

CRIBLAGE DE GÈNES/QTLs DE RÉSISTANCE À LA SEPTORIOSE ET À LA FUSARIOSE DU BLÉ TENDRE

DUGUE-GOUEMAND Ellen

FLORIMOND DESPREZ

PARTENAIRES



INTRODUCTION

La Septoriose

- *Zymoseptoria tritici*
- Espèce majeure dans l'hexagone
- Tâches sur le feuillage avec pycnides visibles
- Nuisibilité moyenne de 17q/ha mais pouvant atteindre 50%

- 18 gènes majeurs de résistance découverts



La Fusariose

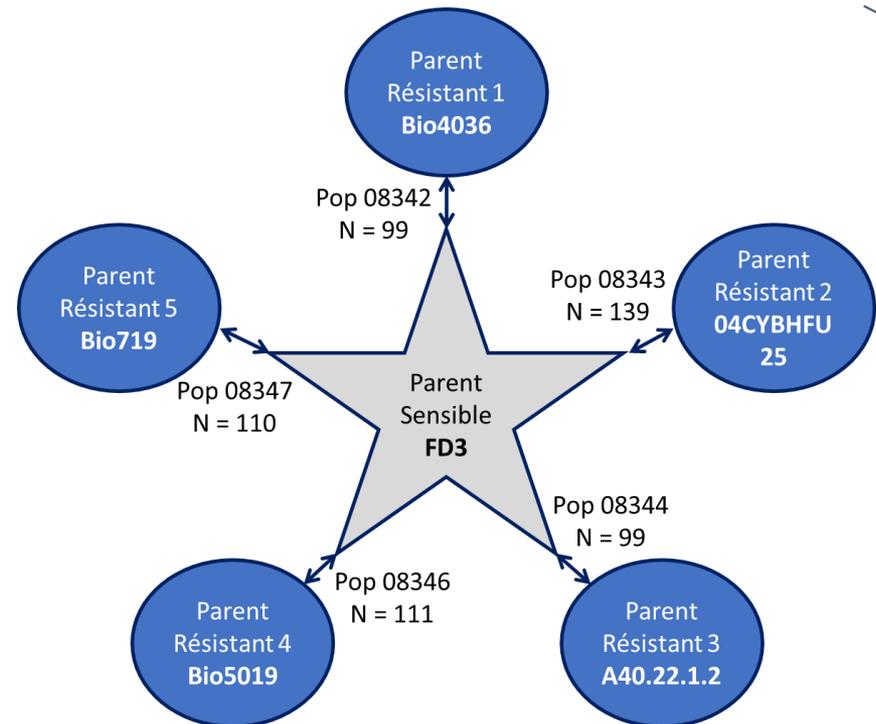
- *Fusarium graminearum*
- Espèce de fusariose la plus problématique
- Epillets échaudés roses-orangés
- Impacts quantitatif et qualitatif (>20q/ha, mycotoxines (DON))

- Une centaine de QTLs recensés, mais 3 réellement utilisables/utilisés



MATERIEL VEGETAL

- FSOV 2004: identification de lignées tolérantes à la septoriose et/ou à la fusariose
- FSOV 2008: certaines lignées ont déjà permis la détection de 3 nouveau gènes de résistance à la septoriose (*Stb16q*, *Stb17*, *Stb18*).
- Production de **5 populations HD**, connectées par le même parent sensible FD3
- Différentes sources de résistance: CIMMYT, Autriche, Hollande
- Populations biparentales possédant entre 99 et 139 individus



PHENOTYPAGE - SEPTORIOSE

Stade plantule

- PRI en conditions contrôlées
- Tests sur les 6 parents des populations (IPO98021, IPO99048, IPO98050, IPO98032, IPO98001, IPO323, IPO94269, IPO99031, IPO99032, IPO98113, IPO99042 et IPO98038) pour choisir l'isolat le plus discriminant
- Phénotypage des 5 populations en 2 répétitions
 - POP08344: IPO323
 - Autres pops: IPO98050
- Inoculation au stade première feuille

Stade adulte

- Deux lieux (Cappelle et Louville), deux années (2014 et 2015)
- 1 répétition, 3 lignes/génotype
- Pépinières irriguée / non-irriguée
- Témoins communs
- Inoculations
 - 2014: IPO323 et IPO98047
 - 2015: IPO98050



PHENOTYPAGE - FUSARIOSE

- Deux lieux (Cappelle et Tulln), deux années (2014 et 2015), en pépinières irriguées
- Notations multiples de résistance et analyses DON effectuées
- Deux méthodes d'inoculation: cannes de maïs et pulvérisation de spores. Application en fonction de la précocité du matériel.



- Forte pression rouille jaune, limitant parfois l'évaluation des autres maladies
- Notations morphologiques et de développement (précocité, hauteur)



GENOTYPAGE ET ANALYSES DE DONNEES

Jeudi 23 mars 2017

- **Génotypage** avec la puce SNP Axiom 420K, développée dans le cadre du projet BREEDWHEAT
- Nettoyage des données de génotypage avec application de filtres (marqueurs monomorphes, taux d'hétérozygotie, ...)
- **Cartographie** des marqueurs, population par population, avec le logiciel CARTHAGENE (Givry et al., 2005), puis construction d'une carte consensus avec BIOMERCATOR (Sosnowski et al., 2012)
- **Détection de QTLs**
 - Par **analyse de liaison classique intra-population**, avec le package R/qtl (Broman et al., 2003), suivie d'une méta-analyse avec BIOMERCATOR
 - Par **analyse de liaison en populations connectées** (inter-pop), avec le logiciel MCQTL-LD (Jourgon et al., 2005)
 - Par **génétique d'association**, avec un modèle mixte multi-locus (MLMM)



ANALYSE DES DONNEES PHENOTYPIQUES

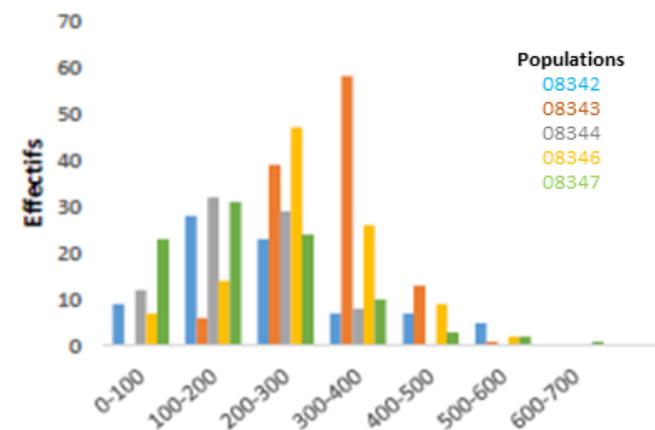
Jeudi 23 mars 2017

- Présence importante de rouille jaune, surtout à Cappelle, limitant parfois l'évaluation de la résistance à la septoriose, et parfois à la fusariose.
- Si note de sensibilité à la RJ sur feuilles / sur épi $\geq 5/9$, alors la résistance à la septoriose / fusariose n'était pas évaluée.

→ POP 08344 et POP 08346



- Les inoculations de septoriose et de fusariose ont bien fonctionné, permettant aux populations d'exprimer une gamme complète de résistance/sensibilité, comparable entre les environnements.
- La pression fusariose était presque trop forte à Cappelle en 2014.

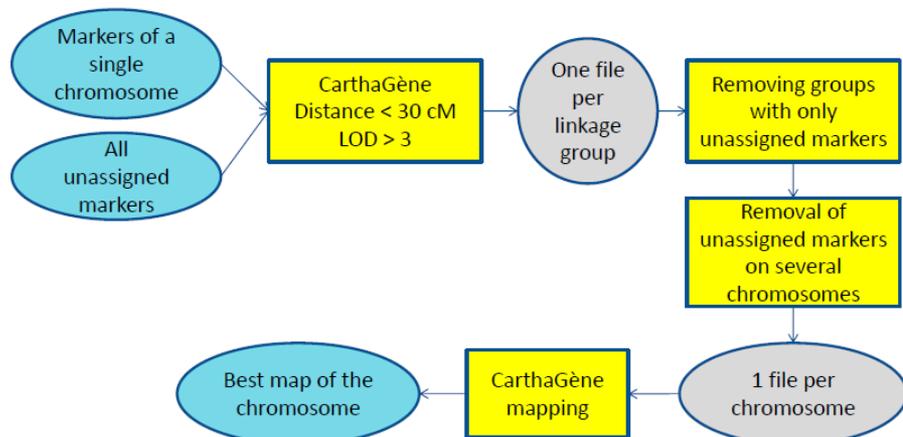


AUDPC fusariose sur épi
à Tulln en 2015



CARTHOGRAPHIE GENETIQUE

- Après nettoyage des données de géotypage, entre 50600 et 73700 marqueurs conservés par population
- Travail à partir des **bins de marqueurs** (même position)
- CARTHAGENE: utilisation de l'assignation chromosomique des marqueurs



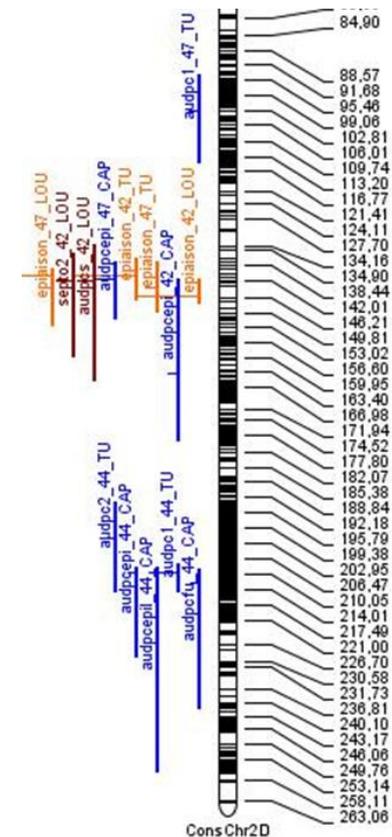
Chr	Nombre de bins consensus	Distance génétique (cM) consensus	Distance moyenne (cM) entre bins consensus
1A	143	162.4	1.145
1B	171	198.8	1.169
1D	180	211.5	1.888
2A	247	236.9	0.967
2B	185	184	1
2D	165	216	1.325
3A	267	266.3	1.005
3B	345	239.1	0.697
3D	206	316.9	1.554
4A	301	259.3	0.867
4B	1534	418.5	0.23
4D	166	148.6	0.906
5A	331	290.9	0.884
5B	274	289.1	0.915
5D	230	246	1.079
6A	184	305.1	1.676
6B	204	190.4	0.929
6D	156	199.6	1.288
7A	312	260.6	0.841
7B	267	234.2	0.884
7D	213	263.3	1.248
Total	6081	5137.5	1.071

ANALYSE DE LIAISON POP PAR POP

- Mise en évidence de **363 QTLs** sur l'ensemble des 5 populations (214 caractères phénotypiques)
- Plus faible nombre de QTLs détectés pour la résistance à la septoriose
 → faible nombre de notations

QTL	Pop 08342	Pop 08343	Pop 08344	Pop 08346	Pop 08347	Total
Fusariose	15	35	25	18	32	125
Septoriose	16	11	0	7	4	38
Rouille Jaune	12	5	9	13	7	46
Développement	19	36	24	32	43	154
Total	62	87	58	70	86	363

- Méta-analyse: mise en évidence de **103 Méta-QTLs** pour les caractères de résistance STB/FHB/RJ et de développement



ANALYSE EN POPULATIONS CONNECTEES

Jeudi 23 mars 2017

- MCQTL utilisé pour une analyse intra-pop et inter-pop
- Moins de QTLs intra-pop détectés que par analyse classique car les caractères analysés doivent avoir été phénotypés sur l'ensemble des pops
- **59 QTLs** inter-populations détectés. Certains QTLs inter-pop n'avaient pas été mis en évidence en intra-pop → gain de puissance

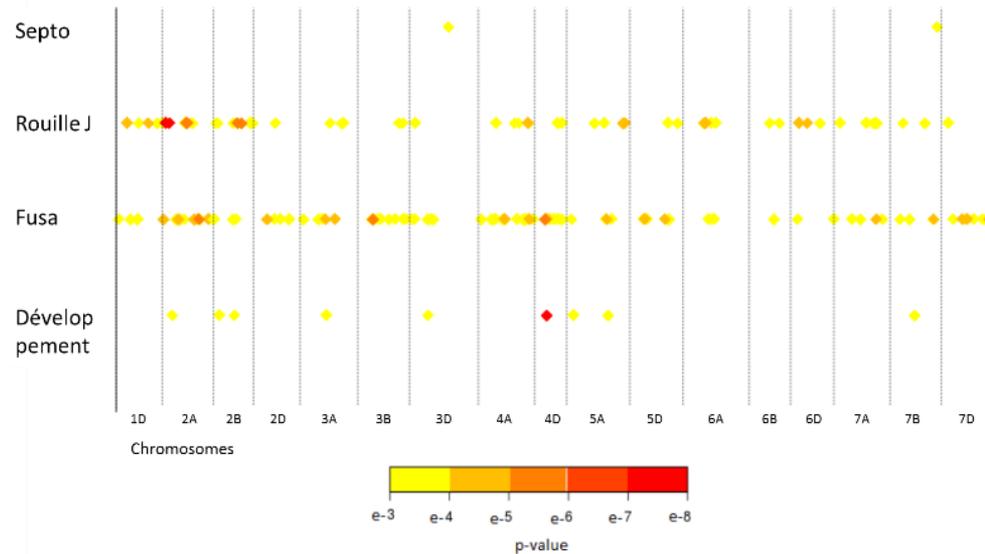
QTL	Pop 08342	Pop 08343	Pop 08344	Pop 08346	Pop 08347	Multi- pop	Total distincts
Fusariose	6	14	11	9	9	21	50
Septoriose	8	2	0	1	0	1	9
Rouille Jaune	9	3	6	11	7	18	25
Développement	12	26	15	25	37	19	22
Total	35	45	32	46	53	59	106

- Au total, en combinant les analyses intra-pop et inter-pop, l'analyse a permis la détection de **106 QTLs distincts**



ANALYSE D'ASSOCIATION (MLMM)

- Mise en évidence de **623 associations marqueur/caractère**
- **397** liés à des caractères de résistance (STB, FHB, YR)
- Répartition sur l'ensemble du génome
- P-valeurs variant de 10^{-3} à 10^{-48}

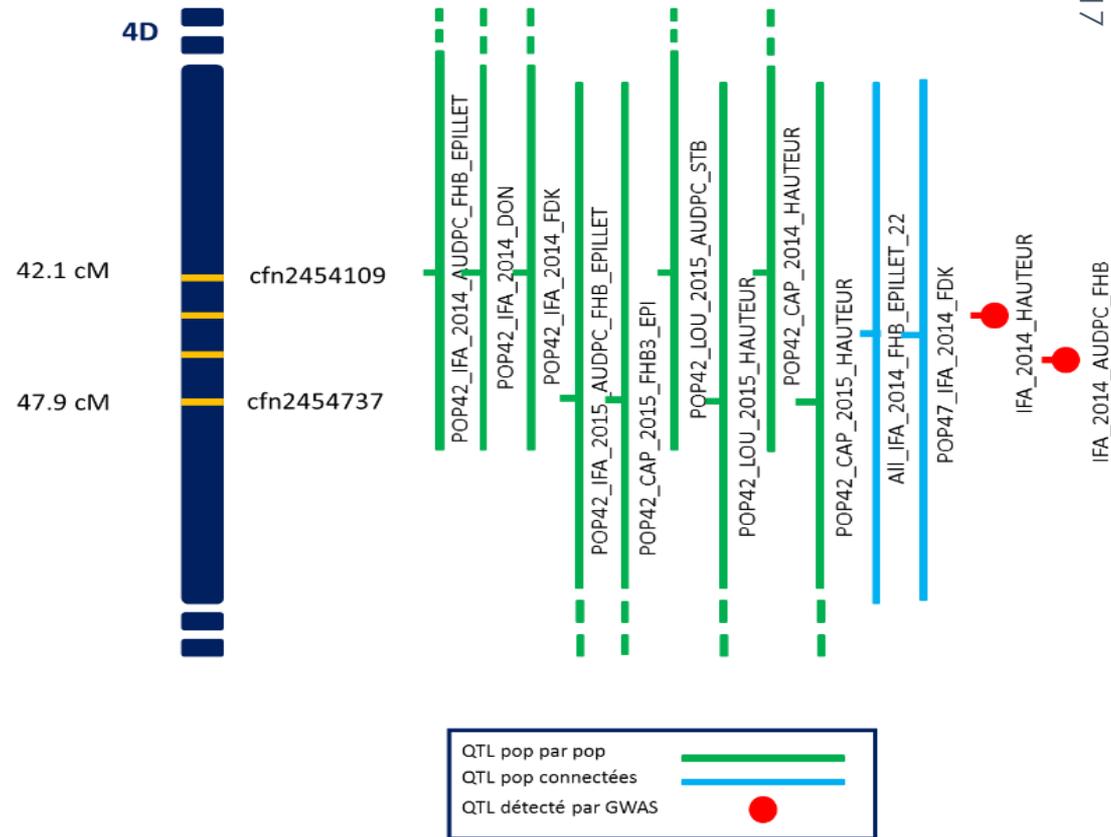


Répartition des QTLs associés aux caractères
phénotypés à Cappelle en 2014

COMPARAISON

Lien entre QTLs de résistance et QTLs de développement

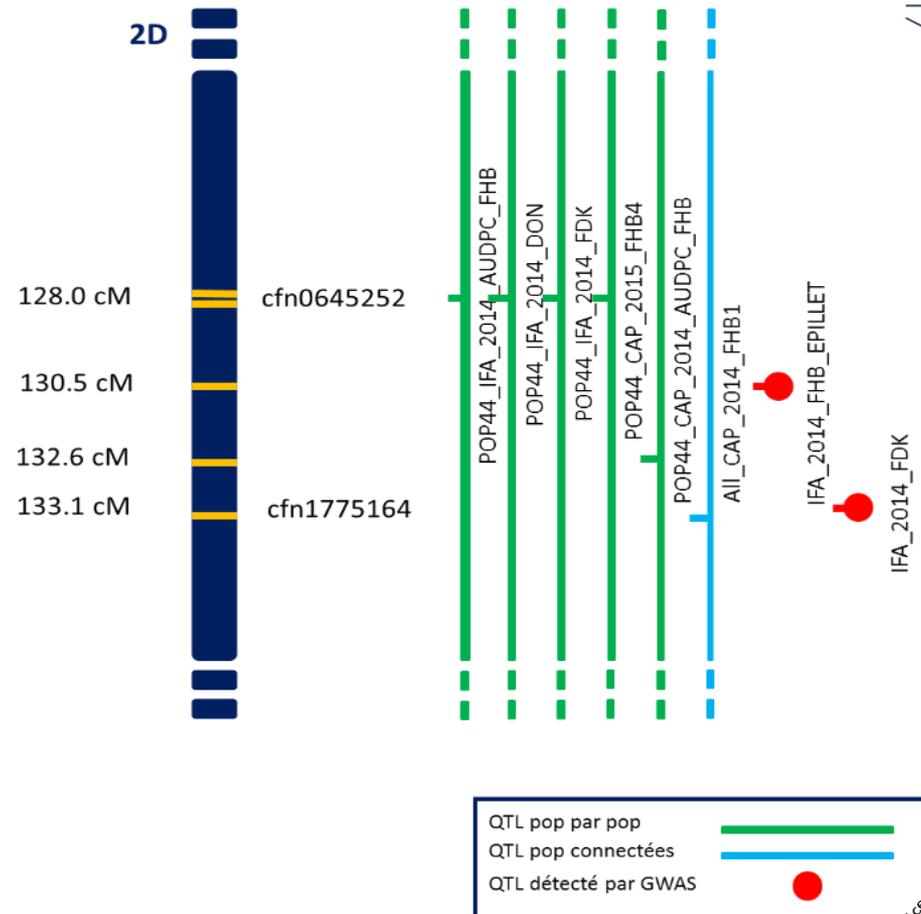
- La majorité des QTLs de résistance (FHB, STB) colocalise avec des QTLs de développement
 - Hauteur → FHB et STB
 - Précocité → STB
- Sur le chromosome 4B, mise en évidence du gène de nanisme *Rht1*
- Sur le chromosome 4D, détection probable du gène de nanisme *Rht2* (figure ci-contre)



COMPARAISON

QTLs de résistance « pure », détectés par plusieurs méthodes

- 17 QTLs de résistance pure (STB, FHB, RJ), détectés sur plusieurs environnements
- 3 QTLs de résistance à la rouille jaune sur les chromosomes 2A-2B-6A expliquant une part importante de la variabilité (<60%)
- Les QTLs de résistance à FHB et STB expliquent une part plus faible de la variabilité
- Exemple: QTL de résistance à la fusariose sur le chromosome 2D. Variabilité expliquée <25%.



CONCLUSIONS

- Nombreux QTLs de résistance détectés
 - 209, par analyse de liaison classique
 - 84 distincts, par analyse de liaison en populations connectées
 - 397 par génétique d'association
- Classement des QTLs en fonction de leur intérêt pour la sélection. Attention particulière pour les **17 QTLs de résistance strict**, détectés par plusieurs méthodes et dans plusieurs environnements
- Mise en place de schémas de **rétrocroisements assistés par marqueurs** pour transférer les plus intéressants dans du matériel élite, et ainsi élargir la diversité de résistance utilisable
- Bel exemple de **continuité** entre projets FSOV (2004, 2008 et 2012)

PARTENAIRES - REMERCIEMENTS



Ellen GOUDEMANT
Denis BEGHIN
Marie-Odile DERAM



Laure DUCHALAIS
Hélène VOISIN
Margaux LENAIN



Marc LEMMENS



Gert KEMA
Lamia AOUINI



Delphine HOURCADE



Brigitte MANGIN
Prune PEGOT-
ESPAGNET