Développement par génétique d'association d'un outil moléculaire de prédiction du poids spécifique chez le blé tendre

Le poids spécifique (PS) est un critère économique majeur pour la commercialisation du blé. C'est un caractère relativement héritable, qu'il est possible de sélectionner. La génétique d'association permet-elle d'identifier des locus spécifiques ? La sélection génomique est-elle efficace ? C'est à ces deux questions que nous avons tenté de répondre.

Matériel et Méthodes

Le matériel étudié est composé de 2 populations de 376 lignées haploïdes doublées (HD1 et HD2) fournies par Bioplante et 376 lignées recombinantes (RIL) apportées par l'INRA. Les populations HD sont composées de 4 à 5 lignées issues d'environ 80 croisements. La population RIL est constitué de lignées F8, issues d'une centaine de géniteurs, du programme de sélection INRA : "blés rustiques de qualité".

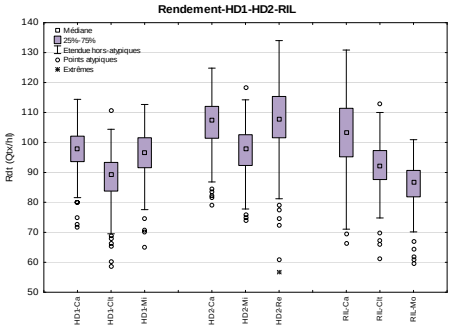
Les expérimentations ont été réalisées en 2009 (HD1), 2010 (RIL) et 2011 (HD2) dans 3 lieux, différents chaque année, parmi : Clermont-Ferrand (63), Cappelle-en-Pévèle (59), Milly-la-Forêt (91), Mons en Chaussée (80) et Rennes (35).

Le génotypage, réalisé par Triticarte Pty Ltd, à partir d'une puce à ADN de 5000 marqueurs DArT, a permis d'en identifier 2700 de polymorphes.

Le Déséquilibre de liaison (DL) a été calculé séparément pour les loci non liés et ceux portés par le même chromosome. La décroissance du DL sur la distance génétique a été représentée par un histogramme pour les R^2 significatifs (0,2) en fonction des distances.

Les associations génétiques pour le PS et le rendement (RDT) ont été testées à partir du modèle le plus pertinent pour corriger les effets de la structure et des parentés entre individus. Il a été défini pour chaque population à partir de l'épiaison, caractère le plus héritable dans l'expérience (~ 0 9).

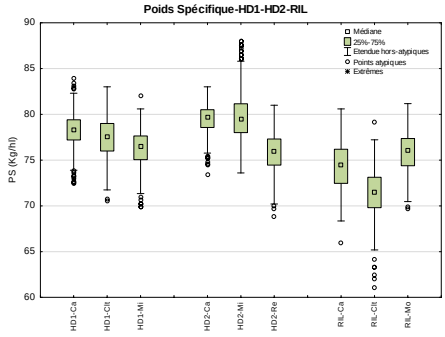
Pour la sélection génomique, les résultats de génotypage et de phénotypage des populations INRA et Bioplante utilisés pour la génétique d'association ont également été utilisés. Différents modèles de prédiction génomique ont été testés (pedigree-BLUP, RR-BLUP, BRR, Bayesian LASSO, RKHS et random forest regression) sur des données simulées par cross validation afin de déterminer les méthodes les plus pertinentes.

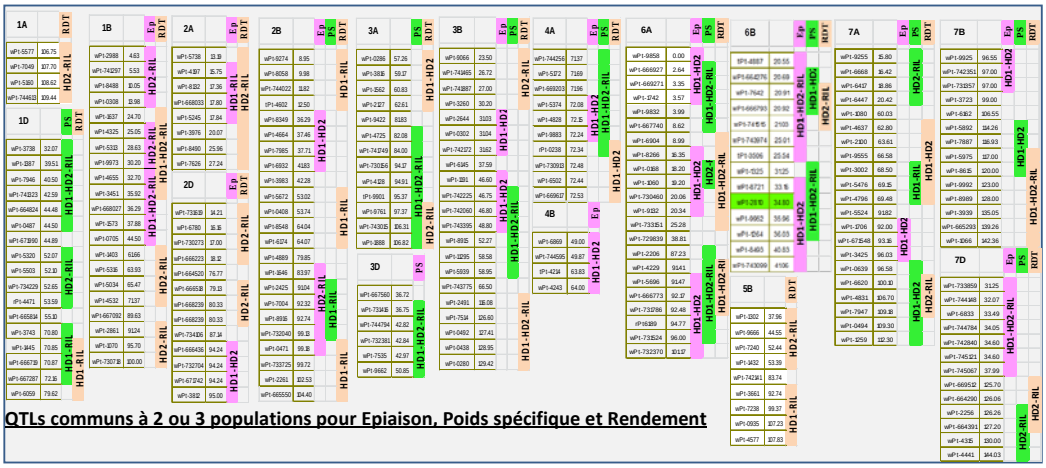


Variabilité génétique

Le rendement moyen, relativement fort pour l'ensemble des lieux, indique un matériel végétal de niveau élite. L'étendue, très importante, montre une forte variabilité des 3 populations pour ce caractère.

Le poids spécifique semble relativement plus faible pour la population RIL. Quelle que soit la population considérée, la variabilité est importante, l'étendue égale ou supérieure à 10, va jusqu'à 18 pour la population RIL à Clermont.





QTLs communs à 2 ou 3 populations pour Epiaison, Poids spécifique et Rendement

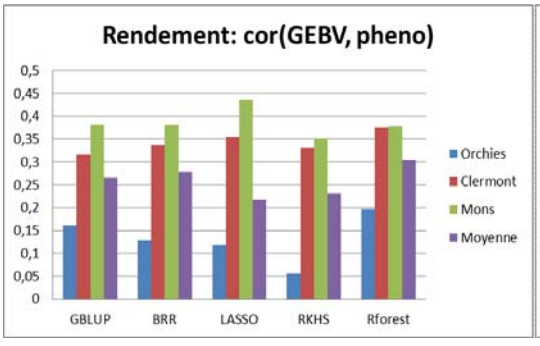
Associations génétiques

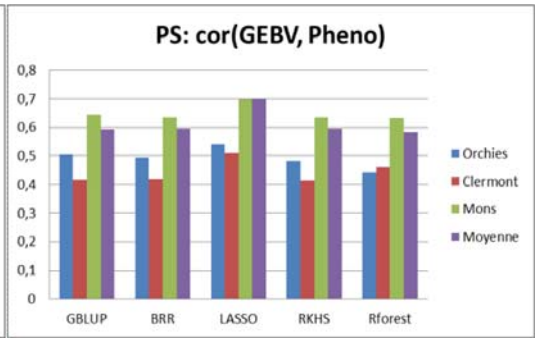
Dans les 3 populations, on a observé des DL significatifs jusqu'à 10 cM, nous avons donc considéré les marqueurs séparés de 10 cM, comme faisant partie du même QTL.

Pour le poids spécifique, 143 marqueurs répartis sur l'ensemble du génome, étaient associés. Sur la figure, on peut observer 8 QTLs communs aux 3 populations (HD1-HD2-RIL) et 9 communs à 2 populations. Pour le rendement, 186 marqueurs étaient impliqués. 5 QTLs sont communs aux 3 populations et 18 sont communs à 2. Pour l'épiaison, 126 marqueurs étaient impliqués. 3 QTLs sont communs aux 3 populations et 16 sont communs à 2. On observe une bonne répétabilité des résultats.

En conclusion de la génétique d'association : malgré un dispositif expérimental relativement simple et à partir de populations différentes, on observe une bonne répétabilité des résultats. **Des marqueurs moléculaires, liés au PS, au rendement et à la précocité ont été identifiés**.

La sélection génomique





Pour le rendement, c'est la méthode LASSO qui semble se détacher dans certains lieux, mais pas pour la moyenne. Et pour le poids spécifique, c'est encore la méthode LASSO, mais cette fois avec une plus grande stabilité entre lieux. la qualité de prédiction pour le caractère cible du projet, à savoir le poids spécifique, **est parfois très bonne, que ce soit au sein du matériel INRA (0.790, NB : 0.802 avec LASSO)** ou même pour la prédiction globale de l'ensemble du panel 2011 (Bioplante + INRA) en utilisant les 2 panels 2009 et 2010 comme population d'entrainement (r=0.758).

Jacques Bordes[1], Olivier Robert[2], Ellen Goudemand[2], Laure Duchalais[2], Valérie Laurent[2], Eric Storlie[1], Bernard Rolland[4], Gilles Charmet[1]

[1] INRA-GDEC– 5 chemin de Beaulieu, 63039 Clermont-Ferrand Cedex 2 ; [4] INRA-APBV - Domaine de la Motte, BP 35327,35653 Le Rheu cedex

[2] Bioplante-Florimond Desprez, BP41, 59242 Cappelle en Pévèle, France ; [3] Bioplante-R2n, 60 rue Léon Beauchamp, 59930 La Chapelle d'Armentières, France.