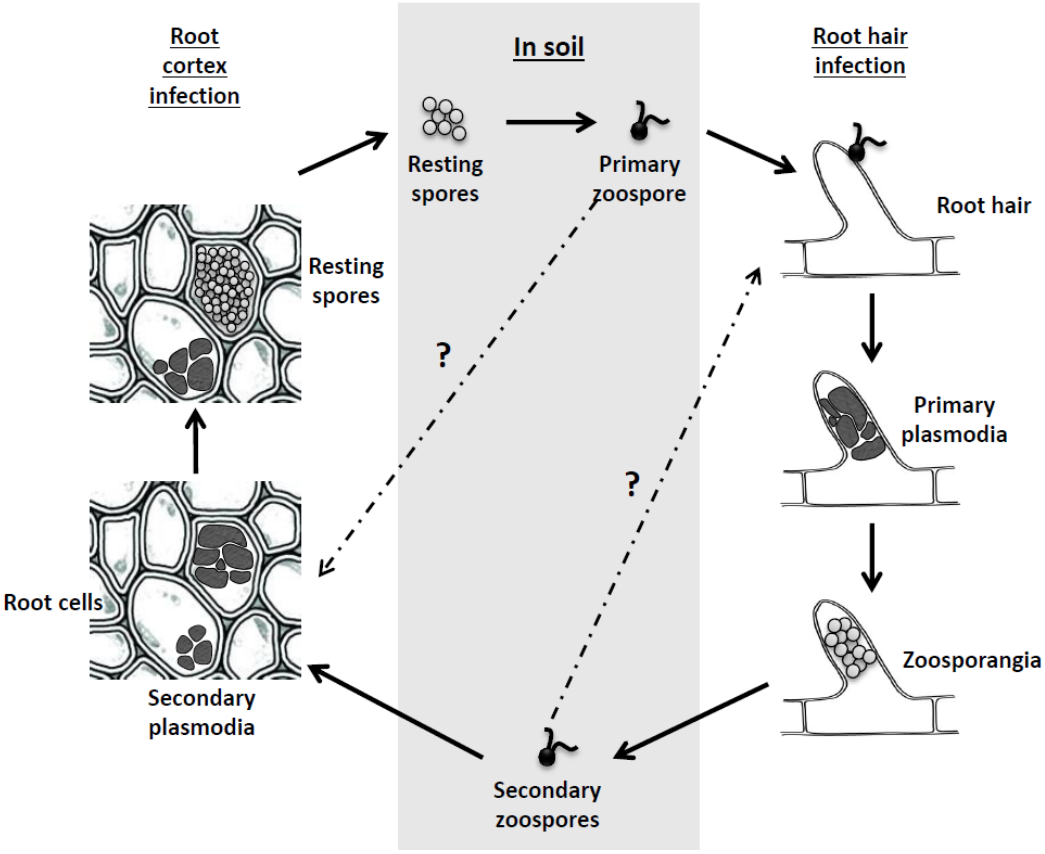


Fig 20 : **Cycle de vie de *Plasmodiophora brassicae*, agent causal de la hernie des crucifères**. Le cycle de vie de *P. brassicae* est constitué de trois stades distincts : la survie dans le sol, l'infection des poils absorbants et l'infection des cellules corticales. L'inoculum primaire est composé de spores de repos, dispersées par les tissus infectés lors du cycle d'infection précédent. La période de demi-vie d'un inoculum est estimée entre 3 et 6 ans. Lors de leur germination, chaque spore de repos relargue une zoospore primaire biflagellée. Lorsqu'une zoospore primaire atteint la surface du chevelu racinaire, elle pénètre la paroi cellulaire. Cette étape est appelée **infection primaire**. La formation de plasmodes primaires s'effectue ensuite dans les cellules du chevelu racinaire. Au sein des plasmodes, de nombreuses divisions nucléaires se produisent jusqu'à ce que le plasmode se clive en zoosporanges. Ces zoosporanges s'agrègent entre eux dans les cellules du chevelu racinaire, puis relarguent des zoospores secondaires. Les zoospores secondaires pénètrent dans les cellules du tissu cortical, c'est **l'infection secondaire**. Une fois à l'intérieur des cellules, il y a production de plasmodes secondaires. Ces plasmodes permettent la prolifération de l'agent pathogène et sont responsables de l'hypertrophie de l'apparition d'une galle. Puis un clivage des plasmodes s'effectue et aboutit au relargage dans le sol de spores de repos lors de la décomposition des tissus racinaires de la plante hôte

4 Analyse de la modulation de la résistance à un stress biotique par la disponibilité en azote.

En plus des multiples stress/contraintes abiotiques, le colza est une espèce particulièrement sensible aux stress biotiques (IFT hors herbicide de 5 environ en France en 2018, contre un IFT de 3.5 pour le blé) (données DEPHY, 2018). Les principales maladies touchant le colza sont le phoma, *alternaria*, la hernie des crucifères, la cylindrosporiose... Le colza est aussi particulièrement sensible aux insectes, principalement à l'automne. La lutte contre ces maladies et ravageurs se réalise en adaptant les itinéraires techniques, notamment via le choix de variétés résistantes ou partiellement résistantes. Cependant peu d'informations sont disponibles sur la validité des gènes/QTL de résistance quand ils sont associés à des itinéraires techniques mettant en place une réduction de la fertilisation. Pour certains pathosystèmes, la limitation de la fertilisation se traduit par une augmentation de la résistance, alors que pour d'autres l'inverse est observé (Dordas 2008 ; Fagard *et al*. 2014 ; Walters *et* Bingham 2007). Un enjeu fort pour la construction d'itinéraires techniques à bas niveau d'intrants consiste à proposer des variétés dont les résistances (quantitatives et/ou qualitatives) restent efficaces en conditions de contrainte azotée. Pour répondre à cet enjeu, en collaboration avec l'équipe de l'IGEPP « Résistance et Adaptation », et plus particulièrement A. Gravot et M. Manzanares-Dauleux, nous avons mené un programme de recherche sur le pathosystème colza/hernie des crucifères afin d'étudier comment l'architecture génétique de la résistance était affectée en conditions de contrainte azotée. La hernie des crucifères est causée par l'agent pathogène *Plasmodiophora brassicae*, un protiste biotrophe obligatoire. Les spores de repos produites lors du cycle infectieux précédent peuvent rester dans le sol jusqu'à une quinzaine d'années. Lors de la culture de la plante hôte, les spores de repos germent et produisent des zoospores primaires qui vont infecter le chevelu racinaire (infection primaire), puis des plasmodes primaires se forment, produisent des zoosporanges puis des zoospores secondaires qui pénètrent dans les cellules corticales (infection secondaire), où a lieu ensuite la production de plasmodes secondaires, responsables de l'apparition des galles. Les plasmodes sont ensuite clivés en spores de repos qui seront libérées dans le sol lors de la décomposition des racines (Fig 20).

Le panel de 96 génotypes de colza utilisé au champ en conditions de fertilisation optimales et limitantes (Bouchet et al, 2016b) a été phénotypé en conditions contrôlées pour la résistance à la hernie, et plus particulièrement à l'isolat eH, représentant le pathotype1, un des pathotypes majoritaires en France. Le test pathologique est réalisé sur des plantes jeunes inoculées une semaine après le semis par injection d'une solution de spores de repos au pied de la plantule. Quarante-neuf jours après inoculation, les plantes sont prélevées, le système racinaire lavé, et une lecture des symptômes est faite sur 18 plantes pour estimer un indice pathologique selon la méthode proposée par Somé *et al* (1996). Dans cette expérimentation, les plantes ont été cultivées à la fois avec une solution nutritive à une concentration de 8 mM de nitrate (non limitante) et avec une solution nutritive à une concentration de 1 mM de nitrate. Deux types de comportements ont été mis en évidence au sein du panel, des génotypes pour lesquels l'indice pathologique n'était pas impacté par la nutrition azotée, et des génotypes qui « répondent » à l'azote, et pour lesquels l'indice pathologique était significativement réduit quand l'azote était limitant. Il n'a pas été observée d'augmentation de la sensibilité à la hernie en condition de carence azotée. La taille du panel étant réduite, et les QTL/gènes de résistance étant en fréquence assez faible de la population, ces données n'ont pas pu être utilisées pour conduire une étude de génétique par analyse d'association résolutive. Pour mieux comprendre comment les facteurs génétiques impliqués dans la résistance étaient modulés par la fertilisation azotée, la population de lignées haploïdes doublées issues du croisement entre Darmor-*bzh* (partiellement résistant en conditions non limitantes) et Yudal

(sensible) a été phénotypée dans les mêmes conditions que le panel. Darmor-*bzh* est résistant quelle que soit la conditions azotée, Yudal est sensible en conditions non-limitantes et devient partiellement résistant en conditions de fertilisation limitantes. Les résultats ont montré que quelles que soient les conditions azotées, ce sont les mêmes QTL qui sont impliqués dans le contrôle de la résistance à l'isolat eH, par contre leur effet est largement modulé par la fertilisation. Ainsi le QTL présent sur le chromosome C09 explique 87% de la variation en conditions non limitantes et uniquement 67% en conditions limitantes, contrairement au QTL présent sur le chromosome C02, pour lequel l'allèle de résistance est apporté par Yudal, et dont l'effet passe de 2% en conditions non limitantes à 13% en conditions de carence azotée (Laperche *et al.*, 2017).

L'identification du QTL C02 comme principal locus impliqué dans la modulation de la résistance par la fertilisation azotée a été complétée par une analyse de la production de spores de repos par la plante. Ce caractère phénotypique cible un trait d'histoire de vie de l'agent pathogène particulièrement impliqué dans la fitness de l'agent pathogène, et qui joue un rôle important dans la propagation de la maladie, et sans doute dans les dynamiques de contournement de résistance. Pour cela un comptage du nombre de spores de repos a été effectué par cytomètrie de flux pour l'ensemble des échantillons de la population Darmor-*bzh* x Yudal. Les analyses QTL réalisées pour ce caractère ont de nouveau détecté les deux QTL sur les chromosomes C02 et C09 déjà identifiés grâce à l'indice pathologique. En conditions d'azote non limitantes, le QTL sur le chromosome C09 explique 72.8% de la variation observée pour la quantité de spores de repos, cependant son effet diminue à une valeur de 30.8% en conditions limitantes. Le QTL sur le C02 explique quant à lui 9.6% de la variation en conditions non limitantes et 52% en conditions limitantes. Les effets observés sur l'indice pathologique sont exacerbés quand on regarde un trait particulier relié à la fitness de l'agent pathogène. Ces résultats permettent de valider l'intérêt particulier du QTL porté par le chromosome C02, et particulièrement pour la création de variétés adaptées à des itinéraires techniques à faible intrants azotés, permettant à la fois de limiter la sévérité des symptômes observés sur la plante (indice pathologique) et de diminuer la charge du sol en spores de repos (Aigu *et al*, 2018).

Lors de la caractérisation du panel pour la résistance à la hernie, deux génotypes (Aviso et Montego) ont présenté une résistance partielle face à l'isolat eH. La population bi-parentale issue du croisement entre ces deux génotypes étant disponible, elle a été phénotypée (en conditions non limitantes) et a permis de mettre en évidence de nouvelles sources de résistance sur les chromosomes A04 et C03 ainsi que de valider que le QTL présent sur le chromosome C03 avait aussi un impact sur la quantité de spores de repos (Botero-Ramirez *et al*, under review). Ces résultats ouvrent des perspectives quant à l'augmentation des sources de résistance à disposition de la sélection pour limiter le contournement de résistance. Ces travaux font l'objet d'une collaboration avec l'équipe de Steve Strelkov (Université d'Edmonton, Canada).

Pour appréhender plus finement les mécanismes de la plante impliqués dans la résistance à la hernie des crucifères, des démarches analytiques basées sur la comparaison des profils métaboliques de Darmor-*bzh* et Yudal en conditions d'infection (thèse de Geoffrey Wagner, coord A. Gravot et M. Manzanares-Dauleux) ont été initiées auxquelles j'ai collaboré. Elles ont mis en évidence que la remobilisation de l'azote (glutamine, glutamate, aspartate, asparagine) joue un rôle important dans le développement des galles, et ont identifier des biomarqueurs qui s'accumulent préférentiellement dans les racines en conditions d'infection : le glutathion oxydé, la S-méthylcystéine (Wagner *et al*, 2012a). L'utilisation d'une approche quantitative pour détecter des QTL pour des métabolites non-ciblés dosés dans la descendance Darmor-*bzh* x Yudal en conditions d'inoculation (isolat eH) a permis de cibler des voies métaboliques impliquées dans la résistance : les QTL métaboliques ont été comparés aux QTL détectés pour l'indice pathologique et la quantité d'ADN de l'agent pathogène présent dans la plante et

ont permis d'identifier des modules fonctionnels correspondants à l'empreinte métabolique de chaque QTL identifié pour l'indice pathologique et/ou la quantité d'agent pathogène. Les QTL positionnés sur les chromosomes C03 et C09 sont les QTL de résistance ayant une empreinte métabolique forte. Au locus C09 des QTL détectés pour 78 métabolites colocalisent avec le locus détecté à la fois pour l'indice pathologique et la quantité d'agent pathogène. Le QTL sur le chromosome C03 a été détecté pour l'indice pathologique et 21 métabolites. Une analyse en réseau de ces relations a permis de mettre en avant l'importance de certains métabolites comme la gluconasturtine dans la résistance (Wagner *et al*, 2019). De plus cette approche couplant génétique quantitative et profilage métabolique a permis de dissocier des métabolites en quantité différentes entre les lignées parentales (résistantes et sensibles) et pourtant non associés au mécanisme de résistance (comme par exemple les métabolites associés à l'empreinte du gène de nanisme *bzh* sur le A06), de ceux activement impliqués dans la résistance.

Les travaux présentés dans ce paragraphe ont été pilotés de manière conjointe avec M. Manzanares-Dauleux et A. Gravot, et se sont largement basés sur des travaux préliminaires initiés dans le cadre des projets professionnalisants proposés aux étudiants de dernière année spécialisés en amélioration des plantes. Les résultats nous ont permis d'identifier l'intérêt du génotype Yudal et ensuite de caractériser l'ensemble de la population Darmor-*bzh* xYudal et du panel dans le cadre du projet MOREAZ financé par Promosol et de la thèse de Y. Aigu. De même, la population Aviso x Montego a été d'abord caractérisée dans le cadre de ces projets d'étudiants puis les résultats ont été confirmés et affinés dans le cadre d'une collaboration avec A. Botero-Ramirez, en thèse avec S. Strelkov. Cette démarche est très enrichissante, permet de centraliser un certain nombre de données sur le même objet, à la fois par des approches de génétique quantitative et des approches de physiologie/génomique fonctionnelle pour décomposer les mécanismes moléculaires fins sous-jacents aux loci ciblés.

- Cette thématique a été l'objet :
- De la participation aux travaux de la thèse de Yoann Aigu (direction M. Manzanares-Dauleux) (**Laperche *et al*, 2017, Aigu *et al*, 2018**)
- De deux autres publications (**Wagner *et al*, 2012a, Wagner *et al*, 2019**)
- De l'encadrement d'un stage de niveau M2 et d'un stage de M1
- D'une collaboration avec Steve Strelkov (Univ. Edmonton, Canada), **(Botero et al, under review)**
- De deux communications orales lors de colloques internationaux
- De la mise en place d'un lien étroit entre mes activités de recherche et mes activités d'enseignement
- Cette thématique a été soutenue par le projet promosol MOREAZ

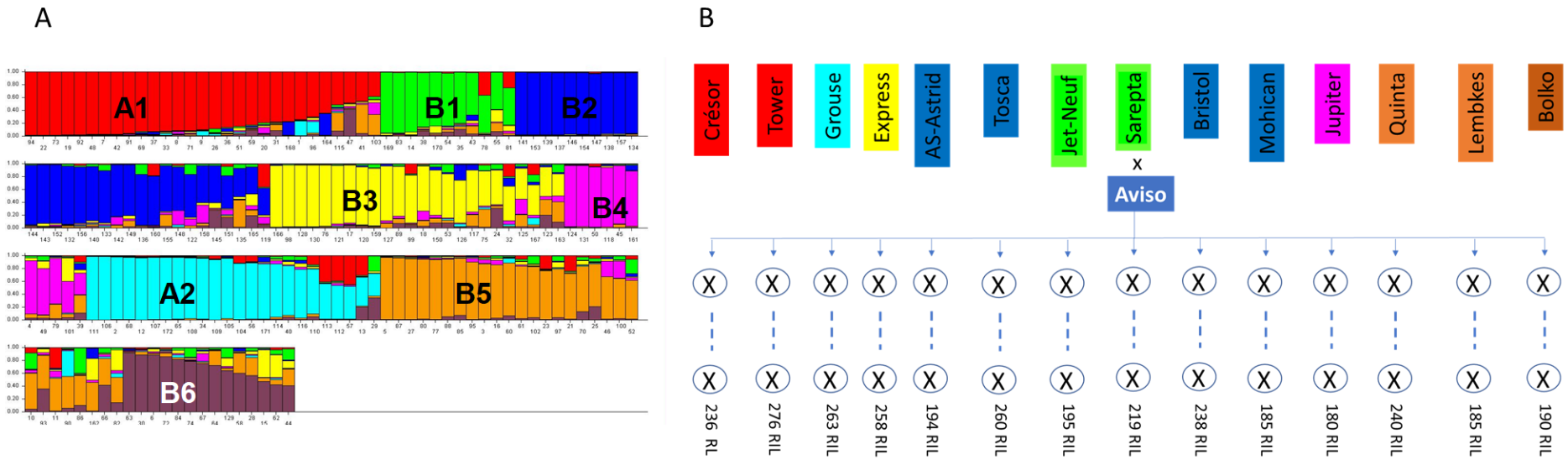


Fig 21 : A) **Analyse de la diversité génétique présente dans la collection de *Brassica napus* étudiée dans le cadre du projet COREBRAS** (280 accessions incluant des colzas de printemps oléagineux et fourragers, des colzas d'hiver oléagineux et fourragers, des colzas asiatiques (semi-hiver), des rutabagas. L'analyse de la structuration de la collection a été réalisée à l'aide de 76 marqueurs microsatellites. Chaque accession était représentée par un bulk de 40 plantes (certaines accessions correspondaient à des variétés population). B) **Population de Nested Association Mapping créée dans le cadre du projet Brassinam**. La lignée pivot est la lignée AVISO, les lignées fondatrices sont représentées en haut. Elles ont été choisies pour représenter la diversité génétique de Brassica napus, sur la base des résultats produits dans le cadre du projet COREBRAS. Les couleurs des accessions représentent leur groupe d'origine tel que représenté sur la figure A). Pour chaque croisement, une population de lignées recombinantes (RIL) a été obtenue 5 générations de filiation monograine (Single Seed Descent).

5 Analyse de la diversité génétique et développement de populations résolutives pour l'analyse génétique des caractères complexes.

Pour mener à bien les projets de recherche sur le colza, j'ai utilisé des ressources végétales correspondant à des panels d'association ainsi que des populations en ségrégation spécifiques. Pour cela, les premières actions que j'ai mises en place à l'IGEPP ont consisté à analyser et organiser la diversité génétique disponible au sein des collections de travail de l'UMR IGEPP ainsi que du Centre de Ressources Biologiques. Pour cela j'ai analysé la structure de larges collections de *Brassica napus, Brassica rapa et Brassica oleracea* (projet soutenu par département INRA GAP puis Promosol COREBRAS). Pour chacune de ces espèces des core-collections ont été définies sur la base d'une caractérisation à l'aide de marqueurs SSR (Fig 21), et des accessions intéressantes mais uniquement disponibles sous forme d'accessions populations ont été fixées par haplodiploïdisation. Ces core-collections ont constitué la base pour la définition de panels utilisés ensuite en génétique d'association et pour lesquels un effort de génotype SNP haut-débit a été effectué (puce 60K, Clarke et al., 2016 et exome capture notamment dans le cadre du projet RAPSODYN). Pour le colza, on a ainsi défini des panels de colza oléagineux d'hiver utilisés pour investiguer les déterminants génétiques de l'efficacité d'utilisation de l'azote (projets GENERGY, RAPSODYN) ou la résistance à la hernie des crucifères (projet MOREAZ), ainsi que des panels incluant des génotypes d'hiver, de printemps, des colzas fourragers, des rutabagas pour identifier les QTL impliqués dans l'expression des métabolites secondaires (projet DESCRIBE). Mais aussi pour choisir des accessions de colza contrastées et tester avec un petit nombre de génotypes l'impact de la variabilité génétique intraspécifique sur le processus d'absorption (cf paragraphe § 3.2) ou bien pour d'autres projets conduits au sein de l'UMR, par exemple concernant le recrutement de communautés dans la spermosphère (Rochefort *et al*, 2019).

Ces analyses de diversité ont également servi de base au développement de nouvelles ressources. Les 15 accessions parentales correspondant au plan de croisement pour construire une population de « Nested Association Mapping » ont été choisies de manière à représenter l'ensemble des sous-groupes identifiés lors de la structuration de la population de colza. Pour chaque croisement, une population d'environ 200 lignées recombinantes a ensuite été obtenue par filiation monograine (SSD) (projet ANR Brassinam, Fig 20). Ce matériel permet de couvrir une large gamme de diversité chez le colza tout en limitant les effets de structuration dans la population totale et en limitant la présence d'allèles rares. Ces populations ont été multipliées, génotypées et phénotypées au champ dans le cadre du projet RAPSODYN, et ont servi aussi à appréhender le déterminisme génétique de l'architecture racinaire (expérimentations menées en 2019 sur la plateforme 4PMI et sur papier buvard, collab C. Richard-Molard et C Hermans). Parmi les 15 populations formant la population NAM, 3 sont issues de croisement entre la lignée pivot (AVISO, un colza oléagineux d'hiver) et un colza oléagineux de printemps. Pour ces trois populations, un criblage phénotypique de 800 numéros par population a été réalisé au champ pour ne garder que les 200 numéros ayant un comportement de type « hiver », mais ayant intégré une diversité génétique nouvelle.

L'analyse de la collection de *Brassica rapa* nous a permis de collaborer avec Houria Hadj-Arab (Université d'Alger, Algérie) et de repositionner la diversité génétique d'accessions de navettes sauvages et cultivées collectées en Algérie dans une gamme de variabilité génétique plus large et de mettre en avant la spécificité de ce matériel génétique (Assiou *et al*, 2018)

L'analyse de la collection de choux, nous a permis de choisir 10 populations maximisant la diversité génétique de la collection initiale et de s'en servir comme progéniteur dans le cadre du projet

Promosol Probiodiv (coord. AM Chèvre, équipe BP), dont l'objectif était d'introgresser de la diversité génétique issue des espèces progénitrices du colza (*Brassica oleracea* et *Brassica rapa*) dans le colza par croisement et obtenir des génotypes semi-synthétiques de colza. Après un croisement, et plusieurs générations de croisements en mélange dans une cage, en utilisant la stérilité mâle pour maximiser les recombinaisons, 32 000 plantes ont été obtenues, puis filtrées par cytométrie pour obtenir in fine une population de 1600 plantes présentant 2n=38 chromosomes, et étant issues de 19 populations d'origine : 10 populations chacune issue du croisement avec une accession de chou différente, et 9 populations issues de croisements avec des populations de navette. Après un génotypage de ce matériel, 100 plantes ont été choisies et suffisent à représenter plus de 90% des introgressions de chou et de navette. Ces 100 plantes ont ensuite servi de base au développement de 263 lignées haploïdes doublées ne présentant pas d'anormalités chromosomiques, ayant un comportement de colza au champ et ayant introgressé de la diversité génétique issue des espèces progénitrices. Ce matériel a été produit en 2018 et phénotypé au champ en 2019 et 2020. Ces lignées sont actuellement en cours de reséquençage. L'analyse de ces données et la résolution génomique permettra de mettre en perspective de manière fine l'intérêt des introgressions par rapport à des traits d'intérêt. Cette ressource servira dans de futurs projets, au sein de l'équipe, mais aussi sur d'autres thématiques de l'IGEPP (projets sur la résistance au sclérotinia porté par R Delourme par exemple)

L'ensemble de ces ressources et des données de caractérisation associées (données phénotypiques, données moléculaires) sont un support que j'utilise en formation initiale pour illustrer les enseignements de génétique quantitative et d'analyse de la diversité génétique. Les données sont exploitées dans des TD mais aussi dans des projets d'étudiants.

- Cette thématique a été l'objet :
- De collaborations avec l'équipe Biodiversité et Polyploïdie de l'IGEPP (projet Probiodiv, RAPSODYN, …), et le CRB (Corebras)
- De l'encadrement de deux stages de niveau M2
- D'une collaboration avec Houria Hadj-Arab (Université dAlger, Algérie) (**Assiou *et al*, 2018**)
- De 4 communications orales lors de colloques internationaux
- Cette thématique a été soutenue par le projet Corebras (GAP puis Promosol), l'ANR Brassinam, le projet PIA RAPSODYN

Projet Scientifique

Les différentes questions de recherche et thématiques abordées dans mon parcours jusqu'ici se positionnent autour de questions liées à l'amélioration de l'efficience des cultures, par rapport aux intrants azotés, mais aussi par rapport aux autres éléments/ressources (eau, autres nutriments, ...),en interaction avec des contraintes biotiques, ainsi que de la conception de variétés résistantes et adaptées à des itinéraires techniques à faibles intrants. Ces grandes questions thématiques participent à l'acquisition de connaissances pour définir les bases d'une agriculture plus respectueuse de l'environnement.

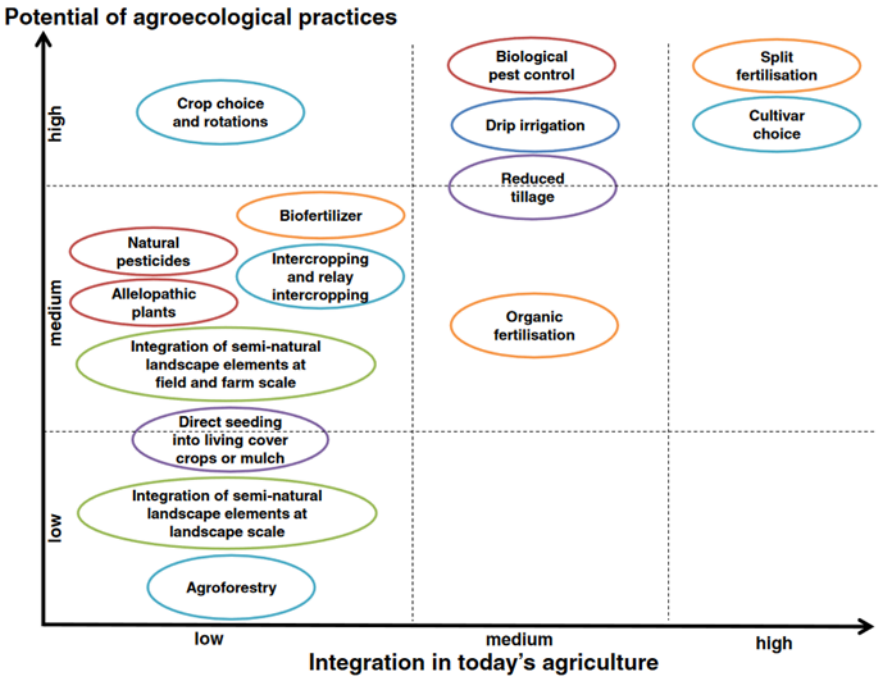


Fig 22 **: Classification des pratiques agroécologiques en fonction de leur intérêt pour accompagner la transition agroécologique dans la prochaine décennie et de leur intégration dans les pratiques agricoles actuelles**. (Wezel *et al*, 2014). Le levier variétal apparait comme à haut potentiel et facilement mobilisable puisque déjà intégré comme levier dans les pratiques agricoles actuelles.

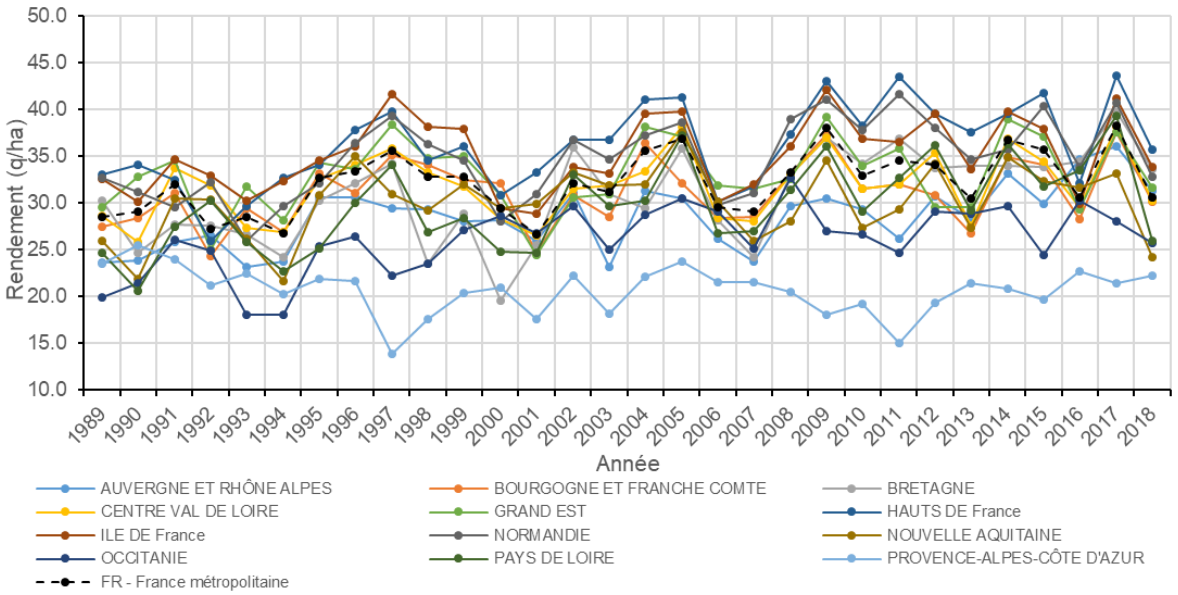


Fig 23 **: Evolution des rendements (q/ha) de colza en France métropolitaine et par région entre 1989 et 2018**. (Terres Inovia et Terres Univia d'après les données du Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt, 2020).

D'après le cadre d'analyse ESR (Efficiency-Substitution-Redesign) formalisé par Hill et MacRae (1995), la transition vers une agriculture durable se fait selon une progression qui commence par des démarches d'amélioration de l'**efficience** des systèmes (amélioration des systèmes conventionnels quant à l'utilisation des ressources : développement de systèmes faibles intrants), puis la proposition de démarches de **substitution** (remplacement de certaines phases/actions par des nouveaux produits ou procédés : remplacement de l'azote minéral par de l'azote organique, remplacement des pesticides par des produits de biocontrôle,…) et enfin par des démarches de **reconception** valorisant les processus naturels et écologiques dans les systèmes agricoles (agroecologie,...). Si l'on repositionne mes différentes actions de recherche dans ce cadre, elles émargent principalement à la mise à disposition de connaissances pour le développement de systèmes agricoles à faibles niveaux d'intrants, *ie* répondant à la démarche d'amélioration de l'efficience des systèmes agricoles. Le choix variétal apparait comme un facteur d'amélioration de l'efficience (Wezel *et al*, 2014), mais il participe aussi à la promotion de pratiques agroécologiques de substitution ou de reconception, par exemple en proposant des variétés valorisant les relations interspécifiques dans des couverts associés (R, reconception), l'augmentation de la biodiversité (inter et intraspécifique) dans les rotations (R), ou bien favorisant l'activité du microbiote de la rhizosphère (environnement soumis à l'influence des racines) (S, substitution). Il est intéressant de noter que pour les prochaines décennies, le choix des espèces et surtout le choix variétal est identifié comme un outil majeur pour accompagner le développement des pratiques agroécologiques dans les régions tempérées (Wezel *et al*, 2014), (Fig 22). L'objectif de mon projet de recherche est de continuer à produire des connaissances pour accompagner la transition de l'agriculture vers l'agroécologie et de faire évoluer mes questions de recherche vers les aspects **S** et **R**, via des thématiques centrées sur l'intérêt des démarches d'amélioration des plantes en prenant comme espèce modèle le colza.

A court terme, il s'agira de valoriser les données déjà produites pour continuer à travailler sur les paramètres d'**efficience**, et notamment d'efficience d'utilisation de l'azote. Pour cela, les résultats, notamment de phénotypage, générés dans le cadre du projet RAPSODYN sur une large gamme de matériel génétique (population NAM, panels de diversité génétique, matériel semi-synthétiques issus de travaux d'introgression de diversité inter-spécifique), pourront être analysés et surtout réanalysés à la lumière des dernières avancées en génomique issues du projet RAPSODYN (reséquençage massif, séquençage et assemblage *de novo* d'un nouveau génome de référence, AVISO). Ce nouveau *corpus* de données génomiques permettra d'affiner la connaissance des déterminants génétiques de la NUE et de l'élaboration du rendement en conditions de faible nutrition azotée. A titre d'exemple le couple de régions génomiques homéologues A05-C04 (cf Bilan §1.2) a pu être reséquencé de manière ciblée pour l'ensemble du panel d'association (200 lignées de colza oléagineux d'hiver), ainsi que pour des sources plus variées de diversité génétique (environ 600 accessions). A l'aide de ces données, les 39 gènes candidats contenus dans ces régions pourront être analysés en détails, tout d'abord en réalisant une analyse de génétique d'association ciblée couplée à une détection de signature de sélection. La diversité génétique présente à ces locus pourra être caractérisée, à la fois dans le matériel « oléagineux d'hiver », mais aussi dans des réservoirs de diversité plus éloignés des germplasmes utilisés en sélection, mais pouvant constituer des ressources intéressantes, notamment dans des démarches de pre-breeding. Pour mener ces analyses, des interactions seront à maintenir et développer en interne à l'IGEPP, notamment avec l'équipe « Biodiversité et Polyploïdie » et au sein du groupe « Brassica ». Ces actions à court terme permettent de maintenir aussi des interactions au sein du partenariat RAPSODYN et une connexion avec les acteurs de la recherche finalisée privée, et enfin, elles sont aussi opportunité de formation par la recherche, via l'encadrement de stagiaires.

A moyen et plus long terme, il s'agit d'élargir et d'infléchir mes thématiques pour répondre aux questions que pose la transition agro-écologique à la sélection variétale du colza, plus largement que l'efficience d'utilisation de l'azote minéral. Le colza est devenu une culture majeure des assolements en France (1.08 Mha en 2020), stimulée depuis 15 ans par le marché du biodiesel et l'effort de création et

de renouvellement variétal (développement des hybrides). Néanmoins, le colza voit ses surfaces diminuer régulièrement depuis 2015 (-25.1% par rapport à la sole moyenne cultivée entre 2015 et 2019). Cette diminution s'explique en partie par des problèmes d'implantation (semis dans des conditions sèches) et des problèmes de végétation à l'automne (dégâts d'insectes comme l'altise ou le charançon) et/ou pendant l'hiver (froid/gel). Le colza a de vrais atouts au sein d'une rotation : cette culture produit de l'huile et contribue aussi à l'autonomie protéique de l'élevage *via* la production de tourteaux, elle remplit différents services écosystémiques en contribuant à la diversification des rotations, à l'amélioration de l'état organique et de la couverture des sols, et à la limitation des adventices et des agents pathogènes des céréales à paille qui suivent le colza dans la rotation. C'est en outre une espèce mellifère promouvant la biodiversité des insectes dans les parcelles. Pour réfléchir aux rôles du levier variétal dans le cadre de la mise en place des pratiques agroécologiques chez le colza et les traduire en question de recherche, on peut utiliser les observations faites dans le cadre de l'agriculture biologique.

En agriculture biologique, les principales contraintes de la culture du colza sont les dégâts des insectes automnaux, la concurrence par rapport aux adventices et la gestion/valorisation de l'azote (organique) par la culture, notamment en début de cycle pour assurer une bonne implantation (Valantin-Morison *et al*, 2007). Comme pour la culture en système conventionnel, il ne faut pas oublier l'impact du changement/dérèglement climatique et la co-occurrence de stress abiotiques (rayonnement, température, hydriques, …) et leurs conséquences en termes d'instabilité de rendement, (Fig 23). Ainsi l'objectif aujourd'hui n'est plus uniquement de proposer des variétés avec de meilleures performances moyennes, mais bien de garantir à l'agriculteur, via le choix variétal, une régularité de rendement, une optimisation des services écosystémiques rendus et une limitation des dysservices. Les principales solutions de reconception apportées sont la culture en couvert associé avec des légumineuses (pour environ 25% des surfaces cultivées en bio) et le décalage des dates de semis vers des semis plus précoces. Contrairement au blé, il n'existe pas encore de mention « variétés adaptées aux conditions de l'agriculture biologique » au catalogue, cependant on peut noter que les principaux critères pris en compte dans le choix variétal sont les suivants : la résistance aux maladies, la sensibilité à l'élongation, la rapidité de la levée et la vigueur au départ (lutte contre les adventices et les attaques de ravageurs) (source ITAB). L'objectif étant principalement de désynchroniser la phase sensible du colza (de levée au stade 4 feuilles) des attaques d'insectes à l'autonme. Ceci étant d'autant plus efficace que la variété « vigoureuse » est associée à une date de semis précoce, et/ou des pratiques de couverts associés (Lorin *et al*, 2015). Les questions de nutrition (azotée) restent centrales dans ces systèmes où la disponibilité pour la plante de l'azote apporté (sous forme organique) est fluctuante, remettant au centre les problématiques liées à l'exploration du sol par le compartiment racinaire ainsi que le rôle des interactions plante x rhizosphère. Ces dernières interactions peuvent avoir un rôle sur beaucoup plus de fonctions que les seules fonctions de nutrition (résistance aux bioagresseurs par exemple).

Mon projet de recherche va porter sur trois volets complémentaires :

1) Poursuivre l'analyse des interactions génotype x environnement en l'élargissant aux interactions génotype x environnement x conduite pour répondre aux enjeux concernant l'instabilité des rendements dans des systèmes agricoles variés et variant.
2) Investiguer les déterminants génétiques impliqués dans le contrôle de la vigueur et leur interaction avec les pratiques, et ce pour permettre à la culture de colza de se maintenir dans les rotations malgré sa sensibilité à l'autonome aux ravageurs et aux adventices.
3) Continuer, en collaboration avec Céline Richard-Molard (UMR ECOSYS) l'exploration de l'architecture racinaire dans un contexte nutritionnel contraint, tout en élargissant cette

thématique à l'analyse des interactions plante x rhizosphère, via des collaborations avec Christophe Mougel (UMR IGEPP) et Edith Le Cadre (UMR SAS).

1 Analyse des interactions Génotype x Environnement x Pratique

Dans le cadre du projet RAPSODYN et de la thèse d'Erwan Corlouer, nous avons pu initier une étude des interaction génotype x environnement en se basant sur le large réseau d'expérimentations mis en place entre les différents partenaires. Après une première caractérisation basée uniquement sur des indicateurs pédoclimatiques (Corlouer *et al*, 2019), la démarche a été étendue aux essais conduits en fertilisation azotée limitante en ajoutant des indicateurs « azotés » basés sur des dires d'experts et se basant principalement sur une caractérisation des quantités d'azote apportées, ainsi qu'une caractérisation climatique spécifique au moment des apports (stage de Romain Rio, 2019 ; Corlouer et al. in prep). L'état physiologique du couvert n'a pu être caractérisé uniquement qu'après la montaison suite à un prélèvement destructif. La dynamique de disponibilité de l'azote pour la plante est multifactorielle, elle va dépendre de la quantité et de la forme d'azote apporté, des conditions hydriques et de température à l'automne et pendant l'hiver (minéralisation de l'azote organique présent dans le sol), du statut hydrique du sol et de la profondeur d'exploration racinaire (accès à la ressource), de la dynamique de sénescence foliaire et de recyclage de l'azote présent dans les feuilles chutées, ainsi que du bouclage du cycle de l'azote (et du carbone) au sein de la rhizosphère (Recous *et al*, 2017).

Les modèles de culture permettent d'intégrer les connaissances sur le fonctionnement de la culture dans son environnement (sol, climat, pratiques) et de simuler à pas de temps régulier l'état du couvert (croissance de la culture, accumulation d'azote et de carbone, mise en place des organes et élaboration du rendement) ainsi que de l'environnement (sol principalement) grâce au renseignement de variables d'entrée (pratiques culturales : date et densité de semis, fertilisation, précédent cultural, caractéristiques phénologiques, caractéristiques du sol : réserve utile, texture, contenu en N organique, profondeur maximale d'enracinement, et caractéristiques climatiques : température, rayonnement, ETP, pluviométrie,…). L'utilisation de tels modèles permet de simuler des indicateurs environnementaux à pas de temps régulier sans avoir recours à des prélèvements destructifs, et ainsi de décrire en dynamique le statut azoté des essais considérés. Peu de modèles de culture sont disponibles pour le colza d'hiver, et nous avons choisi d'utiliser le modèle AZODYN-COLZA (Jeuffroy *et al*, 2006) qui a pour spécificité d'avoir été construit en mettant au centre du modèle les flux de carbone et d'azote. Le modèle AZODYN-COLZA comporte un module « plante » simulant la croissance de la culture, l'évolution de son indice foliaire et son accumulation d'azote ainsi que la chute des feuilles et leur devenir, un module « sol », décrivant la disponibilité de l'azote minéral dans le sol et les transferts d'eau dans le sol, ces modules permettant de simuler l'élaboration du rendement et la qualité des graines. Ce modèle ne permet pas d'inclure de variabilité génétique à l'échelle de ses paramètres et ainsi de pouvoir simuler le rendement de différentes variétés dans différents scénarios pédoclimatiques x pratiques, mais il permet d'estimer différents indicateurs environnementaux tels que l'indice de nutrition azoté qui pourront nous permettre de décliner des indicateurs azotés sur l'ensemble des périodes du cycle de culture. Cependant, des premières simulations obtenues dans le cadre du projet RAPSODYN ont mis en évidence que les INN simulés, notamment en début de cycle, étaient différents des INN observés (comm pers S Faure, Innolea). Pour pouvoir mener à bien l'ensemble de cette démarche d'analyse des IGEC deux actions ont été engagées en collaboration avec différents partenaires :

- Une amélioration du modèle AZODYN-COLZA pour pouvoir simuler des INN tout au long du cycle

- Une intégration des INN simulés par AZODYN pour définir des nouveaux indicateurs et les intégrer dans la démarche d'identification des facteurs limitant le rendement et d'analyse des IGEC.

La **première action** est réalisée dans le cadre du projet Carnot Plant2Pro « INNCOLZA » porté par Terres Inovia en partenariat avec l'IGEPP et l'UMR Agronomie. L'hypothèse testée dans ce projet est que la courbe de dilution de l'azote définie pour le colza (Colnenne *et al*, 1998) surestime les INN. Les valeurs d'INN varient théoriquement entre 0 et 1,4. En effet, Colnenne *et al*. (1998) ont paramétré une courbe maximale et minimale autour de la courbe de dilution. Sur la courbe maximale les valeurs atteignent entre 1,3 et 1,4. Toutefois, les valeurs d'INN sur les données acquises sur des expérimentations menées dans le programme RAPSODYN dépassent largement et fréquemment ces valeurs maximales. Le projet INNCOLZA vise donc à réexplorer la courbe de dilution de l'azote chez le colza en testant d'autres courbes génériques (Lemaire *et al*, 2008, Greenwood *et al*, 1990) par exemple à l'aide de jeux de données historiques obtenus dans des conditions pédoclimatiques contrastées, avec différents niveaux de fertilisation azotée (données issues de RAPSODYN et des essais de Terres Inovia). A l'issue de ce projet, si une courbe de dilution permet une meillleure estimation du statut azoté du couvert, elle pourra être intégrée dans le modèle AZODYN-COLZA.

La **deuxième action** est réalisée dans le cadre du projet RAPSODYN en collaboration avec Innolea. Il s'agit ici de mobiliser AZODYN pour définir de nouveaux descripteurs environnementaux et de pratiques. Il s'agira ici d'utiliser pleinement le module sol du modèle AZODYN-Colza pour définir des indicateurs pédoclimatiques journaliers à agréger ensuite sur chacune des périodes, ainsi que des indicateurs de statut azoté, en fonction de la capacité d'AZODYN-Colza a bien simuler les INN, dès le début de cycle (cf première action décrite au-dessus). La démarche d'envirotypage pourra alors être reconduite pour le nouveau set d'indicateurs et comparée aux résultats obtenus précédemment basés sur des indicateurs « N » définis à dires d'experts (Corlouer *et al*, 2019). Cette action va permettre de tester la robustesse de ces étapes d'envirotypage et de poser les bases pour étudier le comportement et la stabilité de génotypes (ou combinaisons de QTL) dans différents scénarios de combinaisons environnement x pratiques.

Enfin, ces résultats et problématiques de caractérisation de réseaux d'expérimentation chez le colza permettront de nourrir les réflexions multi-espèces menées dans le cadre du projet RESO (financement CASDAR « Semences et Sélection Végétale » 2020, coordination : GEVES) pour imaginer collectivement les réseaux d'évaluation pour inscrire des variétés agroécologiques au catalogue.

Ce premier volet de mon projet de recherche se place en continuité avec les actions menées dans le cadre de la thèse d'Erwan Corlouer sur les interactions Génotype x Environnement et permet de produire des connaissances et des outils pour analyser les bases de la stabilité. Ici, il s'agit de répondre aux enjeux d'adaptation au réchauffement climatique et à ses interactions avec les pratiques via des démarches d'efficience (remplacement des variétés par des variétés plus stables), voire de substitution, ou de reconception si la mise en place de ces variétés est subordonnée à un changement de pratiques (remplacement de l'azote minéral par de l'azote organique dont pourra tenir compte AZODYN-COLZA dans l'estimation des descripteurs) ou bien à une augmentation de la place du colza dans les rotations. Les actions menées dans ce volet sont majoritairement des actions collaboratives s'inscrivant dans un réseau français de recherche publique-privée et permettent d'assurer un transfert de connaissances et de savoir-faire avec à la fois par et vers des acteurs de la recherche publique et du développement (UMR AGRONOMIE, Terres Inovia, GEVES), mais aussi avec les semenciers (partenaires de RAPSODYN et Innolea).

2 Investigation des déterminants génétiques de la vigueur

2.1 Contexte scientifique

Dans ce deuxième volet, les actions de recherche proposées visent à acquérir des connaissances sur le déterminisme génétique de la vigueur chez le colza. La vigueur est le caractère phénotypique qui conditionne la qualité de l'implantation. Les dernières années (semis 2016-2018) ont été marquées par des conditions climatiques souvent défavorables en fin d'été (sécheresses suivies de fortes pluies), provoquant une émergence et une implantation difficile, ce qui a rendu encore plus poignant l'intérêt de travailler sur ce caractère. De plus, des résultats préliminaires suggèrent que des variétés plus vigoureuses sont plus tolérantes aux dégâts d'insectes (Elliott *et al*, 2008) et aux dégâts du froid (Ghassemi-Golezani *et al*, 2008). Pour améliorer le développement de la culture à l'automne (et les capacités de reprise à la sortie de l'hiver), les principales adaptations observées dans les pratiques des exploitations en agriculture biologique consistent à avancer les dates de semis à l'automne (Gusta *et al*, 2004) et à associer le colza à une plante de service de type légumineuse gélive (Verret *et al*, 2017). Des génotypes « vigoureux » doivent donc être pensés et testés en combinaison avec ces pratiques. Ainsi la culture d'une légumineuse gélive en association avec le colza va provoquer des phénomènes de compétition et/ou de facilitation : la légumineuse interfère avec l'environnement lumineux perçu par le colza, et peut ainsi influencer la production du carbone (effets d'ombrage et d'adaptation de l'architecture aérienne), interagit avec le système racinaire, et peut ainsi modifier l'architecture racinaire et l'efficience d'absorption de l'azote du colza, et enfin est une source d'azote organique après l'hiver module également la ressource azotée disponible.

La vigueur est un caractère phénotypique qui revêt plusieurs acceptions. Au sens premier, elle correspond à la capacité des plantes à se développer, mais elle peut se décliner en plusieurs composantes : i) la vigueur à la levée ou germinative (développement entre le semis et la levée) ii) la vigueur au départ (développement entre la levée et le stade 3-4 feuilles), iii) la vigueur automnale (entre le stade 3-4 feuilles et l'entrée en hiver) et iv) la vigueur de reprise à la sortie de l'hiver.

La vigueur germinative correspond à la capacité de la graine à germer rapidement et à former une plantule normale dans une large gamme de conditions environnementales. Elle peut s'estimer jusqu'à 14 jours après le semis, notamment par des mesures de biomasse totale et/ou des mesures de longueur de feuille (Nguyen *et al,* 2018 ; Soltani *et al,* 2017). La vigueur germinative peut être phénotypée à haut-débit, en ayant recours à des dispositifs en boîtes de Pétri verticales (Louvieaux *et al*, 2016) ou à des plateformes dédiés (Thomas *et al*, 2016), comme la plateforme Phenotic (Demilly *et al.*, 2014). Des différences de vigueur germinative ont ainsi été observées entre génotypes et entre lots de semences (Hatzig *et al*., 2018b). La vigueur germinative est largement impactée par la composition de la graine, sa maturité et son état physiologique (Wagner *et al,* 2012b ; Gu *et al,* 2019, Hatzig *et al*, 2018a,b ; Hatzig *et al*., 2015), mais peu de travaux ont étudié le déterminisme génétique de la vigueur germinative chez le colza (Zhang *et al*., 2015 ; Boter *et al*., 2019). A ce jour, aucune étude ne décrit l'impact de conditions sous-optimales sur l'expression de ces déterminants.

Chez le colza, la vitesse de germination d'un lot de graines est corrélée à l'homogénéité de levée au champ (Matthews *et al*, 2012). Cependant, comme certains génotypes différant pour la vigueur

germinative présentent des vigueurs de départ identiques, il est important de distinguer le rôle des différentes vigueurs en fonction des phases de développement (Zhang *et al*, 2015). Après la levée, la vigueur est caractérisée par la capacité de la plante à élaborer sa biomasse et résulte donc d'une gestion efficace des flux de carbone et d'azote par la plante. Les processus candidats liés à la vigueur automnale concernent i) l'acquisition des ressources hydrominérales durant les stades végétatifs, (déploiement de l'architecture racinaire et l'efficience d'absorption d'azote notamment), ii) la mise en place de l'architecture aérienne (production de carbone), et iii) les pertes en carbone et en azote du système. Outre la respiration, les phénomènes de rhizodéposition représentent une part importante des pertes en carbone puisqu'en moyenne 17 % du carbone net fixé (5 à 30%) n'est pas directement utilisé par la plante pour sa croissance mais est rhizodéposé dans le sol, principalement sous forme d'exsudats et de composés organiques volatils (Nguyen, 2003). L'exsudation racinaire n'est pas seulement une perte pour la plante, mais constitue également un facteur clé du recrutement du microbiome rhizosphérique associé à la plante, qui permet d'assurer en retour d'autres services à la culture (minéralisation de l'azote organique, augmentation de la résistance aux pathogènes...). La vigueur s'exprime finalement par la résultante des trade-offs entre ces processus, consentis par la plante pour aboutir au phénotype le plus adapté possible, selon ses caractéristiques génétiques et les conditions environnementales qu'elle perçoit.

Pour l'ensemble de ces processus, caractériser la variabilité génétique est la première étape dans la démarche de sélection, visant à identifier à terme les combinaisons de traits les plus favorables à la vigueur. Il s'agit ensuite de valider l'intérêt de ces combinaisons avec les pratiques cibles et d'identifier les connaissances (gènes et QTL impliqués dans le contrôle de la vigueur) ainsi que les outils (méthode de phénotypage, et outils d'aide à la sélection : marqueurs, équations de prédiction génomique ou phénomique, …) pour permettre à la filière de proposer de nouvelles variétés adaptées à ces enjeux.

Pour répondre à ces questions, deux actions ont été initiées en mobilisant un partenariat académique et professionnel

- Le projet **NAVIG** (coordination A Laperche et N Nesi, partenaire : E Le Cadre, UMR SAS, budget : 143 k€) financé par l'AAP Promosol (2021-2024) qui cible particulièrement la vigueur germinative et son impact sur la vigueur au départ
- Le projet **VIGO** (coordination A Laperche, partenaires : Terres Inovia, UMR ECOSYS, UMR EVA, GIE ProColza, GEVES, soumission prévue : 2021, budget : 278 k€) qui cible la vigueur au départ et la vigueur à l'automne.

2.2 Analyse de vigueur germinative et de la vigueur au départ

Dans le projet **NAVIG**, la question est d'identifier les locus impliqués dans le contrôle de la vigueur germinative ainsi que dans la vigueur au départ (jusqu'au stade 4 feuilles), en s'assurant de l'intérêt de ces régions dans un contexte de couverts associés ou de semis décalé ainsi que pour les germplasmes utilisés en sélection.

Une **première action** va consister à phénotyper de manière exhaustive la vigueur germinative (en utilisant la plateforme de phénotypage haut-débit PHENOSEM du GEVES), ainsi que la vigueur au départ à l'aide d'un dispositif en tunnel, et ce pour deux lots de génotypes identifiés comme « très vigoureux » (VIG+) et « peu vigoureux » (VIG-). La comparaison de ces deux lots permettra de hiérarchiser les traits fonctionnels impliqués dans la vigueur et pour lesquels une analyse génétique sera conduite. **Une deuxième action** va consister à identifier les QTL contrôlant les caractères identifiés lors de l'action précédente. Les études de génétique d'association menées précédemment sur le rendement (Bouchet

et al, 2016, et projet RAPSODYN) ont mis en évidence une faible diversité génétique au sein du panel de colzas oléagineux d'hiver (WOSR), se traduisant par une faible puissance dans la détection des QTL. De plus, au sein de ce panel « WOSR » le déséquilibre de liaison est relativement étendu, se traduisant par des intervalles de confiance importants pour les QTL détectées (en général une centaine de gènes candidats compris dans l'intervalle de confiance). Avantageusement, les méthodes de phénotypage sur la plateforme PHENOSEM, ou dans des bacs aux stades jeunes permettent de phénotyper de manière simultanée des lignées d'hiver et des lignées de printemps, des rutabagas et des colzas fourragers ce qui permet d'enrichir significativement la diversité génétique étudiée. De plus, les méthodes de phénotypage étant plus rapides (pas de nécessité de finir l'ensemble du cycle au champ), cela permet d'augmenter la taille du panel d'étude. L'analyse génétique de la vigueur germinative et de la vigueur précoce va reposer sur deux approches complémentaires : **une analyse GWAS** basé sur un panel de 250 accessions enrichi avec des colzas de printemps et une analyse de l'apport de la **diversité génétique interspécifique**. Pour cela les haploïdes doublés obtenus dans le cadre du projet RAPSODYN à partir des semi-synthétiques ayant introgressé de la diversité génétique à partir de populations de navette et de choux seront phénotypées (cf paragraphe § 5 du bilan). La combinaison de ces deux approches devrait permettre de lever les limites rencontrées précédemment en génétique d'association. *In fine*, la validation de l'intérêt de ces régions génomiques pour des variétés hybrides sera testée en comparant la composition en allèles favorables aux locus identifiés pour les hybrides qualifiés de VIG+ et les hybrides qualifiés de VIG-.

Une troisième action étudie les corrélations entre vigueur germinative et vigueur au départ, et l'impact de la vigueur germinative et de la vigueur au départ, combinées à des pratiques agroécologiques, pour la tolérance de la culture aux dégâts d'insectes en conditions réelles de production (combinaisons de stress abiotiques et de contraintes nutritionnelles). Les lignées phénotypées dans le cadre de l'analyse GWAS et montrant des contrastes pour la vigueur germinative et/ou la vigueur au départ seront expérimentées sur la plateforme PHENOSEM sur une durée plus longue pour couvrir la transition de la phase hétérotrophe à la phase autotrophe de la plantule. L'analyse conjointe de ces données et des données produites dans la deuxième action permettra de tester les corrélations de traits sur le continuum vigueur germinative - vigueur précoce jusqu'au stade 4 feuilles. Ces lignées seront aussi expérimentées sur le domaine expérimental du Rheu, dans des conditions « zéro pesticide » dans un dispositif permettant de tester les interactions génotype x pratiques. Les modalités testées seront la date de semis (précoce *vs* tardif) et la culture en association (pur *vs* associé à une légumineuse gélive). Les expérimentations seront poursuivies jusqu'à la récolte afin d'acquérir les rendements en grains. Des notations d'élongation et de dégâts d'insectes seront réalisés pour mettre en évidence des potentiels trade-offs. Enfin, un suivi environnemental des expérimentations permettra de caractériser les conditions pédoclimatiques de chaque essai, comme décrit dans Corlouer *et al.* (2019). A l'issue de ces expérimentations, en plus de la caractérisation des ressources génétiques, nous pourrons évaluer chaque variable « vigueur » pour sa capacité à discriminer les génotypes, et ce en fonction des pratiques considérées.

Une quatrième action du projet NAVIG vise à fournir des outils méthodologiques pour caractériser et prédire la vigueur germinative et la vigueur au départ. Pour cela des démarches de sélection génomique et de sélection phénomique seront comparées. L'analyse de la bilbiographie laisse fortement supposer un déterminisme polygénique de la vigueur. Si l'identification de QTL d'intérêt par GWAS permettra de caractériser certains gènes candidats sous-jacents et d'appréhender les mécanismes impliqués dans le contrôle de la vigueur, il est fort peu probable que cette démarche puisse rapidement déboucher sur des programmes de sélection assistée par marqueurs.

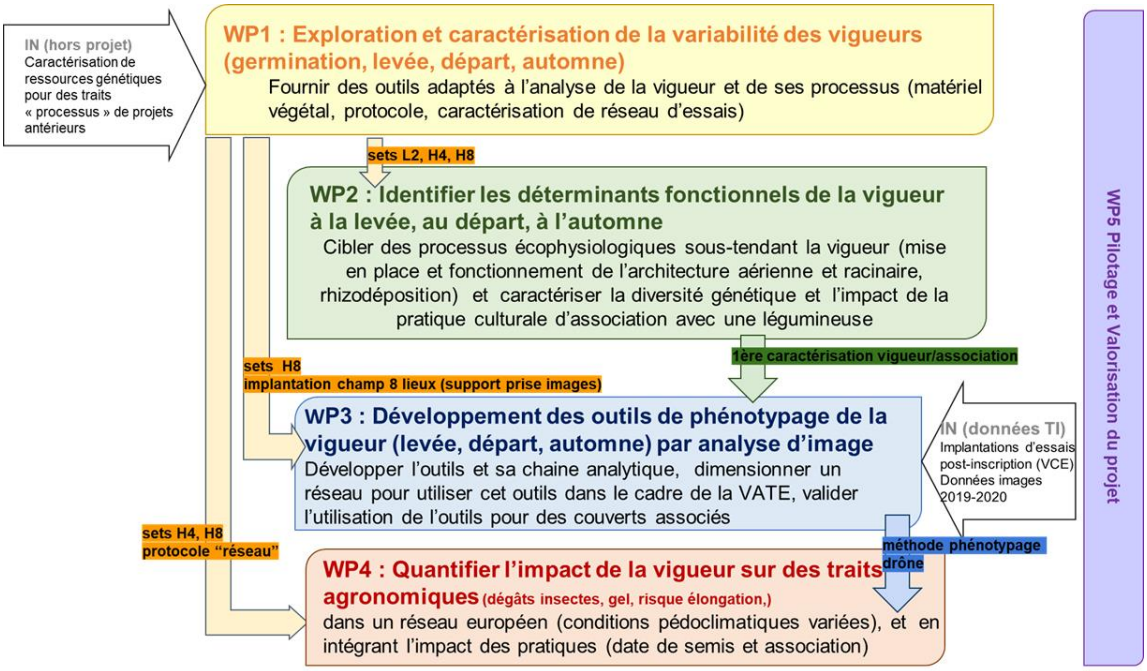


Fig 24 : **Structuration du projet VIGO (soumission AAP CASDAR 2021, coordination A Laperche).** Le projet VIGO a pour objectif de phénotyper et comprendre la vigueur du colza à l'automne pour proposer des variétés adaptées à des conduites agroécologiques. Il est organisé autour de 4 lots de tâches scientifiques. Le premier WP a pour objectif de caractériser la gamme de variabilité observée pour la vigueur (de la vigueur germinative à la vigueur à l'automne) en cumulant les effets génétiques et lots de semences. A l'issue de ce WP, des combinaisons génotypes x lots de semences contrastés pour la vigueur seront identifiés et serviront dans les WP suivants pour identifier les traits fonctionnels de la vigueur (WP2), ainsi que pour développer des outils de phénotypage au champ, haut-débit et non destructifs de la vigueur (WP3). Finalement, l'impact de la vigueur sur les cibles agronomiques (tolérance aux dégats d'insectes, dégats de gel, ...) sera testé au sein d'un large réseau d'essais représentant les différentes conditions pédoclimatiques des zones de culture du colza en Europe, ainsi qu'en combinaison avec des pratiques agroécologiques (couverts associés et semis précoces) (WP4). Le projet s'appuie sur un partenariat fédéré au sein de la filière colza (INRAe, Terres Inovia, GIE Procolza, GEVES).

En revanche, les méthodes de sélection génomique, sont prometteuses pour prédire la « breeding value » des candidats à la sélection sans nécessiter de caractériser l'ensemble des QTL et impliqués dans le contrôle du caractère (Würschum *et al*, 2014). Une approche complémentaire de sélection phénomique sera testée. Au lieu de se baser sur le profil génomique des candidats pour prédire leur « breeding value », le spectre d'absorbance de l'échantillon dans le proche infra-rouge (NIRS) est utilisé. Le spectre NIRS est principalement lié à la composition chimique de l'échantillon, qui dépend elle-même d'endophénotypes et du fond génétique. Par conséquent, le spectre NIRS est censé capturer une partie de la variance génétique (voire une partie de l'interaction génotype x environnement), et peut se substituer aux données moléculaires pour faire des prédictions de phénotypes (Rincent *et al.*, 2018) de manière moins couteuse.

2.2 Analyse de la vigueur au départ et de la vigueur à l'automne

Dans le projet **VIGO**, l'enjeu est de décrire et comprendre les mécanismes impliqués dans la vigueur (au départ et à l'automne principalement), en lien avec la variabilité génétique et les pratiques, et à développer des méthodes de phénotypage pour caractériser la vigueur au cours des processus de sélection, inscription et post-inscription.

Ce projet est structuré en 5 lots de tâches (Fig 24) : le premier lot (WP1) permet d'explorer et de caractériser la variabilité observée pour les différentes composantes de la vigueur et d'estimer la part des effets due au lot de semences de la part des effets liée au génotype. Il s'agira aussi d'identifier du matériel végétal contrasté pour la vigueur (GIE Procolza, GEVES). Ce matériel sera valorisé pour tester des processus candidats (WP2) et estimer leur sensibilité à la variabilité génétique (processus impliqués dans l'acquisition des ressources hydrominérales -mise en place et fonctionnement de l'architecture racinaire ; l'acquisition du carbone -mise en place et fonctionnement de l'architecture aérienne, fermeture du couvert et interception du rayonnement- et enfin, les pertes de carbone et d'azote par rhizodéposition) (UMR ECOSYS, UMR EVA, IGEPP). Un troisième lot de tâches est dédié à la mise en place de méthodes de phénotypage de la vigueur haut-débit et de manière non destructive au champ en mobilisant des outils de prise d'image en dynamique, ainsi que de combiner cette mise au point à une analyse de son déploiement dans des réseaux d'essais de type essais d'inscription (GEVES et Terres Inovia). Enfin, le dernier lot de tâches (WP4) a pour objectif de valider et quantifier l'impact de la vigueur sur les cibles agronomiques visées par les agriculteurs (résistance aux insectes, trade-off avec la sensibilité au froid et les risques d'élongation) à la fois dans un large réseau d'essais représentant les principales régions de culture en Europe (France, Angleterre, Allemagne, Ukraine) et pour différentes pratiques agroécologiques (UMR IGEPP, Terres Inovia, GEVES, GIE Procolza). Ce projet mobilise des approches complémentaires basées sur (i) des essais analytiques dédiés (champ ou conditions contrôlées) pour étudier les processus sous-tendant la vigueur; (ii) un large réseau d'expérimentations au champ (46 combinaisons lieu x année) permettant de caractériser la vigueur pour une large gamme de conditions pédo-climatiques et de modalités de pratiques agroécologiques, et de valider l'impact de la vigueur sur les cibles agronomiques; (iii) le développement d'outils numériques pour mettre au point des méthodes standardisées et haut-débit de caractérisation de la vigueur au champ.

Dans ce projet, mes actions vont être centrées sur l'analyse de la diversité génétique des traits candidats (WP2) sous-tendant la vigueur au départ et à l'automne ainsi que la validation de leur intérêt au champ, notamment en combinaison avec des pratiques de couverts associés et de semis précoces (WP4). Ces actions forment un continuum avec les actions du projet NAVIG centré sur les composantes plus précoces de la vigueur.

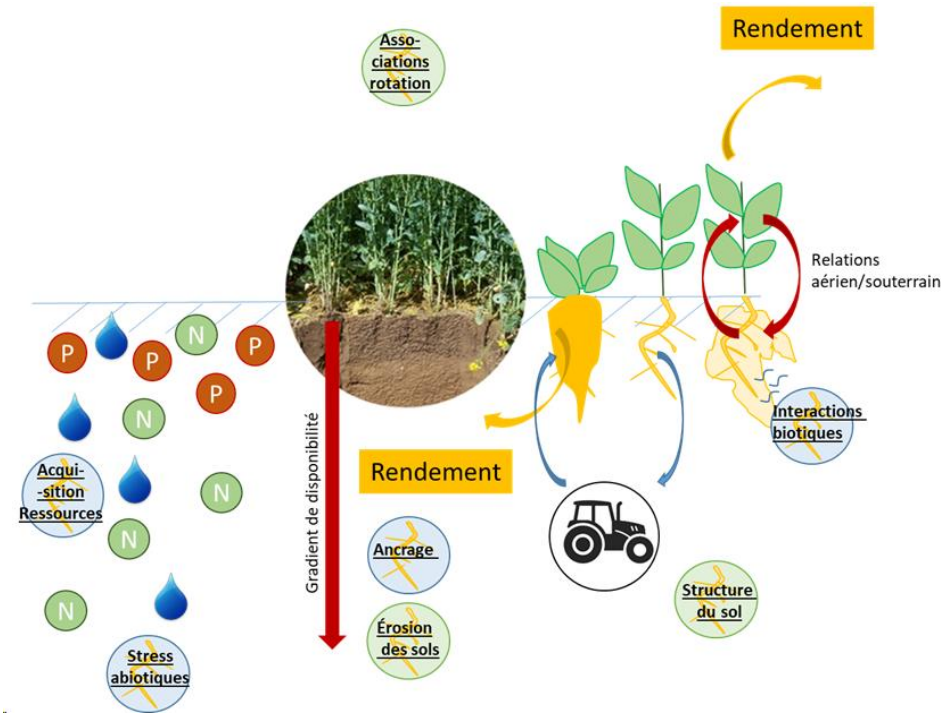


Fig 25 : **Fonctions assurées par le système racinaire** (représentées dans les bulles) **et sources de variations de son architecture**. Le système racinaire assure des fonctions pour la plante, liées à l'acquisition des ressources (eau, azote, phosphore…), l'ancrage, la réponse aux stress abiotiques (température, salinité, carence minérale...) et aux interactions biotiques, qu'elles soient pathogènes ou bénéfiques. Le système racinaire assure aussi des fonctions pour l'agroécosystème, *via* son impact sur l'érosion et la structure du sol, la mise en place de mycorhizes ou de nodosités et le stockage du carbone dans le sol. La variation spatio-temporelle des éléments du sol, ainsi que la dynamique de développement des différents compartiments de la plante modulent son architecture. (Richard-Molard *et al*, 2019)

A l'échelle du projet, il s'agira de coordonner l'ensemble des actions pour délivrer des connaissances mais aussi des outils pour caractériser la vigueur de matériel en cours de sélection ou de candidats à l'inscription.

Ces deux projets combinés vont consister le cœur de mes futures activités de recherche, et seront appuyés par la demande d'un financement de thèse auprès du département BAP (co-encadrement avec N. Nesi) pour un début en octobre 2021. Le développement de ces thématiques est aussi un ancrage pour le développement de collaborations internationales, par exemple avec l'équipe australienne de M. Nelson avec laquelle un financement INRA-CSIRO a été accepté en 2020 pour permettre des échanges.

Ce deuxième volet « vigueur » permet de contribuer à la reconception de systèmes en testant les éléments constitutifs des futures variétés, ainsi que leurs méthodes de caractérisation en combinaison avec des pratiques agroécologiques. Ce volet **correspond au cœur de mon projet de recherche et se traduit par des coordinations de projets au cours des 5 prochaines années**. Il est supporté par un projet récemment financé (NAVIG) et d'un autre projet (VIGO) en cours de soumission. Cette thématique me permet d'asseoir, d'élargir et de fédérer le partenariat avec la filière semences déjà engagé dans le cadre de projet RAPSODYN et d'initier des collaborations internationales. Cette thématique est aussi un contexte très favorable pour maintenir une dynamique de recherche au sein de l'équipe RCA, notamment via une collaboration étroite avec Nathalie Nesi (**co-encadrement d'une nouvelle thèse**), ainsi que des liens avec les autres équipes travaillant sur le colza (mise en commun et échanges autour des ressources génétiques et génomiques principalement)

3 Etude des interactions plante/sol

Le troisième volet de mon projet de recherche se positionne à l'interface plante/sol à la fois en terme d'efficience (investiguer le compartiment racinaire et ainsi l'accès de la plante aux ressources édaphiques en lien avec l'efficacité d'utilisation des minéraux) mais aussi de substitution : optimiser les interactions plante/rhizosphère permet d'optimiser les services rendus à la plante et à l'agrosystème, et de substituer des intrants chimiques par la valorisation de ces interactions écologiques. Le système racinaire assure l'ancrage de la plante dans le sol et l'acquisition des ressources minérales et hydriques nécessaires à sa croissance, à ce titre, il détient la capacité d'adaptation, voire de survie, de la plante dans un environnement abiotique défavorable, en modulant son déploiement et/ou son fonctionnement en réponse à des stress abiotiques (température, salinité, submersion, carence minérale...). Le système racinaire est également le vecteur de l'interaction biotique entre la plante et la rhizosphère ou la macrofaune, qu'elle soit bénéfique (nodosités, mycorhizes, vers de terre...) ou non (agents pathogènes telluriques, ravageurs des racines) (Fig 25). L'ensemble des mécanismes mobilisables par la plante (modification de son système racinaire, établissement d'interactions positives avec des organismes du sol, notamment grâce au processus de rhizodéposition) confèrent aux plantes une capacité d'adaptation aux stress biotiques et abiotiques, et rendent des services à l'agrosystème, comme le stockage du carbone (*via* le microbiote du sol) , la prévention de l'érosion physique des sols et la modification de leur structure et de leur fertilité *via* la présence de racines (Carof *et al*., 2018, Richard-Molard *et al*, 2019). Le microbiome varie en fonction des espèces cultivées, soulignant l'intérêt d'augmenter la diversité des espèces cultivées au sein des rotations, et il a aussi été montré que le microbiome varie au sein d'une même espèce d'un génotype à l'autre. Cette variabilité génétique intraspécifique a été mise en évidence chez le maïs (Peiffer *et al*., 2013 ; Emmett *et al*., 2017), le riz (Edwards *et al*., 2015) et *Medicago truncatula*

(Zacarini *et al*, 2012, Zacarini *et al*, 2013). En fonction du génotype cultivé, les microbiomes varient et présentent des fonctions différentes notamment liées au cycle de l'azote et à la fourniture d'azote à la plante. La sélection de génotypes présentant des microbiotes rhizosphériques plus efficaces dans la gestion de l'azote ou la compétition par rapport aux agents pathogènes, représente une piste intéressante pour diminuer les doses d'engrais chimiques apportées aux cultures (Wissuwa *et al*., 2009).

Dans ce dernier volet de mon projet, il s'agit, au travers de **collaborations** (avec les groupes de C. Mougel –IGEPP-, E. Le Cadre -UMR SAS- et Céline Richard-Molard –UMR ECOSYS), de mettre en place des actions pour estimer la variabilité génétique présente et utilisable chez *Brassica napus* pour optimiser ces interactions plante/sol. En fonction des projets, des actions seront aussi engagées pour aller décomposer plus finement l'interaction entre le génome du colza et celui du microbiote. Mes actions de recherche collaboratives s'articulent autour de deux points :

1) Le contrôle génétique de l'architecture racinaire (Collaboration C. Richard-Molard)
2) L'impact de la diversité génétique intraspécifique sur la composition du microbiote de la rhizosphère et la décomposition des interactions génomiques plantes/microbiote (collaborations avec l'équipe de C Mougel, IGEPP, et Edith Le Carde, UMR SAS)

3.1 Contrôlé génétique de l'architecture racinaire

Au cours de la thèse de Victor Vasquez-Carrasquer, il a été montré que l'efficience d'absorption de l'azote contribue majoritaire à l'efficacité d'utilisation de l'azote pendant la phase végétative (Fig 8), mais aussi qu'elle continue d'y contribuer de manière significative après la floraison et ce, d'autant plus que la fertilisation azotée a été limitante. Nous avons pu mettre en évidence que les différences génotypiques en terme NUpE étaient majoritairement dues à des différences de longueur cumulée de racines fines plutôt qu'à des différences de SNU (specific nitrogen uptake), c'est-à-dire de quantité d'azote absorbé par unité de longueur racinaire. Des travaux menés par l'équipe de Céline Richard-Molard en collaboration avec Loïc Pagès ont aussi démontré l'intérêt du modèle ArchiSimple (Pagès *et al*., 2014) pour identifier par modélisation les traits fonctionnels impliqués dans le déterminisme de l'architecture racinaire chez le colza et tester leur variabilité génétique. A l'aide d'un set de 6 génotypes, une variabilité génétique a été mise en évidence pour les paramètres du modèle liés aux diamètres apicaux des racines, à la distance inter-ramification, et à la vitesse d'élongation relative, calculée comme la vitesse d'élongation d'une racine rapportée à son diamètre (Carpentier et al, com pers). Ces différences expliquent des différences de mises en place de l'architecture racinaire et donc des stratégies d'exploration du sol différentes entre les génotypes (Richard-Molard *et al*, 2019).

Dans cette action, l'objectif est de continuer à investiguer les déterminants génétiques impliqués dans l'exploration du sol par le système racinaire pour accéder aux ressources édaphiques. En se basant sur les données produites sur la plateforme 4PMI où une population en ségrégation a été phénotypée à des stades précoces, des analyses de liaison pourront être menées à la fois sur des paramètres obtenus par des analyses en dynamiques des scan racinaires réalisés sur les rhizotrons en cours de culture (volume de sol exploré, vitesse de croissance de la racine principale, données d'architecture et d'angles racinaires…) (Jeudy *et al*, 2016) et sur les paramètres du modèle ArchiSimple mesurés manuellement à l'aide de scan à haute résolution des systèmes racinaires lors du prélèvement final. L'acquisition des données « ArchiSimple » est pratiquement terminée, par contre des mises au point méthodologiques sont encore nécessaires pour l'analyse des scans réalisés automatiquement en cours de culture.

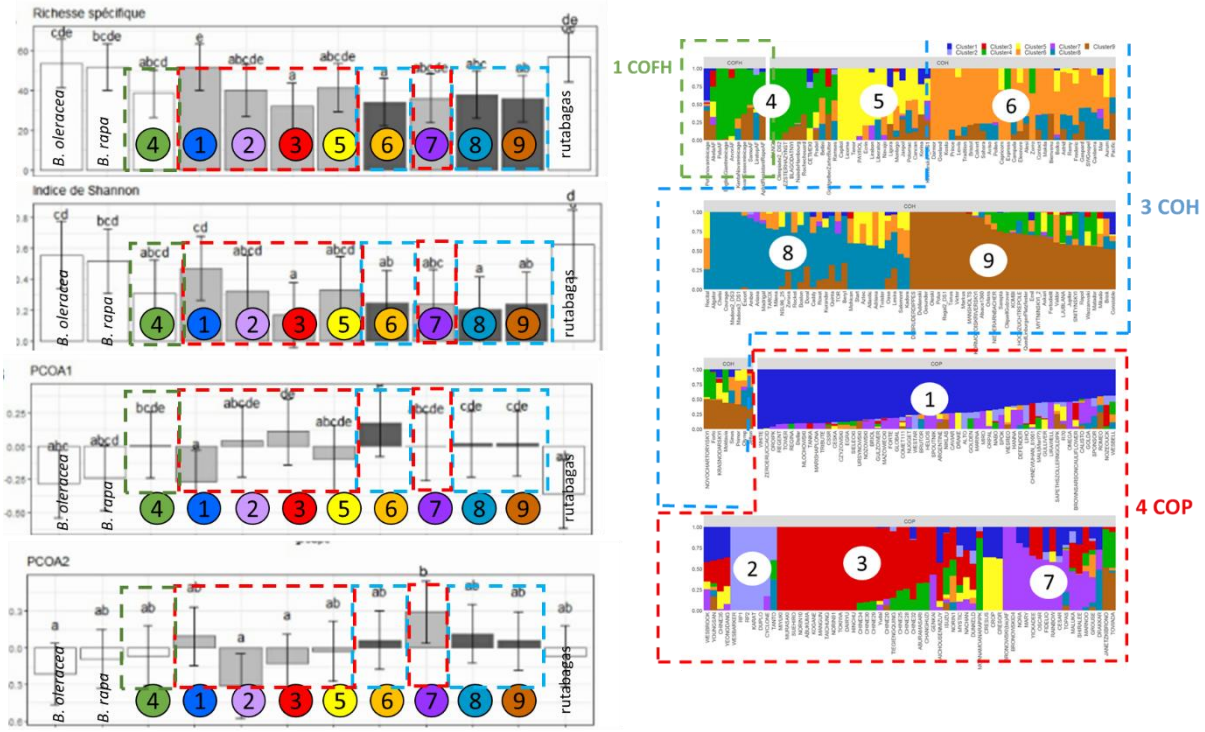


Fig 26 : **Analyse de la diversité génétique présente au sein du panel** de 293 accessions de colza, 10 rutabagas,11 *B. oleracea* et 12 *B. rapa* utilisés dans le projet MAGNUM. La figure de droite représente la structuration de la diversité génétique obtenue à l'aide des données de génotypage du panel basées sur la puce 60K (Clarke *et al*, 2016). 9 groupes ont été définis à l'aide du logiciel admixture. 3 groupes correspondent à des colzas d'hiver (COP) (groupes 6,8,9), 4 groupes correspondent à des colzas de printemps (COH) (1,2,3,5,7) et le groupe 4 correspond à des colzas fourragers (COFH). Sur les figures de gauche sont représentés les indices d'alpha-diversité (indice de Shannon et richesse spécifique) et les indices e béta-diversité (axe de PcoA) du microbiote rhizosphérique observé pour les différentes accessions du panel et leur variation au sein des différents groupes (issus de l'analyse admixture), ainsi qu'entre les accessions de *B.oleracae*, *B rapa* et les rutabagas. Les numéros ont été rajoutés sur les boxplots en relation avec les groupes de structuration présentés sur la figure de droite. Sont entourés en bleu les groupes de colzas d'hiver et en rouge les groupes de colzas de printemps.

3.2 Analyse génétique des interactions plante/rhizosphère

La rhizosphère est une zone de sol particulièrement importante : l'activité microbienne y est de 2 à 20 fois supérieure à celle d'un sol non influencé par l'activité racinaire (Kuzyakov *et* Blagodatskaya, 2015). L'apport continu de carbone favorise le développement d'une activité microbienne intense au voisinage des racines, mais permet également aux plantes d'interagir avec les bactéries et les autres organismes du sol. Au vu des multiples interactions au sein de la rhizosphère, la plante ne doit donc pas être considérée comme isolée et autonome (Vandenkoornhuyse *et al*., 2015). Une vision plus holistique de son fonctionnement doit s'imposer car le phénotype des plantes est la conséquence de la plante elle-même mais également des symbiontes et des organismes qu'elle héberge. Il faut dès lors envisager la plante comme un super organisme ou *holobionte* dont le génome est étendu à celui de son microbiome. Diminuer l'utilisation d'intrants chimiques, notamment de pesticides, et limiter les impacts de l'agriculture sur l'environnement, doit se traduire par une optimisation de ces interactions plante/microbiote, à la fois en travaillant sur une composition microbienne optimisée pour la plante d'intérêt, ainsi qu'en sélectionnant des variétés optimisées pour leur interaction avec les microbes, c'est-à-dire capables d'attirer et de maintenir des communautés microbiennes bénéfiques (Trivedi *et al*, 2017).

Dans cette partie nous avons initié, avec Christophe Mougel et son équipe, une collaboration pour étudier l'interaction génotype/microbiote de la rhizosphère chez le colza et étudier les bases génétiques de la plante qui impactent sa capacité à recruter les microorganismes de sa rhizosphère (à la fois en termes de diversité taxonomique, mais aussi de diversité fonctionnelle). Dans une première étude (projet MAGNUM, Carnot Plant2Pro, 2017) une large gamme de diversité génétique a été testée à des stades précoces (8 semaines après semis) pour sa capacité à sélectionner une communauté microbienne particulière à partir d'un réservoir identique de diversité hébergé dans le sol. 120 colzas oléagineux de printemps, 173 colzas oléagineux d'hiver, 10 rutabagas et colzas fourragers ainsi que des représentants des deux espèces progénitrices du colza *B. oleracea* et *B. rapa* ont été mis en culture pendant 4 semaines (stade 6 feuilles environ) dans un phytotron sur le même sol riche en matière organique issu d'une parcelle du Domaine de la Motte, Le Rheu. Les communautés bactériennes et fongiques ont été caractérisées pour chaque génotype par technique de barecoding ITS (communautés fongiques) et gyrB (communautés bactériennes) (Recous *et al*, 2017). Les premiers résultats sont disponibles pour les communautés fongiques et ont mis en évidence une faible alpha et béta-diversité entre les génotypes (héritabilité entre 13% et 16%). Les différentes accessions diffèrent donc peu en termes de nombre d'OTU représentées, mais principalement en fonction des quantités relatives de chacune des OTU. Les variations entre accessions pour chacune des OTU se traduisent par des héritabilités faibles à moyennes (h^2 comprises entre 0 et 52%). De manière intéressante, cette première analyse a mis en évidence une faible diversité génétique au sein de colzas oélagineux d'hiver (germplasme employé dans les programmes de sélection en Europe de l'Ouest), alors que les accessions de type printemps, ainsi que les espèces progénitrices *B. rapa* et *B. oleracea* semblent constituer un réservoir de diversité génétique intéressant, notamment en vue de programmes de pre-breeding (Fig 26). Ces premiers résultats permettent aussi de poser les bases pour les prochaines analyses génétiques des interactions colza/microbiote, notamment en termes de stratégie de détection de QTL, de panel de diversité à considérer etc…. Avec les données déjà disponibles des premières analyses GWAS ont été conduites et ont permis d'identifier quelques zones génomiques préliminaires, mais pour la grande quantité de traits considérés, les faibles héritabilités des traits individuels ainsi que le relatif appauvrissement du pool « hiver » en termes de diversité génétique posent des questions méthodologiques d'analyse des caractères polygéniques (intérêt des analyses multi-traits notamment). L'ensemble de ce *corpus* de données continue a être analysé dans le cadre du post-doctorat de Julie Ferreira de Carvalho (oct-2020-dec 2021).

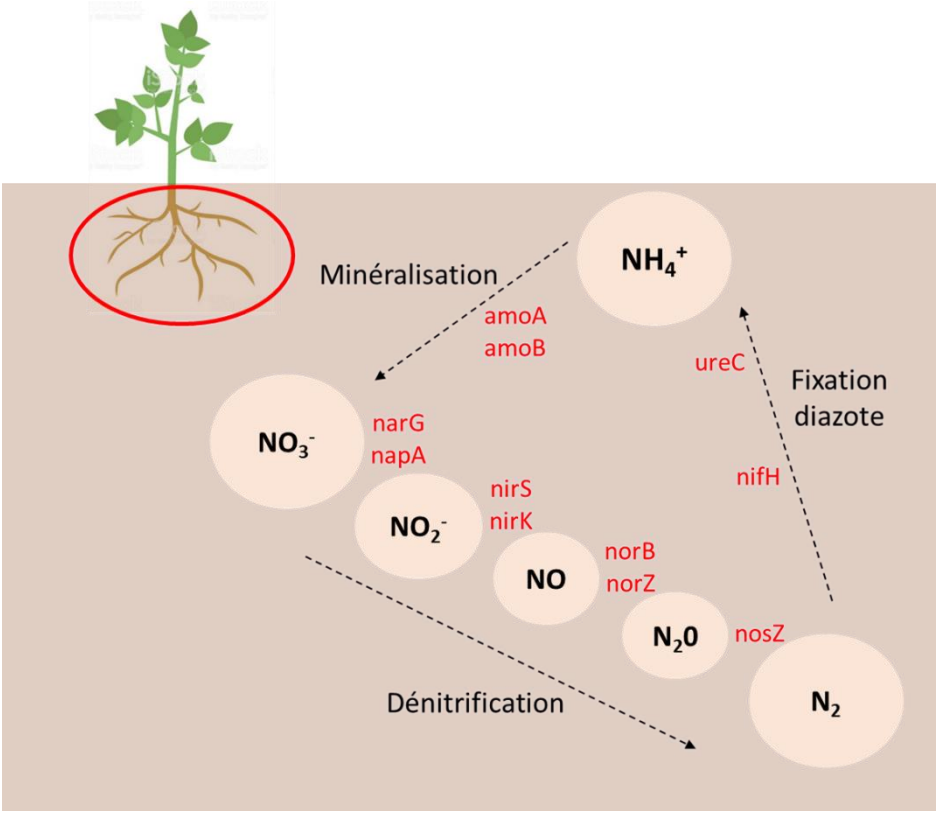


Fig 27 : **Etapes clés du cycle de l'azote**. La forme principale d'azote utilisable par la plante est le nitrate. Il est apporté soit directement sous forme minérale par la fertilisation, soit provient de la minéralisation d'azote organique (apporté ou fixé à partir d'azote atmosphérique) via les enzymes *nifH* (fixation de l'azote atmosphérique), *ureC* (minéralisation de l'azote organique), *amoA* et *amoB (*1ère étape de la nitrification). Le Nitrate peut être absorbé par la plante ou bien subir une dénitrification via les enzymes *narG* (1ère étape de la dénitrification), *nirK* et *nirS* (2ème étape de la dénitrification), *nosZI* et *nosZII* (dernière étape de la dénitrification et étape clé dans les émissions de N_2O).

En plus de décrire et identifier les leviers génétiques qui permettent à la plante de moduler la diversité taxonomique du microbiote de sa rhizosphère, un des objectifs du dialogue entre les études génétiques de la plante et l'écologie des communautés microbiennes, est de pouvoir aller jusqu'à l'analyse de l'impact du génotype de la plante sur les fonctions assurées par la rhizosphère. Pour cela deux fonctions cibles ont été identifiées et seront traitées via des projets différents : 1) le bouclage des étapes clé du cycle de l'azote et la nutrition de la plante et 2) la tolérance aux stress biotiques. Ces deux fonctions font échos aux problématiques « efficacité d'utilisation de l'azote » et « résistance au stress biotiques » déjà investiguées côté « plante » et présentées dans le bilan.

- Processus du cycle de l'azote et nutrition de la plante

Des différences variétales ont déjà été mises en évidence pour l'efficacité d'utilisation de l'azote, et des programmes de sélection sont ciblés sur ce caractère. Cependant l'azote réellement disponible pour la plante dépend des apports (minéraux et/ou organiques) *via* la fertilisation, mais aussi de l'activité microbienne du sol et de l'efficacité du bouclage des étapes du cycle de l'azote pour former de l'azote minéral. Ces étapes sont aussi importantes pour contrôler les émissions de N_2O vers l'atmosphère. Dans le projet MAGNUM, en plus des approches taxonomiques, des analyses ont été réalisées à L'INRAe de Dijon pour caractériser l'abondance des gènes bactériens du cycle de l'azote et rechercher des différences pour cette abondance en fonction des génotypes de colza mis en culture. Pour des raisons techniques, cette étude a été limitée aux génotypes de colza d'hiver pour lesquels on disposait d'une caractérisation en termes d'efficacité d'absorption de l'azote (sorties du projet RAPSODYN). Peu de différences ont été observées pour les étapes de fixation de l'azote atmosphérique et de minéralisation de l'azote organique. Les principales différences ont été observées pour les premières étapes de la dénitrification (gènes nirK et nirS) (Fig 27), laissant supposer une potentielle utilisation des cultivars pour limiter l'émission de N_2O, mais un levier relativement faible pour optimiser la conversion d'ammoniac en nitrate.

Dans une démarche plus globale de compréhension des interactions plante/microbiote de la rhizopshère en lien avec la fonction de nutrition de la plante (principalement N et P), des actions ont été planifiées en collaboration avec Edith Le Cadre. Il s'agit de comprendre comment des bactéries peuvent contribuer à la nutrition des plantes, et comment cette contribution peut être modulée en fonction des génotypes auxquels les bactéries sont associées. Ces résultats permettront ensuite de participer à la compréhension des mécanismes impliqués dans l'adaptation des peuplements en cours d'établissement (en lien notamment avec les problématiques de vigueur, dans le projet NAVIG). Il s'agira de caractériser le phénotype étendu de différents génotypes de colzas (5) à des stades précoces par la capacité des plantes à moduler leur rhizosphère et la mise à disposition de N et de P. Les phénotypes étendus des génotypes seront comparés pour des traits fonctionnels (l'exploration racinaire, les activités rhizosphériques au cours de la croissance de la radicule : activité enzymatique, pH, la biomasse microbienne active). La nature des réseaux microbiens sera déterminée et ensuite corrélée aux activités enzymatiques potentielles. Cette action est mise en relation avec la vigueur dans le projet Promosol NAVIG, et est aussi l'objet de relations fortes avec des activités d'enseignements co-encadrées par Edith Le Cadre et moi-même. En effet, une première réflexion et mise en place de ces expérimentations a été réfléchie dans le cadre d'un projet d'étudiants de M1 (Conduite de Projet qui s'étale sur une durée de 3 mois), et a permis dans un premier temps de contribuer à la mise au point des méthodes de phénotypage : caractérisation de l'exploration racinaire à l'aide de rhizobox (https://www.vienna-scientific.com/products/rhizobox-systems/), révélation de l'activité enzymatique de la rhizosphère par colorimétrie (Spohn *et* Kuzyakov, 2013).

- Tolérance aux stress biotiques

Ici, les interactions plante/microbiote de la rhizosphère vont être étudiées en lien avec la résistance aux stress biotiques et plus particulièrement la résistance à *Rhizoctonia solani,* une bactérie tellurique responsable du rhizoctone et causant des fontes de semis ou des dégâts sur des plantes adultes. Les collègues écologues des communautés vont initier une démarche de constitution de consortia synthétiques basée sur des profilages de communautés naturelles collectées dans un grand nombre de conditions pédoclimatiques. Il sera ainsi possible de disposer de communauté d'études contrastées (bénéfiques, délétères ou neutre vis-à-vis des stress biotiques dont *Rhizoctonia Solani*), reproductibles et permettant d'aller plus loin dans l'analyse des interactions plante/communautés. En plus des méthodes de génétique quantitative déjà développées pour des traits « plante » (analyses de liaison, analyses d'association) basées sur la comparaison des comportements des génotypes en fonction du consortium synthétique auxquels ils sont associés, de nouvelles méthodes sont à réfléchir pour identifier les QTL directement impliqués dans l'interaction entre la plante et son microbiote, ce qui revient à étudier des interactions génome x génome (génome de plante *vs* génome du microbiote rhizosphérique). Le réseau de collaborations fédéré au sein du projet PPR DeepImpact (2021-2027) sera le lieu d'échanges et de développements de nouvelles méthodes d'analyse autour des méthodes combinées (joint GWAS, méthodes ATOMM, …) (Wang *et al*, 2018, Bartoli *et* Roux, 2017), qui pourront aussi en retour nourrir les réflexions méthodologiques sur l'analyse d'autres caractères, et être discutées au sein de l'UMR.

Les actions prévues dans ce volet participent à la **substitution** des intrants par des régulations écologiques, en valorisant les interactions plante/rhizosphère. Cette collaboration entre génétique et microbiologie du sol a été amorcée au travers du projet CARNOT Plant2Pro MAGNUM financé en 2017 et le co-encadrement d'un stage de M2 (Mélissa Rolland, 2020) et d'un post-doctorat (Julie Ferreira de Carvalho, 2020-2021) d'une part, et des interactions, en partie *via* les activités d'enseignements avec Edith Le Cadre d'autre part. Cette collaboration s'est structurée et enrichie au travers le dépôt du projet NAVIG et surtout du projet DeepImpact (AAP PPR Cultiver Autrement, projet accepté). Ce projet est coordonné par Christophe Mougel et j'y assure la co-coordination du workpackage « Defining the host genetic control of the plant microbiome ». Il s'agit, au travers de ces actions, de collaborer à ces thématiques et d'enrichir les réflexions et projets menés sur les autres volets, sur les aspects méthodologiques et sur la compréhension des comportements variétaux.

Conclusion

Les trois volets qui constituent mon projet de recherche s'inscrivent dans des dimensions et des pas de temps différents. Le premier volet consiste à consolider les acquis de recherche, principalement issues des actions menées dans le cadre du projet RAPSODYN, et d'élargir leur portée et le partenariat. A ce titre, je participe au comité de pilotage et aux actions menées autour du modèle AZODYN et des actions sont en cours sur l'utilisation de ce modèle pour la caractérisation des interactions génotype x environnement x pratiques. En parallèle de ces actions, je recentre mes activités de recherche sur la thématique « vigueur » en coordonnant des réponses à des appels à projets multipartenaires (recherche publique – filière semences « colza »). Cette dynamique s'est traduite par le financement d'un projet en réponse à l'AAP Promosol (NAVIG) et la soumission en 2021 du projet VIGO en réponse à l'AAP CASDAR « Semences et Sélection Végétale », ainsi qu'un projet d'encadrement de thèse (recherche de financement en cours). Le troisième volet autour des interactions plante/sol est presqu'exclusivement basé sur des collaborations, et permet d'enrichir les réflexions et les outils pour les autres volets de recherche. En fonction des premiers résultats obtenus, il pourra être amené à se développer.

Tab 1 : **Récapitulatif des projets** auxquels j'ai participé depuis 2008. La colonne « équipe » fait mention à l'équipe (Fig 1) qui porte le projet. La colonne « implication » indique comment je me suis positionnée dans ces projets.

Acronyme /Dates	Equipe IGEPP	Coordination	Titre	Implication	Financement
GENERGY 2008-2012	RCA	N Nési (IGEPP)	Improvement of the oil yield of the rapeseed crop in the context of biofuel production	participante	ANR (296 k€)
RAPSODYN 2012-2021	RCA	N Nési (IGEPP)	Optimisation de la teneur et du rendement en huile chez le colza cultivé sous contrainte azotée : accélération de la sélection de variétés adaptées grâce à des approches de génétique et de génomique	Responsable d'un Work Package (WP)	ANR PIA (6 M€)
NAVIG 2021-2024	RCA	**A Laperche** & N Nési (IGEPP)	Améliorer l'implantation du colza (*Brassica napus*) en jouant sur l'interaction Génotype x Pratique pour optimiser la vigueur	Co-coordinatrice	Promosol (143 k€)
VIGO En cours de soumission	RCA	**A Laperche** (IGEPP)	Comprendre et phénotyper la vigueur du colza à l'automne pour proposer des variétés adaptées à des conduites agroécologiques et bas intrants	Coordinatrice	CASDAR SSV (278 k€)
INNColza 2020-2021	RCA	S Gervois (Terres Inovia)	Améliorer la précision et faciliter le calcul de l'indice de nutrition azotée chez le colza pour les variétés hybrides actuelles	Coordinatrice pour l'IGEPP	Carnot Plant2Pro (57 k€)
RESO 2021-2023	RCA	J Gombert (GEVES)	Quels réseaux d'évaluation variétale pour identifier et inscrire des variétés adaptées à l'agroécologie ?	Coordinatrice pour l'IGEPP	CASDAR SSV (84 k€)
COREBRAS 2007-2008 **COREBRAS2** 2009-2012	BP	**A Laperche** (IGEPP) **A Laperche** (IGEPP)	« Caractérisation de la diversité allélique présente dans des core-collections de Brassica (*B. napus, B. rapa* et *B. oleracea*) » « Structuration des ressources génétiques du colza et de ses progéniteurs. »	Coordinatrice Coordinatrice	GAP (7.5 k€) Promosol (180 k€)
BRASSINAM 2011-2015	BP	B Greze-Besset (Innolea)	Développement d'une population NAM pour l'analyse de caractères complexes chez *Brassica napus*	Coordinatrice pour l'IGEPP	ANR (250 k€)
MOREAZ 2014-2016	RA	M Manzanares-Dauleux (IGEPP)	Modulation de la Réponse de résistance du colza à des agents pathogènes (hernie et phoma) en situation de contrainte azotée	Participante	Promosol (182 k€)
DESCRIBE 2017-2020	RA	A Gravot/A Bouchereau (IGEPP)	DivErSité Chémotypique chez *Brassica napus*	Collaboration	Promosol (164 k€)
MAGNUM 2017-2020	RA	C Mougel (IGEPP)	Analyse des bases génétiques des interactions « Brassica napus - diversité du microbiote et communautés fonctionnelles du cycle de l'azote rhizosphèrique » par une approche de génétique d'association	Participante	Carnot Plant2Pro (83 k€)
DEEPIMPACT 2021-2026	RA	C Mougel (IGEPP)	Analyse des interactions plante-microbiote pour promouvoir la défense des plantes aux bioagresseurs	Co-responsable d'un WP	ANR PPR (3M€)

Compétences et positionnement

1 Une expertise en génétique quantitative déclinée au sein de l'équipe et de l'IGEPP

1.1 Positionnement scientifique

L'équipe Rendement sous Contraintes Abiotiques (RCA) est consituée de 9 scientifiques ayant des compétences complémentaires. 5 ont des compétences disciplinaires en physiologie, physiologie moléculaire et génomique fonctionnelle, 2 ont des compétences en physiologie, écophysiologie, et 1 en génétique, génomique, physiologie. Au sein de l'équipe RCA, j'ai apporté et développé des compétences en génétique et génétique quantitative. Cet apport a permis le montage et la réalisation de plusieurs projets (Genergy, RAPSODYN, NAVIG, …) avec des dimensions multidiscipliaires (Tab 1) et pour lesquels j'ai pris en charge les aspects liés à l'analyse des déterminants génétiques des traits d'intérêt et assuré des tâches de coordination (projet ou WorkPackages). Ces compétences m'ont également permis d'établir des collaborations en interne avec d'autres équipes de l'IGEPP (BP et RA) (Tab 1), ces compétences étaient faiblement représentées au sein de l'IGEPP. Ainsi les projets MOREAZ, DESCRIBE, MAGNUM et DEEPIMPACT sont des illustrations de mon implication sur des thématiques inter-équipes (résistance aux maladies et interaction Plante/microbiote) et de l'intégration de mes compétences et des mes actions au sein du collectif « Brassica » de l'UMR. Ce collectif regroupe l'ensemble des scientifiques de l'IGEPP ayant pour modèle d'étude les Brassicacées (21 chercheurs et enseignants-chercheurs) et partageant des questions scientifiques (organisation génomique des déterminants génétiques des traits d'intérêt, accès à la diversité génétique) et des outils (ressources génétiques, ressources génomiques, méthodes de phénotypage…). J'ai aussi porté les projets Corebras et Brassinam (affichés dans l'équipe BP), ce qui m'a permis d'effectuer des connexions avec le Centre de Ressources Biologiques BraCySol, d'organiser, de créér et de caractériser de nouvelles ressources génétiques (panels d'association, popuations en ségrégation, HD, …) utilisées dans plusieurs projets au sein de l'IGEPP (RAPSODYN, DESCRIBE, MAGNUM, NAVIG, MOREAZ).

1.2 Animation scientifique

A l'échelle de l'UMR, la réflexion autour du matériel végétal et de son utilisation pour l'analyse du déterminisme génétique des caractères complexes fait partie des thématiques que l'on aborde dans le groupe de réflexion « GQ users » que je co-anime avec Marie-Laure Pilet-Nayel, et dont l'objectif est d'échanger et de se former aux méthodes d'analyses, principalement de détection de QTL (GWAS, liaison, populations NAM, méta-analyses, modèles linéaires mixtes, ...). Ce groupe d'animation scientifique est aussi le lieu d'échanges avec les activités de formation initiale puisque certaines actions (suivi de projets bibliographiques de l'UE de M2 de Génétique Quantitative que je coordonne) sont encadrées par des scientifiques du groupe « GQ users » ; nourrissant en retour les thématiques, questions abordées dans le groupe.

2 Relations entre activités de recherche et d'enseignement.

2.1 Articulation entre activités de recherche et d'enseignement

La caractéristique de l'enseignement supérieur agronomique est de proposer une formation par et pour la recherche. Je suis intimement convaincue que la réciproque est vraie, et que mes activités de recherche sont aussi nourries par mes activités d'enseignement. En moyenne, au cours des 5 dernières années j'ai effectué un réalisé pédagogique annuel de **236 heures équivalent TD**. En fonction des années, entre 77% et 95% de mon service est réalisé pour des formations de niveau M (master cohabilité avec l'université de Rennes ou deux dernières années des cursus ingénieurs). Le reste de mes enseignements se répartit entre de la formation continue et des enseignements de L3 pour la formation d'ingénieur agronome d'AGROCAMPUS OUEST.

Depuis mon arrivée à AGROCAMPUS OUEST, j'ai repris la coordination des enseignements de génétique quantitative, et d'analyse de la diversité génétique pour la spécialisation d'ingénieur agronome « Sciences du Végétal option Génétique et Amélioration des Plantes » ainsi que dans les masters co-habilités avec l'université de Rennes 1 et adossés à cette formation (master Biovigpa, Protev, Amélioration Production et Valorisation du Végétal). Ceci s'est traduit par la co-responsabilité d'une unité d'enseignement (50h) au niveau M1 co-construite avec nos collègues enseignants-chercheurs en génétique animale, la responsabilité de l'UE de Génétique Quantitative dans les formations de M2. De 2012 à 2016 j'ai assuré la responsabilité de l'option « Innovation variétale » du master Protev (5 à 15 étudiants par an dans l'option), depuis 2016 j'assure la responsabilité de la spécialisation d'ingénieur AGROCAMPUS OUEST en amélioration des plantes (10-15 étudiants par an), ainsi que la coresponsabilité du niveau M1 du master APVV (30 étudiants par an) avec Laurent Leport (Université de Rennes).

Mettre en place ces enseignements m'a permis de faire des liens avec les activités menées à l'UMR. Le format de collaboration autour de projets professionnalisants est très intéressant, puisqu'il est à la fois formateur pour les étudiants qui prennent en main un projet de recherche (tel qu'il pourrait être envisagé dans une entreprise de la filière semences) et fédérateur d'une équipe de recherche. J'ai pu illustrer précédemment comment les thématiques sur les interactions Hernie x azote ont été initiées par des projets d'étudiants, et ont pu se concrétiser par le projet MOREAZ, et la participation aux activités de recherche de deux doctorants, Yoann Aigu et Andrea Botero. Plus récemment, la thématique interaction plante/rhizosphère s'est aussi nourrie d'interactions pédagogiques avec Edith Le Cadre (Pr AO), le montage de modules de formation et de projets pédagogiques, ce qui a conduit à la construction du projet NAVIG.

Coordonner des formations dans le domaine de l'amélioration des plantes c'est aussi former les futurs cadres et scientifiques pour la recherche académique et la filière semences. L'accompagnement des stagiaires de fin d'études et la lecture d'une large gamme de thématiques lors des soutenances de stage permet de garder une ouverture d'esprit assez importante ainsi qu'une connaissance des fronts de sciences /points critiques à appréhender par les futurs améliorateurs des plantes.

2.2 Projet d'enseignement

Etant données les interactions fortes entre enseignement et recherche, il me semble complémentaire d'apporter quelques informations concernant mon projet pédagogique pour les prochaines années, et comment il accompagnera le projet scientifique présenté précédemment.

Amélioration des Plantes et Agroécologie

Au cours des dernières années, et au fil des dépôts des différentes maquettes de master et réflexions sur les contenus des formations d'ingénieur, au sein de l'équipe pédagogique, nous avons cherché à la fois à délivrer une formation qui continue à former des cadres de haut niveau pour la filière semences, mais aussi de futurs acteurs de la transition agroécologique, capable d'intégrer le levier variétal parmi les leviers possibles. Pour cela deux points majeurs ont été considérés 1) continuer à former par la recherche, et à former des chercheurs (30% des étudiants ingénieurs et masters poursuivent en thèse de doctorat) et 2) intégrer l'amélioration des plantes comme outils au service des agroécosystèmes. Pour renforcer ce dernier point, un module de 25 heures de formation en anglais a été co-construit et mutualisé avec la spécialisation « Agroecology » et fait partie intégrante de la formation d'amélioration des plantes que nous proposons. Cette thématique est aussi reprise dans des projets proposés aux étudiants de M2 ou de M1 (projets professionnalisants, conduites de projet, initiation à la démarche scientifique, …). L'année 2020-2021 sera une année de réflexion prospective pour définir les maquettes de la prochaine habilitation (2022-2027), et la place de cette thématique sera à renforcer.

Un ancrage fort avec la filière semences

Les formations d'enseignement supérieur en amélioration des plantes sont historiquement ancrées dans les écoles agronomiques. A ce jour, les principales formations sont délivrées à AGROCAMPUS OUEST (formation d'ingénieur « Génétique et Amélioration des Plantes » et master « Amélioration, Production et Valorisation du Végétal », cohabilité avec l'Université de Rennes 1), Montpellier SupAgro (formation d'ingénieur APIMET et master SEPMET) et à AgroParisTech (option «Améliorer les Plantes» de la spécialisation d'ingénieur PiST). La création de l'Institut Agro au 1er janvier 2020 issu du rapprochement entre AGROCAMPUS OUEST et Montpellier SupAgro est une réelle opportunité de gagner en visibilité et en leadership sur cette thématique et de valoriser les complémentarités de formations délivrées sur chaque site.

Dans la continuité de l'ancrage historique fort de nos formations avec le milieu professionnel, et en lien avec la dynamique liée à la création de l'Institut Agro, un projet de chaire d'entreprises avec le Groupement National Interprofessionnel des Semences et Plants est en cours de montage (projet pour 2021) et permettra d'asseoir un partenariat d'enseignement mais aussi de recherche avec l'ensemble des partenaires de la filière semences, des obtenteurs aux producteurs. Au cours des prochains mois, je vais animer la discussion au sein d'AGROCAMPUS OUEST autour du dimensionnement des actions à envisager dans cette chaire. Cette initiative se place dans le prolongement du MOOC « Semences », MOOC grand public construit en partenariat entre AGROCAMPUS OUEST et le GNIS.

3 Activités d'animation, participation aux instances

Au sein d'AGROCAMPUS OUEST, puis de l'Institut Agro, j'assure des missions électives. Après avoir été élue au conseil des enseignants (2008-2016), et au conseil de l'enseignement et de la vie étudiante (2013-2016), j'ai assuré un mandat (2016-2020) au sein du conseil d'Administration d'AGROCAMPUS OUEST, puis au sein du Conseil d'Administration provisoire de l'Institut Agro. Depuis juin 2020 les deux écoles AGROCAMPUS OUEST et Montpellier SupAgro sont intégrées dans l'Institut Agro, elles ont désormais le statut d'école interne. En plus des instances à l'échelle de l'institut, des instances sont aussi définies à l'échelle de chacune des écoles internes. Depuis juin 2020 je suis de nouveau élue au CA de l'Institut Agro, et au conseil de l'école interne AGROCAMPUS OUEST.

M'impliquer dans ces conseils a été très formateur sur la compréhension de l'ensemble des rouages et des acteurs qui régissent la vie d'une école ainsi que la définition de son plan stratégique. Ce dernier mandat m'a aussi permis de contribuer au groupe de travail interne missionné pour proposer des amendements au projet de décret en amont de la création de l'Institut, puis des amendements au projet de règlement intérieur une fois l'Institut créé. Les défis à relever sont forts dans ces premières années d'existence de l'Institut : réussir l'intégration d'AgroSup Dijon au 1er janvier 2022, mais aussi participer à l'élaboration du projet stratégique de l'Institut, à sa déclinaison à l'échelle de l'école interne et à la mise en place de l'organisation. Ces discussions ont largement lieu dans le cadre d'échanges entre la direction et la « commission des élus », et notre mission en tant qu'élus est de la relayer et de la discuter auprès de l'ensemble des enseignants-chercheurs. Pour coordonner ces échanges, nous nous sommes organisés en « bureau des enseignants » à AGROCAMPUS OUEST dont j'ai pris la présidence.

Je participe à différentes instances du monde profesionnel comme les conseils scientifiques du Groupement d'Etude et de contrôle des Variétés et des Semences (GEVES) et du Comité Technique Permanent de la Sélection (CTPS), la section CTPS « colza et autres crucifères » et les commissions VATE et DHS correspondantes. Cela me permet de garder une connexion forte entre les enseignements, la recherche et l'évolution des compétences recherchées et à développer. Ce développement comprend des actions de formation initiale (former des étudiants adaptés au milieu professionnel), mais aussi l'identification de question de recherche en lien avec les attentes de la filière et les attentes sociétales pour accompagner la transition vers l'agroécologie. Cette connexion est très importante, et garantit une bonne insertion professionnelle aux étudiants formés et un bon ancrage aux projets de recherche développés.

Références bibliographiques

Aigu Y, Laperche A, Mendes J, Lariagon C, Guichard S, Gravot A, Manzanares-Dauleux MJ (2018). Nitrogen supply exerts a major/minor switch between two QTLs controlling Plasmodiophora brassicae spore content in rapeseed. Plant Pathology.67:1574-1581. DOI: /10.1111/ppa.12867

Assiou F, Laperche A, Falentin C, Lodé M, Deniot G, Boutet G, Régnier F, Trotoux G, Huteau V, Coriton O, Rousseau-Gueutin M, Abrous O, Chèvre A-M, Hadj-Arab H. (2018). A novel Brassica rapa L. genetic diversity found in Algeria. Euphytica 214:241 doi :/10.1007/s10681-018-2318-9

Avice JC et Etienne P (2014) Leaf senescence and nitrogen remobilization efficiency in oilseed rape (Brassica napus L.). J Exp Bot, 65(14) : 3813–3824

Barrière Y, Laperche A, Barrot, Aurel G, Briand M, Jouanin L (2005) QTL analysis of lignification and cell wall digestibility in the BAy-O x Shahdara RIL progeny of *Arabidopsis thaliana* as a model system for forage plant. Plant Science 168:1235-1245

Bartoli C, Roux F (2017) Genome-wide association studies in plant pathosystems: Toward an ecological genomics approach. Front Plant Sci:8. doi : /10.3389/fpls.2017.00763

Bissuel-Belaygue C, Allirand JM, Laperche A, Bidon M, Guichard S, Richard-Molard C (2015). PERISCOPE: A new phenotyping experimental device for individual root and shoot investigations in reconstructed canopy until harvest, under field-like conditions. In: 14th International Rapeseed Congress, Saskatoon (Canada).

Boter M, Calleja-Cabrera J, Carrera-Castaño G, Wagner G, Hatzig SV, Snowdon RJ, Legoahec L, Bianchetti G, Bouchereau A, Nesi N, Pernas M, Oñate-Sánchez L (2019). An integrative approach to analyze seed germination in Brassica napus. Frontiers in Plant Science, 10. https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01342

Botero-Ramirez A, Laperche A, Gravot A, Strelkov S, Manzanares-Dauleux MJ (under review) Clubroot symptoms and resting spore production in a doubled haploid population of oilseed rape (*Brassica napus*) are controlled by four main QTLs

Bouchet A-S, Laperche A, Bissuel C, Snowdon R, Nesi N, Stahl A (2016a) Nitrogen use efficiency in rapeseed. A review. Agronomy for Sustainable Development36 (2):38. Doi :10.1007/s13593-016-0371-0.

Bouchet A-S, Laperche A, Bissuel-Belaygue C, Baron C, Morice J, Rousseau-Geutin M, Dheu J-E, George P, Pinochet X, Foubert T, Maes O, Dugué D, Guinot F, Nesi N (2016b) Genetic basis of nitrogen use efficiency and yield stability across environments in winter rapeseed. BMC Genetics 17:131 doi:/10.1186/s12863-016-0432-z

Bouchet A-S, Nesi N, Bissuel C, Bregeon M, Lariepe A, Navier H, Ribière N, Orsel M, Grezes-Besset B, Renard M, Laperche A (2014). Genetic control of yield and yield components in winter oilseed rape (Brassica napus L) grown under nitrogen limitation. Euphytica (199):183-205

Carof M, Laperche A, Cannavo P, Menasseri S, Godinot O, Julbault M, Manzanares-Dauleux M, Guenon R, Jaffrezic A, Pérès G, Le Cadre E (2018) Valorisation des interactions plante-sol pour la nutrition et la santé des plantes. Innovations Agronomiques vol 69 :71-82

Clarke WE, Higgins EE, Plieske J, Wieseke R, Sidebottom C, Khedikar Y, Batley J, Edwards D, Meng J, Li R, Lawley CT, Pauquet J, Laga B, Cheung W, Iniguez-Luy F, Dyrszka E, Rae S, Stich B, Snowdon RJ, Sharpe AG, Ganal MW, Parkin IA (2016). A high-density SNP genotyping array for Brassica napus and its ancestral diploid species based on optimised selection of single-locus markers in the allotetraploid genome. Theor Appl Genet. 129(10):1887-99. doi: 10.1007/s00122-016-2746-7.

Colnenne C, Meynard JM, Reau R, Justes E, Merrien A (1998) Determination of a critical dilution curve for winter oilseed rape. Ann Bot 81:311-317. doi:10.1006/anbo.1997.0557

Corlouer E, Gauffreteau A, Bouchet A.S, Bissuel-Bélaygue C, Nesi N, Laperche A (2019) Envirotypes Based on Seed Yield Limiting Factors Allow to Tackle G × E Interactions. *Agronomy 9*(12), 798. doi: 10.3390/agronomy9120798

Dejoux J-F, Recous S, Meynard J-M, Trinsoutrot I, Leterme P (2000) The fate of nitrogen from winter-frozen rapeseed leaves: mineralization, fluxes to the environment and uptake by rapeseed crop in spring. Plant Soil 218:257-272

Demilly D, Ducournau S, Wagner MH, Dürr C. (2014). Digital imaging of seed germination. In: Gupta S, Ibaraki Y, eds. Plant Image Analysis. CRC Press, p.147-164.

Dordas C (2008) Role of nutrients in controlling plant diseases in sustainable agriculture: a review. Agron Sustain Dev 28:33–46

Edwards J., Johnson C, Santos-Medellín C., Lurie E, Podishetty N.K., Bhatnagar S., Eisen J.A., Sundaresan V.

(2015) Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice. Proc Natl. Acad. Sci. USA E911–E920 doi 10.1073/pnas.1414592112

Elliott RH, Franke C, Rakow GFW (2008). Effects of seed size and seed weight on seedling establishment, vigour and tolerance of Argentine canola (Brassica napus) to flea beetles, Phyllotreta spp. Can. J. Plant Sci. 88, 207-217

Emmett BD, Youngblut ND, Buckley DH and Drinkwater LE, (2017) Plant Phylogeny and Life History Shape Rhizosphere Bacterial Microbiome of Summer Annuals in an Agricultural Field.Front. Microbiol. 8:2414.doi: 10.3389/fmicb.2017.02414

Etienne P, Desclos M, Dubousset L, Gombert J, Bonnefoy J, Maurel K, Le Dily F, Ouury A, Avice JC (2007) N-protein mobilisation associated with the leaf senescence process in oilseed rape is concomitant with the disappearance of trypsin inhibitor activity. Funct Plant Biol 34 (10):895–906. doi:10.1093/jxb/erv031

Fagard M, Launay A, Clement G, Courtial J, Dellagi A, Farjad M, Krapp A, Soulie MC, Masclaux-Daubresse C (2014) Nitrogen metabolism meets phytopathology. J Exp Bot 65:5643–5656

Ghassemi-Golezani K, Khomari S, Valizadeh M, Alyari H (2008). Effects of seed vigour and the duration of cold acclimation on freezing tolerance of winter oilseed rape. Seed Sci. Technol. 36, 767-775

Gu J, Hou D, Li Y, Chao H, Zhang K, Wang H, Xiang J, Raboanatahiry N, Wang B, Li M (2019). Integration of proteomic and genomic approaches to dissect seed germination vigor in Brassica napus seeds differing in oil content. BMC Plant Biol. 19 (21)

Gusta LV, Johnson EN, Nesbitt NT, Kirkland KJ (2004). Effect of seeding date on canola seed quality and seed vigour. Can. J. Plant Sci. 84, 463-471

Greenwood, D. J., Lemaire, G., Gosse, G., Cruz, P., Draycott, A. et Neeteson, J. J. (1990). Decline in percentage N of C3 and C4 crops with increasing plant mass. Ann. Bot. 66: 425-436.

Gruau M (2018) Variabilité de l'architecture racinaire du colza : influence des conditions azotées et du génotype, en vue de l'amélioration de la NUE. Rapport de stage de M2 du master Agrosciences, Environnement, Territoires, Paysage, Forêt ; Parcours « De l'Agronomie à l'Agroécologie ». Stage réalisé à l'UMR ECOSYS

Haelterman L, Louvieaux J., Faure S., Bouchet A.S, Laperche A, Nesi N, Hermans C. (2019) Genetic control of root morphology in response to nitrate supply in oilseed rape experimental populations. 15th International Rapeseed Congress, 16-19 June 2019, Berlin, Germany

Hanocq E, Laperche A, Jaminon O, Lainé A-L, Le Gouis J (2007) Most significant genome regions involved in the control of earliness traits in bread wheat, as revealed by QTL meta-analysis. Theor. Appl. Genet 114(3):569-584

Hatzig SV, Nuppenau JN, Snowdon RJ, Schießl SV (2018a). Drought stress has transgenerational effects on seeds and seedlings in winter oilseed rape (Brassica napus L). BMC Plant Biol. 18 (297)

Hatzig SV, Breuer F, Nesi N, Ducournau S, Wagner MH, Leckband G, Abbadi A, Snowdon RJ (2018b). Hidden effects of seed quality breeding on germination in oilseed rape (Brassica napus L). Front. Plant Sci. 9 (419)

Hatzig SV, Frisch M, Breuer F, Nesi N, Ducournau S, Wagner MH, Leckband G, Abbadi A, Snowdon R J (2015). Genome-wide association mapping unravels the genetic control of seed germination and vigour in Brassica napus. Frontiers in Plant Science, 6. https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00221

Hebinger, H. Le Colza; Editions F.; 2013; ISBN 978-2-85557-241-3.

Hill, SB, MacRae RJ (1995). Conceptual framework for the transition from conventional to sustainable agriculture. *J Sust Agric* 7(1) : 81-87.

Jeudy C, Adrian M, Baussard C, Bernard C, Bernaud E, Bourion V, Cabrera-Bosquet L, Cointault F, Han S, Lamboeuf M, Moreau D, Pivato B, Prudent M, Trouvelot S, Truong HN, Vernoud V, Voisin AS, Wipf D, Salon C (2016) RhizoTubes as a new tool for high throughput imaging of plant root development and architecture: Test, comparison with pot grown plants and validation. Plant Methods, 12(1), pp.1–18.

Jeuffroy M-H, Valantin-Morison M, Champolivier L, Reau R (2006) Azote, rendement et qualité des graines : mise au point et utilisation du modèle Azodyn-colza pour améliorer les performances du colza vis-à-vis de l'azote. OCL, 13 (6) :388-392. doi:10.1051/ocl.2006.0090

Jullien A, Mathieu A, Allirand JM Pinet A, De Reffye P, Cournède PH, Ney B (2011) Characterization of the interactions between architecture and sourcesink relationships in winter oilseed rape (Brassica napus) using the GreenLab model. Ann. Bot:107, 765–779

Justes E, Mary B, Meynard J-M, Machet J-M, Thelier-Huche L (1994). Determination of a Critical Nitrogen Dilution Curve for Winter Wheat Crops. Ann. Bot. 74: 397-407.

Koevoets IT, Venema JH, Elzenga JTM, Testerink C (2016) Roots Withstanding their Environment: Exploiting Root System Architecture Responses to Abiotic Stress to Improve Crop Tolerance. Front. Plant Sci. 7, 1335.

Kuzyakov Y, Blagodatskaya E (2015). Microbial hotspots and hot moments in soil: Concept & review. Soil Biology and Biochemistry 83, 184-199

Lancashire PD, Bleiholder H, Langelüddecke P, Strauss R, Vanden Boom T, Weber E, Itzen-Berger A. 1991. An uniform decimal code for growth stages of crops and weeds. Annals of applied Biology 119, 561–60

Laperche A, Aigu Y, Jubault M, Ollier M, Guichard S, Glory P, Strelkov S, Gravot A, Manzanres-Dauleux MJ (2017) Clubroot resistance QTL are modulated by nitrogen input in *Brassica napus.* Theor. Appl. Genet.130:669-684.doi: 10.1007/s00122-016-2842-8

Laperche A, Le Gouis J, hanocq E, Brancourt-Hulmel M (2008) Modelling nitrogen stress with probe genotypes to assess genetic parameters and genetic determinism of winter wheat tolerance to nitrogen constraint. Euphytica. 161(1-2):259-271

Laperche A, Brancourt-Hulmel M, Heumez E, Hanocq E, Devienne-Barret F, Le Gouis J (2007) Using genotype x nitrogen interaction variables to evaluate the QTL involved in wheat tolerance to nitrogen constraints. Theor. Appl. Genet. 115(3):399-415

Laperche A, Brancourt-Hulmel M, Heumez E, Gardet O, Le Gouis J (2006a) Estimation of genetic parameters of a DH wheat population grown at different N stress levels characterized by probe genotypes. Theor Appl Genet 112(5): 797-807

Laperche A, Devienne-Barret F, Maury O, Le Gouis J, Ney B (2006b) A simplified conceptual model of carbon/nitrogen functioning for QTL analysis of wheat adaptation to nitrogen deficiency. Theor. Appl. Genet 113:1131-1146

Laperche A (2005) Etude du déterminisme génétique de la tolérance à une carence en azote chez le blé tendre d'hiver. Thèse de doctorat de l'Université Technologique de Compiègne., soutenue le 15/12/2005 à Compiègne

Le Gouis J, Béghin D, Heumez E, Pluchard, P (2000) Genetic differences for nitrogen uptake and nitrogen utilisation efficiencies in winter wheat. Eur. J. Agron. 12: 163-173.

Lemaire G. et Salette J (1984). Relation entre dynamique de croissance et dynamique de prélèvement d'azote pour un peuplement de graminées fourragères. I. - Etude de l'effet du milieu. Agronomie 4: 423-430.

Lemaire G et Gastal F (1997). N uptake and distribution in plant canopies. Diagnosis of the nitrogen status in crops. Lemaire, G. Berlin, SPringer-Verlag: 3-43.

Lemaire G, Jeuffroy M-H, Gastal F (2008) Diagnosis tool for plant and crop N status in vegetative stage: Theory and practices for crop N management. European Journal of Agronomy, 28, pp. 614-624

Lorin P, Jeuffroy M-H, Butier A, Valantin-Morison M (2015) Undersowing winter oilseed rape with frost-sensitive legume living mulches to improve weed control. Eur. J. Agron. 71: 96-105. Doi : 10.1016/j.eja.2015.09.001

Louvieaux J, Bouchet A-S, Kupcsik L, Haelterman L, Stahl A, Snowdon R, Laperche A, Nesi N, Hermans C (submitted) Association mapping for rapeseed root morphology in response to diverse nitrogen conditions

Louvieaux J, de Gernier H, Hermans C (2016). Exploiting genetic variability of root morphology as a lever to improve nitrogen use efficiency in oilseed rape. In Engineering Nitrogen Utilization in Crop Plants; Shrawat, A., Zayed, A., Lightfoot, D.A., Eds.; Springer International Publishing: Cham, Switzerland, 2018; pp. 185-206

Malagoli P, Laine P, Rossato L, Ourry A (2005) Dynamics of nitrogen uptake and mobilization in field-grown winter oilseed rape (Brassica napus) from stem extension to harvest: I. Global N flows between vegetative and reproductive tissues in relation to leaf fall and their residual N. Ann Bot95(5):853-861. doi:10.1093/aob/mci091

Mangin B, Casadebaig P, Cadic E, Blanchet N, Boniface MC, Carrere S, Gouzy J, Legrand L, Mayjonade B, Pouilly N, Andre T, Coque M, Piquemal J, Laporte M, Vincourt P, Munos S, Langlade NB(2017) Genetic control of plasticity of oil yield for combined abiotic stresses using a joint approach of crop modelling and genome-wide association. Plant Cell Environment 40(10): 2276-2291doi : 10.1111/pce.12961

Matthews S, Wagner MH, Kerr L, McLaren G, Powell AA (2012). Automated determination of germination time courses by image capture and early counts of radicle emergence lead to a new vigour test for winter oilseed rape (Brassica napus L). Seed Sci. Technol. 40, 413-424.

Moll RH, Kamprath, EJ et Jackson WA (1982). Analysis and interpretation of factors which contribute to efficiency of nitrogen utilization. Agron. J. 74: 562-564

NGuyen TCT, Abrams SR, Friedt W, Snowdon RJ (2018). Quantitative trait locus analysis of seed germination, seedling vigour and seedling-regulated hormones in Brassica napus. Plant Breeding 137, 388-401

Nguyen C (2003). Rhizodeposition of organic C by plants: mechanisms and controls. Agronomie 23, 375-396

Pagès L, Bécel C, Boukcim H, Moreau D, Nguyen C, Voisin AS (2014) Calibration and evaluation of ArchiSimple, a simple model of root system architecture. Ecological Modelling, 290(C), pp.76–84. Available at:

http://dx.doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2013.11.014
Peiffer JA, Spor A, Koren O, Jin Z, Tringe SG, Dangl JL, Buckler ES, Ley RE (2013) Diversity and heritability of the maize rhizosphere microbiome under field conditions. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 110, 6548–6553. doi: 10.1073/pnas/1302837110
Ravier C, Jeuffroy MH, Gate P, Cohan JP, Meynard JM (2017) Combining user involvement with innovative designto develop a radical new method for managing Nfertilization. Nutr Cycl Agroecosyst 110, 117-134 (DOI 10.1007/s10705-017-9891-5
Recous S, Lashermes G, Bertrand I (2017) Couplages et contrôles des cycles du carboneet de l'azote par les communautés microbiennes dans les sols cultivés. Les sols et la vie souterraine : Des enjeux majeurs en agroécologie, Editions Quae, 328 p. Synthèses (Quae), 978-2-7592-2651-1.hal-01543489
Rémy JC et Hébert J, (1977). Le devenir des engrais dans le sol. Comptes Rendus Académie Agriculture France 163, p.700-714
Retailleau L (2018) Potentiel de la sélection génomique pour prédire le rendement du colza d'hiver dans un réseau multi local. Stage de M2 Amélioration, Production et Valorisation du Végétal, option « Génétique, Génomique et Amélioration des Plantes », AGROCAMPUS OUEST – Université de Rennes 1. Réalisé à l'IGEPP
Richard-Molard C, Brun F, Chelle M, Ney B (2009) Modelling N nutrition impact on plant functioning and root architecture in various genotypes of Arabidopsis thaliana. Comparative Biochemistry and Physiology-Part A: Molecular & Integrative Physiology 153, 229–229
Richard-Molard C, Gruau M, Lecarpentier C, Pagès L, Laperche A (2019) Le phénotypage assisté par modèle : une méthode performante pour identifier des traits de sélection pour l'architecture racinaire. Le sélectionneur français vol 70 : 21-30
Rincent R, Charpentier JP, Faivre-Rampant P, Paux E, Le Gouis J, Bastien C, Segura V (2018) Phenomic Selection Is a Low-Cost and High-Throughput Method Based on Indirect Predictions: Proof of Concept on Wheat and Poplar. G3, 8, 3961–3972. doi :10.1534/g3.118.200760
Rio R (2019) Comprendre les déterminants génétiques de la stabilité du rendement chez le colza d'hiver dans des conditions de faible disponibilité en azote par caractérisation des interactions génotype x environnement. Stage de fin d'études d'ingénieur horticole d'AGROCAMPUS OUEST de l'option « Génétique et Amélioration des Plantes ». Stage réalisé à l'IGEPP.
Rochefort A, Briand M, Marais C, Wagner M-H, Laperche A, Vallee P, Barret M, Sarniguet A (2019) Influence of environment and host plant genotype on the structure and diversity of the Brassica napus seed microbiota. Phytobiomes Journal
Somé A, Manzanares M, Laurens F, Baron F, Thomas G, Rouxel F(1996) Variation for virulence on Brassica napus L. amongst Plasmodiophora brassicae collections from France and derived single-spore isolates. Plant Pathol 45:432–439
Soltani E, Adeli R, Akbari GA, Ramshini H (2017) Application of hydrotime model to predict early vigour of rapeseed (Brassica napus L) under abiotic stresses. Acta Physiol. Plant. 39 (252)
Spohn M, Kuzyakov Y (2013). Distribution of microbial-and root-derived phosphatase activities in the rhizosphere depending on P availability and C allocation coupling soil zymography with 14C imaging. Soil Biology and Biochemistry 67: 106-113
Stahl A, Pfeifer M, Frisch M, Wittkop B, Snowdon RJ (2017) recent genetic gains in nitrogen use efficiency in Oilseed Rape.Front. Plant Sci. 8:963.doi: 10.3389/fpls.2017.00963
Svečnjak Z, Rengel Z (2006) Nitrogen Utilization Efficiency in canola cultivars at grain harvest. Plant Soil 283 (1-2):299-307. doi:10.1007/s11104-006-0020-5
Tardieu F, Manichon H(1986) Caractérisation en tant que capteur d'eau de l'enracinement du maïs en parcelle cultivée. II Une méthode d'étude de la répartition verticale et horizontale des racines. Agron 6, 415-425.
Thomas CL, Graham NS, Hayden R, Meacham MC, Neugebauer K, Nightingale M, Dupuy LX, Hammond JP, White PJ, Broadley MR (2016) High-throughput phenotyping (HTP) identifies seedling root traits linked to variation in seed yield and nutrient capture in field-grown oilseed rape (Brassica napus L). Ann. Bot. 118, 655-665
Trivedi P, Schenk PM, Wallenstein MD, Singh BK. (2017)Tiny Microbes, big yields: enhancing food crop production with biological solutions. Microb Biotechnol 10: 999–1003.
Valantin-Morison M, Meynard J-M, Doré T (2007) Effects of crop management and surrounding field environment on insect incidence in organic winter oilseed rape (Brassica napus L.) Crop Protection 26(8): 1108-1120 doi: 10.1016/j.cropro.2006.10.005
Vandenkoornhuyse P, Quaiser A, Duhamel M, Le Van A, Dufresne A, (2015) The importance of the microbiome of the plant holobiont. New Phytologist 206, 1196-1206

Vazquez-Carrasquer V, Laperche A, Bissuel-Belaygue C, Chelle M, Richard-Molard C (submitted) Nitrogen Uptake Efficiency, mediated by fine root growth, early determines variations in Nitrogen Use Efficiency of rapeseed. J. Exp. Bot.

Verret V, Gardarin A, Pelzer E, Médiène S, Makowski D, Valantin-Morison M (2017) Assessment of the benefits of frost-sensitive companion plants in winter rapeseed. Europ. J. Agronomy 91, 93-103

Wagner G, Laperche A., Lariagon C., Marnet N, Renault D, Guitton Y, Bouchereau A, Delourme R, Manzanares-Dauleux MJ, Gravot A (2019) Resolution of quantitative resistance to clubroot into QTL-specific metabolic modules. J. Exp. Bot. doi:10.1093/jxb/erz265

Wagner G, Charton S, Lariagon C, Laperche A, Lugan R, Hopkins J, Frendo P, Bouchereau Al, Delourme R, Gravot A, Manzanares-Dauleux Maria J(2012a) Metabotyping: A New Approach to Investigate Rapeseed (Brassica napus L.) Genetic Diversity in the Metabolic Response to Clubroot Infection MPMI 25(11):1478:1491

Wagner MH, Ducournau S, Luciani A, Léchappé J (2012b). From knowledge-based research towards accurate and rapid testing of seed quality in winter rape. Seed Sci. Res. 22, S80-S85

Walters DR, Bingham IJ (2007) Influence of nutrition on disease development caused by fungal pathogens: implications for plant disease control. Ann Appl Biol 151:307–324

Wang M, Roux F, Bartoli C, Huard-Chauveau C, Meyer C, Lee H, Roby D, McPeek MS, Bergelson J (2018) Two-way mixed-effects methods for joint association analysis using both host and pathogen genomes. Proc Natl Acad Sci U S A 2018; 115.

Wezel A, Casagrande M, Celette F, Vian J-F, Ferrer A, Peigné J (2014) Agroecological practices for sustainable agriculture. A review. Agron. Sustain. Dev. 34, 1–20.doi :10.1007/s13593-013-0180-7

Wissuva M, Mazzola M, Picard C (2009) Novel approaches in plant breeding for rhizosphere-related traits Plant Soil (2009) 321:409–430 doi 10.1007/s11104-008-9693-2

Würschum T, Abel S, Zhao, Y (2014), Potential of genomic selection in rapeseed (B rassica napus L.) breeding. Plant Breed, 133: 45-51. doi: /10.1111/pbr.12137

Zacarini A, Mougel C, Terrat S, Salon C, Munier-Jolain N (2013) Combining ecophysiological and microbial ecological approaches to study the relationship between Medicago truncatula genotypes and their associated rhizosphere bacterial communities. Plant and Soil 365(1-2) :183-199. Doi: 10.1007/s11104-012-1364-7

Zacarini A, Mougel C, Voisin AS, Prudent M, Salon C, Munier-Jolain N (2012) Soil Nitrogen Availability and Plant Genotype Modify the Nutrition Strategies of M. truncatula and the Associated Rhizosphere Microbial Communities. Plos One 7(11): e47096. doi :10.1371/journal.pone.0047096

Zhang J, Jiang F, Yang P, Li J, Yan G, Hu L (2015) Responses of canola (Brassica napus) cultivars under contrasting temperature regimes during early seedling growth stage as revealed by multiple physiological criteria. Acta Physiologiae Plantarum 37(7)

Zheng BS, Le Gouis J, Leflon M, Rong WY, Laperche A, Brancourt-Hulmel (2010) Using probe genotypes to dissect QTLx environment interactions for grain yield components in winter wheat. Theor. Appl. Genet. 121 (8):1501-1517.

Annexe 1 CV détaillé :

Anne Laperche
Née le 05/03/1979
Maître de Conférences en Génétique et Amélioration des Plantes
AGROCAMPUS OUEST

65 rue de Saint-Brieuc
CS 84215
35042 Rennes cedex
02 23 48 56 84 /02 23 48 51 36
anne.laperche@agrocampus-ouest.fr

1.1 Cursus Universitaire

1.1.1 Diplômes

2005 : Thèse de doctorat (Université Technologique de Compiègne, UTC). Composition du jury : Dr. C. Tatout (Rapporteur), Dr. G. Lemaire (Rapporteur), Pr. A. Gallais (Président), Dr. B.Thomasset (examinatrice), Dr. J. Le Gouis (co-directeur de thèse), Dr. F Devienne-Barret (co-directrice de thèse).

2002 : Diplôme d'Etudes Approfondies (DEA) : Stratégie et adaptation des plantes cultivées, option : amélioration des plantes et biotechnologie (Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Rennes et Université de Rennes I) Mention Bien.

2002 : Diplôme d'Agronomie Approfondie (DAA) : spécialisation en productions Végétales, option amélioration des plantes et biotechnologies (Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Rennes)

1999-2002 : Elève ingénieur agronome, Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Rennes
1997-1999 : Classes préparatoires Biologie, Chimie, Physique et Science de la Terre (BCPST), Lycée Henri IV, Paris

1997 : Baccalauréat Série S, mention Bien

1.1.2 Distinctions :

10 janvier 2007 : Médaille de la ville de Rennes en récompense des travaux de thèses reconnus par l'Académie de l'agriculture française

4 octobre 2006 : Médaille d'argent de l'Académie de l'agriculture française en référence aux travaux effectués au cours de la thèse (rapporteur : Pr. André Gallais)

1.2 Cursus professionnel

2006 - actuel : Maitre de conférences « Génétique et Amélioration des Plantes » à AGROCAMPUS OUEST R site de Rennes –

1.2.1 Encadrement de la recherche

- **Coordination de projets de recherche**

2007-2008 : coordination du projet **Corebras** « Caractérisation de la diversité allélique présente dans des core-collections de Brassica (B. napus, B. rapa et B. oleracea) » financé par le département GAP, INRA (7,5 k€).
2008-2012 : coordination du projet **Corebras2** « Structuration des ressources génétiques du colza et de ses progéniteurs », financé par Promosol (180k€)
2011-2015 ; projet ANR **Brassinam «** BrassiNAM / Développement d'une population NAM pour l'analyse de caractères complexes chez Brassica napus » porté par Biogemma, et pour lequel j'ai pris en charge la gestion de projet pour le partenaire IGEPP (250 k€)
2012-2020, je suis responsable du **WP3** du projet PIA **RAPSODYN** « Optimisation de la teneur et du rendement en huile chez le colza cultivé sous contrainte azotée : accélération de la sélection de variétés adaptées grâce à des approches de génétique et de génomique » (20 M€ et 6M€ de subventions). Ce WP rassemble 9 des 16 partenaires du projet. Ce WP comprend la mise en place d'un réseau d'essais entre les différents partenaires ainsi que les analyses génétiques.
2020-2021: Plant2Pro Carnot **INNColza** « Améliorer la précision et faciliter le calcul de l'indice de nutrition azotée chez le colza pour les variétés hybrides actuelles » (coordination Terres Inovia, responsabilité pour l'IGEPP, 57 k€)
2021-2024 : projet Promosol **NAVIG** « Améliorer l'implantation du colza (Brassica napus) en jouant sur l'interaction Génotype x Pratique pour optimiser la vigueur » (coordination A Laperche & N. Nesi, 430 261 € dont 142 535 € de subvention)
2021-2026 : co-responsable du **WP3** du projet PPR Cultiver Autrement **DeepImpact "** Analyse des interactions pante-microbe pour promouvoir la défense des plantes aux bioagresseurs » (coordination C. Mougel, 10,4 M€ dont 3 M€ de subventions). Ce WP rassemble 4 UMR différentes et deux modèles biologiques (blé et colza)

- **Participation à des projets de recherche**

2001-2003 : ANR Génoplante CP2P1« Etude du déterminisme génétique de la tolérance à une déficience en azote du blé tendre en combinant des approches QTL, gènes candidats et protéome »(Coordination : J Le Gouis, 4 partenaires)
2006-2007: ANR génoplante **Colibri** Identification et validation de gènes candidats impliqués dans l'élaboration du rendement en huile de lignées et d'hybrides de colza d'hiver *Brassica napus* (coordination Euralis, financement IGEPP : 17 k€)
2006-2008 ANR Génoplante **Arcole** (coordination Terres Inovia, 8 partenaires) Efficacité de la nutrition azotée du colza au printemps : identification de cibles de sélection.
2008-2012 ANR **GENERGY** Improvement of the oil yield of the rapeseed crop in the context of biofuel production (coordination : Nathalie Nesi, IGEPP, 7 partenaires, financement : 296 k€ pour IGEPP)
2013-2016 : Projet SAS PIVERT : **PHENOL** : développement d'outils de phénotypage haut débit pour les cultures oléagineuses, au sol ou par drone (coordination Terres Inovia, 46 k€ pour l'IGEPP)
2014-2016 Projet Promosol **MOREAZ** Modulation de la Réponse de résistance du colza à des agents pathogènes (hernie et phoma) en situation de contrainte azotée. (Coordination : Maria Manzanares-Dauleux, 181 700 €)
2017-2020 Projet Promosol **Describe** : DivErSité Chémotypique chez *Brassica napus* (coordination : Antoine Gravot et Alain Bouchereau. 163 927 €)
2017-2020 : Projet Plant2Pro Carnot **Magnum** : Analyse des bases génétiques des interactions « Brassica napus - diversité du microbiote et communautés fonctionnelles du cycle de l'azote rhizosphèrique » par une approche de génétique d'association (coordination C. Mougel, IGEPP, 83 k€ pour l'IGEPP)
2021-2023 : Projet CASDAR SSV **RESO** : Quels réseaux d'évaluation variétale pour identifier et inscrire des variétés adaptées à l'agroécologie ? (Coordination J Gombert, GEVES, 84 k€)

- **Participation à des comités de thèse**

M. Bogard, UMR GDEC, Analyse génétique et écophysiologique de l'écart à la relation teneur en protéines - rendement en grains chez le blé tendre, soutenue en 2011

H. Romé, UMR PEGASE, Cartographie de QTL et évaluation génomique chez la poule pondeuse dans un contexte alimentaire changeant, soutenue en 2015
S. Klaedtke, UMR BAGAP, Gouvernance de la santé des plantes et gestion de la biodiversité cultivée - le cas de la santé du haricot gérée par les membres de l'association "Croqueurs de Carottes", soutenue en 2017
Y. Aigu, UMR IGEPP, « La résistance du colza à la hernie peut-elle être modulée par la fertilisation azotée ? soutenue en 2017
D. Picard-Drouet, **UMR PEGASE**, Précision de l'évaluation génomique chez la poule pondeuse, soutenance prévue en 2020
M. Ollier, Univ.Lille/ BOKU-Autriche Breeding for a low micotoxin triticale. Soutenue en 2020
Estelle Bineau /INRA GAFL et Gautier Semences « Génétique d'association chez la tomate pour identifier des locus, des gènes et des allèles importants dans la sélection de variétés de tomate de qualité », soutenance prévue en 2021
Remi Ollivier, UMR IGEPP « ResiP : Déterminants génétiques et moléculaires de la résistance su pois au puceron », soutenance prévue en 2022

- **Participation à des jurys de thèse**

2019 : Examinatrice de la thèse de Gaetan Gouzy « Analyse génétique et écophysiologique de la tolérance à la sécheresse et au stress thermique chez le blé tendre (*T.aestivum* L). Soutenue le 7 mai 2019 à Clermont-Ferrand. Université Clermont-Auvergne

2020 : Examinatrice de la thèse de Douae Ben Hdech : «Exploration de la diversité naturelle de *Medicago truncatula* pour la croissance hétérotrophe des plantules en fonction de l'apport en nitrate et de la température », soutenue le 10 novembre 2020 à Angers, Université d'Angers.

- **Reviewing**

- 2 à 3 articles par an pour différents journaux (Theoretical en Applied Genetics, Plant Breeding, BMC, plosOne, Agronomy, sustainability, New Phytologist, Plant Genome,…)
- Expertise de projet scientifique pour le compte de l'agence allemande GABI (2006)
- Expertise d'un projet scientifique pour le programme de coopération ECOS Sud-SeCyT (2019)
- Depuis 2011 : Expertise de trois projets scientifiques par an dans le cadre de l'appel à projet « Semences et Sélection Végétales » porté par le CASDAR

- **Management et encadrement**

<u>Encadrement technique</u>

Depuis 2019 : référente directe de Bernard Moulin (Technicien de Recherche) et Elise Alix (Adjointe Technique) en expérimentation agronomique au sein de l'équipe
Depuis 2009, je suis, pour la partie recherche, l'organisation des activités de Solenn Guichard, TREX AGROCAMPUS OUEST

<u>Co-encadrement de CDD (AI et IE)</u>

- 2016-2017 (18 mois) : Alina Tollenaere, Assistante ingénieur en CDD, contrat RAPSODYN
- 2014-2015 (18 mois) : Tyfanie Bourlet, Assistante Ingénieur en CDD, contrat RAPSODYN
- 2011-2012 (12 mois) : Stéphane Hervieu, Assistant ingénieur, CDD, contrat RAPSODYN
- 2009-2011 (2 ans) : Emmanuel Bloquel Assistant ingénieur en CDD, contrat Genergy

Encadrement scientifique

Co-encadrements de thèses :

- **2012-2015** : co-encadrement (50%) de la thèse de **Anne-Sophie Bouchet** : « Architecture génétique du rendement et de ses composantes chez le colza d'hiver (*Brassica napus* L.) cultivé sous contrainte azotée » thèse soutenue en Nov. 2015
  - ⇨ Après un post-doctorat en Allemagne, Anne-Sophie est Molecular biology project manager chez Vilmorin-Mikado
- **2016-2020** : co-encadrement (33%) de la thèse de **Victor Vazquez-Carrasquer** « Identification et estimation de la diversité génétique des traits déterminant précocement l'efficacité d'utilisation de l'azote (NUE) chez le colza sous faible nutrition azotée, par une approche de phénotypage assisté par modèle écophysiologique. Soutenance prévue le 26/01/2021
  - ⇨ Ingénieur chez Factor Energia, Barcelone
- **2017-2020** : co-encadrement (50%) de la thèse d'**Erwan Corlouer** : « Identification des déterminants génétiques et moléculaires contrôlant la stabilité du rendement et de la qualité de la graine chez le colza ». La soutenue le 19 novembre 2020.

Encadrement de stages de fin d'études (M2 et élèves ingénieurs)

1) **G. Wagner 2008** Structuration de la diversité génétique et constitution de core collections chez *Brassica oleracea* L. master Recherche GAPV
   Devenir : Scientist chez BASF Agricultural Solutions Belgium (après these et stage post-doctoral)
2) **B. Albert 2008** Etude des relations entre architecture racinaire et efficience de l'azote chez deux génotypes de colza cultivés en conditions contrastées d'alimentation azotée. master Recherche GAPV
   co-encadrement (50%) avec C. Bissuel
   Devenir : R&D Biostimulants Project Leader chez Agrauxine (après une thèse)
3) **A. Ollivier 2009**. Etude de la structuration de la diversité génétique chez *Brassica napus* L. Master Recherche BIOVIGPA
4) **F. Andrianasolo 2010** Analyse écophysiologique de la mise en place de l'indice foliaire par la méthode du LAI-2000 chez 95 génotypes de colza d'hiver soumis à deux conditions de nutrition azotée contrastées au champ.master BIOVIGPA
   co-encadrement (50%) avec C. Bissuel
   devenir : Crop Modelling Engineer chez Arvalis (après une thèse)
5) **R. Kergoat 2011** Utilisation de la variabilité naturelle pour identifier les déterminants de l'élaboration du rendement en huile chez le colza d'hiver cultivé sous des régimes azotés contrastés. Biovigpa parcours Pro SPVR
   co-encadrement (50%) avec N. Nesi
6) **A.-S. Bouchet 2012**. Amélioration du rendement en huile de colza d'hiver cultivé sous contrainte azotée. Approches par génétique de liaison et génétique d'association. Ingénieur Agronome spécialisation Sciences et Productions Végétales – option génétique et amélioration des plantes
   co-encadrement (50%) N. Nesi
   Devenir : Molecular biology project manager chez Vilmorin-Mikado
7) **T. Bourlet 2014.** Identification des déterminants génétiques de l'élaboration du rendement en huile et de l'efficacité d'utilisation de l'azote chez le colza d'hiver (*Brassica napus* L.) sous contrainte azotée par analyse d'association ; Master PROTEV
   co-encadrement (50%) avec N. Nesi
   Devenir : Seeds Production Research Manager chez BASF
8) **M. Ollier 2014**. Identification de déterminants génétiques de la modulation de la réponse à la hernie par un stress azoté chez le colza. Ingénieur Agronome spécialisation Sciences et Productions Végétales – option génétique et amélioration des plantes
   Co-encadrement (50%) A. Gravot
   Devenir : EME Crop Analytics Lead, Bayer (après une thèse)

9) **E. Corlouer**– **2016** Identification des déterminants génétiques de l'efficacité d'utilisation de l'azote chez le colza d'hiver par GWAS et analyse de leur stabilité/sensibilité aux facteurs environnementaux. Ingénieur Agronome spécialisation Sciences et Productions Végétales – option génétique et amélioration des plantes
co-encadrement (50%) avec N. Nesi
Devenir : CDD ingénieur à l'INRA puis poursuite en thèse dans l'équipe

10) **O. Guilbert**– **2017** Identification et caractérisation des déterminants génétiques et moléculaires du rendement chez le colza d'hiver. Ingénieur Horticole spécialisation Sciences et Productions Végétales – option génétique et amélioration des plantes
co-encadrement (50%) avec N. Nesi
Devenir : Assistante de sélection melon chez HM.CLAUSE

11) **R. Rio**- **2019** - Comprendre l'interaction génotype x environnement grâce aux facteurs pédoclimatiques impactant le rendement chez le colza d'hiver cultivé sous contrainte azotée. Ingénieur Horticole spécialisation Sciences et Productions Végétales – option génétique et amélioration des plantes

12) **M Rolland 2020** - Identification des QTL/gènes impliqués dans le recrutement des communautés microbiennes des racines chez le colza par génétique d'association (GWAS). Master Amélioration Production et Valorisation du Végétal – option Génétique génomique et Amélioration des Plantes (Université de Rennes et AGROCAMPUS OUEST). Co-encadrement avec C. Mougel et C. Bartoli
Devenir : CDI ingénieur chez Cap Gemini, Tours

1.2.2 Missions d'expertise

2011-présent : membre du **conseil scientifique du GEVES** (Groupe d'Etude et de contrôle des variétés Et des Semences). Le GEVES est un organisme qui assure des missions officielles liées à la réglementation et met en œuvre des études pour le compte du CTPS (Comité Technique Permanent de la Sélection) afin de pouvoir inscrire de nouvelles variétés au catalogue officiel, gérer la protection intellectuelle, la certification de semences, et la coordination des aspects de conservation des ressources phytogénétiques.

2014-présent : membre du **comité scientifique du CTPS**. Le CTPS est un regroupement d'experts, qui assure une mission de conseil et d'appui technique au Ministère chargé de l'Agriculture pour la préparation et l'exécution de la politique en matière de variétés, semences et plants. A ce titre, je participe à la définition de l'appel à projet CASDAR porté par le CTPS : « Semences et Sélection Végétales », ainsi qu'à l'expertise des projets déposés. Le CS du CTPS a d'autres missions de conseil en lien avec le plan SPAD « Semences et Plants pour une Agriculture Durable ». Pour nourrir ces réflexions, le CS s'est réuni en 2017 autour de l'utilisation des NBT (New breeding Techniques, dont CRIPSR-Cas9), ce qui a abouti à la rédaction d'un rapport visant à anticiper pour des évolutions pour le CTPS liées à l'inscription de potentielles variétés éditées, puis en 2018/2019 autour de la notion de variété.

2020- présent : **Experte scientifique** nommée par le département BAP de l'INRAE au sein de la section « Colza et Autres Crucifères » du **CTPS**. (membre des commissions VATE et DHS)

1.2.3 Missions d'enseignement

En moyenne, au cours des 5 dernières années j'ai effectué un réalisé pédagogique annuel de **236 heures équivalent TD**. En fonction des années, entre 77% et 95% de mon service est réalisé pour des formations de niveau M (master cohabilité avec l'université de Rennes ou deux dernières années des cursus ingénieurs). Le reste de mes enseignements se répartit entre de la formation continue et des enseignements de L3 pour la formation d'ingénieur agronome d'AGROCAMPUS OUEST.

Responsabilités de formations

- **2012-2016** ; responsable du parcours « Innovation variétale » du master Professionnel « Protev », cohabilité AGROCAMPUS OUEST, Université de Rennes 1, Université d'Angers (7 à 15 étudiants par an)

- **2017- présent** : co-responsable (avec Laurent Leport, UR1) du master 1 Amélioration Production et Valorisation du Végétal (25 à 40 étudiants par an)
- **2017- présent** : Responsable de l'option Génétique et Amélioration des Plantes de la formation d'ingénieur Agronome à AGROCAMPUS OUEST (7 à 15 étudiants par an)

La responsabilité d'une formation couvre les actions de recrutement, suivi individualisé des étudiants, organisation pédagogique et planification des enseignements et présidence des jurys de fin d'études.

Responsabilité de modules d'enseignement

- Depuis 2012 : j'ai la responsabilité de 5 à 7 UE (25 à 50 heures) tous les ans en formation initiale
- Organisation de formations continues autour des approches de génétique quantitative à la demande des professionnels (2014, 2017, 2019).

1.2.3 Missions collectives au sein de l'établissement

2008-2016 : Elue au conseil des enseignants de l'établissement
2013-2016 : Suppléante du conseil de l'enseignement et de la vie étudiante (CEVE).
2016-2020 : Elue au Conseil d'Administration d'AGROCAMPUS OUEST. et au CA provisoire de l'Institut Agro
2020- en cours : Elue au Conseil d'Administration de l'Institut Agro et Elue au conseil d'école interne d'AGROCAMPUS OUEST

Je participe à un comité et deux **commissions internes et un conseil** de l'établissement :

- Comité DD&RS (développement Durable et Responsabilité Sociétale)
- Commission de gestion de Campus de Rennes, elle réunit des élus et représentant des personnels, des étudiants et des services transversaux pour traiter des points liés à la gestion/aménagement du campus de Rennes
- Commission des élus CA/CT de l'Institut Agro, elle se réunit régulièrement (une fois par mois) à la demande des élus ou de la direction générale pour faire le point sur des actions stratégiques (rapprochement des écoles, et intégration d'AgroSup Dijon) ou des questions de fonctionnement (gestion de la crise COVID19, plan de reprise, fonctionnement provisoire de l'Institut…)
- Conseil de gestion de la fondation AGROCAMPUS OUEST

Je fais partie de la **commission mixte d'élus AO/Montpellier SupAgro** pour suivre le projet de rapprochement. Depuis l'annonce du rapprochement entre les deux établissements en un établissement unique au 1er janvier 2020, en tant qu'élue au CA, je suis impliquée dans l'animation des discussions à AO (organisation d'AG, relations/échanges avec les élus de Montpellier SupAgro), et fait partie de la Commission d'élus inter-écoles (AO et MSA) réunie à l'initiative des deux directions pour accompagner le projet en 2019.

J'ai fait partie de **deux groupes de travail** mis en place par la direction

- Groupe « vacations » mis en place pour proposer une nouvelle organisation de la gestion des contrats de vacations
- « Groupe Qualité de Vie au Travail », mis en place suite à un audit mené à AO en 2018, pour déboucher sur un plan d'action porté par la RH.

Annexe 2 : Titres et Travaux

2.1 articles dans des revues à comité de lecture (rang A)

Les publications sont classées par ordre chronologique. Les publications ayant été réalisées dans le cadre d'un encadrement de thèse sont surlignées en gris (et le nom du doctorant est souligné)

Louvieaux J, Bouchet A-S, Kupcsik L, Haelterman L, Stahl A, Snowdon R, Laperche A, Nesi N, Hermans C (in prep) Association mapping for rapeseed root morphology in response to diverse nitrogen conditions

Vazquez-Carrasquer V, Laperche A, Bissuel-Bélaygue C, Chelle M, and Richard-Molard C (submitted) Nitrogen Uptake Efficiency, mediated by fine root growth, early determines variations in Nitrogen Use Efficiency of rapeseed. J Exp Bot

Botero A, Laperche A, Gravot A, Strelkov S, Manzanares-Dauleux MJ (under review) Clubroot symptoms and resting spore production in a doubled haploid population of oilseed rape (*Brassica napus*) are controlled by four main QTLs. Frontiers in Plant Science.

Corlouer E, Gauffreteau A, Bissuel-Belaygue C, Nesi N, Laperche A (2019) Envirotypes Based on Seed Yield Limiting Factors Allow to Tackle G × E Interactions. Agronomy,9(12):798 (IF : 2.26)

Rochefort A , Briand M, Marais C, Wagner M-H, Laperche A, Vallee P, Barret M, Sarniguet A (2019) Influence of environment and host plant genotype on the structure and diversity of the *Brassica napus* seed microbiota. Phytobiomes Journal doi:10.1094/PBIOMES-06-19-0031-R

Akmouche Y, Cheneby J, Lamboeuf M, Elie N, Laperche A, Bertheloot J, Trouverie J, Avice J-C, Etienne P, Brunel-Muguet S. (2019) Do nitrogen and sulphur remobilization-related parameters measured at the onset of the reproductive stage provide early indicators to adjust N and S fertilization in oilseed rape (*Brassica napus* L.) grown under N and/or S limiting supplies? Planta (IF : 3.2)

Wagner G, Laperche A., Lariagon C., Marnet N, Renault D, Guitton Y, Bouchereau A, Delourme R, Manzanares-Dauleux MJ, Gravot A (2019) Resolution of quantitative resistance to clubroot into QTL-specific metabolic modules. J. Exp. Bot. doi:10.1093/jxb/erz265 (IF : 5.3)

Aissou F, Laperche A, Falentin C, Lodé M,.Deniot G, Boutet G,.Régnier F, Trotoux G, Huteau V, Coriton O, Rousseau-Gueutin M, Abrous O,.Chèvre A-M, Hadj-Arab H. (2018). A novel Brassica rapa L. genetic diversity found in Algeria. Euphytica 214:241 DOI :/10.1007/s10681-018-2318-9 (IF : 1.5)

Aigu Y, Laperche A, Mendes J, Lariagon C, Guichard S, Gravot A, Manzanares-Dauleux MJ (2018). Nitrogen supply exerts a major/minor switch between two QTLs controlling Plasmodiophora brassicae spore content in rapeseed. Plant Pathology 67, 1574–1 581 (IF : 2.5)

Laperche A, Aigu Y, Jubault M, Ollier M, Guichard S, Glory P, Strelkov S, Gravot A, Manzanres-Dauleux MJ (2017) Clubroot resistance QTL are modulated by nitrogen input in *Brassica napus.* Theor. Appl. Genet.130:669-684.doi: 10.1007/s00122-016-2842-8 (IF : 3.2)

Bouchet A-S, Laperche A, Bissuel-Belaygue C, Baron C, Morice J, Rousseau-Geutin M, Dheu J-E, George P, Pinochet X, Foubert T, Maes O, Dugué D, Guinot F, Nesi N (2016)Genetic basis of nitrogen use efficiency and yield stability across environments in winter rapeseed. BMC Genetics 17:131 doi:/10.1186/s12863-016-0432-z (IF : 2.7)

Bouchet A-S, Nesi N, Bissuel C, Bregeon M, Lariepe A, Navier H, Ribière N, Orsel M, Grezes-Besset B, Renard M, Laperche A (2014). Genetic control of yield and yield components in winter oilseed rape (*Brassica napus* L) grown under nitrogen limitation. Euphytica (199):183-205 (IF : 1.5)

Wagner G, Charton S, Lariagon C, Laperche A, Lugan R, Hopkins J, Frendo P, Bouchereau Al, Delourme R, Gravot A, Manzanares-Dauleux Maria J(2012). Metabotyping: A New Approach to Investigate Rapeseed (Brassica napus L.) Genetic Diversity in the Metabolic Response to Clubroot Infection MPMI 25(11):1478:1491 (IF : 3.6)

Zheng BS, Le Gouis J, Leflon M, Rong WY, Laperche A, Brancourt-Hulmel (2010) Using probe genotypes to dissect QTLx environment interactions for grain yield components in winter wheat. Theor. Appl. Genet. 121 (8):1501-1517. (IF : 3.2)

Laperche A., Le Gouis J., hanocq E. and Brancourt-Hulmel M.(2008) Modelling nitrogen stress with probe genotypes to assess genetic parameters and genetic determinism of winter wheat tolerance to nitrogen constraint. Euphytica. 161(1-2):259-271 (IF : 1.5)

Hanocq E., Laperche A., Jaminon O., Lainé A-L and Le Gouis J (2007) Most significant genome regions involved in the control of earliness traits in bread wheat, as revealed by QTL meta-analysis. Theor. Appl. Genet 114(3):569-584 (IF : 3.2)

Laperche A., Brancourt-Hulmel M., Heumez E., Hanocq E., Devienne-Barret F. and Le Gouis J. (2007) Using genotype x nitrogen interaction variables to evaluate the QTL involved in wheat tolerance to nitrogen constraints. Theor. Appl. Genet. 115(3):399-415 (IF : 3.2)

Laperche A., Brancourt-Hulmel M., Heumez E., Gardet O. and Le Gouis J. (2006). Estimation of genetic parameters of a DH wheat population grown at different N stress levels characterized by probe genotypes. Theor Appl Genet 112(5): 797-807 (IF :3.2)

Laperche A., Devienne-Barret F., Maury O., Le Gouis J. and Ney B (2006) A simplified conceptual model of carbon/nitrogen functioning for QTL analysis of wheat adaptation to nitrogen deficiency. Theor. Appl. Genet 113:1131-1146 (IF : 3.2)

Barrière Y., Laperche A., Barrot L., Aurel G., Briand M. and Jouanin L.(2005). QTL analysis of lignification and cell wall digestibility in the BAy-O x Shahdara RIL progeny of *Arabidopsis thaliana* as a model system for forage plant. Plant Science 168:1235-1245. (IF : 3.7)

2.2 articles de revue dans des revues internationales

Delourme R, Laperche A, Bouchet A-S, Jubault M, Paillard S, Manzanares-Dauleux MJ, Nesi N (2018) Genes and Quantitative Trait Loci Mapping for Major Agronomic Traits in Brassica napus L. in The Brassica napus Genome Ed: Shengyi Liu, Rod Snowdon and Boulos Chalhoub. . ISBN: 978-3-319-43694-4

Bouchet A-S, Laperche A, Bissuel-Belaygue C, Snowdon R, Nesi N, Stahl A (2016) Nitrogen use efficiency in rapeseed. A review. Agronomy for Sustainable Development 36:38 doi : 10.1007/s13593-016-0371-0 (IF : 4.1)

2.3 Articles ou conférences de vulgarisation

Pinochet X, Laperche A, Corlouer E, Nesi N (2020). La recherche se penche sur la valorisation de l'azote. Perspectives Agricoles 480

Richard-Molard C, Gruau M, Lecarpentier C., Pagès L., Laperche A.(2019) Le phénotypage assisté par modèle : une méthode performante pour identifier des traits de sélection pour l'architecture racinaire. Le sélectionneur français vol 70 : 21-30

Carof M., Laperche A., Cannavo P., Menasseri S., Godinot O., Julbault M., Manzanares-Dauleux M., Guenon R., Jaffrezic A., Pérès G., Le Cadre E. (2018) Valorisation des interactions plante-sol pour la nutrition et la santé des plantes. Innovations Agronomiques vol 69 :71-82

Laperche A, Brancourt M, Devienne-Barret F, Hanocq E, Savin A, le Gouis J (déc 2005). Des variétés de blé économes en azote : en enjeu pour la sélection. Perspectives Agricoles 315.

2.4 Communications orales

Communications invitées

Bissuel C, Deleu C, Laperche A, Leport L, Le Caherec F, Nesi N, Niogret M-F, Bouchereau A (2015). Towards deciphering genetic and physiological cues associated to nitrogen and water stress tolerance in oilseed rape. 14th rapeseed Congress, Saskatoon, Canada. 5-9th July 2015

Nesi N., Laperche A., Le Cahérec F., Orsel M., Bissuel-Belaygue C., Allirand J.M., Avice J.C., Jolivet P., Chardot T., Quinsac A., Wilmer J., Rivière N. & Pauquet J. (2012). Improvement of the oil yield of the rapeseed crop in the context of bio fuel production. In: Plant Genomics Seminar, (Pont-Royal en Provence, France).

Communications orales / congrès internationaux

V. Vazquez-Carrasquer, C. Bissuel-Bélaygue, A. Laperche, M. Chelle, C. Richard-Molard (2019) Deciphering the response of winter oilseed rape to nitrogen inputs: fine roots do matter in Nitrogen Use Efficiency! 15th International Rapeseed Congress, 16-19 June 2019, Berlin, Germany

C. Bissuel-Bélaygue, M. Kutelmach, C. Richard-Molard, A. Tolleneare, J. M. Allirand, A. Laperche. (2019) Deciphering the genetic diversity of WOSR seed yield elaboration and NUE in the field: what is the relative contribution of plant growth, leaf area dynamics, N uptake and N use efficiencies during the crop cycle ? 15th International Rapeseed Congress, 16-19 June 2019, Berlin, Germany

E. Corlouer, A. Bouchet, A. Gauffreteau, C. Bissuel-Belaygue, N. Nesi, A. Laperche (2019)Temperature and radiation stresses explain most of the environmental variation of seed yield across a French network, and allow to tackle GxE interaction in winter oilseed rape cultivars. 15th International Rapeseed Congress, 16-19 June 2019, Berlin, Germany

C. Hermans, J. Louvieaux, L. Haelterman, L. Kupcsik, J. Xu, I. Bancroft, A. Stahl, R. Snowdon, S. Faure, A. Boucher, A. Laperche, N. Nesi. (2019). Genetic diversity of oilseed rape root morphology in response to nitrogen supply. 15th International Rapeseed Congress, 16-19 June 2019, Berlin, Germany

S. Gervois, C. Clément, T. Chabert, M. Valantin-Morison, X. Pinochet, A. Laperche (2019) AZODYN-rapeseed: a dynamic crop model to simulate the performance of rapeseed crop in constrasting environnements. 15th International Rapeseed Congress, 16-19 June 2019, Berlin, Germany

Pelé A, Boideau F, Paillard S, Taburel M, Laperche A, Trotoux G, Falentin C, Gilet M, Legeai F, Morice J, Rousseau-Gueutin M and Chèvre A-C (2019). A reshuffling machinery for generating new diversity in a polyploid context: Model Brassica napus. International Conference on Polyploidy, 11-14 June 2019, Ghent, Belgium

Aude Rochefort, Martial Briand, Coralie Marais, Anne Laperche, Matthieu Barret, Alain Sarniguet (2018) Influence of environment and host plant genotype on the structure and diversity of the Brassica napus seed microbiota. International Phytobiomes Conference 2018, Montpellier, France 4-6 December 2018

Antoine Gravot, Anne Laperche, Stéphanie Daval, Yoann Aigu, Solenn Guichard, Christine Lariagon, Jocelyne Lemoine, Kevin Gazengel, Fabrice Legeai, Benjamin Liégard, Mélanie Jubault, Régine Delourme, Maria Manzanares-Dauleux (2018) Quantitative resistance to clubroot and interactions with abiotic stresses. Integrated Control in Oilseed Crops IOBC-WPRS Bulletin Vol. 136, pp. 25-26. IOBC-WPRS WG "Pesticides and Beneficial Organisms", 30.09.-04.10.2018, Zagreb, Croatia.

Sophie Paillard, Maryse Lodé, Gwenn Trotoux, Frédérique Eber, Marie Gilet, Jérôme Morice, Olivier Filangi, Fabrice Legeai, Anne Laperche, Mathieu Rousseau-Gueutin, Anne-Marie Chèvre. (2018) From diploids to a huge diversity ready-to-use for oilseed rape breeding. 21th Crucifer Genetics Conference. StMalo France, 1-4 juillet 2018. p13

Antoine Gravot, Anne Laperche, Stéphanie Daval, Yoann Aigu, Solenn Guichard, Christine Lariagon, Jocelyne Lemoine, Kevin Gazengel, Fabrice Legeai, Mélanie Jubault, Maria Manzanares-Dauleux. Influence of nitrogen constraint on quantitative resistance to clubroot in *Brassica napus*. 21th Crucifer Genetics Conference. StMalo France, 1-4 juillet 2018. p63

Erwan Corlouer, Ophélie Guilbert, Anne-Sophie Bouchet, Cécile Baron, Sebatien Faure, Magalie Leveugle, Jean-Eric Dheu, Clara Simon, Thomas Foubert, Olivier Maes, Damien Dugué, Emmanuelle Dyrszka, Julien Moreau, Anne Laperche, Nathalie Nesi. Genetic and molecular determinants of Nitrogen Use Efficiency in winter oilseed rape. 21th Crucifer Genetics Conference. StMalo France, 1-4 juillet 2018. p67

Laperche A, Le Cahérec F, Corlouer E, Bouchet AS, Navarro J, Orsel M, Bissuel C, Nesi N, Niogret MF (2017) Genetic basis of Nitrogen Use Efficiency and Yield stability across N conditions in rapeseed: combining quantitative genetic and functional genomic approaches. PAGXXV, 14-18 Janvier 2017, San Diego, USA

Bouchet A-S, Laperche A, Bissuel-Belaygue C, Baron C, Navier H, Bourlet T, Moulin B, Alix E, George P, Adriaensen R, Dugué D, Foubert T, Younous J, Simon C, Joly G, Maes O, Lariepe A, Faure S, Margalé E, Dheu J-E, Dyrszka E, Pinochet X, Nesi N. Assessing QTLs for yield and their stability under limiting nitrogen supply using a wide field trial network. 14th rapeseed Congress, Saskatoon, Canada. 5-9th July 2015

Bouchet A-S, Laperche A, Bissuel C, Nesi N. Deciphering the genetic control of yield and yield components of winter oilseed rape (Brassica napus L.) grown under nitrogen constraints with combined linkage and association analyses. PAGXXIII, 10-14 Janvier 2015, San Diego, USA

*B*ouchet A-S, Nesi N, Bissuel C, Bregeon M, Pauquet J, George P, Navier H, Ribière N, Hanneton L, Orsel M, Renard M, Laperche A. Improving nitrogen use efficiency of winter rapeseed by determining the genetic control of oil yield elaboration under N constraint. PAGXXII, 11-15 Janvier 2014, San Diego, USA

Bissuel-Belaygue C., Laperche A., Guernec G., F. Andrianasolo F., Viera de Oliviera A.C., Orsel M., Bregeon M., Bloquel E., Busnot S., Guichard S. , Fauvel Y., Trinkler B., Nesi N. (2011). Leaf Area Index, a good functional trait for screening genetic diversity of Winter Oil Seed Rape response to N constraint: Study of a panel of 95 genotypes. 13th International Rapeseed Congress, Prague, June 5-9, 2011.

Laperche A., Falentin C., Wagner G. , Boutet G., Glory P., Lariagon C., Guichard S., Label A., Manzanares-Dauleux M.J. and Renard M. (2009). Structure of genetic diversity and elaboration of core collections for the three related *Brassica* species: *Brassica oleracea*, *B. rapa, B. napus.* GCIRC Meeting, Delhi Inde. February 2009.

Jestin C., Laperche. A., Falentin, C., Lassalle, G., Chalhoub, B., Renard, M., Manzanares-Dauleux, M.J., Delourme, R (2009). Association mapping in oilseed rape (Brassica napus L.): a case study on quantitative resistance for *Leptosphaeria maculans* OECD Genome association OZ09 November 9-12, 2009 The University of Western Australia

Albert B., A. Laperche, M. Orsel, M. Bregeon, S. Busnot et C. Bissuel (2008) Architecture racinaire et efficience d'utilisation de l'azote chez deux génotypes de colza cultivés en conditions contrastées d'alimentation azotée 2008 XI journées du réseau "Biotechnologies végétales/ Amélioration des plantes et sécurité alimentaire-Biotech 2008"-Agrocampus rennes France 29 juin-3 juillet 2008

Laperche A., Falentin C., Wagner G., Boutet G., Glory P., Label A., Manzanares-Dauleux M.J. and Renard M. (2008) Structure of genetic diversity and elaboration of core collections in Brassica oleracea. Brassica 2008 5th ISHS International Syposium on Brassicas and 16th Crucifer Genetics Workshop 8-12 september 2008 Lillehammer, Norway

Richard-Molard C, Brun F, Laperche A, Chelle M, Pagès L, Ney B (2007) Modelling N nutrition impact on plant functioning and root architecture in various genotypes of Arabidopsis thaliana in "Functional-Structural Plant Models". 5th International workshop. Presinkiewick P, Hanan J, Lane B (eds). 04-09/11/2007 Napier(NZL) paper n°17, 4p

Le Gouis J, Laperche A, Brancourt-Hulmel M, Devienne-Barret F, Hanocq E, Ney B (2007) Genetic determinism of tolerance to N deficiency in wheat. 4th UK small grain cereals genetics and genomics workshop "From genes to traits", NIAB, Cambridge, England

Brancourt-Hulmel M., Laperche A. and Le Gouis J. (2006) Modelling nitrogen stress with probe genotypes to assess genetic parameters in winter wheat. Eucarpia Biometrics. Zagreb Croatia, 30th august-1st september 2006.

Laperche A., Brancourt-Hulmel M., Devienne-Barret F., Hanocq E., Ney, B. and Le Gouis J. (2006) Genetic control of nitrogen stress in winter wheat. Eucarpia Cereal section. Lleida Spain, 13th-17th november 2006.

Communications orales / Colloques nationaux

Erwan Corlouer, Véronique Solé-Jamault, Aude Le Goff, Julien Navarro, Anne Laperche, Nathalie Nesi (2019) La sélection pour la faible teneur en glucosinolates a induit une modification de la composition en protéines de réserve de la graine de colza. Congrès Graines 2019, 21-23 mai 2019, Angers, France

Laperche A et Richard-Molard C (2019) Le phénotypage des systèmes racinaires assisté par modèle : Application au colza : variabilité génétique et plasticité de l'architecture racinaire. Journée scientifique de l'association des Sélectionneurs Français « Le système radiculaire et la rhizosphère en amélioration des plantes », 7 fev 2019, Versailles, France.

Leport L, Sorin C, Debrandt W, Cambert M, Carles N, Le Caherec F, Niogret MF, Deleu C, Nesi N, Laperche A, Bissuel C, Bouchereau A, Mariette F, Musse M. - 2016. Nitrogen deficiency impacts on cell and tissue structure changes associated to leaf senescence in Brassica napus. 11th national meeting of the SFBV. Angers, FRA 6-8 July,.2016

Nesi N, Kergoat R, Confolent C, Baron C, Clouet V, Daligault J, Laperche A (2011) Utilisation de la variabilité naturelle pour identifier et valider les déterminants génétiques de la teneur en huile dans la graine de colza (*Brassica napus* L). Colloque graines 2011 – 3ème colloque national du réseau françias de biologie des graines, Nantes27-28 Octobre 2011.

Communications sans actes (Colloques)

Gravot A, Jubault M, Wagner G, Lemarié S, Laperche A, Delourme R, Manzanares-Dauleux MJ (2014). Analyse métabogénétique de la réponse de la plante à l'infection par des agents pathogènes. Journées scientifiques du département Biologie et Amélioration des Plantes,14-16 avril 2014, Pont-Royal.

Nesi N, Laperche A, Bouchereau A, Bellamy A, Faure S, Leveugle M, Dheu J-E, Pinochet X, Avice J-C, Richard-

Molard C, Valantin-Morison M, Baud S, Lemarié S, Steinbach D, Lavenier D, Mariette F, Grezes-Besset B, Foubert T, Gaillard A, Lucas O, Dyrszka E. (2014) RAPSODYN: Optimisation de la teneur et du rendement en huile chez le colza cultivé sous contrainte azotée.Journées scientifiques du département Biologie et Amélioration des Plantes,14-16 avril 2014, Pont-Royal.

Anne LAPERCHE, Christine BISSUEL, Laurent LEPORT, Jean-Christophe AVICE, Céline RICHARD-MOLARD, Jean-Michel ALLIRAND, Muriel VALANTIN-MORISON, Alain BOUCHEREAU, Nathalie NESI. (2016) New tools and technologies for Nitrogen Use Efficiency Evaluation. Séminaire GisBV autour des projets investissements d'avenir, 28-30 septembre 2016, Paris, France.

Anne LAPERCHE, Christine BISSUEL, Laurent LEPORT, Maja MUSSE, Jean-Christophe AVICE, Céline RICHARD-MOLARD, Jean-Michel ALLIRAND, Xavier PINOCHET, Alain BOUCHEREAU, Nathalie NESI. Phenotyping Nitrogen Use Efficiency. "Plant Abiotic Stresses" International Workshop. 2 & 3 November 2016, Agrocampus-Ouest, Rennes, FRANCE

Erwan Corlouer Analysis of QTL stability/sensitivity to the N regime and environmental factors. "Plant Abiotic Stresses" International Workshop. 2 & 3 November 2016, Agrocampus-Ouest, Rennes, FRANCE

Anne-Sophie BOUCHET Identification of the genetic determinants controlling the NUE in winter rapeseed and analysis of their stability/sensitivity to the N regime and environmental factors. "Plant Abiotic Stresses" International Workshop. 2 & 3 November 2016, Agrocampus-Ouest, Rennes, FRANCE

2.5 Communications poster (avec actes)

Haelterman L, Louvieaux J., Faure S., Bouchet A.S, Laperche A, Nesi N, Hermans C. (2019) Genetic control of root morphology in response to nitrate supply in oilseed rape experimental populations. 15th International Rapeseed Congress, 16-19 June 2019, Berlin, Germany

Pattier P, Nicolas H, Bissuel C., Pinochet X., Laperche A., Kazemipour-Ricci F.(2019) Application of UAV multispectral images for estimation of winter rapeseed agronomic variables. 12ThEuropean Conference on Precision Agriculture, 8 –11 July, 2019, Montpellier, France

Erwan Corlouer, Véronique Solé-Jamault, Aude Le Goff, Julien Navarro, Anne Laperche, Nathalie Nesi (2019) Genetic determinism of seed storage proteins in oilseed rape: evidence for a linkage drag between loci controlling glucosinolate or napin contents. 15th International Rapeseed Congress, 16-19 June 2019, Berlin, Germany

Malik J, T.A. Phan, Pattier P, Kazemipour-Ricci F., Nicolas H, Husson F., Pichelin P., Laperche A., Pinochet X. Bissuel-Belaygue C(2019) Phenotyping and remote sensing: applying machine learning for Green Leaf Area Index (GLAI) predictive modeling using multispectral drone images. 15th International Rapeseed Congress, 16-19 June 2019, Berlin, Germany

Erwan Corlouer, Véronique Solé-Jamault, Aude Le Goff, Anne Laperche, Nathalie Nesi (2019) Intense selection for seed quality traits has changed the seed storage protein balance in oilseed rape. Plant and Animal Genome XVII 12-16 January, 2019, San Diego, USA

Vanessa Clouet, Françoise Le Cahérec, Marie Hervet, Catherine Viaud, Patrick Leoncte, Françoise Leprince, Sophie Rolland, Julien Navarro, Anne-Marie Denis, Laurent Leport, Alain Bouchereau, Nathalie Nesi, Anne Laperche and Marie-Françoise Niogret. Transcriptome profiling of leaf senescence and nitrogen deficiency response in oilseed rape (*Brassica napus*). 21th Crucifer Genetics Conference. StMalo France, 1-4 juillet 2018. P9

Fella Aïssiou, Mathieu Rousseau-Gueutin, Anne Laperche, Cyril Falentin, Maryse Lodé, Gwenaelle Deniot, Gilles Boutet, Fanny Régnier, Gwenn Trotoux, Virginie Huteau, Olivier Coriton, Ouzna Abrous, Anne-Marie Chèvre, Houria Hadj-Arab. New insights into the genetic diversity and reproduction of *Brassica rapa* L. 21th Crucifer Genetics Conference. StMalo France, 1-4 juillet 2018. p24

Gravot Antoine, Oumayma Hamzaou, Lionel Lebreton, Nathalie Marnet, Bruno Marquer, Patrick Leconte, Christophe Langrume, Christine Lariagon, Jocelyne Lemoine, Maryse Lode, Solenne Berardocco, Marie-Madeleine Gilet, Gwenn Trotoux, Pascal Glory, Claude Domin, Bernard Moulin, Morgane Ourry, Christophe Mougel, Anne Laperche, Nathalie Nesi, Anne-Marie Chèvre, Mathieu Rousseau-Gueutin, Anne-Marie Cortesero, Maxime Hervé, Maria J. Manzanares-Dauleux, Régine Delourme, Alain Bouchereau 'DEsCriBe' project: A wide investigation of phytochemical diversity in leaves, roots and seeds of *Brassica napus* 21th Crucifer Genetics Conference. StMalo France, 1-4 juillet 2018. P25

Erwan Corlouer, Anne-Sophie Bouchet, Arnaud Gauffreteau, Christine Bissuel-Belaygue, Nathalie Nesi, Anne

Laperche. Identification of the main factors limiting seed yield in rapeseed helps dissecting the environment and GxE effects. 21th Crucifer Genetics Conference. StMalo France, 1-4 juillet 2018. P41

Sophie Rolland, Lucile Retailleau, Françoise Leprince, Elise Alix, Aurélien Carillo, Solenn Guichard, Bernard Moulin, Alina Tollenaere, Christophe Tardy, Françoise Le Cahérec, Nathalie Nesi, Anne Laperche. Development and validation of near-infrared spectroscopy models for predicting Nitrogen and Carbon contents in rapeseed tissues (*Brassica napus*). 21th Crucifer Genetics Conference. StMalo France, 1-4 juillet 2018. P49

Faure S, Pagniez M, Picault H, Mezzasalma F, Falentin C, Lariepe A, George P, Coque M, Nesi N, Renard M, Laperche A, Grezes-Besset B (2015).The BRASSINAM population, a new tool for investigating agronomic traits in Brassica. 14th international Rapeseed Congress. 5-9th July 2015, Saskatoon, Canada

Bissuel-Belaygue C, Allirand J.M., Laperche A, Bidon M., Guichard S., Leport L., Daniel L., Burban M., Duprix P. , Franchet C., Rodrigues J and Richard-Molard C.(2015) **PERISCOPE:** a new **P**henotyping **E**xperimental device for individual **R**oot and shoot **I**nvestigations in recon**S**tructed **C**an**OP**y until harv**E**st, under field-like conditions. 14th international Rapeseed Congress. 5-9th July 2015, Saskatoon, Canada.

Laperche A, Ollier M, Jubault M , Aigu Y, Guichard S, Glory P, Lariagon C, Falentin C, Lassalle G, Gravot A, Manzanares-Dauleux M (2015)Modulation of the resistance QTL effects under abiotic stresses: case study of resistance to clubroot in rapeseed under nitrogen constraint. 14th international Rapeseed Congress. 5-9th July 2015, Saskatoon, Canada

Laperche A, Bissuel-Belaygue C, Bouchereau A, Chèvre A-M, Coriton O, Deleu C, Delourme R, Falentin C, Gravot A, Jubault M, Label A, Le Cahérec F, Leport L, Nesi N, Niogret M-F, Paillard S, Renard M, Rousseau-Gueutin M, Manzanares-Dauleux M (2015) Genetic and Omics Resources for integrated Brassica researches at the Institute for Genetics Environment and Plant Protection (IGEPP), Rennes France. 14th international Rapeseed Congress. 5-9th July 2015, Saskatoon, Canada.

A-S. Bouchet, N Nesi, C Bissuel, M Bregeon, J Pauquet, P Georges, H Navier, N Ribière,, L Hanneton, M Orsel, M Renard, A Laperche (2013). Improving Nitrogen Use Efficiency of winter oilseed rape (Brassica napus L.) by determining the genetic control of oil yield establishment under nitrogen constraints. Eucarpia congress Breeding for NUE. Göttingen, *Germany. Oct 2013.*

Anne-Sophie Bouchet, Romain Kergoat, Carole Confolent, Cécile Baron, Cyril Falentin, Gilles Lassalle, Julien Daligault, Vanessa Clouet, Régine Delourme, Anne Laperche, Nathalie Nesi (2012). Use of natural variability to identify and validate the genetic determinants of oil content in rapeseed (*Brassica napus* L.)Brassica 2012 congress. 12-16 nov 2012 Catania Italy

Grezes-Besset B. & Laperche A. (2012). Development of a nested association mapping population for complex traits dissection in Brassica napus. In: Plant Genomics Seminar, (Pont-Royal en Provence).

Wagner G., Charton S., Lariagon C., Laperche A., Lugan R., Hopkins J., Frendo P., Bouchereau A., Delourme R., Gravot A. & Manzanares-Dauleux M.J. (2012). Etude de l'implication du métabolisme primaire dans la réponse à la hernie des crucifères chez le colza par une approche de métabotypage. In: 6èmes Journées du Réseau Français de Métabolomique et de Fluxomique (RFMF), (Nantes, France).

Laperche A**,** Bissuel C, Falentin C, Ollivier A, Renard M, Guichard S, Picault H, Brégeon M, Label A, Nesi N, Orsel M (2011)**.** Structuration de la diversité génétique d'une collection de colza : Comparaison d'une analyse basée sur des caractères phénotypiques et des marqueurs SSR. Colloque FRB: les ressources génétiques face aux nouveaux enjeux environmentaux,é conomiques et sociétaux. 20-22 septembre 2011- Montpellier

Orsel M., Laperche A., Bissuel C., Bregeon M., Bloquel E., Clouet V., Vanoy A., Leflon M., Pinochet X. & Nesi N. (2011). Nitrogen remobilisation efficiency for oilseed rape yield improvement. In: 13th International Rapeseed Congress, (Prague, République Tchèque).

Nesi N., Orsel M., Laperche A, Bloquel E, Brégeon M., Renard M., Le Cahérec F., Niogret M.F., Leport L., Deleu C., Bouchereau A., Bissuel-Belaygue C., Allirand J.M., Jullien A., Avice J.C., Le Dily F., Le Deunff E., Lainé P., Etienne P., Meuriot F., Jolivet P., Deruyffelaere C., Chardot T., Quinsac A., Wilmer J., Rivière N. 2010 GENERGY: Improvement of the oil yield of the rapeseed crop in the context of bio fuel production Genoplante meeting, Pont-Royal en Provence, France, 29-31 Mars.

Nesi N, M. Orsel, A. Laperche, M. Renard, F. Le Cahérec, MF. Niogret, L. Leport, C. Deleu, A. Bouchereau, C. Bissuel-Belaygue, A. Jullien, JM. Allirand, JC. Avice, F. Le Dily, E. Le Deunff, P. Lainé, P. Etienne, F. Meuriot, T. Chardot, P. Jolivet, M. Froissard, S. D'Andréa, A. Quinsac, J. Wilmer, N. Rivière (2008) GENERGY: Improvement of the oil yield of the rapeseed crop in the context of bio fuel production 2008 Genoplante meeting, 1-3 April 2008 – Arles, France

Wagner G., Laperche A., Falentin C., Boutet G., Glory P., Label A., Manzanares-Dauleux M.J., Renard M.

Structuration de la diversité génétique et constitution de core collections ches Brassica oleracea L. 2008 XI journées du réseau "Biotechnologies végétales/ Amélioration des plantes et sécurité alimentaire-Biotech 2008"-Agrocampus rennes France 29 juin-3 juillet 2008

A. Label, G. Lassalle, D. Kermarrec, P. Glory, H. Picault, A. Laperche, M. Renard (2008). Le centre de ressources biologiques brassica (crucifères oléagineuses, légumières et fourragères). Colloque BRG

S. Elhani, A. Laperche**, F**. Devienne-Barret, O. Maury, C. Richard-Molard, B. Ney, J. Le Gouis (2007). Identification of mechanisms involved in nitrogen deficiency tolerance of wheat using a simplified model of C/N relations and root architecture. Workshop "Imaging and Phenotyping in Plants" (Montpellier, France, July 17-19, 2007).

Laperche A., Le Gouis J. and Brancourt-Hulmel M. (2005). Heritabilities estimation of yield and nitrogen traits for a wheat DH population under nitrogen stress. European Society for New Methods in Agricultural Researches XXXV Annual meeting, New Alternatives for Agricultural Ressources, Amiens, France, 29th August – 2 September 2005.

Laperche A., Bahrman N., Boisson M., Mondon K., Lainé A-L, Gouy A., Vedele F., Hirel B., Heumez E., Gardet O., Devienne-Barret F., Amilhat L., Leroy P., Beaufumé J-B, Perretant M-R, Gay G., Ronsin T., Le Gouis J (2004). Genetic and molecular basis of nitrogen deficiency tolerance of bread wheat. Congrès Génoplante, Lyon, France, 22-25 Septembre 2004

Laperche A., Heumez E., Pluchard P., Bahrman N., Depatureaux C., Gardet O., Bérard P., Flament P., Ronsin T. and Le Gouis J.(2003). QTL detection for nitrogen use efficiency in winter wheat. Proceedings of the 10th international wheat genetics symposium, Paestum, Italy, vol3, p980-982.

Laperche A., Leflon M., Le Gouis J. and Brancourt-Hulmel M. (2003) Interpreting genotype x environment and QTL x environment interactions for kernel number in winter wheat with an environmental characterization based on probe genotypes and a simple crop model. Séminaire écogène, Versailles, France 27 novembre 2003.

Laperche A., Heumez E., Pluchard P., Bahrman N., Depatureaux C., Gardet O., Bérard P., Flament P., Ronsin T. and Le Gouis J.(2003). QTL detection for nitrogen use efficiency in winter wheat. Proceedings of the 10th international wheat genetics symposium, Paestum, Italy, vol3, p980-982.

Barrière Y., Laperche A**.,** Roussel V., and Gibelin C. (2002) QTL mapping for cell wall constituents and digestibility traits in a RIL progeny of two early dent maize lines. Réunion du Réseau Français des Parois, Reims, 29-30 mai 2002.

2.6 Communications / restitutions de projets

Laperche A, Falentin C, Picault H, Renard M COREBRAS-Structuration des ressources génétiques du colza et de ses progéniteurs- 16ème Carrefour de la sélection du Colza

- Une présentation annuelle de **2009 à 2013**

Gravot A, Laperche A, Delourme R, Manzanares-Dauleux M (2014) MOREAZ: Modulation de la réponse de la résistance du colza à des agents pathogènes (hernie et phoma) à une contrainte azotée. 21ème Carrefour de la sélection du Colza Janvier 2014

Manzanares-Dauleux M, Gravot A, Laperche A (2015) MOREAZ: Modulation de la réponse de la résistance du colza à des agents pathogènes (hernie et phoma) à une contrainte azotée. 22ème Carrefour de la sélection du Colza Janvier 2015

Laperche A (2012) Présentation du WP3: Genetic and molecular determinants of OSR adaptation to low N constraints. Kick-off meeting of RAPSODYN project 12th October 2012- Rennes, France

- Une présentation annuelle de **2012 à 2020**

Laperche A (2017) Chair of session 5: characterization of Rapsodyn field network Fifth annual meeting of RAPSODYN project December 2017- Mondonville, France

Laperche A (2018) co chair of the sixth annual meeting of RAPSODYN project November 2018- Rodez, France

2.7 Organisation de colloques internationaux

2008 : Membre du comité d'organisation du colloque international « XIèmes journées scientifiques du réseau Biotechnologies Végétales /Amélioration des Plantes et sécurité alimentaire : Biotechnologies Végétales et gestion durable des résistances face à des stress biotiques et abiotiques» dans le cadre de l'Agence Universitaire de la Francophonie. 30 juin – 3 juillet 2008, Rennes, France (environ 200 participants)

2018 : Membre du comité d'organisation du colloque international « 21st Crucifer Genetics Conference - Brassica 2018 », 1-4 juillet 2018, Saint-Malo, France (environ 200 participants)

2018 : Organisation scientifique du workshop « Nitrogen Use Efficiency » lors du colloque « Brassica 2018 »

2020 : Membre du comité scientifique du 22th Crucifer Genetics Conference – Brassica 2020+1 – 27-30 Septembre 2020 (reporté en 2021), Saskatoon, Canada