

Communiqué de presse – 11 janvier 2021

Ressources génétiques du noyer : des avancées au service de l'innovation variétale nucicole française

Face aux effets du changement climatique, à l'apparition de nouveaux pathogènes et à une concurrence mondiale accrue, la filière nucicole française aura besoin de nouvelles variétés plus adaptées¹ à ce nouveau contexte. Le CTIFL, en partenariat avec INRAE et avec le soutien de la Région Nouvelle Aquitaine, a lancé en 2017 le programme INNOV'noyer² pour étudier finement la collection de ressources génétiques détenue par INRAE, une des plus riches d'Europe, dans le but d'identifier des caractères d'intérêt et les gènes associés, qui pourraient permettre d'orienter les travaux si un nouveau programme d'amélioration était lancé. Aujourd'hui, les résultats obtenus par ce projet sauvegardent et valorisent 30 années de recherches INRAE consacrées à cette espèce et permettent de disposer d'un ensemble d'outils pour la sélection de nouvelles variétés : une base de données de phénotypage robuste, des informations de parenté entre les individus, la localisation des zones du génome contrôlant des caractères d'intérêt agronomique (taille de la noix, poids, rendement...) et des marqueurs moléculaires. Les derniers résultats sont publiés le 8 janvier 2021 dans la revue *Frontiers in Plant Science*.

Ce travail s'appuie sur une longue histoire du noyer au sein d'INRAE, et en particulier sur une collection de ressources génétiques unique (cf encadré historique des recherches).

Dans le cadre du projet « INNOV'noyer » lancé en 2017, INRAE³ et le CTIFL ont initié un travail ambitieux pour caractériser les ressources génétiques de la collection de noyers. Ils ont conduit des travaux en génétique (génotypage, phénotypage, étude d'association pangénomique) dans le but de déterminer l'architecture génétique des principaux caractères d'intérêt agronomique chez le noyer cultivé (date de floraison plus tardive pour éviter les gelées printanières, noix de plus gros calibre, facilité d'énoisage, etc.), et de proposer des outils utiles au travail de sélection.

L'analyse de la diversité génétique et de la structure de la collection de noyers cultivés à l'aide de marqueurs microsatellites a montré une structuration en deux groupes ancestraux en lien avec l'origine géographique des accessions⁴ et des accessions

¹ La Chine est le principal pays producteur, avec plus d'un million de tonnes en moyenne sur les 20 dernières années, suivie par la Californie et l'Iran. La France se situe à la 10ème position, mais représente le 3ème producteur européen derrière l'Ukraine et la Roumanie. En 2019, la France a produit plus de 35 000 tonnes de noix et presque 26 000 hectares sont alloués à sa production, ce qui en fait la deuxième culture arboricole fruitière en termes de surfaces, derrière la pomme. Avec ses deux AOP Noix de Grenoble et Noix du Périgord, la noix est un fruit à coque incontournable économiquement et culturellement.

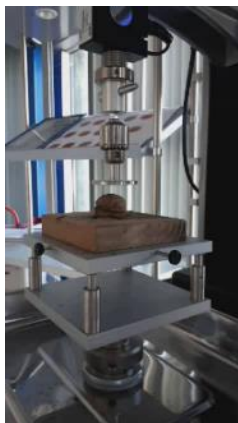
² Le projet « INNOV NOYER » est porté par CTIFL en partenariat avec INRAE et l'Université de Davis en Californie ; il est subventionné par la région Nouvelle-Aquitaine et labellisé par le pôle de compétitivité Agri Sud-Ouest Innovation.

³ L'équipe A3C 'Adaptation du Cerisier au Changement Climatique' de l'UMR Biologie du Fruit et Pathologie (BFP)

⁴ Accession : Une entité génétique distincte (souvent un lot de graines) identifiable de manière unique représentant un cultivar, une lignée de sélection ou une population.

très diverses génétiquement, résultats à prendre en compte pour le choix de futurs géniteurs. Elle a également permis de sélectionner un panel de 170 accessions sur lequel ont été menées des études approfondies de phénotypage et d'association pangénomique.

Le phénotypage de ce panel de 170 individus a été réalisé pour un ensemble de caractères : phénologie, qualité du fruit et résistance aux maladies. Au total, 34 variables ont été étudiées sur les 170 noyers sélectionnés.



Certains caractères liés au fruit comme la taille de la noix (hauteur, diamètre), son poids, le rendement au cassage et la force nécessaire pour rompre la noix ont été mesurés. Ces études ont été possibles grâce au développement de méthodes utilisant des techniques de phénotypage robustes, comme le texturomètre (photo) qui permet de mesurer la force nécessaire pour engendrer la rupture initiale de la noix, et surtout de la microtomographie à rayons-X pour mesurer tous les caractères morphologiques, sans casser la noix (cf film ci-dessous). Cette technique non destructive permet de séparer les 3 principales parties de la noix (coque, cerneau et espace vide) sans avoir à l'ouvrir. Par exemple et selon les accessions, la hauteur de la noix varie de 28 millimètres environ à plus de 51 millimètres, et l'épaisseur de la coque peut varier du simple au double.

Enfin, l'étude d'association pangénomique (ou GWAS) a permis d'associer des zones du génome et des caractères d'intérêt, sur le plan de la phénologie comme la date de débournement des feuilles et des fleurs femelles, le type de fructification le long du rameau (intervenant directement sur le rendement), ou la qualité du fruit comme le diamètre, le volume et le poids de la noix ou celui du cerneau.

L'ensemble de ces connaissances et des outils, tels que les marqueurs moléculaires, mis aujourd'hui à disposition par ce travail en partenariat permet d'envisager un travail de sélection correspondant aux critères recherchés de façon précise. Proposer des variétés à cycle court, pour éviter les gelées printanières, et produisant des noix relativement tôt dans la saison, est primordial. Il faut toutefois pouvoir maintenir une forte productivité, une grande vigueur de l'arbre et une qualité organoleptique des fruits.

L'aboutissement de 30 ans de recherches sur la génétique du noyer



Illustration de la diversité génétique de la collection de noyers INRAE

Deux programmes d'amélioration du noyer, parmi les plus importants à l'échelle internationale, se sont succédés à l'Inra de Bordeaux de 1967 à 2008. Ainsi, fut constituée sous les responsabilités successives d'Eric Germain, Joelle Chat puis Francis Delord, Ingénieurs INRA en charge du programme d'innovation variétale noyer, une riche collection de ressources génétiques de 260 accessions du genre *Juglans*, comprenant un ensemble d'espèces dont principalement du noyer cultivé, *Juglans regia*, avec 217 variétés provenant d'Amérique (Etats-Unis, Chili), de toute l'Europe (Espagne, Portugal, Royaume Uni, Bulgarie, Roumanie, Hongrie, Ukraine, Russie, Grèce), du Proche et Moyen-Orient (Turquie, Iran, Afghanistan) et d'Asie Centrale et Orientale (Chine, Inde, Japon). Entre 1995 et 2010, 7 variétés hybrides INRAE sont inscrites au Catalogue des Variétés, dont 'Fernor', qui sont actuellement largement plantées dans nos vergers.

A partir de 2007, l'institut a reconsidéré ses investissements en matière d'innovation variétale en réduisant le nombre d'espèces et de cibles candidates à l'innovation et en

transférant certains programmes d'innovation variétale dont le programme noyer vers ses partenaires, en particulier vers le CTIFL et les stations expérimentales dédiées au noyer. Dans le cadre de ce transfert, les échanges se poursuivent avec la profession et font émerger de nouvelles questions. Naît alors le projet « INNOV'noyer » en 2017 qui a pour objectifs l'étude fine des ressources génétiques de la collection INRAE et le transfert progressif des connaissances et du matériel végétal noyer vers le CTIFL.

Référence de l'article (à venir avec le doi)

Bernard A, Crabier J, Donkpegan A, Marrano A, Lheureux F, Dirlwanger E (2020) Genome-wide association study reveals candidate genes involved in fruit traits variation in Persian walnut (*Juglans regia* L.). *Frontiers in Plant Science*. DOI: [10.3389/fpls.2020.607213](https://doi.org/10.3389/fpls.2020.607213)

Pour aller plus loin

Bernard A, Marrano A, Donkpegan A, Brown PJ, Leslie CA, Neale DB, Lheureux F, Dirlwanger E (2020) Association and linkage mapping to unravel genetic architecture of phenological traits and lateral bearing in Persian walnut (*Juglans regia* L.). *BMC Genomics* 21:203. DOI : [10.1186/s12864-020-6616-y](https://doi.org/10.1186/s12864-020-6616-y)

Bernard A, Hamdy S, Le Corre L, Dirlwanger E, Lheureux F (2020) 3D characterization of walnut morphological traits using X ray computed tomography. *Plant Methods* 16:115. DOI [10.1186/s13007-020-00657-7](https://doi.org/10.1186/s13007-020-00657-7).

Bernard A, Barreneche T, Donkpegan A, Lheureux F, Dirlwanger E (2020) Comparison of Structure Analyses and Core Collections for the Management of Walnut Genetic Resources. *Tree Genetics & Genomes* 16:76. DOI: [10.1007/s11295-020-01469-5](https://doi.org/10.1007/s11295-020-01469-5)

Bernard A (2020) Etude des ressources génétiques du noyer en vue de la mise en œuvre d'une sélection assistée par marqueurs. **Thèse Université de Bordeaux.**

Contacts scientifiques :

Elisabeth DIRLEWANGER, elisabeth.dirlewanger@inrae.fr
Unité mixte de recherche « Biologie du fruit et pathologie » INRAE – Université de Bordeaux
Département Biologie et amélioration des plantes (BAP)
Centre INRAE Nouvelle-Aquitaine Bordeaux

Fabrice LHEUREUX - fabrice.lheureux@ctifl.fr
CTIFL - Direction Recherche, Innovation et Expertise - équipe Fruits

Contact presse :

Service de presse INRAE : 01 42 75 91 86 – presse@inrae.fr

A propos d'INRAE

INRAE, l'Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement, est un acteur majeur de la recherche et de l'innovation créé le 1er janvier 2020. Institut de recherche finalisé issu de la fusion entre l'Inra et Irstea, INRAE rassemble une communauté de 12 000 personnes, avec 268 unités de recherche, service et expérimentales implantées dans 18 centres sur toute la France. L'institut se positionne parmi les tout premiers organismes de recherche au monde en sciences agricoles et alimentaires, en sciences du végétal et de l'animal, et se classe 11ème mondial en écologie-environnement. Il est le premier organisme de recherche mondial spécialisé sur l'ensemble « agriculture-alimentation-environnement ». INRAE a pour ambition d'être un acteur clé des transitions nécessaires pour répondre aux grands enjeux mondiaux. Face à l'augmentation de la population, au changement climatique, à la raréfaction des ressources et au déclin de la biodiversité, l'institut construit des solutions pour des agricultures multi-performantes, une alimentation de qualité et une gestion durable des ressources et des écosystèmes.

À propos du CTIFL

Le Centre Technique Interprofessionnel des Fruits et Légumes - CTIFL - est l'organisme de recherche et de développement au service des métiers de la filière fruits et légumes, de la production à la distribution. Véritable pivot au carrefour de la recherche fondamentale, de la recherche appliquée et de l'innovation, le CTIFL travaille en lien direct avec les professionnels. Il est l'acteur clé pour les aider à relever les défis de compétitivité, d'innovation et de production durable et ainsi contribuer à garantir au consommateur la qualité et l'accessibilité des produits qu'il attend. Pour atteindre ses objectifs, le CTIFL mène des programmes d'expérimentation et de recherche, des démarches d'innovation, de veilles économique et réglementaire, de formation et de diffusion de l'information auprès des professionnels. Reconnu autorité compétente, le CTIFL est en charge du contrôle et de la certification des matériels de multiplication fruitiers hors plants de

fraisiers. Implantés au cœur des principaux bassins français de production de fruits et de légumes, les 4 centres du CTIFL constituent, en partenariat ou en association avec les stations régionales d'expérimentation, un réseau d'expérimentation unique en Europe.