



Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

Restitution Scientifique - FSOV 2012

Compilation des présentations

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017



Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FSOV 2012 D – BREEDWHEAT

*Développer de nouvelles variétés de blé pour une agriculture durable:
une approche intégrée de la génomique à la sélection*

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017

DÉVELOPPER DE NOUVELLES VARIÉTÉS DE BLÉ POUR
UNE AGRICULTURE DURABLE: UNE APPROCHE
INTÉGRÉE DE LA GÉNOMIQUE À LA SÉLECTION

Jacques Le Gouis (INRA, UMR GDEC)
Emmanuelle Legendijk (IT)



FSOV 2012D - ANR 10-BTBTR-003



Partenaires

15 laboratoires de recherche publique

- Centre INRA Rhône-Alpes-Auvergne
UMR GDEC (INRA-Univ. Blaise Pascal)
UMR GAEL (INRA-UPMF)
- Centre INRA Angers-Nantes
UPR BIA (INRA)
- Centre INRA Versailles-Grignon
US EPGV (INRA)
URGI (INRA)
UMR BIOGER-CPP (INRA-AgroParisTech)
UMR ECOSYS (INRA-AgroParisTech)
UMR Agronomie (INRA-AgroParisTech)
UMR GQE (INRA-Univ.Paris Sud-CNRS-AgroParisTech)
UMR SADAPT (INRA-AgroParisTech)

Centre INRA Bordeaux
UMR BFP (INRA-Univ. Bordeaux I&II)

Centre INRA Toulouse
UPR CNRGV (INRA)

Centre INRA PACA
UMR EMMAH (INRA-Université d'Avignon)
Le LIMOS (Université Blaise Pascal)

GEVES (Groupe d'Etude et de contrôle des Variétés Et des Semences)

1 institut technique
ARVALIS – Institut du végétal

1 pôle de compétitivité
Céréales Vallée

1 société de gestion de projet et de transfert de technologies
INRA Transfert

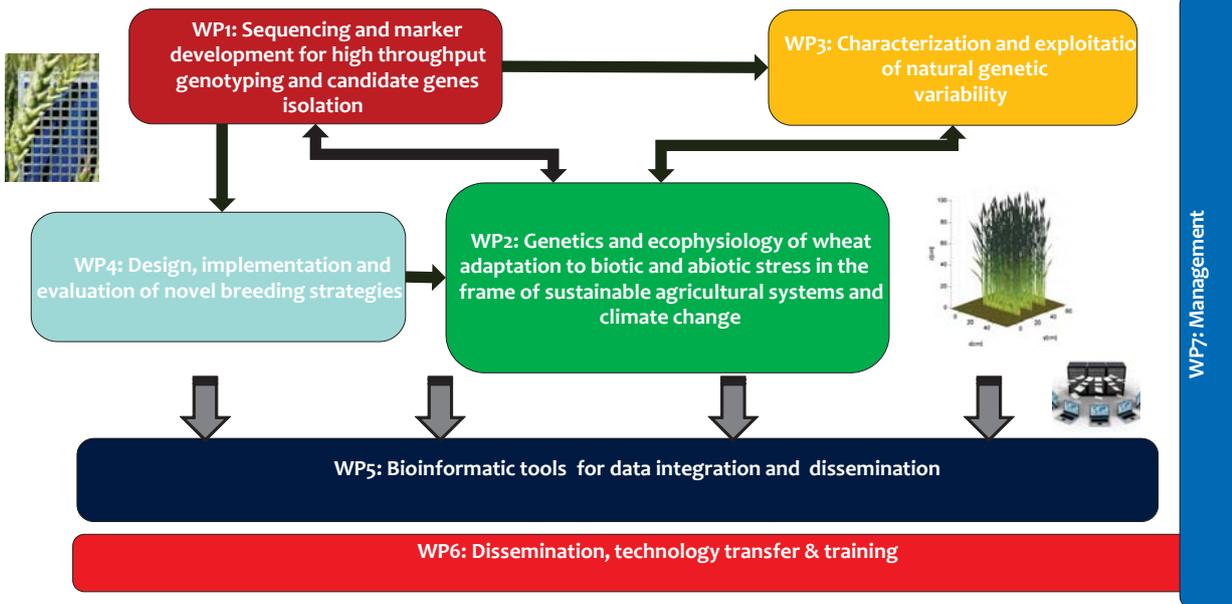


10 sociétés privées

- | | |
|-------------------|------------------|
| Agri-Obtentions | Limagrain Europe |
| Bayer | KWS Momont |
| Biogemma | RAGT 2n |
| Caussade Semences | SECOBRA |
| Florimond Desprez | Recherches |
| | Syngenta |



Structure

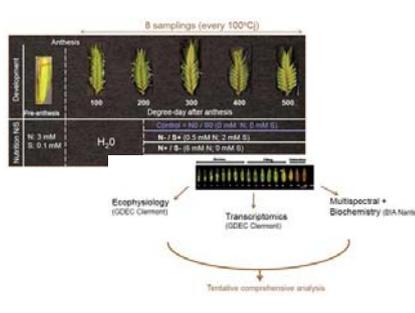


WP2: Génétique et écophysologie de l'adaptation aux contraintes biotiques et abiotiques (s. Lafarge, Biogemma)

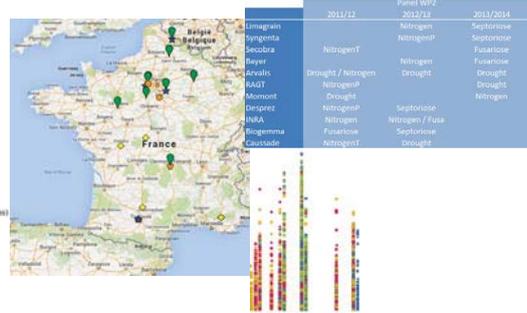
Cibles :
 Utilisation de l'azote (NUE)
 Composition en protéines
 Tolérance à la sécheresse
 et aux fortes températures
 Résistance aux maladies

Méthodes :
 Modélisation / phénotypage
 Omics
 Réseaux d'expérimentations
 GWAS

Résultats :
 Gènes et traits candidats
 Marqueurs associés
 Géniteurs de sélection



Identification de gènes candidats



Réseau de phénotypage: 3 années
 – 26 essais
 GWAS avec TaBW420k (WP1)

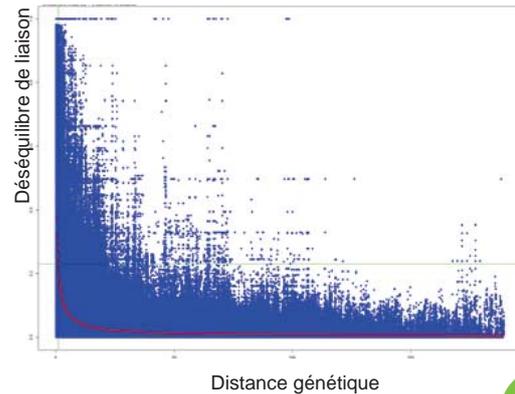
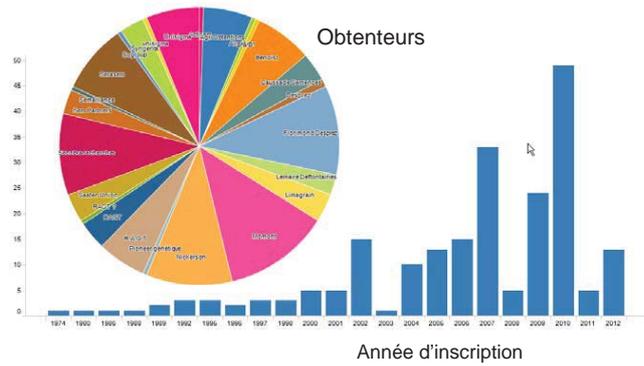


Modélisation de l'architecture du couvert



Panel de génétique d'association

- Composition du panel
 - 220 variétés hiver élites
 - Fixé pour 3 ans (2012-2014)
- Données génotypiques
 - 200K SNP disponibles
 - avec positions physiques
- Analyse de la structuration du DL
 - Moyenne = 2.4 cM
 - Matrice d'apparentement (K) pour GWAS



Phénotypage

	2011/12	2012/13	2013/2014
Limagrain		Nitrogen	Septoriose
Syngenta		NitrogenP	Septoriose
Secobra	NitrogenT		Fusariose
Bayer		Nitrogen	Fusariose
Arvalis	Drought / Nitrogen	Drought	Drought
RAGT	NitrogenP		Drought
Momont	Drought		Nitrogen
Desprez	NitrogenP	Septoriose	
INRA	Nitrogen	2x Nitrogen / Fusa	
Biogemma	Fusariose	Septoriose	
Caussade	NitrogenT	Drought	

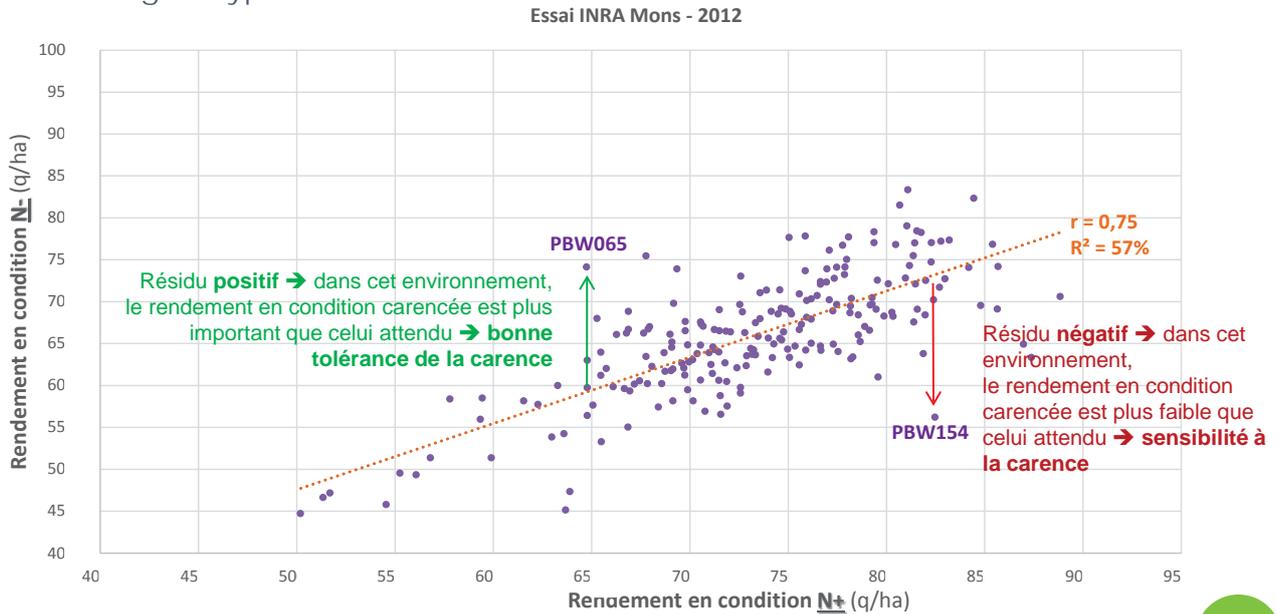
- Tous les partenaires
- 26 essais / 3 ans :
 - Azote : 12
 - Sécheresse : 6
 - Fusariose : 4
 - Septoriose : 4
- ~1000 parcelles / essai



Indice de tolérance à la carence

(A. Mini, JP. Cohan, S. Praud)

- Pour chacun des essais du réseau : régression linéaire de $Rdt_{N-} \sim Rdt_{N+}$ → un résidu par génotype et par essai
- Principe que tout ce qui n'est pas expliqué par le modèle (les résidus), est dû à un effet du génotype



- Puis : on calcule moyenne de ces résidus normalisés sur l'ensemble du réseau
→ **INDICE DE TOLÉRANCE**

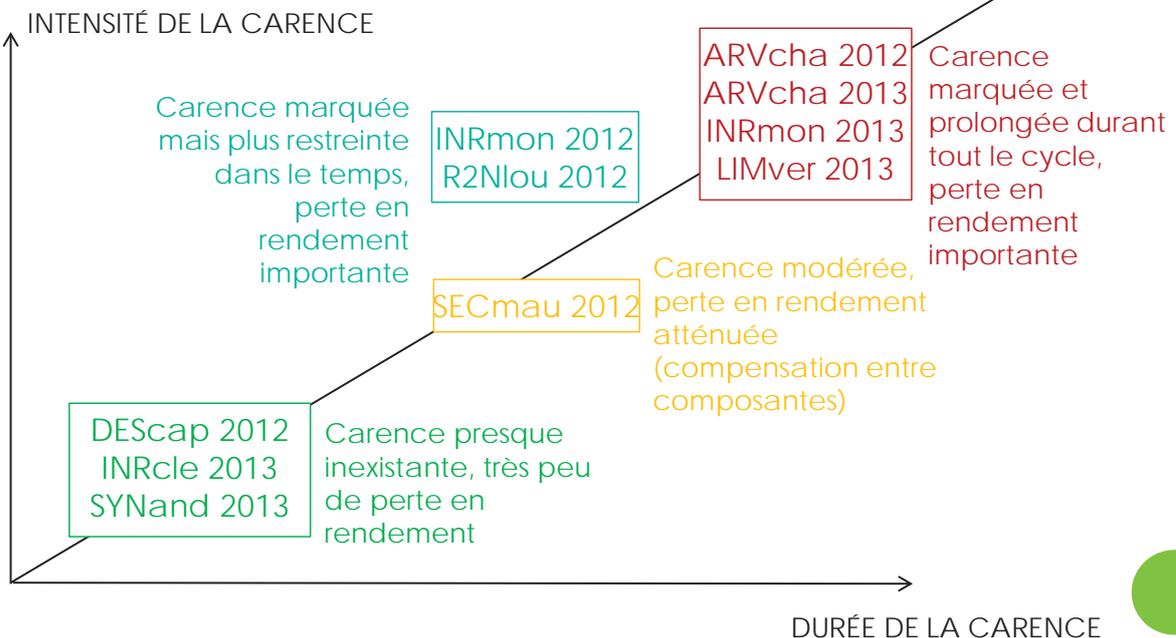
Caractérisation des carences

Caractérisation de la carence exercée sur chaque environnement

4 groupes d'environnements
→ 4 types de stress

Tolérance moyenne
→ 4 types de tolérance

PERTE EN RENDEMENT



Classement des variétés vis-à-vis de la tolérance

Variété	Classement Indice de tolérance moyen	Rendement moyen en condition non carencée (q/ha)	Classement	Classement dans cluster d'environnements à type de carence :			
				Faible	Intensité modérée Précocé	Intensité forte Précocé	Intensité forte Tout le cycle
ROBIGUS	1	91.71	29	8	33	5	3
OAKLEY	2	96.56	3	47	88	3	5
SY_MATTIS	3	91.71	137	11	49	2	2
ARLEQUIN	4	85.78	137	50	15	28	28
MOSKITO	5	82.93	172	1	28	4	4
ALTRIA	6	83.14	167	22	68	1	1
SWINGGY	7	82.97	171	2	2	120	15
GARCIA	8	91.91	26	32	60	8	6
BERGAMO	9	94.57	10	6	13	20	7
LEAR	10	92.68	18	11	14	32	12
AMBITION	11	94.62	8	18	25	63	25
CLAIRE	12	87.03	116	31	57	12	10
ORCAS	13	85.54	139	26	40	51	23
GRAINDOR	14	96.80	2	14	29	16	9
FAIRPLAY	15	79.45	194	41	28	167	92
SIRTAKI	16	89.38	72	83	118	6	11
EXPERT	17	89.90	60	17	37	26	13
KARILLON	18	87.34	106	7	9	59	16
HISSEO	19	85.51	140	24	26	91	39
LASER	20						

En plus : très bon rendement moyen

Très tolérants lors de fortes carences

Très tolérant face à tout type de stress

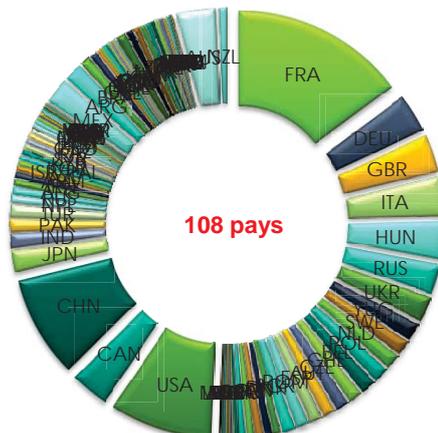
WP3: Caractérisation et exploitation de la diversité génétique naturelle (A. Murigneux, Limagrain)

- **Caractérisation de ~5000 accessions** de la collection du CRB INRA

- **Identification de nouvelles ressources** de tolérance aux contraintes abiotiques
- Introduction dans un fond élite français

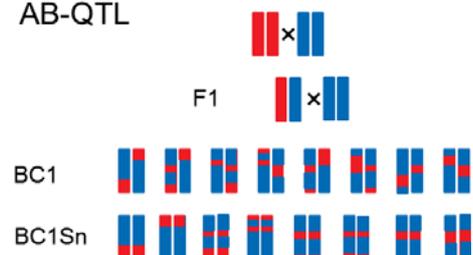


Diversité génétique



Echantillonnage de la collection

AB-QTL



Population d'introgression

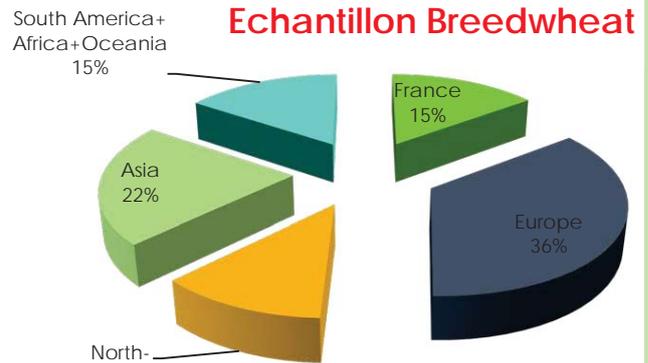
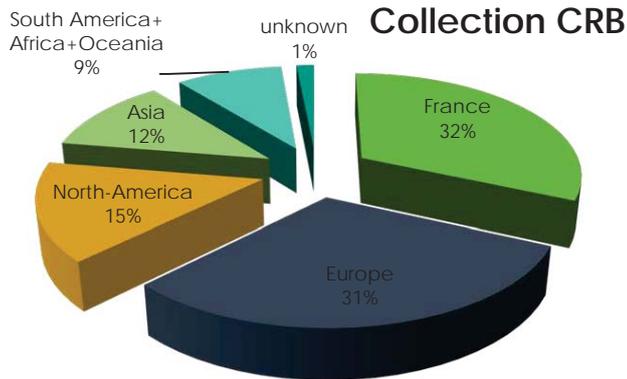


Echantillonnage de la collection

(F. Balfourier)

11960

4600



France	3799
Europe	3681
North-America	1805
Asia	1396
South America+Africa+Oceania	1099
unknown	180
Total	11960

France	680
Europe	1649
North-America	550
Asia	1008
South America+Africa+Oceania	713
total	4600

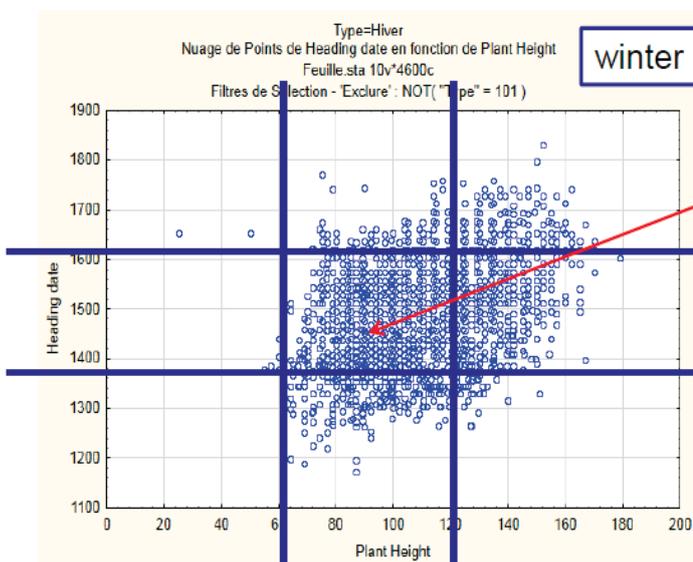
108 pays

108 pays

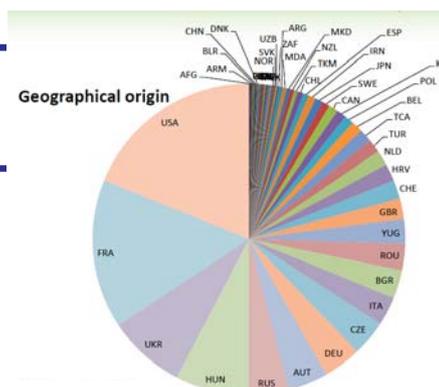


Sélection d'un nouveau panel

- Développement : hiver
- Epiaison : < Recital (1390°C) – Premio (1475°C) – Apollo (1620°C)
- Hauteur : < 0.60m – 1.20m >



1340 accessions candidates
 ⇒ SNP pour maximiser la diversité
 ⇒ 510 accessions multipliées
 ⇒ 450 expérimentées (2017)

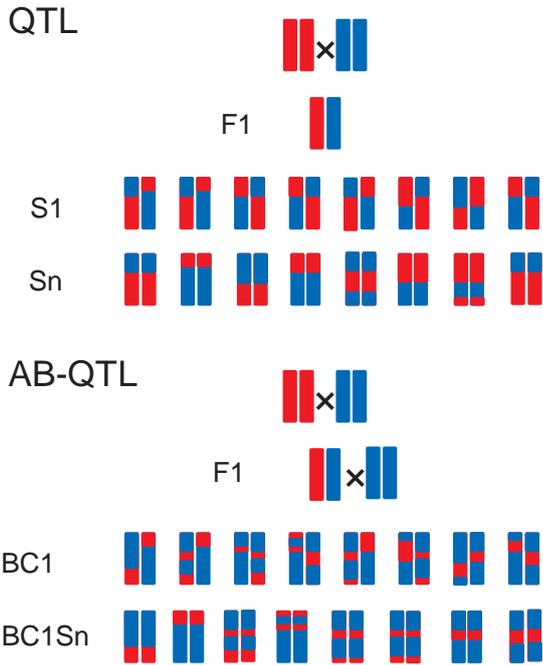


48 pays



Production de lignées AB-QTL

Donneurs : tolérance sécheresse / forte température
 Receveur : lignées élites



Advanced-Backcross

	Année	9 populations ABQTL
Juil - Déc	2011	F1
Jan - Juin	2012	BC1
Juil - Déc	2012	BC1S1
Jan - Juin	2013	BC1S2
Juil - Déc	2013	BC1S3
Jan - Juin	2014	BC1S4
Juil - Déc	2014	
Jan - Juin	2015	BC1S5
Juil - Déc	2015	Multiplication 1 : 250 lignées
Jan - Juin	2016	
Juil - Déc	2016	Multiplication 2 / génotypage
Jan - Juin	2017	
Juil - Déc	2017	Expérimentations
Jan - Juin	2018	

9 essais sélectionneurs / INRA

UE INRA Toulouse



WP6- Dissémination, transfert et formation

(B. Béjar, Céréales Vallée)

Site public : <http://www.breedwheat.fr/>

Affiches et brochures (Anglais & Français)



Lettres d'information

Articles

Formation

Conférences



International Wheat Innovation Conference
 Novembre 2015
 Mars 2018 (Eucarpia)



Collaborations



- Membres du Comité Scientifique International (SAB)
- Infrastructures
- Collaborations académiques
- Contribution à la puce TaBW420K

- Azote (2010 F)
- Rendement (2010 P)
- Septo Assoc (2010 I)
- WEAB (2014 P)
- B-Dul (2014 N) *FsoV*
- HeatWheat (2014 I)
- Rouille brune (2016)

- ANR Phénoblé
- BacterBlé
- INRA SCIENCE & IMPACT
- SelGen
- CropDL



MERCI DE VOTRE ATTENTION



MERCI A TOUS LES PARTICIPANTS DE BREEDWHEAT





Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FSOV 2012 E – RACINE

Développement de méthodes d'estimations racinaires non destructrices au champ

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017

DÉVELOPPEMENT DE MÉTHODES
D'ESTIMATIONS RACINAIRES NON
DESTRUCTRICES AU CHAMP

François POSTIC

Travaux de thèse

KATIA BEAUCHÊNE, CLAUDE DOUSSAN

ARVALIS & INRA, UMR EMMAH, AVIGNON

ARVALIS
Institut du végétal

INRA
SCIENCE & IMPACT



CONTEXTE



AMÉLIORATION DES VARIÉTÉS DANS UN CONTEXTE CHANGEMENT

Changement climatique en Europe

- Augmentation des événements de sécheresse (Trnka, et al., *Nature Climate Change*, 2014)

Insécurité des sources de fertilisants d'ici la fin du siècle

- Crise du stock de phosphore minéral (Peñuelas, et al., *Nature*, 2013)
- Crise pétrolière (Chapman, *Energy Policy*, 2014)

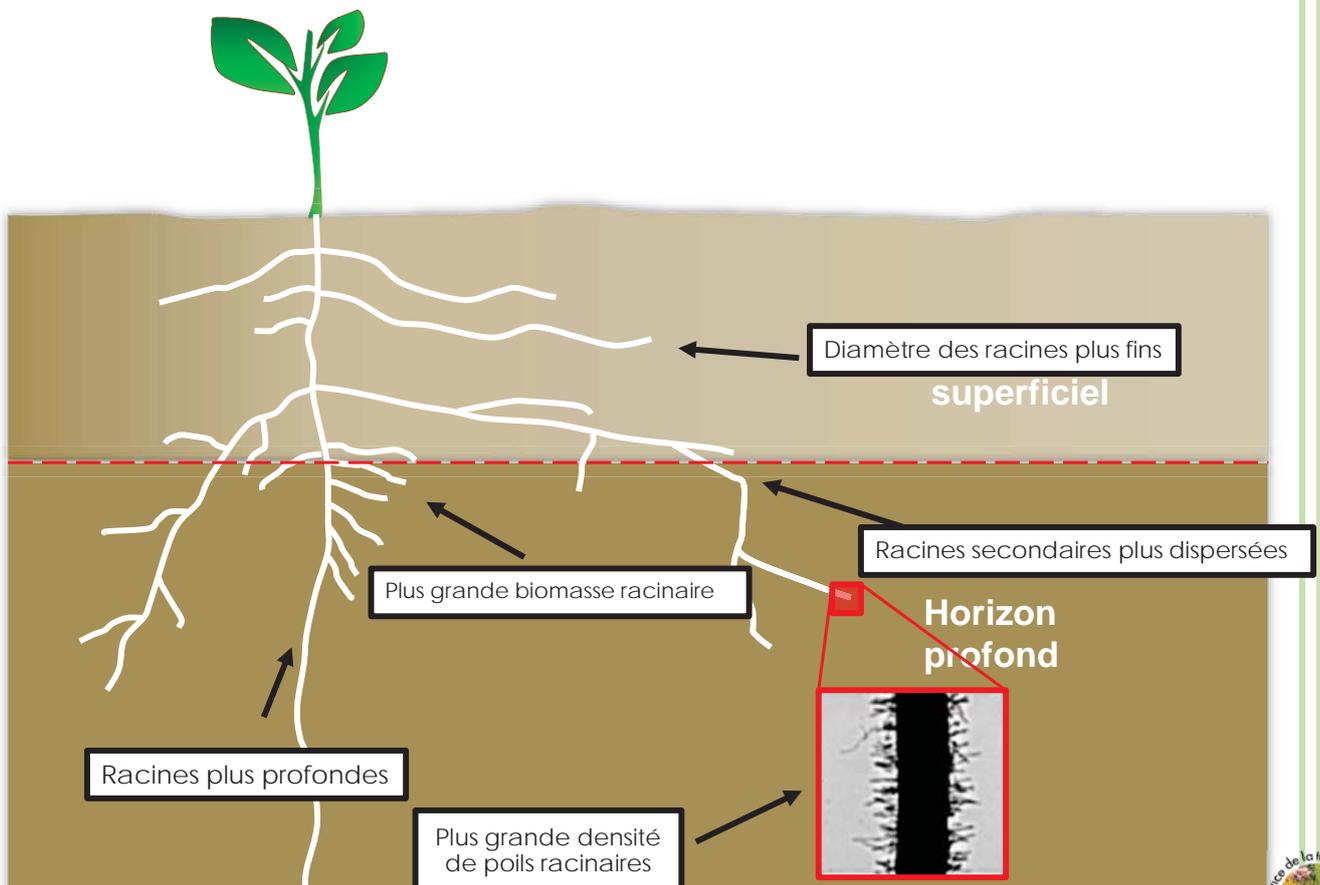
Améliorer la résistance à la sécheresse et l'efficacité d'utilisation des fertilisants

Sélectionner les systèmes racinaires adaptés

Phénotypage racinaire
Mesurer un ensemble de traits racinaires de chaque individu



TRAITS DU SYSTÈME RACINAIRE



Lynch, *Australian Journal of Botany*, 2007

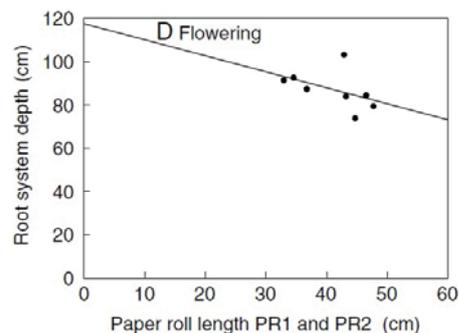


ADAPTATION À LA SÉLECTION VARIÉTALE

- En **conditions contrôlées** : grands débits de mesure disponibles (1000 pots par jours)



Jeudy, et al., Plant Methods, 2016



Mesures en **conditions contrôlées** ne sont **pas représentatives** des mesures en **champ**

(Watt, M., et al., Annals of botany, 2013)

- Nécessité de mesures de traits racinaires au champ, notamment à floraison



MÉTHODES TESTÉES

Invasive

- Minirhizotron
 - Modérément rapide
 - Estimation directe
 - Images



Thèse Postic, 2016

Non-invasive

- Méthodes électriques
 - Rapide
 - Estimation indirecte
 - Spectres électriques



Thèse Postic, 2016



- Champ expérimental
- Résultats sur les minirhizotrons (méthodes invasives)
- Résultats sur les méthodes électriques (méthodes non invasives)
- Conclusions

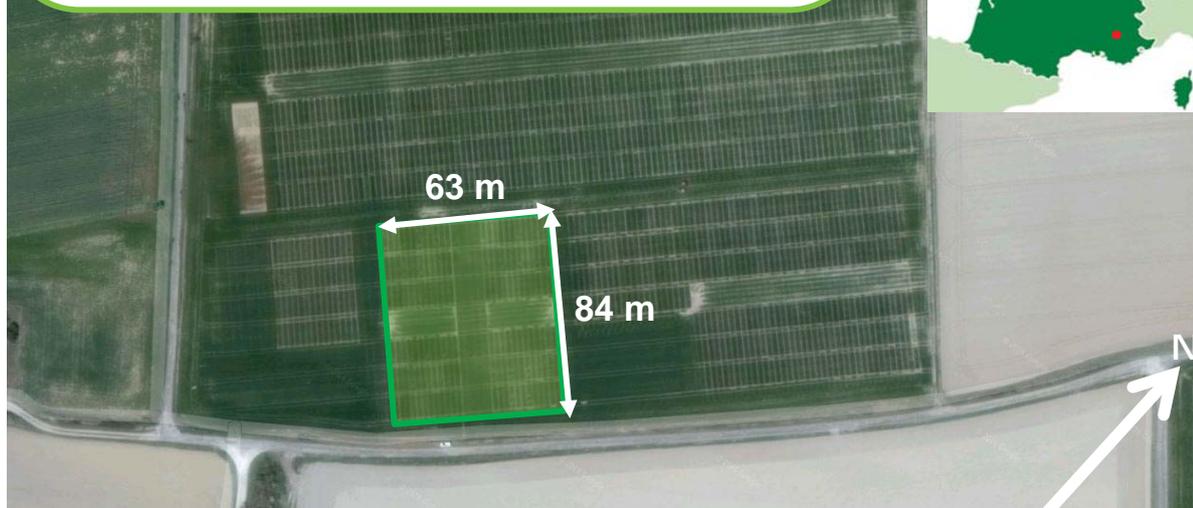


SITE EXPÉRIMENTAL

Essai agronomique à la station Arvalis de Gréoux-les-Bains (04)

- 4 variétés (blé dur, blé tendre, blé hybride, blé synthétique)
- 4 modalités Dose d'azote (N^+ / N^-) et irrigation ou pluviale (I^+ / I^-)
- Sécheresse possible

➤ Obtenir des enracinements contrastés



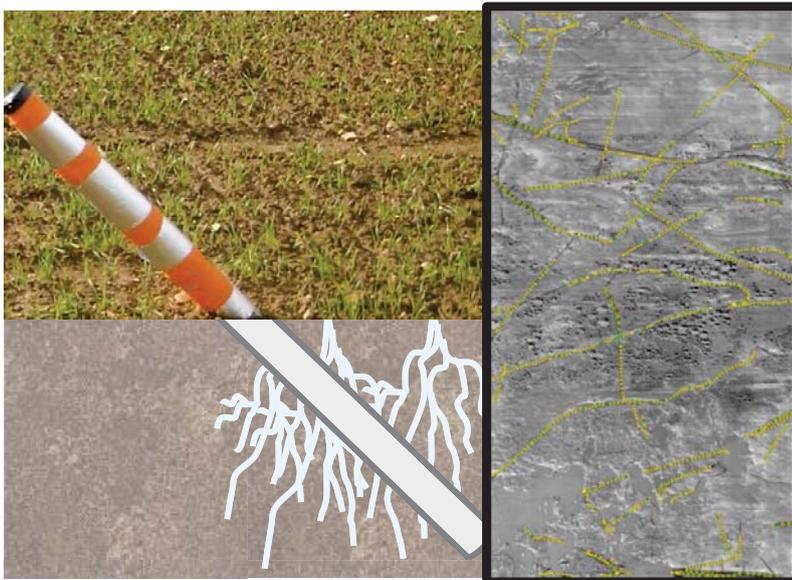
MÉTHODES INVASIVES :

MINIRHIZOTRONS



MINIRHIZOTRONS :

PRINCIPE

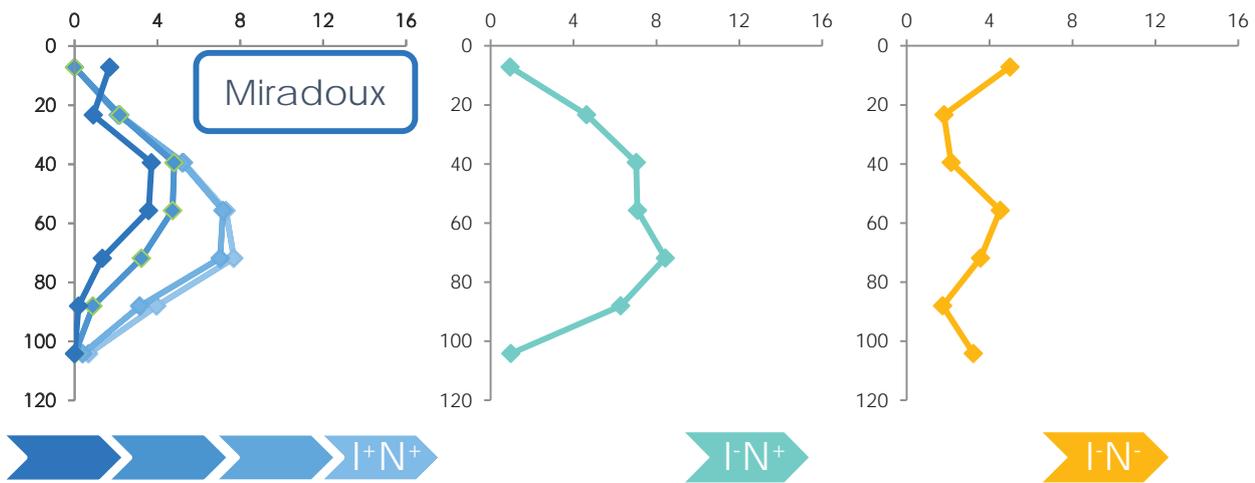


- Données mesurées
 - Longueurs de racines
 - Tracés semi- manuels

- Profondeur : jusqu' à 120 cm
- 19 installés
 - Miradoux / Apache
 - 3 conditions (I⁺N⁺, I⁻N⁺ et I⁻N⁻)
 - × 2 répétitions
 - Hystar / Nogal
 - 2 conditions (I⁺N⁺ et I⁻N⁻)
 - × 2 répétitions



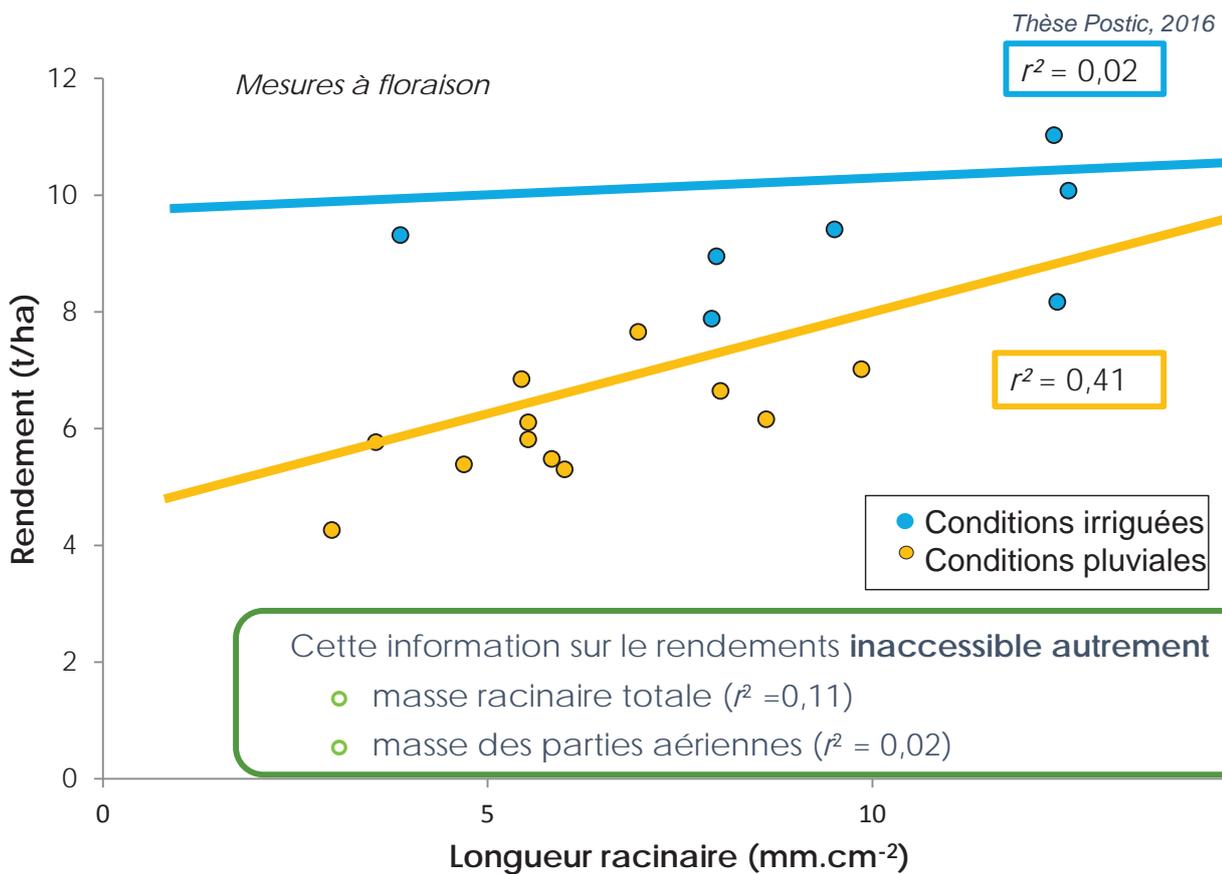
MINIRHIZOTRONS : DYNAMIQUE ET PLASTICITÉ DES SYSTÈMES RACINAIRES



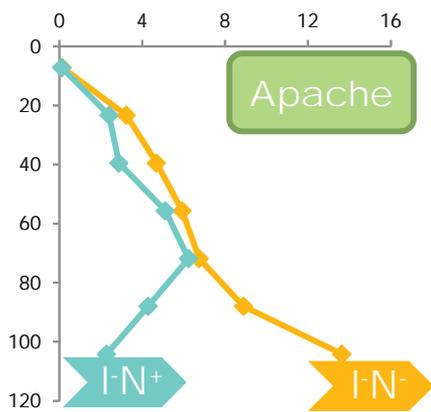
- Minirhizotrons permettent mesures espacées dans le temps
 - Observation la croissance
 - Observation la plasticité face à l'occurrence de stress
- Minirhizotrons souffrent d'un biais
 - Large sous-estimation des horizons superficiels (0-30 cm)



MINIRHIZOTRONS : RELATION SYSTÈMES RACINAIRES ET RENDEMENTS

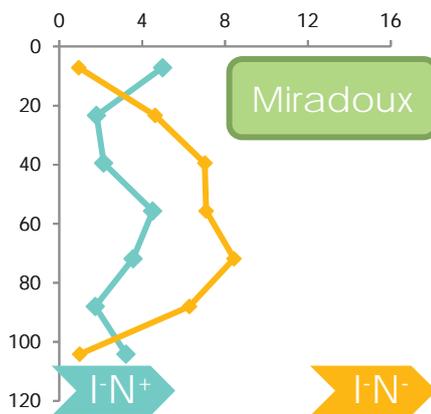


MINIRHIZOTRONS : RACINES PROFONDES ET RÉSISTANCE SÉCHERESSE



Écart de rendements
entre I-N+ et I-N-
1,98 t/ha

- Rendements
 - Proportionnel à la quantité de **racine** en **profondeur** (>40cm)



Écart de rendements
entre I-N+ et I-N-
0,88 t/ha

- Ecart entre situations
 - **Différence variétale** de **plasticité** face au stress

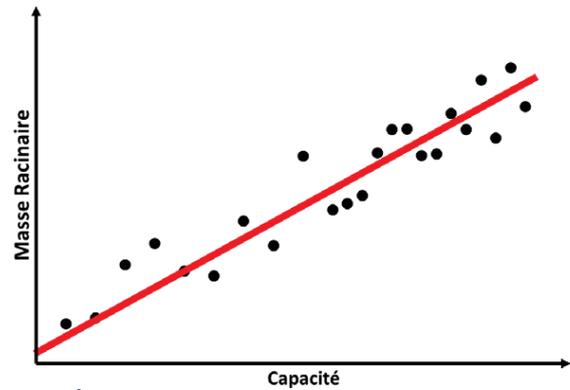
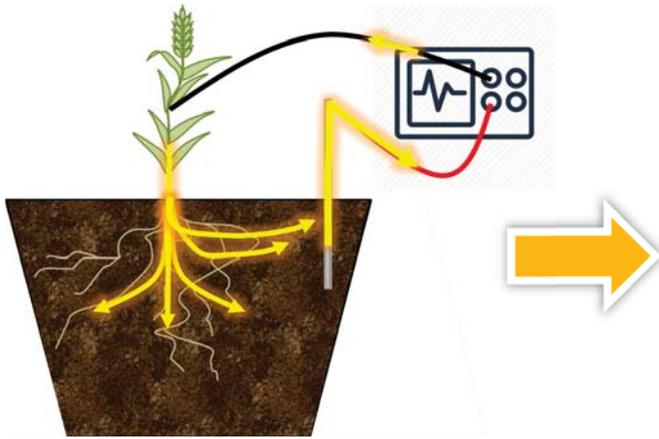
Thèse Postic, 2016



MÉTHODES NON INVASIVES : MÉTHODES ÉLECTRIQUES



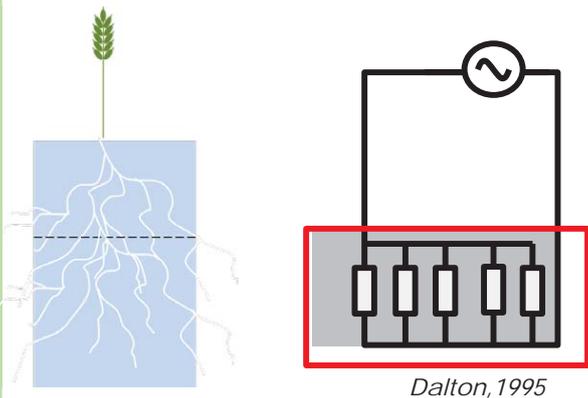
MÉTHODE ÉLECTRIQUE : PRINCIPE



- Injection de courant dans la plante, récupération dans le sol
- Variable électrique mesurée proportionnelle à la masse de racine



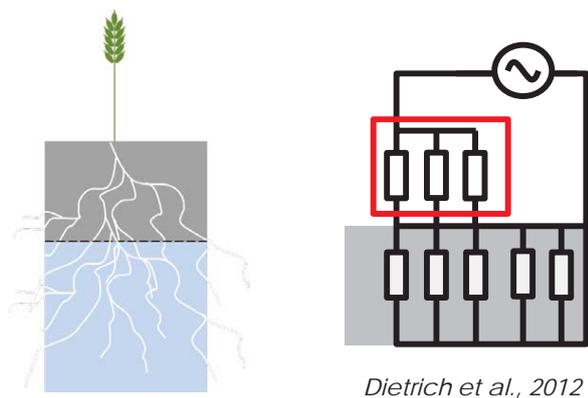
MÉTHODE ÉLECTRIQUE : THÉORIE



Mesure les racines localisées dans un **milieu conducteur** (ex: eau, sol humide)



Capacité
proportionnelle à masse racinaire



Mesure les racines localisées dans un **milieu non-conducteur** (ex: air)

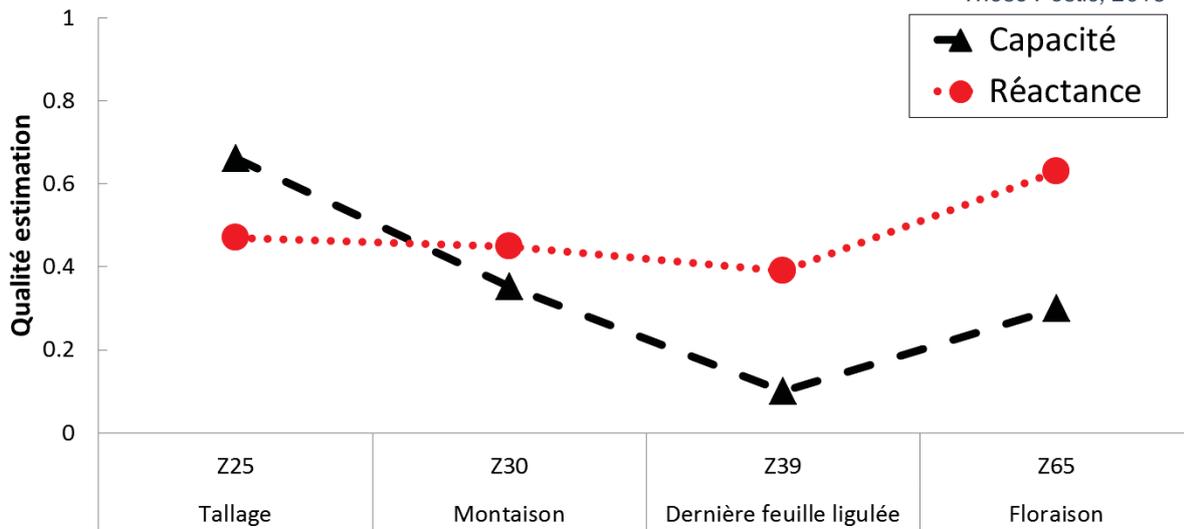


Réactance
proportionnelle à masse racinaire



MÉTHODE ÉLECTRIQUE : RÉSULTATS DES MESURES AU CHAMP

Thèse Postic, 2016



○ Nécessité de considérer stade de développement

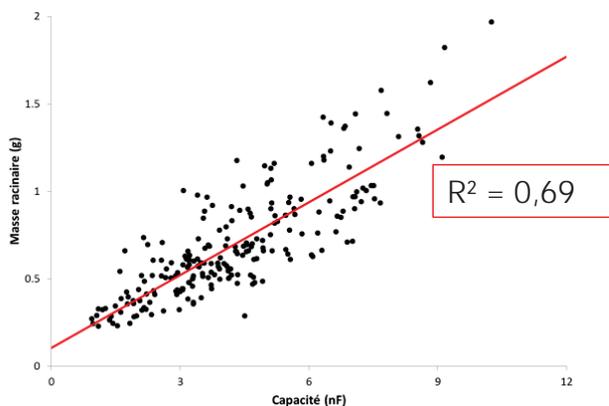
- Stades **précoces** → **Capacité** électrique sur **sol humide**
- Stades **reproductifs** → **Réactance** électrique sur **sol sec**



MÉTHODE ÉLECTRIQUE : RÉSULTATS EFFET STADE DE DÉVELOPPEMENT

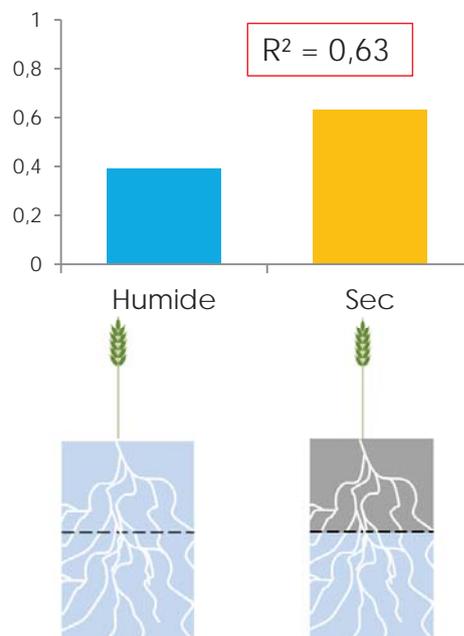
Capacité

- Stades **précoces** ou en **conditions contrôlées**
- Optimisation du dispositif de mesure (Postic & Doussan, 2016)



Réactance

- Stades plus **développés in situ**
- Conditionné aux **horizons secs superficiels (< 40 cm)**



CONCLUSIONS



CONCLUSION SUR LES DEUX MÉTHODES

	Humidité du sol	Horizons sondés	Mesure de distribution racinaire
Minirhizotrons	Indépendant	Profonds (>40 cm)	Selon la verticale
Méthodes électriques	Dépendant	Superficiel (<40cm)	Aucun

- Complémentarité des méthodes sur la profondeur des horizons sondés
- Donnent accès à des traits globaux (masse totale) ou spatialisés selon la profondeur



LIMITES ET PERSPECTIVES

Minirhizotrons

- Limitations **pratiques**
- **Automatisation**
 - Installation
 - Traitement des images

Méthodes électriques

- Limitations **théoriques**
- **Propriétés électriques du sol**
 - Humidité maximale pour la détection

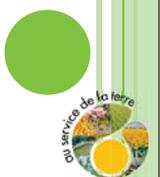
À court terme :

- **Combinaison** des 2 techniques dans une campagne de **sélection de résistance à la sécheresse**
 - Réduction des quantités de racines **proximales** → **méthodes électrique**
 - Augmentation des quantités de racines en **profondeur** → **minirhizotrons**

Thèse Postic, 2016



MERCI DE VOTRE ATTENTION





Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FSOV 2012 F – Stb16q

Cartographie et développement de marqueurs liés au gène de résistance à la septoriose Stb16q en vue de son clonage

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017

CARTOGRAPHIE ET DÉVELOPPEMENT DE MARQUEURS LIÉS AU GÈNE DE RÉSISTANCE À LA SEPTORIOSE *STB16Q* EN VUE DE SON CLONAGE

Saintenac Cyrille

PARTENAIRES

FLORIMOND-DESPREZ (OLIVIER ROBERT, COORDINATEUR)

INRA GDEC

PRI

USDA

INRA BIOGER

RAGT

ARVALIS INSTITUT DU VÉGÉTAL



INTRODUCTION

- **Nous avons identifié la séquence ADN du gène *Stb16q***
 - C'est la 1^{ère} fois au monde qu'un gène efficace et large spectre contre la septoriose (*Z. tritici*) a été identifié !!!
 - Nous avons défini des marqueurs moléculaires 100% fiables pour identifier le gène *Stb16q*
 - Ces résultats seront publiés et utilisables par tous
- Ces résultats ne sont pas issus d'un seul projet FSOV de 3 ans mais de plusieurs...



L'HISTOIRE DE LA DÉCOUVERTE DE *STB16Q*

- Durée : 11 ans (2004 à 2015) / 4 programmes de 2 ou 3 ans

Résultats fondamentaux

Identification des gènes *Stb16q*, *Stb17* & *Stb18* et de leurs marqueurs liés

Identification des protéines responsables de l'agressivité de *Z. tritici*

Identification de la séquence ADN de *Stb16*

FSOV 2004

FSOV 2008-B
PRI2

FSOV 2010-K PRI2

FSOV 2012-F
Stb16q

Résultats appliqués

Utilisation des sources de *Stb16q*, *Stb17* & *Stb18* en sélection

Utilisation des marqueurs de *Stb16q* en sélection :
→ Utilisation facilitée de Nogal (*Stb16q*) comme géniteur de nouvelles variétés

Aucune application...!

Identification totalement fiable de *Stb16q*

Nouvelles variétés avec *Stb16q* en combinaison avec d'autres gènes *Stb*



INTRODUCTION: *STB16Q*

- Cartographié sur l'extrémité du bras long du chromosome 3D
- Issu d'un blé synthétique (M3 et TA4152-19)
- **Aucune virulence n'a été identifiée contre ces deux accessions**
- Effectif au stade plantule et au stade adulte, contrôle l'apparition des nécroses (*N*), des pycnides (*P*) et la latence

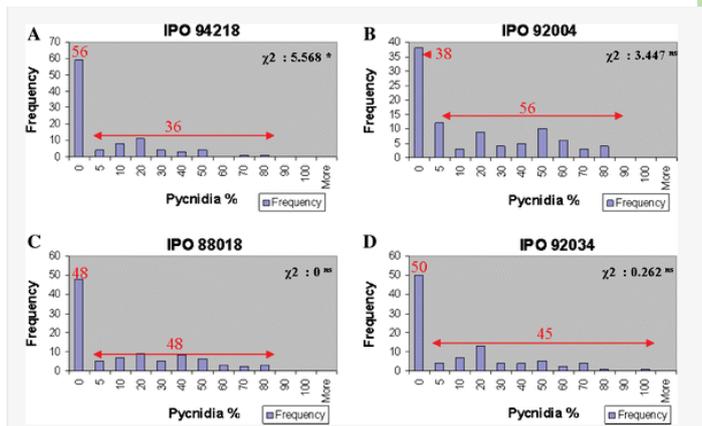
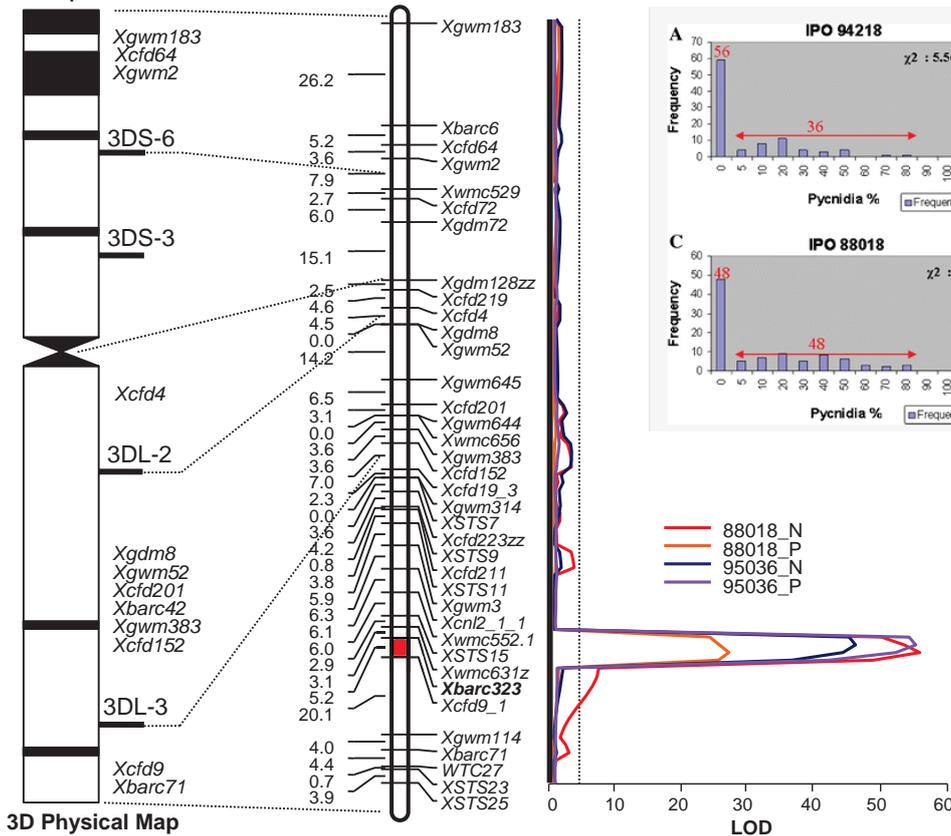


COMMENT AVONS NOUS IDENTIFIÉ *STB16Q* ?



INTRODUCTION: *STB16Q*, PROJET FSOV2008B, (TABIB GHAFFARY ET AL. 2011)

Population M3 x Kulm

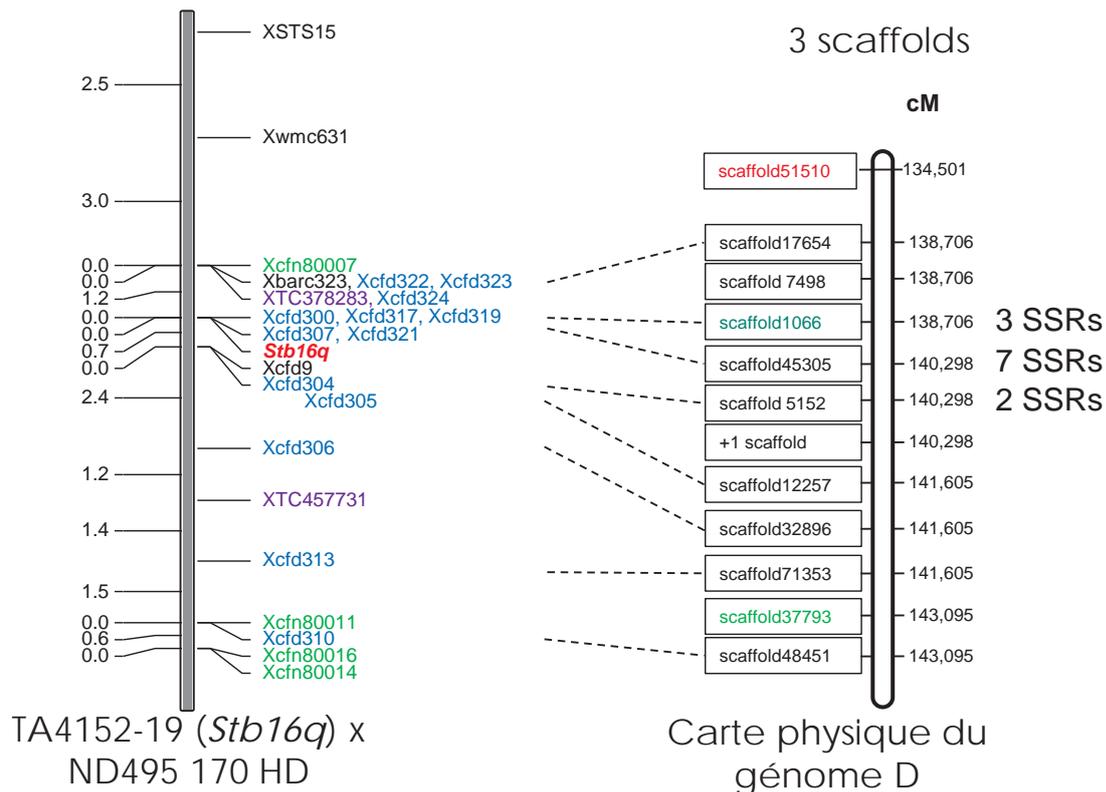


Intervalle de 5,2 cM

Stb16q explique de 41 to 71% de la variation phénotypique au stade plantule



DENSIFICATION DU LOCUS *STB16Q* EN MARQUEURS

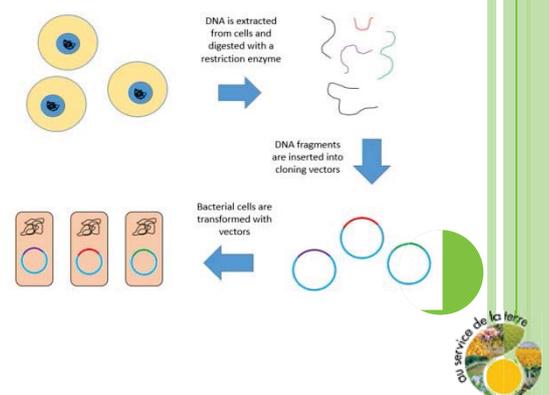


- *Stb16q* est cartographié dans un intervalle de 1,9 cM
- 5 marqueurs SSRs totalement liés au gène *Stb16q*



CARTOGRAPHIE FINE DU GÈNE *STB16Q*

- Population F2 issue du croisement entre le parent résistant TA4152-19 (*Stb16q*) et une variété sensible ND495
- 9100 F2 ont été phénotypées
- 2170 F2 ont été sélectionnées et génotypées avec les marqueurs *barc323* et *cf306*
- 20 à 100 plantes F3 / famille F2 d'intérêt ont été phénotypées (~6000 plantes F3)
- Construction d'une banque BAC à partir de l'accèsion TA4152-19

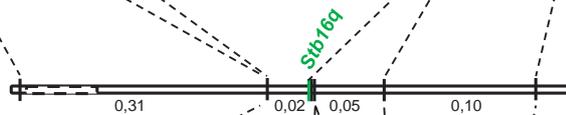


CARTOGRAPHIE FINE DU GÈNE *STB16Q*

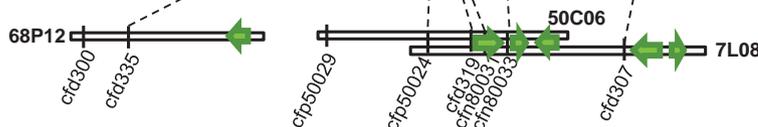
Carte physique
génomique D (Jia et
al. 2013)



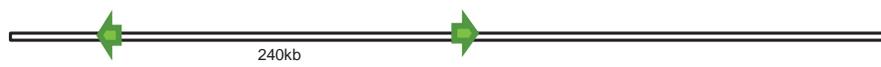
Carte génétique
(2170 F2 TA4152-19
x ND495)



Carte physique
TA4152-19

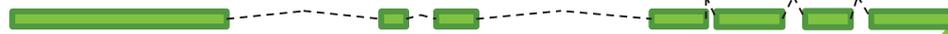


Séquence de
référence issue de
Chinese Spring



CRK6

Structure du gène *Crk6*



Deux gènes candidats situés dans l'intervalle *Stb16q*



CRK6 EST PRÉSENT CHEZ D'AUTRES BLÉS SYNTHÉTIQUES RÉSISTANTS A PLUSIEURS SOUCHES DE *Z. TRITICI*

- Ré-sequencage de *Crk6* (exon1, 852 bp) chez 96 blés synthétiques, 13 haplotypes
- 15 blés synthétiques ont le même haplotype que TA4152-19 (*Stb16q*)
- 21 blés synthétiques présentent seulement un SNP avec l'haplotype présent chez TA4152-19



Phénotypage avec 4
souches de *Z. tritici*
virulentes

- Parmi les 15 blés ayant le même haplotype que TA4152-19, 13 sont résistants et 2 sont sensibles (hétérogénéité des graines, SNP présent dans les autres exons ?)



- Création d'une population de mutants EMS à partir de l'accession TA4152-19 (*Stb16q*)
- 310 familles M2 (20 plants) ont été phénotypées avec l'isolat IPO88018
- 9 familles identifiées comme sensibles
- Re-séquencage de *Crk6* chez ces 9 familles :
 - 5 familles seraient des contaminations (95% similarité)
 - Une famille (236, plantes 1 et 2) contiennent une mutation ponctuelle dans le 5^{ème} exon de *Crk6* (Ser to Phe). PROVEAN = **délétère**

- 10 M2s de la famille 236 ont été phénotypées

	%Necrosis	%Pycnidia	Allele
EMS236S1	Susceptible	Susceptible	T
EMS236S2	Susceptible	Susceptible	T
EMS236A	60	40	H?
EMS236B	30	5	C
EMS236C	30	10	H?
EMS236R1	0	0	C
EMS236R2	0	0	C
EMS236R3	0	0	C
EMS236R4	0	0	C
Ta4152-19	0	0	C

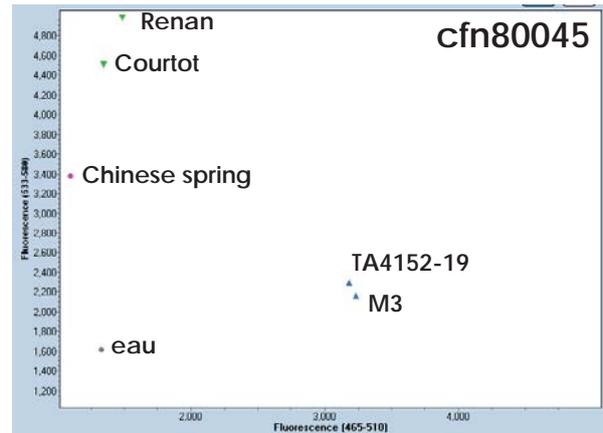
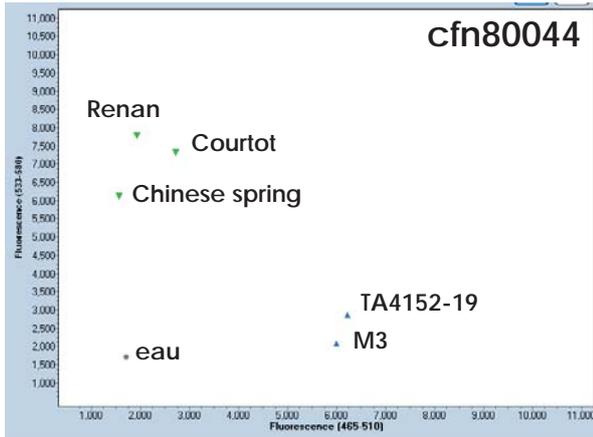


COMMENT AVONS-NOUS DÉFINI DES MARQUEURS « PARFAITS » DE *STB16Q* ?



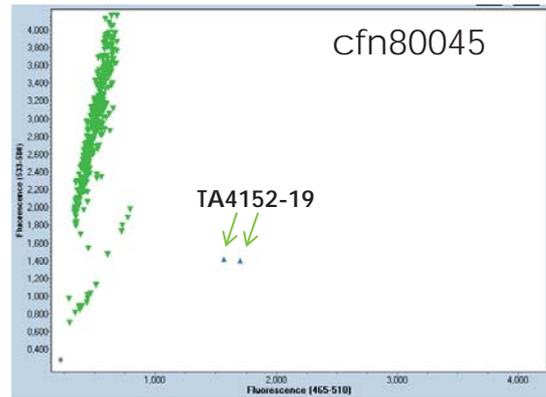
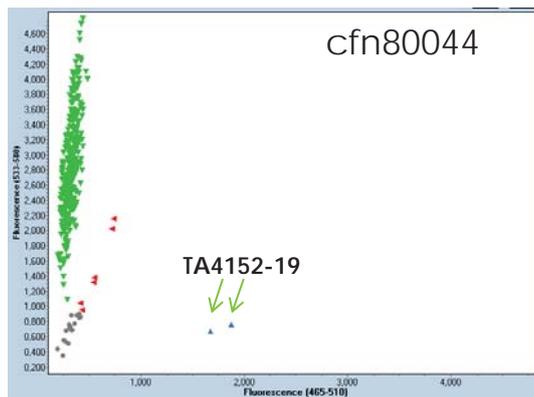
IDENTIFICATION DE MARQUEURS DIAGNOSTIQUES POUR *STB16Q*

- Re-séquençage de *Crk6* (exon1, 852 bp) chez 88 accessions de blé tendre (variétés de pays, blés cultivés et diversité mondiale, 48 accessions de la mini core collection)
- Trois haplotypes: TA4152-19, Land23 et Tous les autres
- Identification de marqueurs PCR et SNP diagnostic de *Crk6*

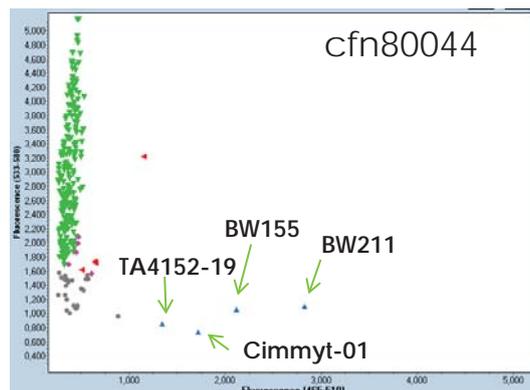


DISTRIBUTION DU GÈNE *STB16Q* AU SEIN DES BLÉS

372 individus maximisant la diversité mondiale



Collection Breedwheat (220 variétés dont 73% de variétés cultivées Françaises)



- Crk6* n'est pas retrouvé au sein de la diversité mondiale
- Crk6* n'est présent que chez deux variétés de blé cultivés



QUE RESTE-T-IL À FAIRE ?



CONCLUSIONS / PERSPECTIVES

- Le gène *Stb16q* a été identifié et code pour un récepteur à activité kinase
- Une mutation dans ce gène entraîne une sensibilité à *Z. tritici*
- Deux marqueurs diagnostics du gène *Stb16q* ont été développés pour suivre ce gène facilement dans les programmes de sélection
- *Stb16q* est présent dans le matériel cultivé et a été introduit vraisemblablement par l'utilisation de blés synthétiques
- **Il reste à publier ces résultats**



QUELLES SONT LES APPLICATIONS ?



LES APPLICATIONS

- Pour le sélectionneur
 - Il va pouvoir utiliser les marqueurs de *Stb16q* pour :
 - identifier le gène *Stb16q* dans tout son matériel de sélection
 - cumuler *Stb16q* avec d'autres sources de résistance à la septoriose pour obtenir du matériel avec une résistance efficace et durable

- Pour le chercheur
 - Il va utiliser la séquence de *Stb16q* comme référence pour identifier rapidement d'autres séquences de gènes de résistance à la septoriose
→ Programme FSOV 2016 A RenKSeq



REMERCIEMENTS



Florence Cambon
Olivier Soudière
Pauline Lasserre Zuber
Thierry Langin

GENTYANE
CRB
VALFON
CPCC

Arvalis
Delphine Hourcade



Florimond-Desprez
Valerie Laurent
Olivier Robert



PRI
Mahmod Tabib Ghaffary
Lamia Aouini
Gert H.J. Kema



USDA
Justin Faris



INRA BIOGER
Marc-Henri Lebrun



INRA CNRGV
William Marande
Hélène Berges



RAGT
Laure Duchalais





Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FSOV 2012 G – HAUTEUR

Reducing Height without increasing diseases

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017

REDUCING HEIGHT WITHOUT INCREASING DISEASES

Pascal GIRAUDEAU

PARTENAIRES



GÈNES DE NANISME ET MALADIES

- Introduction: effet des gènes de nanisme sur les différentes maladies
- Effets de nouvelles sources de réduction de hauteur sur les maladies:
 - NILs Avalon* Cadenza
 - Mutants EMS Paragon
- Résistance à la fusariose de populations fixées pour leurs gènes de nanisme



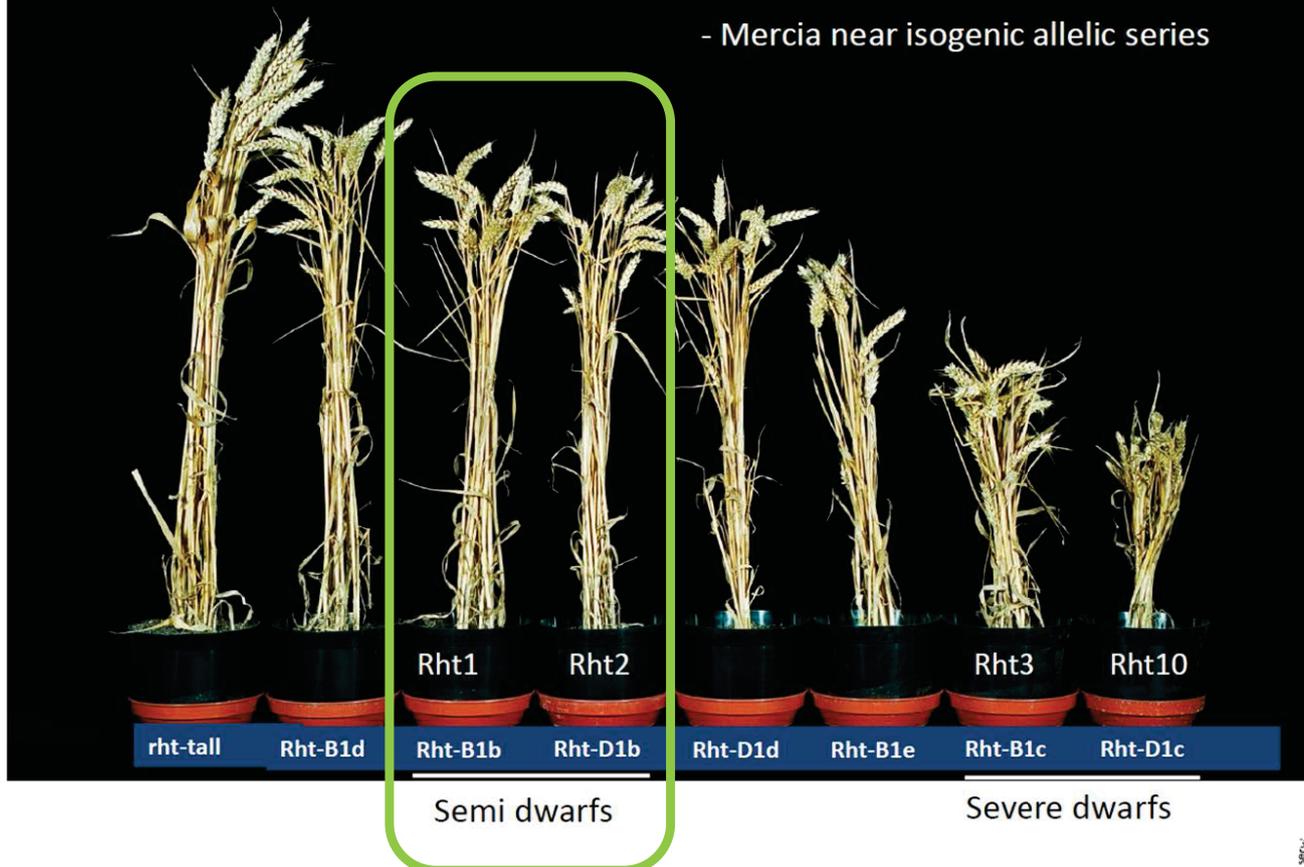
LES GÈNES DE LA RÉVOLUTION VERTE

- Introduits dans les années 1960
- Ont permis une augmentation très nette des rendements
 - Résistance à la verse
 - Augmentation de l'indice de récolte
- RhtB1-b (Rht1) et RhtD1-b (Rht2) largement répandus dans variétés de blés cultivées en France
 - Sur un panel de 270 variétés en 2012:
 - Rht1: 22%
 - Rht2: 72%
 - Seules 6% des variétés sans gène majeur de nanisme: Apache et quelques-uns de ses dérivés + variétés allemandes, souvent hautes



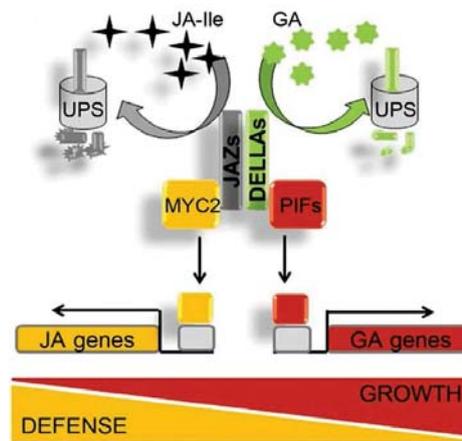
Reduced height (Rht) phenotypes

- Mercia near isogenic allelic series



EFFET DES GÈNES RHT SUR LES MALADIES

- Codent pour des protéines DELLA:
 - répresseurs de croissance en réponse à l'acide gibbérellique (GA)
 - Contrôlent la mort cellulaire
 - Modifient la balance hormonale SA/JA+ET



EFFET DES GÈNES RHT SUR LES MALADIES

Biotroph

(*Blumeria graminis*)



Himalaya
WT
(normal
DELLA
function)

Himalaya
M640
(stabilised
DELLA)

DELLA stability confers
increased **SUSCEPTIBILITY**

Necrotroph

(*Fusarium graminearum*)



Himalaya
WT

Himalaya
M640

DELLA stability confers
increased **RESISTANCE**

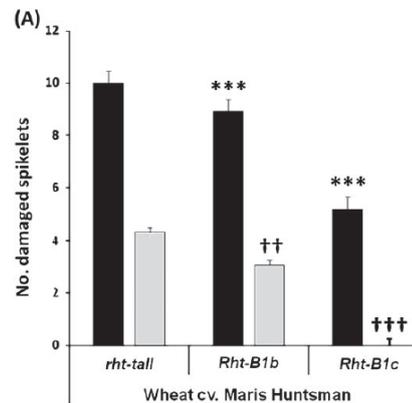
Saville et al. (2011)



FUSARIUM, UN CHAMPIGNON HÉMIBIOTROPHE

Table 3. The effect of *Rht* alleles on Type 1 resistance to *Fusarium* Head Blight assessed as % Spikelets infected

Experiment	Genotype	% Spikelets infected	SEM	P-value
Field	<i>rht-tall</i>	11.7	±2.1	
	<i>Rht-B1b</i>	15.8	±2.1	0.185
	<i>Rht-B1c</i>	25.0	±2.1	<.001
Polytunnel	<i>rht-tall</i>	18.8	±0.9	
	<i>Rht-B1b</i>	24.2	±1.0	<.001
	<i>Rht-B1c</i>	35.9	±1.1	<.001



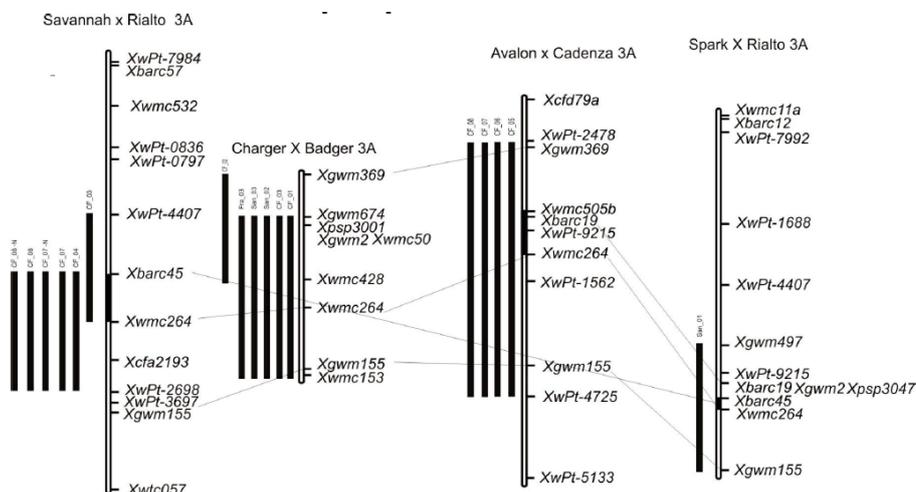
Infection initiale (Résistance type 1)
= Phase biotrophe
Rht1 + sensible que allèle sauvage

Progression dans l'épi (Résistance type 2)
= Phase nécrotrophe
Rht1 + résistant que type sauvage

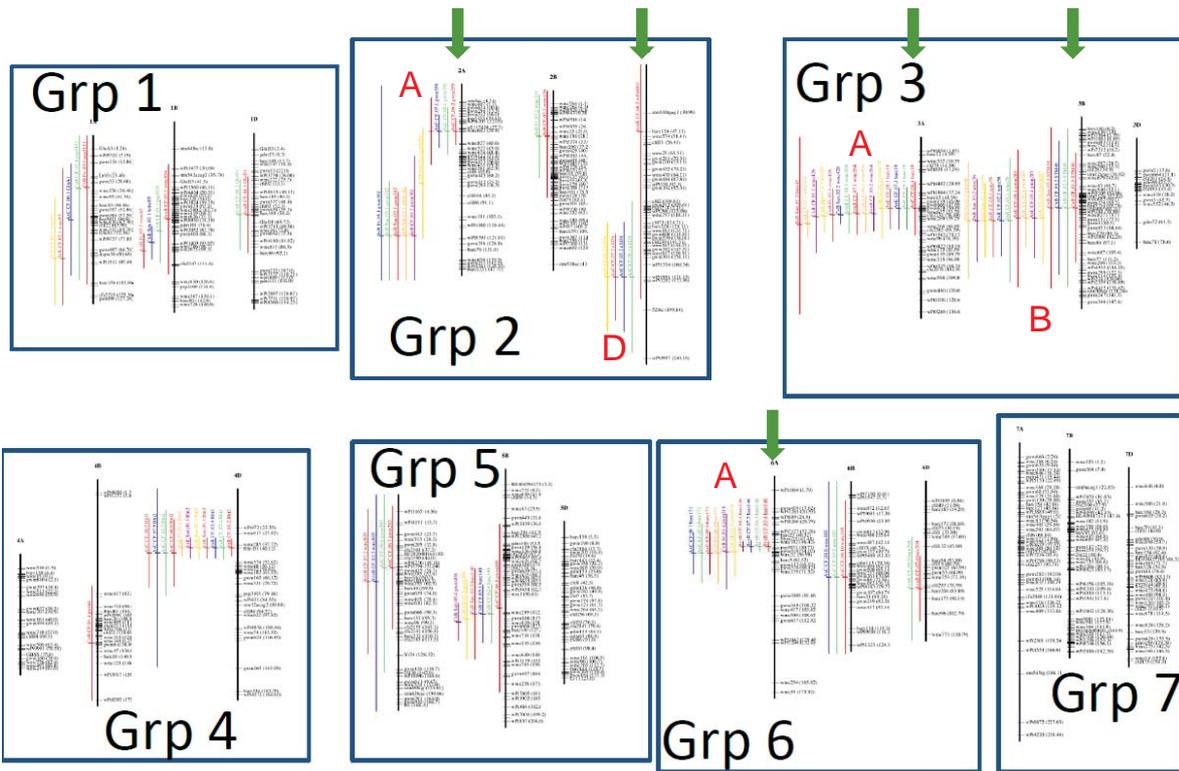


ÉTUDE DE NOUVELLES SOURCES DE RÉDUCTION DE HAUTEUR

- QTLs de hauteur détectés dans plusieurs populations



QTLs DE HAUTEUR DÉTECTÉS DANS PLUSIEURS POPULATIONS



NILS AVALON*CADENZA

- Lignées porteuses des différents QTLs rétrocroisées dans fond génétique Avalon et Cadenza
- 2013: QTL 2D et 3A
 - JIC: 108 lignées dans fond génétique Cadenza et Avalon
 - CETAC 4 lieux: 38 lignées dans fond génétique Cadenza
- 2014 et 2015: 70 lignées avec QTL 2A, 2D, 3A, 3B et 6A sélectionnés par paires
 - JIC
 - 3 sites CETAC
- Evaluation en pépinière fusa



NILS AVALON*CADENZA

○ Résultats

- Différences moyennes de hauteur et de sensibilité à la fusariose entre les allèles Cadenza et Avalon

Both backgrounds 2014			
QTL	Height differential	AUDPC differential	AUDPC per cm
2A	-3.17	170.05	-53.5
2D	13.19	-109.23	-8.279
3A	-4.62	121.5	-26.27
3B	-9.75	173.87	-17.83
6A	-4.75	-51.718	10.88

Both backgrounds 2015			
QTL	Height differential	AUDPC differential	AUDPC per cm
2A	-3.0	5.5	-1.81
2D	12.7	-216.2	-17.0
3A	-5.2	223.3	-43.1
3B	-6.0	207.8	-34.6
6A	-3.6	35.6	-10.0

- Tous les allèles conférant une réduction de hauteur impliquent une augmentation de la sensibilité à la fusariose
- QTL 2D: pas d'effet sur l'épiaison mais allèle haut confère une moindre sensibilité à la rouille jaune



ÉVALUATION FUSARIOSE DE MUTANTS HAUTEUR

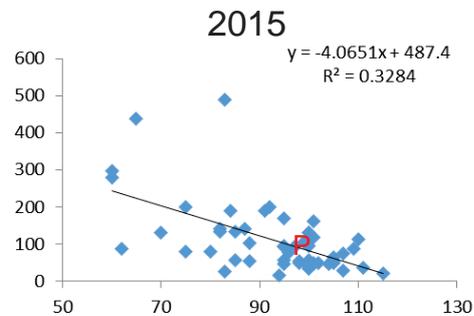
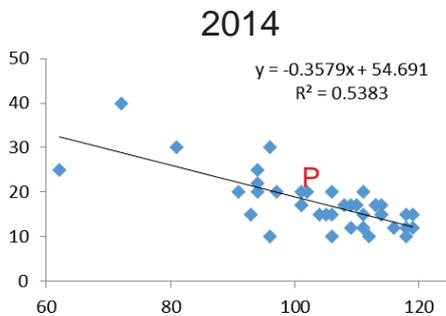
- Lignées variant pour la hauteur dans population de mutants EMS de Paragon
- Quantités limitées de semences
- JIC:
 - 39 lignées en 2014
 - 50 lignées en 2015
- CETAC:
 - 34 lignées en 2015



MUTANTS EMS PARAGON

○ Résultats

- Différences moyennes de hauteur et de sensibilité à la fusariose entre les allèles Avalon et Cadenza



- Tous les allèles conférant une réduction de hauteur impliquent une augmentation de la sensibilité à la fusariose



QTLs DE RÉSISTANCE FUSA DANS DES POPULATIONS FIXÉES POUR LEURS GÈNES DE NANISME

○ Population Barok*Bermude

- 132 individus dérivés de SSD
- Barok et Bermude portent tous les 2 RhtD1-b
- Barok plus résistant (6) que Bermude (3.5)
- Génotypés avec puce Bristol 35K
- Carte génétique avec 2483 marqueurs, 47 linkage groups pour une taille de 4272 cM
- 8 essais en France en 2014, 2015 et 2016



POP BAROK*BERMUDE

○ Résultats

- Population relativement homogène pour hauteur et épiaison
- Années d'expérimentation peu favorable à l'expression des symptômes
- Présence massive de Microdochium en 2016
- Pas ou peu de QTL à effet suffisamment fort

Marker	Chrom. Position (cM)	Log(10)	Max. % Expl.	High Allele
AX-94758722_1BL	1B (3.2 cM)	4.19	11.75	Barok
AX-95160899_2BS	2B (278 cM)	6.07	16.99	Bermude
AX-95024486_2DL	2B (16 cM)	3.25	14.50	Bermude
AX-94574405_5AL	5A (129 cM)	4.6	10.33	Bermude
AX-95008466_7AL	7A (66 cM)	5.58	13.11	Bermude



QTLs DE RÉSISTANCE FUSA DANS DES POPULATIONS FIXÉES POUR LEURS GÈNES DE NANISME

○ Population Sokal*Oakley

- 95 individus dérivés d'HD
- Sokal et Oakley portent tous les 2 RhtB1-b
- Sokal plus résistant (6.5) que Oakley (3)
- Génotypés avec puce Bristol 35K
- Carte génétique avec 927 marqueurs, 57 linkage groups pour une taille de 3784 cM
- 7 essais en France en 2015 et 2016



POP SOKAL*OAKLEY

○ Résultats

- Population assez diverse pour hauteur, épiaison, fusa et rouille jaune
- Années d'expérimentation peu favorable à l'expression des symptômes
- Présence massive de Microdochium en 2016
- Quelques QTL à effet fort dont un (chr3A) très fort

Marker	Chrom. Position (cM)	Log(10)	Max. % Expl.	High Allele
AX-94433044_3AS	3A (113cM)	8.66	41.91	Oakley
AX-94540502_3DL	3A (117 cM)	4.75	20.69	Oakley
AX-94571885_1DL	6D (20 cM)	6.03	21.36	Oakley
AX-94465240_7BL	7B/5B (139 cM)	5.12	23.69	Oakley



CONCLUSIONS

- La diminution de hauteur de la plante est systématiquement corrélée à une augmentation de symptômes de fusariose, en présence des gènes Rht ou non (effet pléiotropique)
- Pas de ressource nouvelle intéressante
- Reste à explorer les effets d'autres gènes de nanisme, affectant d'autres voies hormonales (Rht8 par ex)
- Cumul de QTL de résistance à la fusa plus que jamais pertinent





Fonds de soutien à l'obtention végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FSOV 2012 H – PYRAMIDE

Développement d'une nouvelle stratégie de sélection pour l'obtention de lignées élités cumulant des résistances aux principales maladies fongiques

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017



FSOV PYRAMIDE – FSOV 2012 H

« DÉVELOPPEMENT D'UNE NOUVELLE STRATÉGIE DE SÉLECTION POUR L'OBTENTION DE LIGNÉES ÉLITES CUMULANT DES RÉSISTANCES AUX PRINCIPALES MALADIES FONGIQUES »

Charmet Gilles - INRA
Ellen Goudemand - FD

PARTENAIRES

FLORIMOND DESPREZ (COORDINATEUR: ELLEN GOUEMAND)

INRA UMR GDEC



FSOV Pyramide



Présentation

- Projet d'une durée totale de **4 ans**
- Fin le **30 septembre 2016**
- Coût total **367 702 €**
- Aide FSOV **257 390 €**

Objectifs et stratégies

- Construire des résistances durables en cumulant gènes majeurs/QTL en provenance de sources diversifiées
- Utiliser les prédictions génomique (BW) pour améliorer le fonds génétique au cours du pyramidage

Production de géniteurs résistants aux
maladies de bonne valeur agronomique
Deux cibles maladies:

- Rouilles (jaune et brune)
- Fusariose de l'épi

FsoV



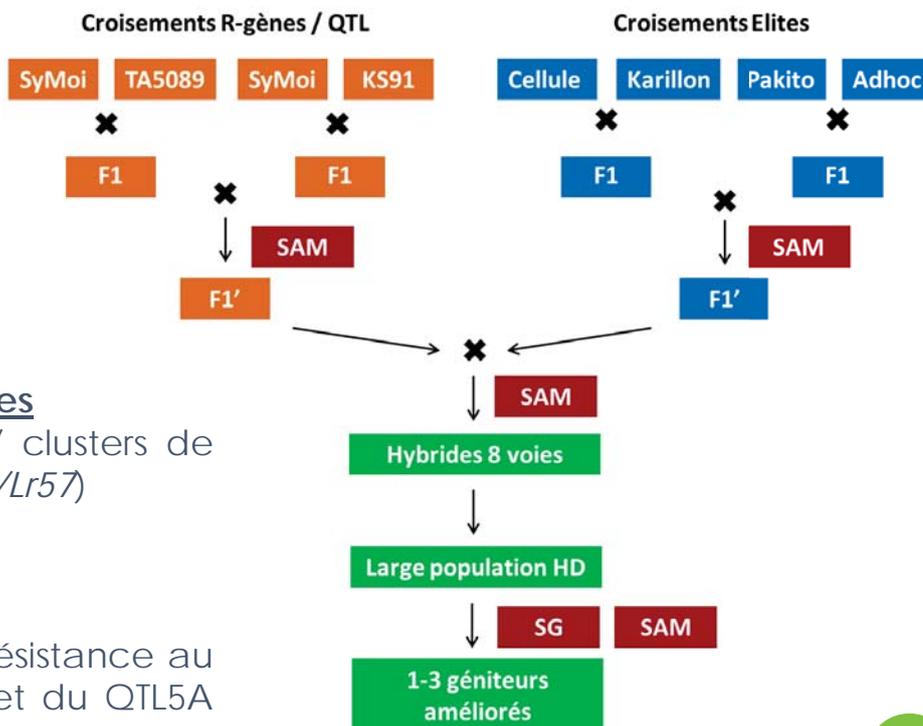
FsoV

FsoV



01 | SCHÉMA ROUILLES FLORIMOND DESPREZ

FsoV



Croisements R-gènes

Suivi de 2 gènes / clusters de gènes (*Lr42* et *Yr40/Lr57*)

Croisements Elites

Suivi du gène de résistance au piétin verse *Pch1* et du QTL5A de résistance à la fusariose

FsoV

Choix des sources de résistance aux rouilles

58 gènes de résistance à la RB et 40 gènes de résistance à la RJ répertoriés (McIntosh et al., 2005). Deux lignées, porteuses de résistances peu utilisées dans les variétés françaises, ont été choisies comme génitrices:

- **KS91WGRC11**: contient le gène *Lr42* dérivé d'une accession *Ae. tauschii* TA2450 *Lr42* jouerait un rôle dans l'augmentation du rendement et du PS dans les blés de l'Oklahoma (Matin et al., 2003)
- **TA5089** (KS11WGRC53-J): lignée dérivée de WL711 possédant les gènes de résistance aux rouilles *Lr57* et *Yr40*, situés sur un petit segment du bras court du chr 5D d'*Ae. geniculata*. Cette source de résistance est efficace contre la plupart des isolats de rouilles aux USA et en Inde (Kuraparthi et al., 2009)

Lignées	Gènes /QTLs	Marqueurs	Réf
KS91WGRC11	Lr42	Xwmc432 et Xgdm33	Matin et al., 2003
TA5089	Lr57/Yr40	XLr57/Yr40- MAS-CAPS16	Kuraparthi et al., 2009

FsoV

Choix des géniteurs de haute valeur agronomique

Objectifs:

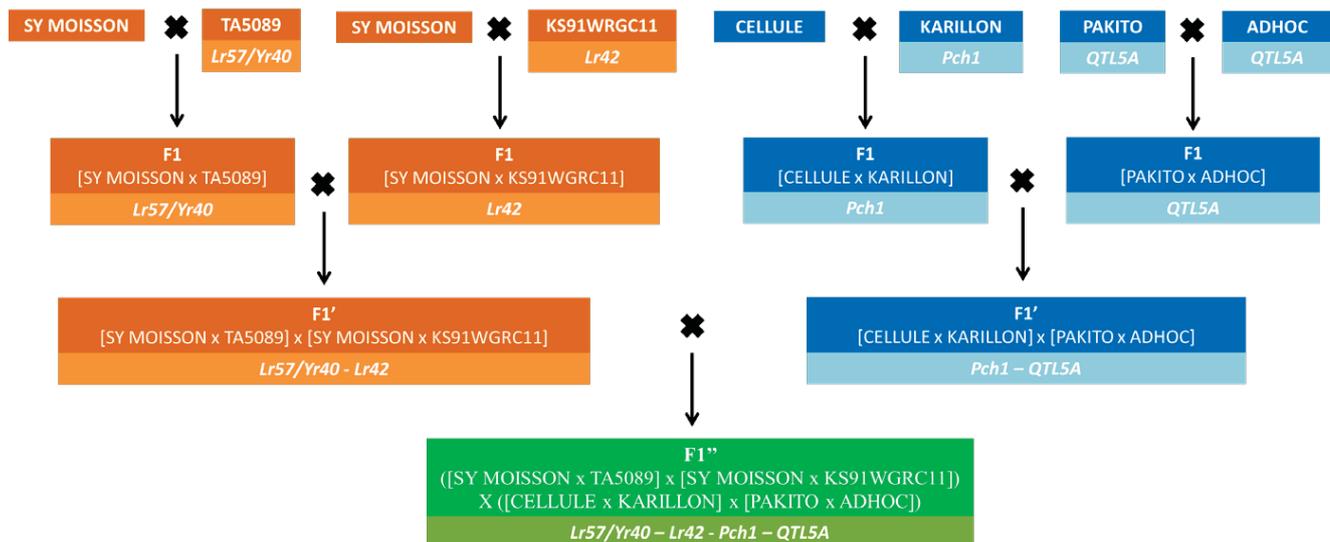
- Variétés possédant le même gène de nanisme (ici *Rht1*)
- Variétés à haut potentiel agronomique et provenant de différents obtenteurs (élargir diversité)
- Variétés porteuses d'une caractéristique particulière intéressante en sélection (autre que R rouilles)

Choix:

Variétés	Années inscription	Obtenteurs	Caractéristiques
CELLULE	2012	FD	BPS, septo +
KARILLON	2010	AO	BPS, <i>Pch1</i>
PAKITO	2011	RAGT	BPS, QTL5A
ADHOC	2011	Momont	BP, QTL5A, froid +
SY MOISSON	2011	Syngenta	BPS, oidium +

Fsov

7



Fsov

8

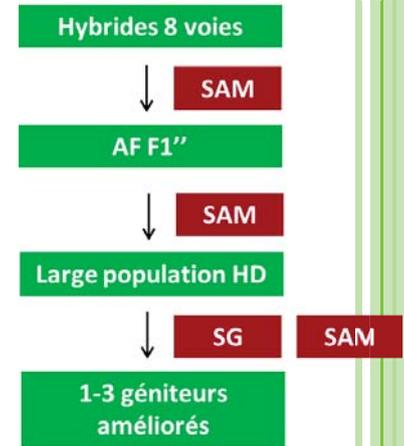
Ajout d'une AF après les hybrides 8 voies

97 hybrides 8 voies contenant *Lr42 / Lr57 / Pch1 / QTL5A* à l'état **hétérozygote** ont été obtenus.

S'il l'on avait décidé de produire les HD directement à partir ces hybrides, théoriquement 1/16^{ème} des HD seraient porteurs des gènes *Lr42 / Lr57 / Pch1 / QTL5A*

Le coût de production des HD est trop important pour n'en garder que si peu → **Réalisation d'une AF supplémentaire avant la production d'HD.**

67 grains AF F1'' ont été sélectionnés avec *Lr42 / Lr57 / Pch1 / QTL5A* à l'état **homozygote**.



FsoV

9

Population HD et Génotypage HD

Aout 2016 → Récolte de **1845 grains haploïdes doublés** issus de AF F1'' possédant 3 ou 4 gènes

Génotypage avec la **puce Axiom 35K** de 768 individus (2 puces 384)

- 695 HD : *Lr42 / Pch1 / QTL5A / Lr57*
- 66 HD : *Lr42 / Pch1 / Lr57*
- 7 parents

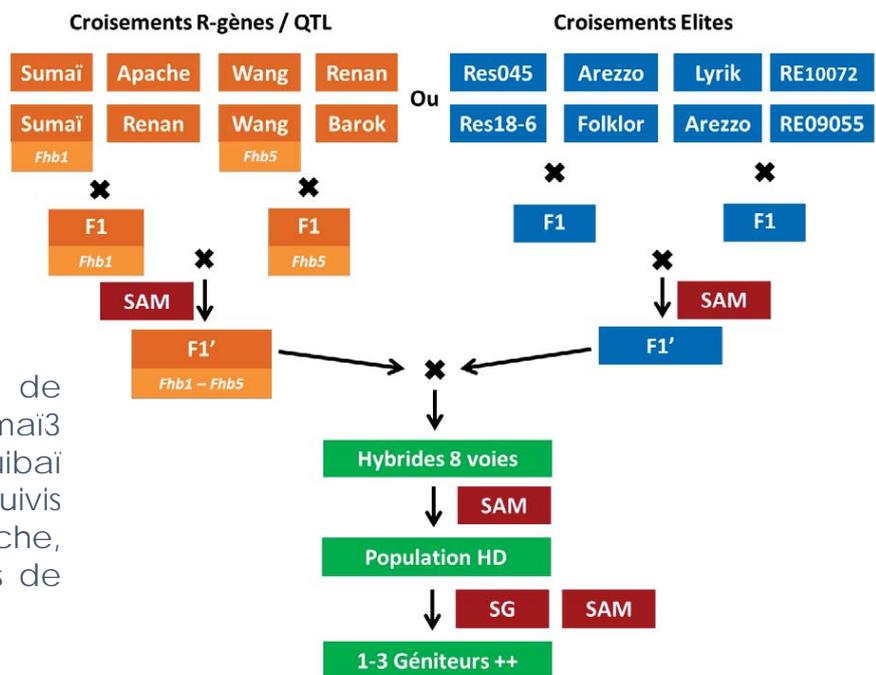
Envoi de l'ADN mi-septembre 2016

En attente des résultats

FsoV

10

02 | SCHÉMA FUSARIOSE INRA GDEC



Croisements R-gènes

Les variétés donneuses de résistances étaient Sumai3 (*Fhb1*) et Wangshuibai (*Fhb1/Fhb5*), qui ont été suivis par SAM mais aussi Apache, Barok et Renan, porteuses de QTL mineurs.

Croisements Elites

Outre des variétés de bonne valeur agronomique, deux lignées dérivées de synthétiques (FSOV2006) identifiées comme très résistantes à la septoriose.



Choix des sources de résistance à la fusariose

Une étude bibliographique (Buerstmayr et al. 2009; Liu et al. 2009...) a permis de choisir 4 sources de résistances d'origines diversifiées:

- **Sumai 3** : variété chinoise portant QTL à effet majeur sur le chromosome 3B (*Fhb1* : Anderson et al 2001)
- **Wangshuibai** : variété chinoise possédant également un très haut niveau de résistance, avec un effet plus faible au locus *Fhb1* (autres formes alléliques), mais d'autres QTLs que Sumai3 dont *Fhb5*
- **Apache et Renan**: variétés françaises variété tolérantes, avec des QTLs identifiés sur les chromosomes 4A, 5A, 5B et 6A (Gervais et al. 2003, Holzapfel et al 2008).

Lignées	Gènes /QTLs	Marqueurs	Réf
SUMAI 3	Fhb1	8 SNPs dans Umn10	Bernardo et al, 2012
WANGSHUIBAI	Fhb1/Fhb5	Xwmc96 Xgwm304	Lin et al., 2006

FSOV



13

Choix des géniteurs de haute valeur agronomique

Objectifs:

- Variétés à haut potentiel agronomique et provenant de différents obtenteurs (élargir diversité)
- Variétés porteuses d'une caractéristique particulière intéressante en sélection (résistance septoriose pour les RESY, *Pch1*)

Choix:

Variétés	Inscription	Obtenteurs	Caractéristiques
AREZZO	2007	RAGT	BPS
BAROK	2009	AO	BAU, fusa+
FLOKLOR	2011	AO	BPD RJ+
LYRIK	2012	AO	BPS
RESY18-6	-	INRA	Septo+
RESY045	-	INRA	Septo+
APACHE	1998	LG	BPS, Fusa+
RENAN	1990	AO	BAF, Fusa+

FSOV



14

Population HD et Génotypage

- Au total, **950 grains hybrides 8 voies** ont été obtenus (500 et 450).
- Après un tri sur les marqueurs de *Fhb1*, *Fhb5* et *Rht1/2*, 221 plantes mères ont été sélectionnées, respectivement 162 et 59 par croisement.
- F1'' utilisées au printemps 2015 pour haplo-diploïdisation (méthode Zea) mais nombreuses plantes souffrant de nécrose hybride.
- 520 épis, représentant un total de 19 122 fleurs castrées ont donné 2202 embryons haploïdes.
- 367 plantes régénérées et implantées en serre après traitement à la colchicine. Au final, **238 plantes** se sont révélées fertiles.
- Extraction d'ADN pour le marquage avec la puce Axiom® **Wheat Breeder's Genotyping Array** (35K)



FsoV

15

FsoV

03 | SUITE DU PROJET

FsoV

Multiplication et Prédictions génomiques

- 2016-2017 → **Multiplication** des HD en pépinières, premières observations phénotypiques
- Fin 2016 – début 2017 → **Génotypage** de 768 lignées rouilles et 238 lignées fusariose avec la puce Axiom® Wheat Breeder's Genotyping Array.
- **Prédiction génomique** de la valeur du fonds génétique des individus HD pour d'autres caractères que la résistance aux maladies (rendement, rendement BNI, hauteur, précocité...) et **sélection**
- Récolte 2017 → Echange des meilleurs géniteurs entre les partenaires (5 à 10)
- 2017-2018 → Première année d'**essai** des HD (observation rendements réels) et retour sur expérience possible



FsoV

17

Communications et partage

- **Poster à l'IWGS** à Tulln en Autriche du 23 au 28 Avril 2017 ? → Soumission d'un résumé



13th International
Wheat Genetics
Symposium

- **Nouvelle réunion** entre les partenaires, début 2019, pour discuter des résultats obtenus
 - Prédictions génomiques
 - Comparaison prédictions / rendement réel
 - Publications avec résultats expérimentaux...



FsoV

18

Merci pour votre attention

REMERCIEMENTS



Florimond Desprez

- Denis Beghin
- Pierre Devaux
- Brigitte Devaux
- Delphine Taillieu
- Equipe LCE

INRA GDEC

- Marie-Reine Perretant
- Julien Magnaudet
- Elodie Belmonte
- Équipe CPCC
- Plate-forme GENTYANE

<http://gentyane.clermont.inra.fr/>



FsoV



Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FSOV 2012 I – CRIBLAGE

*Criblage de gènes/QTLs de résistance à la septoriose et à la fusariose
du blé tendre*

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017

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

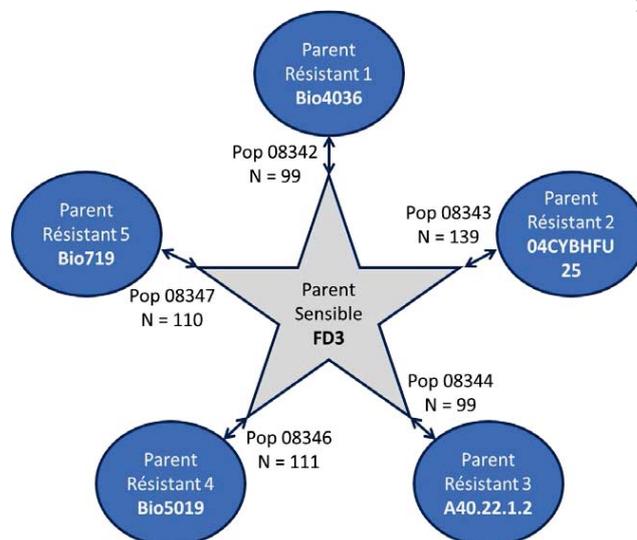
- *Fusarium graminearum*
- Espèce de fusariose la plus problématique
- Epillets échaudés roses-orangés
- Impacts quantitatif et qualitatif (>20q/ha, mycotoxines (DON))
-
- Une centaine de QTLs recensés, mais 3 réellement utilisables/utilisés



MATERIEL VEGETAL

Jeudi 23 mars 2017

- 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

Jeudi 23 mars 2017

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

Jeudi 23 mars 2017

- 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

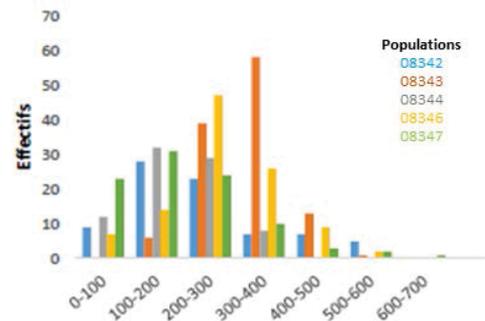
- Présence importante de rouille jaune, surtout à Cappelle, limitant parfois l'évaluation de la résistance à la septoriose, et parfois à la fusariose.

- 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.



AUDPC fusariose sur épi à Tulln en 2015



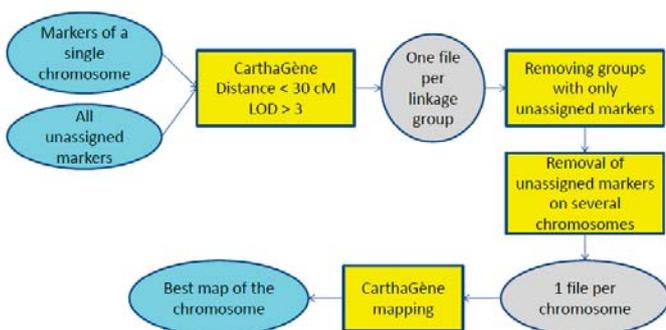
- La pression fusariose était presque trop forte à Cappelle en 2014.

CARTHOGRAPHIE GENETIQUE

Jeudi 23 mars 2017

- Après nettoyage des données de génotypage, 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

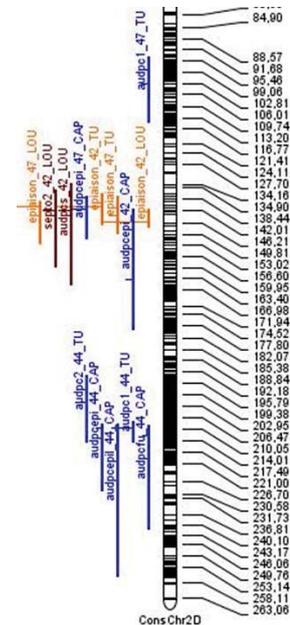


ANALYSE DE LIAISON POP PAR POP

Jeudi 23 mars 2017

- 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

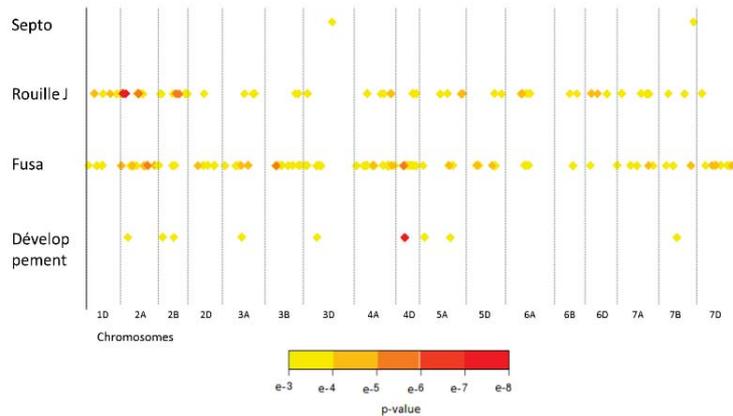
- Au total, en combinant les analyses intra-pop et inter-pop, l'analyse a permis la détection de **106 QTLs distincts**



ANALYSE D'ASSOCIATION (MLMM)

Jeudi 23 mars 2017

- 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 Cappel en 2014

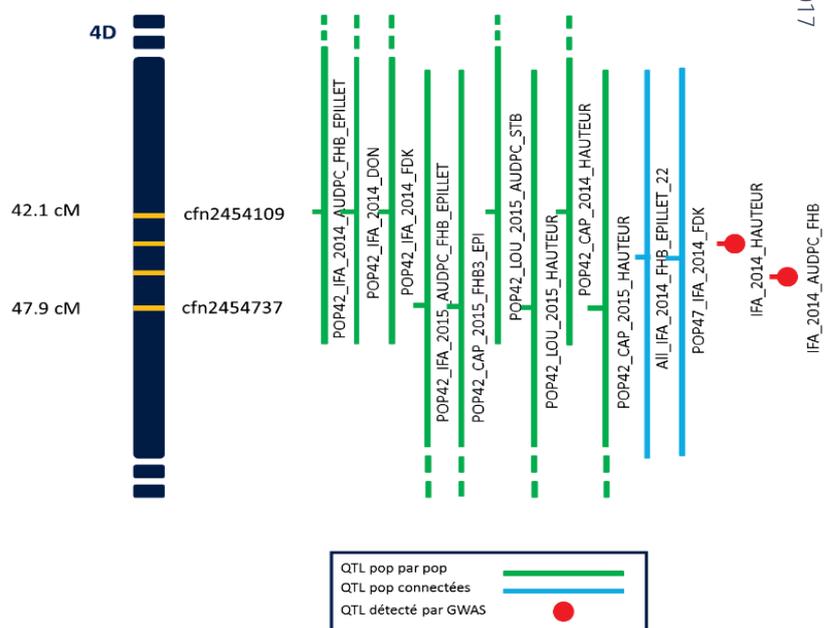


COMPARAISON

Jeudi 23 mars 2017

Lien entre QTLs de résistance et QTLs de développement

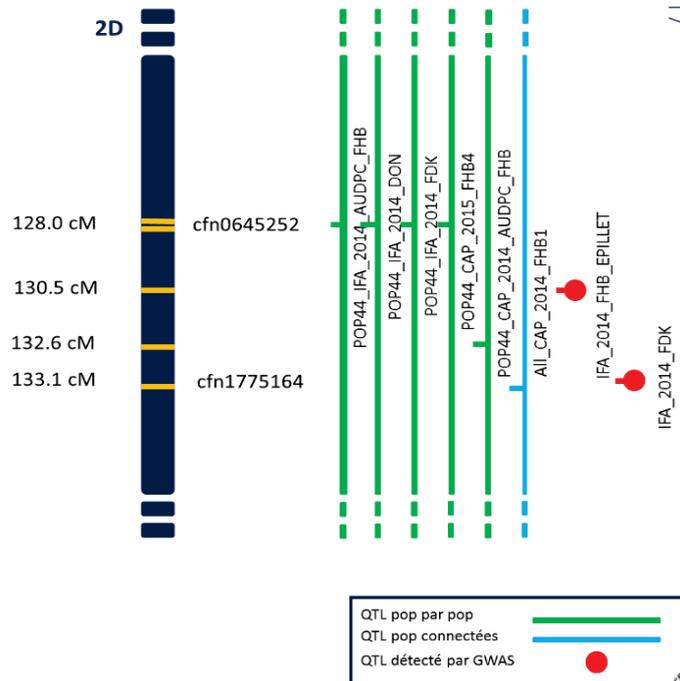
- La majorité des QTLs de résistance (FHB, STB) colocalise avec des QTLs de développement
 - Hauteur → FHB et STB
 - Précocité → STB
- Sur le chromosome 4B, mise en évidence du gène de nanisme *Rht1*
- Sur le chromosome 4D, détection probable du gène de nanisme *Rht2* (figure ci-contre)



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%.



Jeu 23 mars 2017



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 **rérocroisements 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)

Jeu 23 mars 2017



PARTENAIRES - REMERCIEMENTS

Jeu-di 23 mars 2017



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





Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FSOV 2012 J – SYNTHETICS

Integrating New Diversity to Improve Yield Stability - INDYS

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017

INTEGRATING NEW DIVERSITY TO IMPROVE YIELD STABILITY INDYS

Pascal GIRAUDEAU

PARTENAIRES



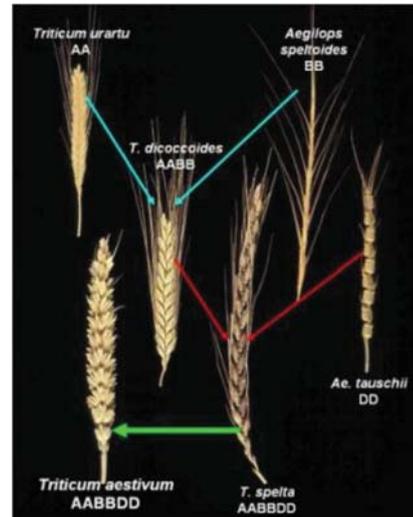
PROJET EN 2 PHASES

- Financé sur 5 ans
- Phase 1 : Création de matériel (2013-2016)
 - Création des blés synthétiques
 - Back-cross dans matériel élite français
 - Sélection dans descendances
- Phase 2 : Evaluation des lignées sélectionnées (2017-2018)



QU'EST CE QU'UN BLÉ SYNTHÉTIQUE?

- *Triticum aestivum* est une espèce hexaploïde (AABBDD) issu d'un croisement ayant eu lieu il y a environ 10000 ans
- Blé synthétique = Croisement d'un blé tétraploïde (AABB) avec *Aegilops Tauschii* (DD)



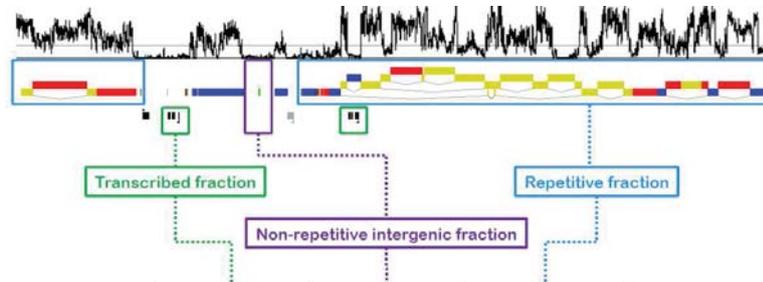
DES BLÉS SYNTHÉTIQUES, POUR QUOI FAIRE?

- Diversité génétique au niveau du génome D très faible
- Premières études des lignées dérivées de blés synthétiques du Cimmyt montrent une exploration accrue du sol par les racines résultant en une meilleure tolérance sècheresse et une meilleure absorption de l'azote



- Diversité génétique au niveau du génome D très faible

SNPs from the IWGSC survey sequence initiative



Genome	Genes	Intergenic	ISBPs	Total
A	185 456 (41.8%)	1 125 496 (42.0%)	292 465 (41.2%)	1 603 417 (41.8%)
B	211 753 (47.7%)	1 309 151 (48.9%)	350 309 (49.4%)	1 871 213 (48.8%)
D	46 892 (10.6%)	245 169 (9.1%)	66 304 (9.4%)	358 365 (9.3%)
Total	444 101 (11.6%)	2 679 816 (69.9%)	709 078 (18.5%)	3 832 995 (100%)

Etienne Paux, INRA

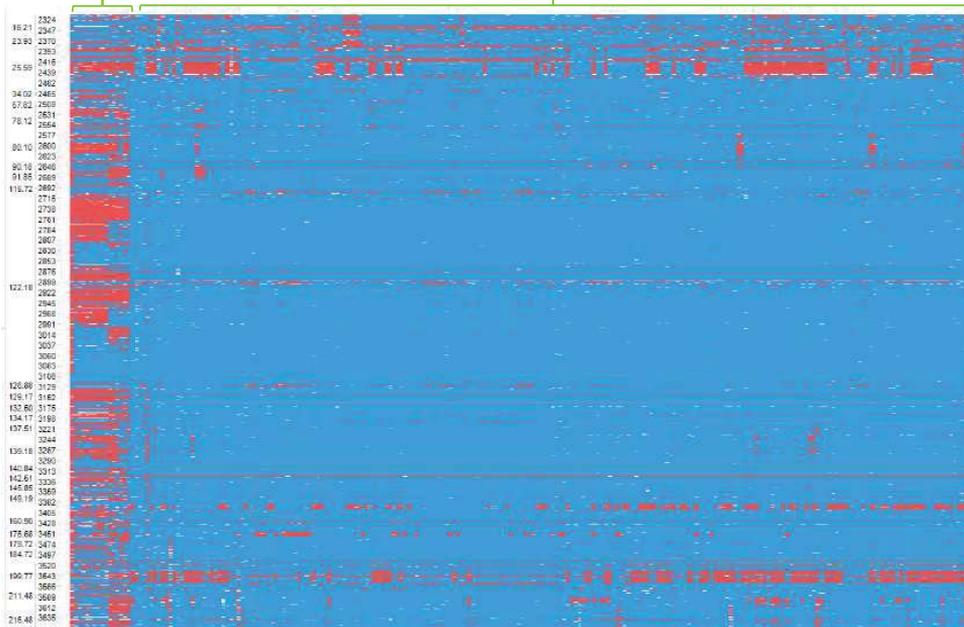


- Apporter de la diversité nouvelle

Polymorphisme sur le chromosome 3D

Synthétiques
NIAB

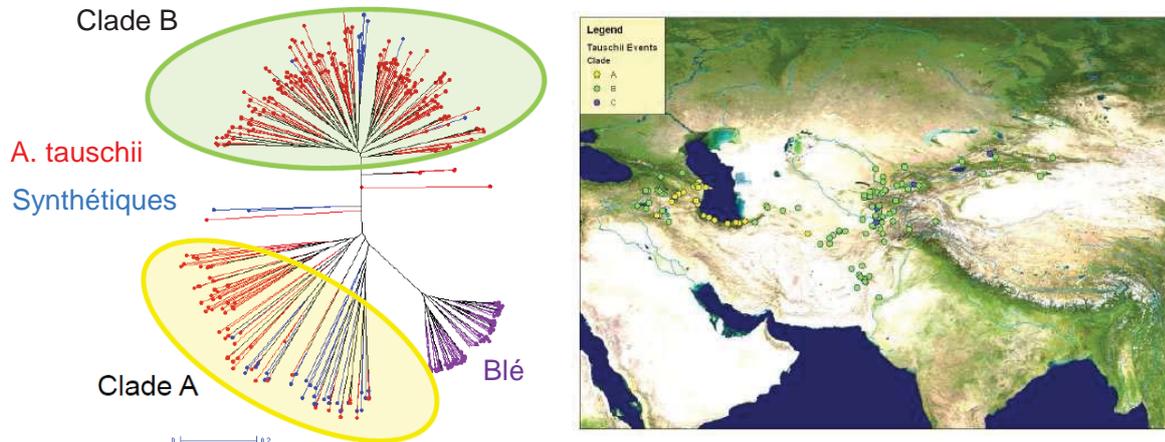
Variétés élite



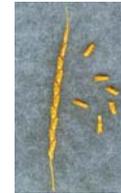
Winfield et al. (2015) *Plant biotechnology journal*



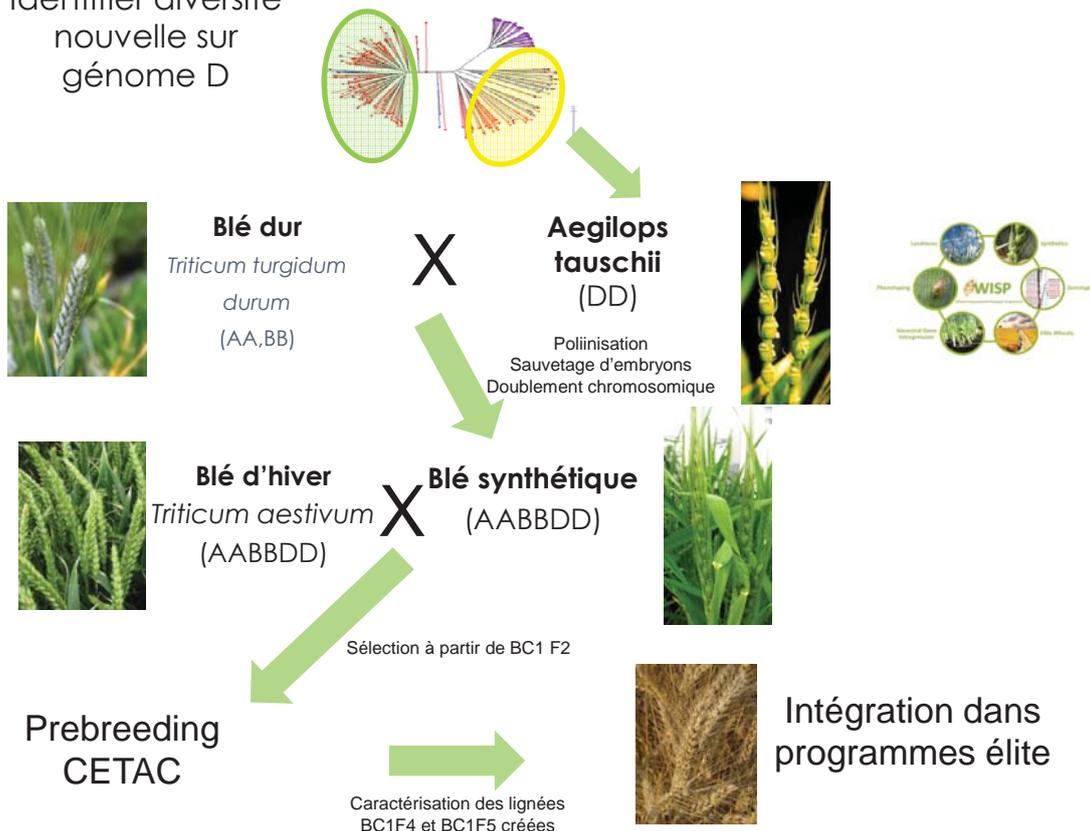
Dispersion géographique d'*Aegilops tauschii*



30 accessions d'*Aegilops* choisies pour leur apport potentiel de résistance à la sécheresse (site de collecte et données éco-géographiques – analyse FIGS)



Identifier diversité nouvelle sur génome D



CROISEMENTS AVEC SYNTHÉTIQUES - NÉCROSE HYBRIDE

- Screening d'un panel de 30 variétés françaises avant le démarrage du projet
 - Toutes montrent un niveau de nécrose supérieur à Robigus et Paragon 😞
 - Choix des 2 variétés présentant le moins de symptômes comme parents récurrents: Expert et Sweet



CROISEMENTS ET BC



	AABB	DD	EXPERT	SWEET	ROBIGUS
1	HOH 501	ENT 405	2014	2015	2014
2	HOH 501	WX 895	2014		
3	HOH 501	WX 325	2014		
4	HOH 501	ENT 127	2014		
5	HOH 501	JIC 2220007	2014		
6	HOH 501	ENT 402	2014	2014	2014
7	ICARDA	WX 325	2014	2014	2015
8	HOH 501	ENT 242	2014		2014
9	SCULPTURE	WX 224	2015	2014	
10	ARDENTE	JIC 2220007	2015	2014	
11	HOH 501	ENT 088	2015	2014	2015
12	HOH 501	ENT 404	2015	2014	2014
13	HOH 501	ENT 431	2015	2015	2015
14	HOH 501	ENT 270	2015	2015	
15	HOH 501	ENT 090	2015	2015	2015
16	HOH 501	ENT 087	2015	2015	2015
17	HOH 501	ENT 084	2015	2015	2015
18	HOH 501	ENT 389	2015	2015	2015
19	HOH 501	ENT 118	2015	2015	2015
20	HOH 501	ENT 382		2014	2015
21	HOH 506	ENT 336		2014	
22	HOH 501	ENT 077			2014
23	HOH 506	ENT 127			2014
24	DAKTER	WX 224		2014	2015
25	HOH 501	ENT 086			2016
26	HOH 501	ENT 102	2016	2016	2016
27	HOH 501	ENT 228		2016	2016
28	HOH 501	ENT 272			2016
29	HOH 501	ENT 383		2016	2016
30	HOH 501	ENT 430			2016
31	HOH 501	ENT 141			2016
32	HOH 501	ENT 080			2016
33	HOH 501	ENT 302			2016
34	HOH 501	ENT 078			2016

- Sur 3 ans
- 30 accessions différentes d'Aegilops tauschii utilisées
- 20 BC avec chacun des 2 parents récurrents
- 26 BC avec Robigus
- >1500 descendances de plantes BC1F1



SÉLECTION DES BC1F2



- >200 000 plantes F2 au champ réparties sur 3 années (2015, 2016, 2017)
- Semées par origine de plante BC1F1
- Nécrose hybride
- Rouille jaune (Robigus)
- Sélection visuelle plante à plante: hauteur, biomasse, maladies, caractéristiques épi
- Récolte de chaque plante en bulk



SÉLECTION DES BC1F3



- En 2016: 4500 lignées BC1F3 répétées chacune sur 3 lieux
- Notations épiaison, hauteur, sensibilité maladies, verse
- Note de sélection basée sur la taille, le type d'épi, le niveau de résistance maladies, la tenue à la verse
- Sélection collective: index basé sur les notes de sélection centrées qui privilégie les variétés sélectionnées sur plusieurs sites
- Chaque obtenteur pouvait sélectionner une vingtaine de « coups de cœur »
- 340 lignées retenues



QUELQUES ENSEIGNEMENTS DE LA SÉLECTION DES DESCENDANCES DE BLÉS SYNTHÉTIQUES

- Diversité générée très grande! Peu d'individus combinant de nombreux caractères favorables
- Changer son idéotype; ne pas être trop agressif sur les taux de sélection
- Contre sélectionner les caractères de domestication:
 - glumes adhérentes/facilité de battage
 - Hauteur
- Difficulté à fixer les caractères



WHAT'S NEXT?

- Multiplication des BC1F4 et évaluation maladies 2016-2017
- Evaluation rendement sur 5 sites en 2017-2018
- Génotypage des lignées sélectionnées avec puce 35K Bristol
- Populations connectées: 1 parent tétraploïde majoritaire et 3 élites récurrents
- Identification des zones chromosomiques favorables issues des différentes accessions d'Aegilops



MERCI DE VOTRE ATTENTION!





Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FSOV 2012 K – SECHERESSE

*Identification de traits de tolérance à la sécheresse et élaboration
d'outils d'aide à leur évaluation*

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017

IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION D'OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

Jean-Charles DESWARTE



IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

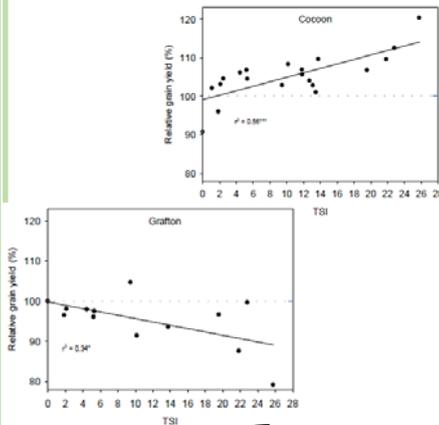
Variable water supply generates GxE interaction



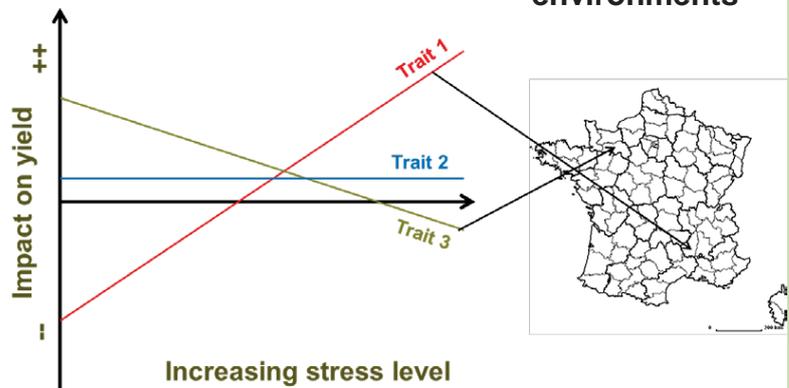
Which traits impact the GxE interaction?



Which traits are favourable in contrasting environments



Source: Ober and Turner, 2013, HGCA

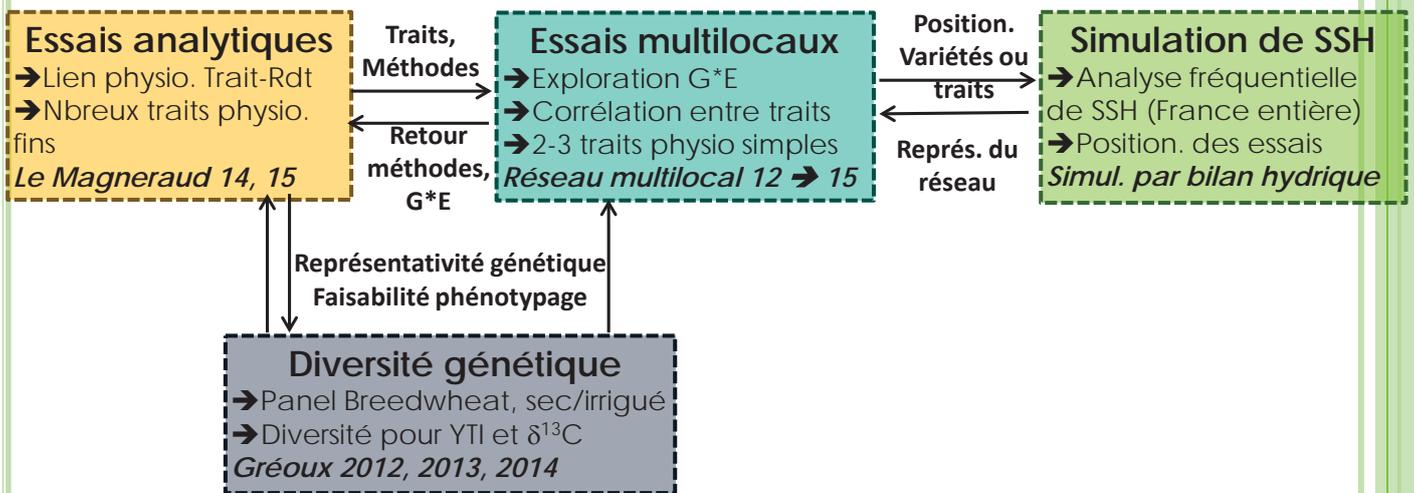


Hypothèses de départ:

- Les variétés ne répondent pas de manière identique au stress hydrique
- Le scénario de stress hydrique peut influencer cette interaction
- On peut associer des traits physiologiques simples à ces réponses
- On peut identifier quelques méthodes utilisables en routine et à grande échelle pour faciliter le travail de sélection



IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION



1. *A quels scénarios de stress hydrique font face les blés français?*
2. *Existe-t-il de la variabilité génétique pour la réponse du rendement au stress hydrique?*
3. *Quelle valorisation peut-on faire des mesures isotopiques?*
4. *Imagerie, drones: quelles mesures, quelles perspectives?*



IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

1. A quels scénarios de stress hydrique font face les blés français?

Journal of Experimental Botany, Vol. 62, No. 6, pp. 1743-1755, 2011
doi:10.1093/jxb/erq459

RESEARCH PAPER

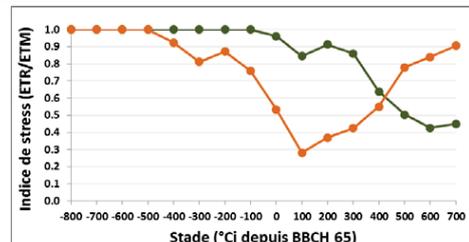
Environment characterization as an aid to wheat improvement: interpreting genotype-environment interactions by modelling water-deficit patterns in North-Eastern Australia

K. Chenu^{1,2,*}, M. Cooper^{3,1}, G. L. Hammer⁴, K. L. Mathews^{5,1}, M. F. Dreccer⁶ and S. C. Chapman⁶

Journal of Experimental Botany
www.oxfordjournals.org/oxfordjournals/journal/xebo

Simulation de bilan hydrique sur la base de cas-types:

- 271 stations météo
- 1 précocité*date de semis par dép.
- 2 valeurs de RU (déc 2 et déc 8) définies à dire d'expert
- 20 années (1997-2016)
- Calcul du ratio ETR/ETM à 16 dates entre BBCH 30 et BBCH 92



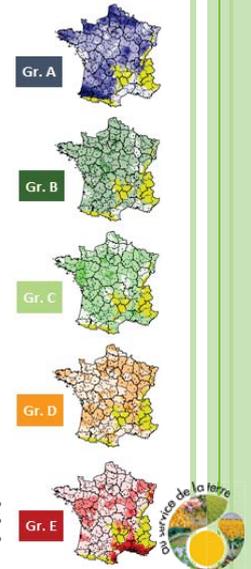
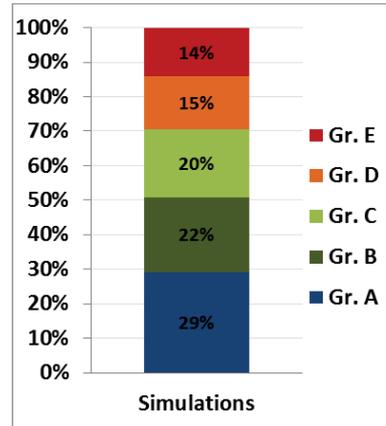
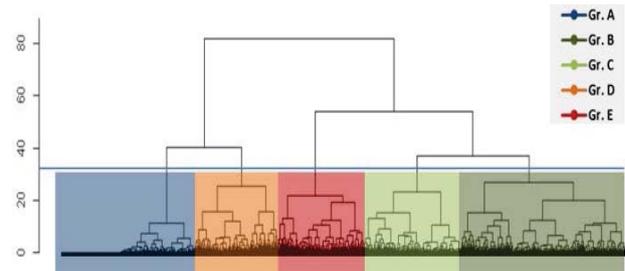
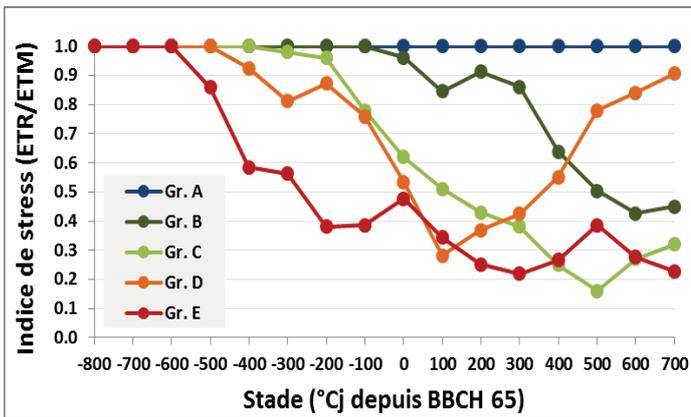
➔ >10000 profils de stress hydrique.
Traitement par classification ascendante hiérarchique



IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

1. A quels scénarios de stress hydrique font face les blés français?

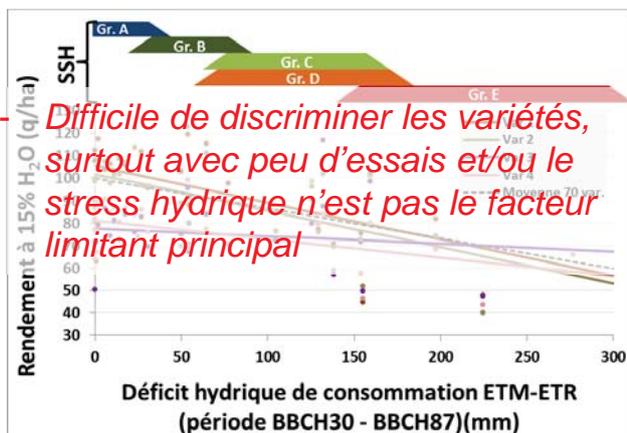
- 5 groupes différenciés
- Surtout un gradient de DH total, mais aussi un effet de cinétique (groupes C et D)



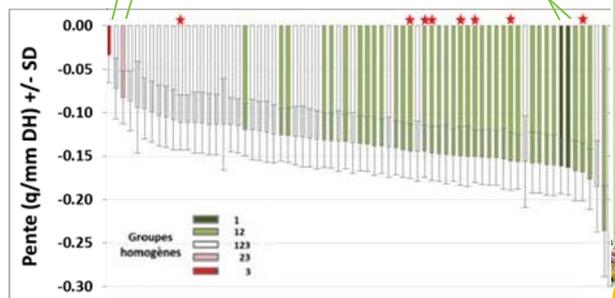
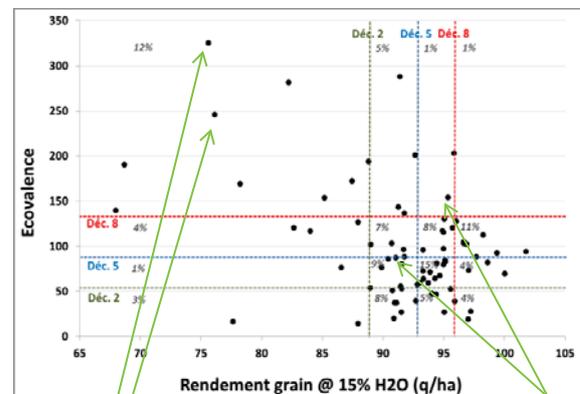
IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

2. Existe-t-il de la variabilité génétique pour la réponse du rendement au stress hydrique?

- 37 essais variétaux entre 2011-2012 et 2014-2015
- 70 variétés présentes dans >8 essais
- Alimentations hydriques variées



Difficile de discriminer les variétés, surtout avec peu d'essais et/ou le stress hydrique n'est pas le facteur limitant principal



IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

3. Quelle valorisation peut-on faire des mesures isotopiques?

2 valorisations possibles ($\delta^{13}\text{C}$):

- **Caractérisation des conditions de croissance**

→ Sur 2 variétés témoins, dans 16 essais, 3-4 reps (blocs) par essai

- **Caractérisation de l'efficacité intrinsèque de l'eau**

→ Sur un panel variétal (70 variétés), dans 25 essais, sans répétition

Carbon Isotope Discrimination is Positively Correlated with Grain Yield and Dry Matter Production in Field-Grown Wheat¹

A. G. Condon, R. A. Richards, and G. D. Farquhar²

ABSTRACT

Carbon isotope discrimination (Δ) is a measure of the ratio of the intercellular and atmospheric partial pressures of CO_2 . Variation in Δ within some C₃ species, including wheat (*Triticum aestivum* L.), has recently been correlated with variation in water use efficiency of droughted plants grown in the glasshouse. The objectives of this study were to assess genotypic variation in a larger group of wheat genotypes grown at three locations, and to determine the relationship between yield of field-grown plants and Δ when water was not a limitation to growth. Twenty-four bread wheat genotypes, one durum (*Triticum turgidum* L. durum), and two triticale genotypes (*x Triticosecalis ringens* Vitman.) were grown in replicated plots at two locations in southern New South Wales, Australia, in 1984. The

Oxygen isotope ratio of leaf and grain material correlates with stomatal conductance and grain yield in irrigated wheat

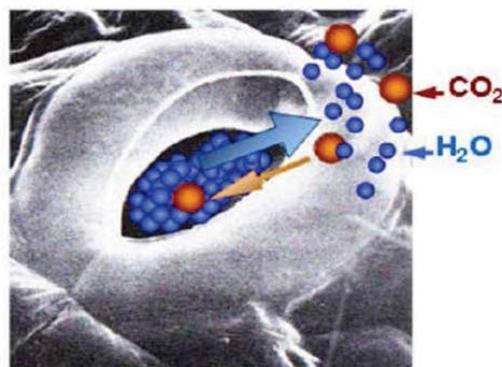
Margaret M. Barbour, R. Anthony Fischer, Ken D. Sayre and Graham D. Farquhar

Australian Journal of Plant Physiology 27(7) 625 - 637

Published: 2000

Abstract

Theory (Craig and Gordon 1965; Dongmann et al. 1974; Sternberg et al. 1996; Farquhar and Lloyd 1993) suggests that the oxygen isotope ratio ($\delta^{18}\text{O}$) of plant material should reflect the evaporative conditions under which the material was formed, so that differences in stomatal conductance should show up in plant $\delta^{18}\text{O}$. To test this theory we measured the oxygen isotope ratio of organic matter



IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

3. Quelle valorisation peut-on faire des mesures isotopiques?

- **Caractérisation des conditions de croissance**

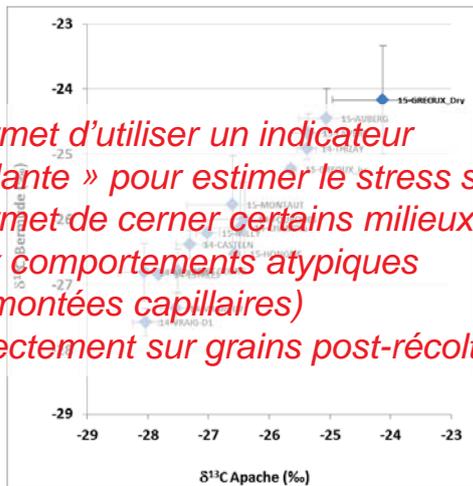
→ Caractérisation du milieu par expertise/ mesures + hypothèses/ observations d'enracinement + données météo = bilan hydrique



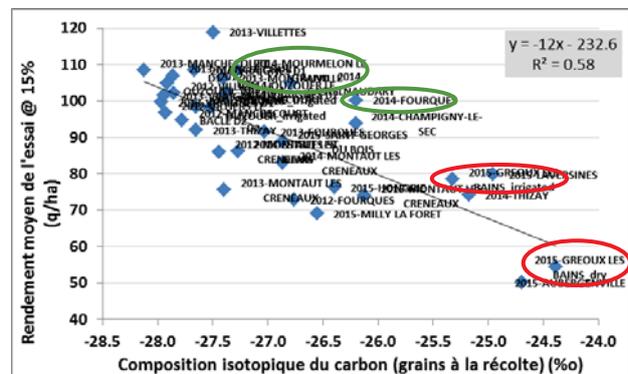
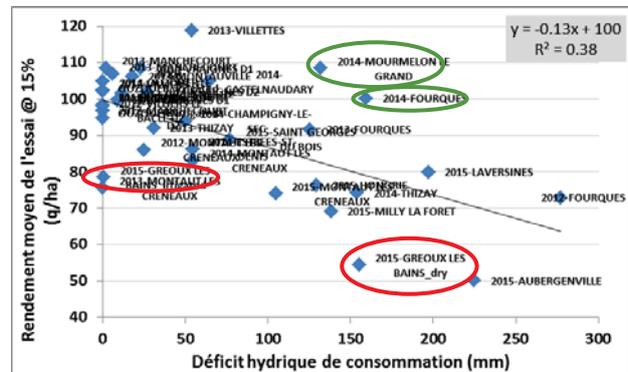
IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

3. Quelle valorisation peut-on faire des mesures isotopiques?

- **Caractérisation des conditions de croissance**
 → Sur 2 variétés témoins, dans 16 essais, 3-4 reps (blocs) par essai



- Permet d'utiliser un indicateur « plante » pour estimer le stress subi
- Permet de cerner certains milieux aux comportements atypiques (remontées capillaires)
- Directement sur grains post-récolte

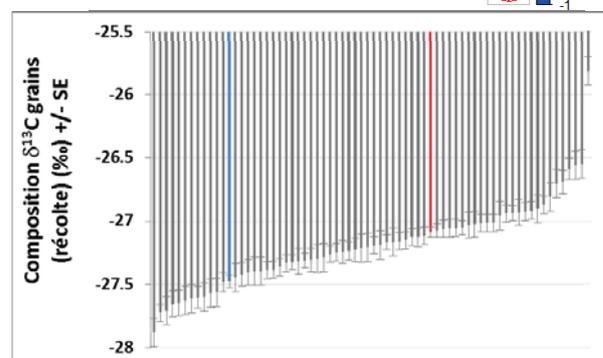
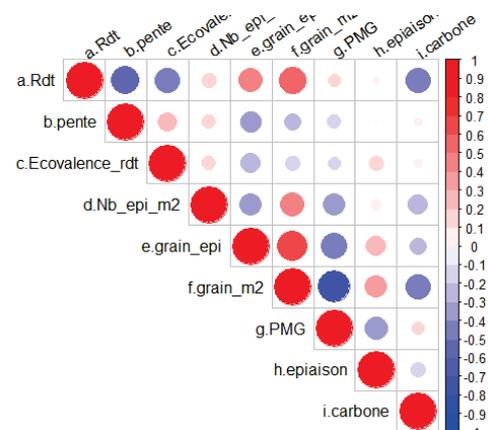


IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

3. Quelle valorisation peut-on faire des mesures isotopiques?

- **Caractérisation de l'efficacité intrinsèque de l'eau δ13C**
 → Sur un panel variétal (70 variétés), dans 25 essais, sans répétition

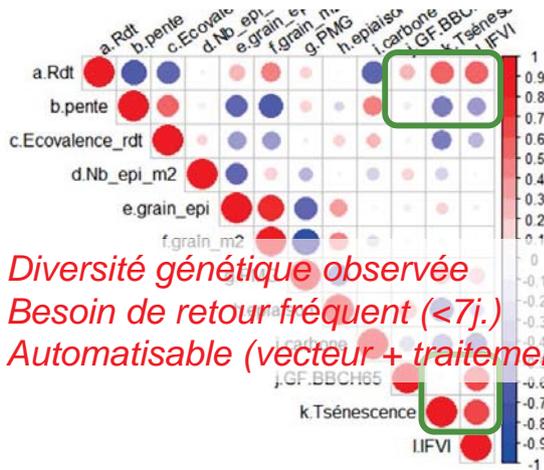
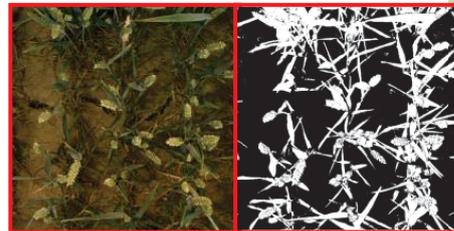
- Diversité génétique
- Prélèvement facile, analyse compliquée (traitement de l'échantillon, labo)
- Lien avec rendement / tolérance au stress peu évident
- δ18O: méthode, analyse et interprétation délicates



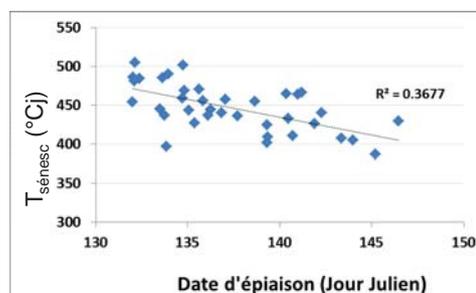
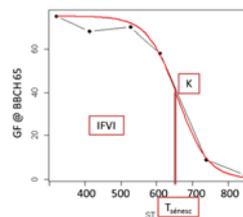
IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

4. Imagerie, drones: quelles mesures, quelles perspectives?

- Suivi de canopée / « stay green »
- Par photos numériques successives; 9 essais, 35 variétés



- Diversité génétique observée
- Besoin de retour fréquent (<7j.)
- Automatisable (vecteur + traitement)



IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

4. Imagerie, drones: quelles mesures, quelles perspectives?

- Imagerie thermique
- Par drone, sur essais Sec/Irrigué, 8 variétés, à 2 dates courant remplissage



- Nécessité d'expertise
- Difficultés de planification
- Confusion d'effets avec la sénescence
- A réserver à des situations spécifiques

	2014		2015	
	Sec	Irrigué	Sec	Irrigué
Var 1	23.7	21.3	24.4	22.2
Var 2	23.9	21.1	24.5	21.9
Var 3	24.0	21.1	23.8	21.9
Var 4	24.6	21.6	24.6	22.5
Var 5	24.2	20.5	23.2	22.1
Var 6	23.9	20.3	23.5	21.8
Var 7	24.0	21.9	23.7	22.0
Var 8	24.3	20.3	24.3	22.1
Moyenne	24.1	21.0	24.0	22.1
Min	23.7	20.3	23.2	21.8
Max	24.6	21.9	24.6	22.5



IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

5. *Quelles variables n'ont pas pu être évaluées avec succès?*

- **Durée de remplissage**
→ *Mode opératoire CIMMYT*
 - *Notation difficile et fréquente*
- **Sucres solubles dans les tiges**
→ *Comparer une approche Teneur vs une approche Quantité*
 - *Analyse coûteuse en l'absence de calibration Infrarouge*
 - *Echantillons complexes à obtenir (et perdus)*
- **Consommation en eau**
→ *8 variétés en situation sèche/irriguée, avec sonde à neutron*
 - *Interaction G*E observée*
 - *Mesure longue/compliquée → autres types de capteurs?*



IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

Conclusions

- **Réponses différenciées au stress hydrique identifiées sur quelques variétés seulement → besoin de diversifier le cadre d'étude?**
- **Typologie des stress hydriques testée, avec mise en valeur de 5 scénarios principaux. L'un des scénarios était très peu présent dans le réseau d'essais → il reste à démontrer que la dynamique du stress est plus informative que son intensité**
- **Outils d'aide à la sélection testés:**
 - **Composition isotopique du carbone ☺ ☹**
 - **Imagerie RGB de suivi de sénescence ☺**
 - **Imagerie thermique ☹**



IDENTIFICATION DE TRAITS DE TOLÉRANCE À LA SÉCHERESSE ET ÉLABORATION DES OUTILS D'AIDE À LEUR ÉVALUATION

Remerciements

- **Les « têtes de pont »** : Katia BEAUCHENE, Gaétan TOUZY, David GOUACHE, Eric OBER, Thierry MOITTIE, Volker LEIN, Camille BEDARD, Laure DUCHALAIS, Jérémy DERORY, Céline DUQUE, Céline ZIMMERLI, Stéphanie THEPOT, Valérie LAURENT, Clément DEBITON, Bertrand GAKIERE, Guillaume TCHERKEZ, Frédéric BARET, Olivier PINAY
- **Les « petites mains »** : Guillaume ARJAURE, Elise SAILLIOT, Valérie BONTEMS, Benjamin DELHAYE, Simon LEROUX, Hélène RODRIGUES, Guillaume MELOUX, toutes les équipes techniques, Marlène LAMOTHE-SIBOLD
- **Les « appuis externes »** : Julien LANDRIEAUX (caractérisation de sol), Alain BOUTHIER (suivi Le Magneraud), Benoit DE SOLAN et Matthieu HEMMERLE (capteurs, photos), l'AVION JAUNE (imagerie thermique), Karine CHENU (typologie des stress hydriques), Emmanuelle HERITIER et François PIRAUX (Statistiques)





Fonds de Soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FSOV 2012 O – ROUILLE JAUNE

*Stabilité de la résistance à la rouille jaune :
Complémentarité entre recherche, sélection et développement*

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017

STABILITÉ DE LA RÉSISTANCE À LA ROUILLE JAUNE : COMPLÉMENTARITÉ ENTRE RECHERCHE, SÉLECTION ET DÉVELOPPEMENT



Claude Pope
INRA Bioger

Coordinateur : Simon Lefèvre, Agrosolutions

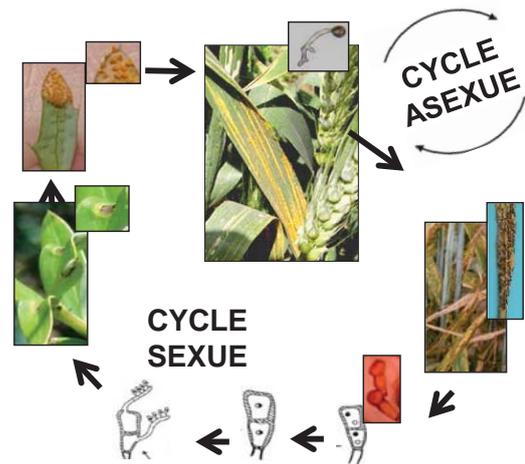
PARTENAIRES : **AgroSolutions** : A. OLIVIER, **GIE Recherche Génétiques Céréales** : P. RIGOLLE ; **INRA BIOGER** : M. LECONTE ; **INRA APBV** : B. ROLLAND, J.P. LeMONNIER ; **NIAB** : S. HOLGATE, A. HUBBARD, E. COVENTRY, I. MIDGLEY ; **Hutchinson** : D. ELLERTON, C. BUTTON, B. BULMER ; **Unisigma** : P. LEREBOUR, C. DEBITON ; **Limagrain** : J. STRAGLIATI, F. OUDIN, B. DUPERRIER, J. B. BEAUFUMÉ ; **Maison Florimond Desprez** : D. BÉGHIN, P. LONNET ; **R2N** : L. DUCHALAIS ; **Syngenta Seed SAS** : P. SENELLART, S. CAIVEAU, P. BANSEPT, D. GUIARD ; **Agri-obtentions** : J. AUZANNEAU



OBJECTIFS DU PROJET

- Comprendre les pressions rouille jaune en lien avec le climat et les races de l'année
- Déployer un réseau d'évaluation :
 - Le comportement des variétés vis-à-vis de la rouille jaune varie-t-il dans l'espace et dans le temps ?
 - Intérêt de géotypes révélateurs pour détecter les virulences ?
- Valider la méthodologie d'évaluation au champ
 - Une notation de l'intensité sur chaque étage foliaire est-elle nécessaire pour appréhender le comportement au stade adulte ?
 - Quel comportement des variétés des essais inoculés ?
 - L'analyse du comportement des nouvelles variétés peut-elle substituer l'intérêt des géotypes révélateurs ?
 - Le comportement des variétés en Angleterre est-il un bon prédicteur du comportement des variétés en France et des races présentes ?





Ali et al., 2014

- Reproduction asexuée
- Spores dicaryotiques
- Croissance systémique
- Dispersion à longue distance
- Relation gène pour gène
- Nombreuses sources de résistance, 71 Yr



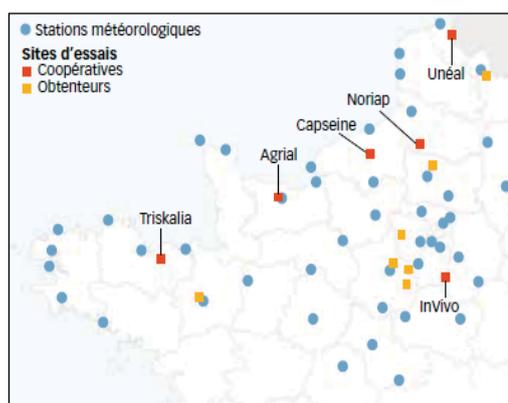
Comprendre les pressions de rouille jaune en lien avec le climat de l'année



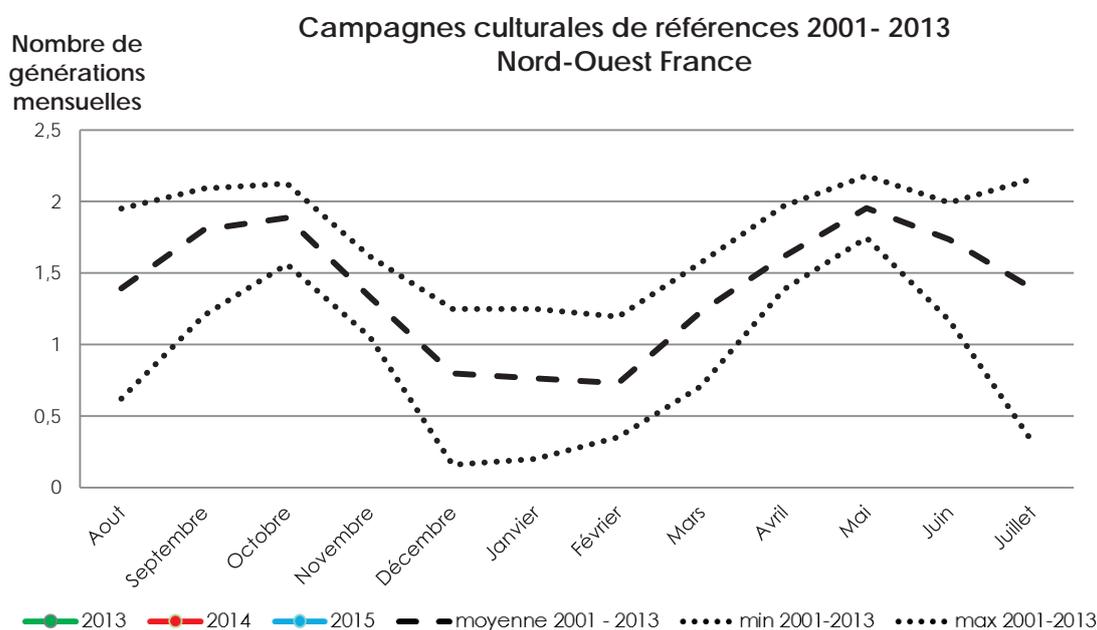
LE CLIMAT : FACTEUR EXPLICATIF DE LA PRESSION ROUILLE JAUNE

- Nombre de générations mensuelles de *Pst* calculé à partir de la durée période de latence en fonction de de Tmoy, Tmin journalières (Zadoks (1961), Rapilly (1976))

48 stations météorologiques (source : MétéoFrance)

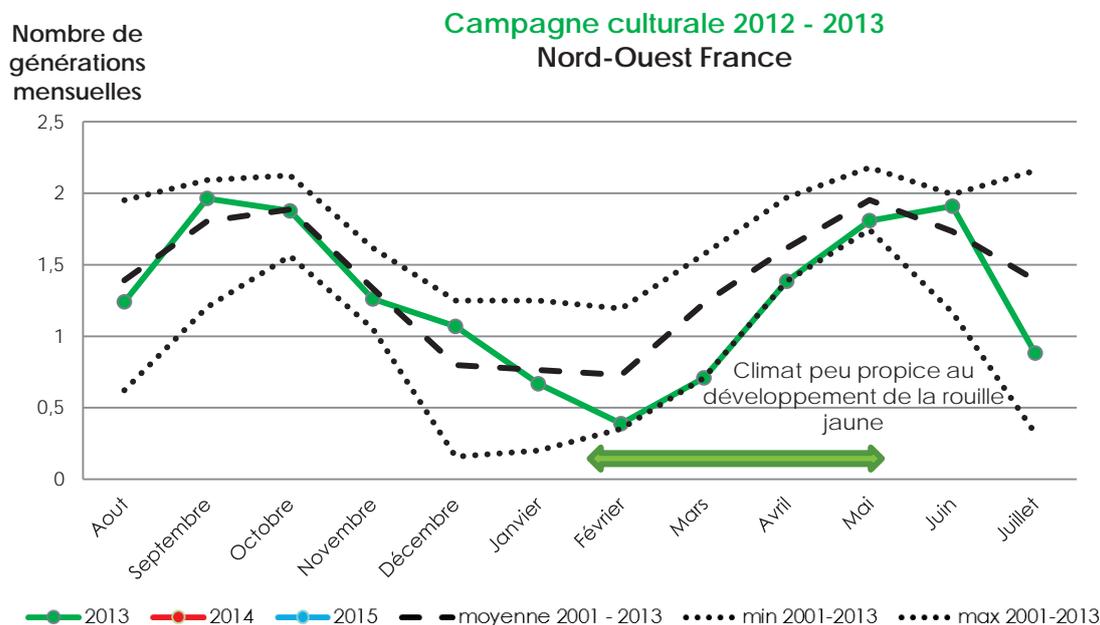


LE CLIMAT : FACTEUR EXPLICATIF DE LA PRESSION ROUILLE JAUNE



LE CLIMAT : FACTEUR EXPLICATIF DE LA PRESSION ROUILLE JAUNE

- 2013 : pression faible

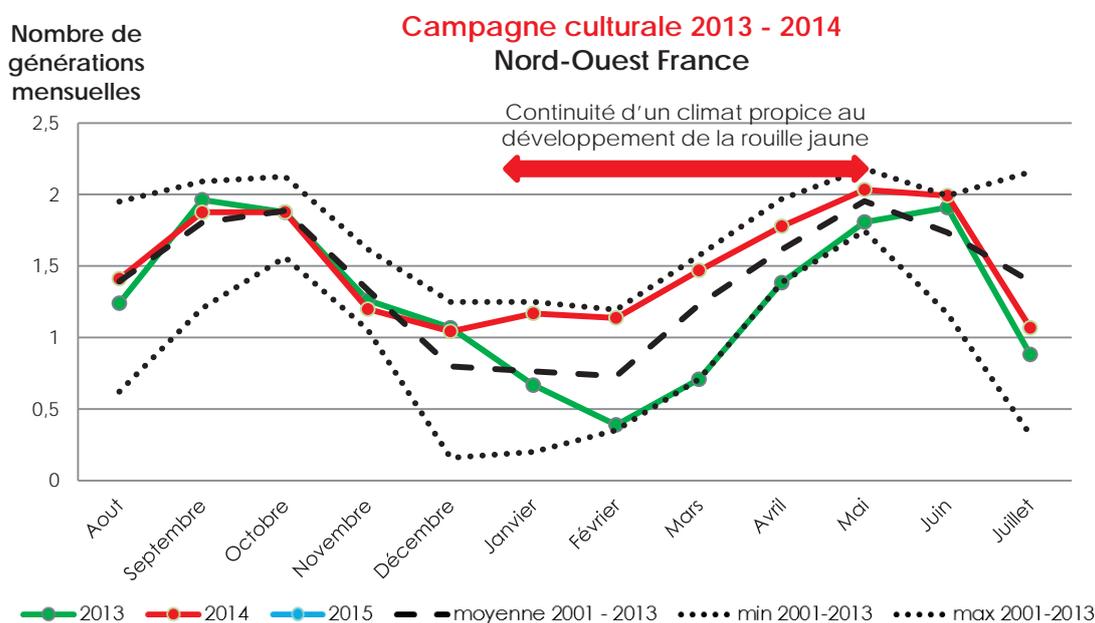


Lefèvre et al., *Phytoma*, 2015



LE CLIMAT : FACTEUR EXPLICATIF DE LA PRESSION ROUILLE JAUNE

- 2013 : pression faible
- 2014 : pression exceptionnellement élevée

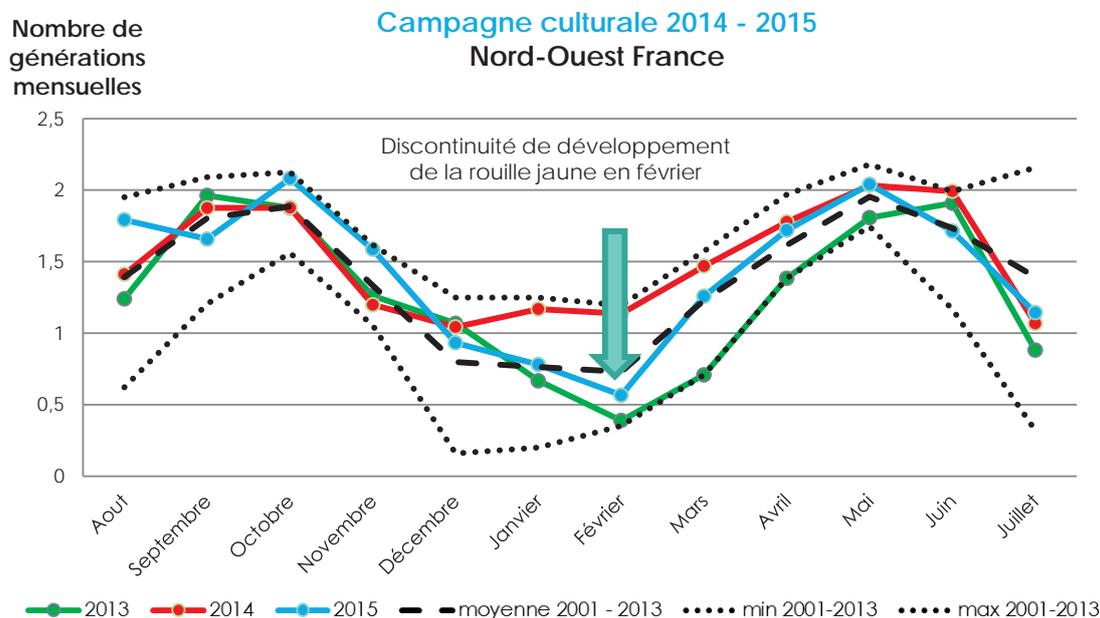


Lefèvre et al., *Phytoma*, 2015



LE CLIMAT : FACTEUR EXPLICATIF DE LA PRESSION ROUILLE JAUNE

- 2013 : pression faible
- 2014 : pression exceptionnellement élevée
- 2015 : pression intermédiaire



Lefèvre et al., *Phytoma*, 2015



LE CLIMAT : FACTEUR EXPLICATIF DE LA PRESSION ROUILLE JAUNE

- L'estimation de la période de latence s'avère en première approche, rendre compte des observations de terrain
- Malgré certains mois favorables, c'est la continuité d'un climat favorable à la rouille jaune qui paraît être déterminante pour la pression
- L'étude des conditions optimales de développement adaptée aux nouvelles races de rouille jaune pourrait améliorer la qualité du modèle.
- D'autres facteurs (hygrométrie, vent séchant, etc.) pourront être ajoutés au modèle.



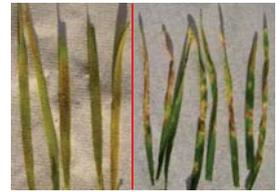
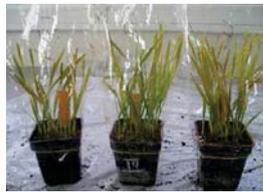
Caractérisation des épidémies Les races de *Pst*

PATHOTYPAGE (32 LIGNÉES DIFFÉRENTIELLES, 17 YR)

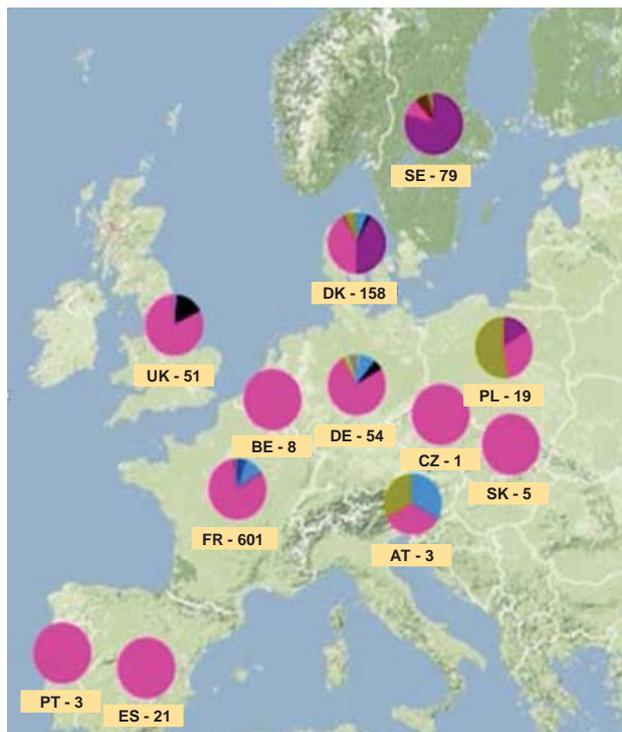
de Vallavieille – Pope *et al.*, *Plant Disease* 2012

GÉNOTYPAGE (19 SSR)

Ali *et al.*, *BMC research Notes* 2011



DISTRIBUTION DES RACES DE PST ENTRE 2009 ET 2013



- Robigus
- Oakley
- Oakley + Yr7
- Kranich +
- Warrior +
- Tulsa
- Triticale 2006 +
- PstS3 +
- PstS2 +
- Autre

○ Au début du projet, la race Warrior domine en Europe.



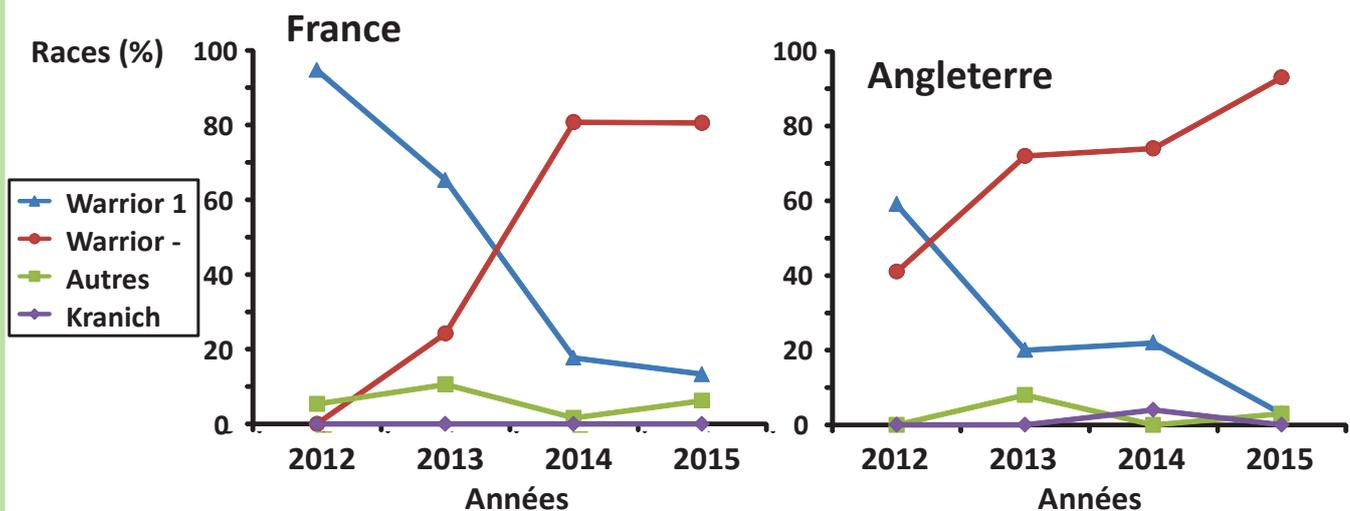
RACES DÉTECTÉES EN FRANCE ET ANGLETERRE 2013 - 2015

Races		Fr	UK	Virulences													
	Triticale	+	-	-	2	-	-	6	7	8	-	10	-	-	-	-	-
	Triticale aggressive	+	-	-	2	-	-	6	7	8	9	10	-	-	-	-	
	Kranich	-	+	1	2	3	-	6	7	8	9	-	17	25	32	-	Amb
	Warrior 1	+	+	1	2	3	4	6	7	-	9	-	17	25	32	Sp	Amb
	Warrior -	+	+	1	2	3	4	6	7	-	9	-	17	25	32	Sp	-
Variants	Warrior Av17	+	-	1	2	3	4	6	7	-	9	-	-	25	32	Sp	-
	Warrior AvSp	-	+	1	2	3	4	6	7	-	9	-	17	25	32	-	-
	Warrior Av4	-	+	1	2	3	-	6	7	-	9	-	17	25	32	Sp	-
	Warrior Av4,Sp	-	+	1	2	3	-	(6)	7	-	9	-	17	25	32	-	-
	Warrior Av4,7	-	+	1	2	3	-	(6)	-	-	9	-	17	25	32	Sp	-
	Warrior Av1,9,17	-	+	-	2	3	4	6	7	-	-	-	-	25	32	Sp	-
	Oakley/Soltice	+	+	1	2	3	4	6	-	-	9	-	17	25	32	-	-
	Sterling	+	+	1	2	3	4	6	7	-	9	-	17	25	32	-	-

○ Sous le nom de Warrior, différents variants sont identifiés.



EVOLUTION DES RACES DE PST, 2012-2015



○ En Angleterre et en France, nous observons entre 2012 et 2015, une inversion de la race dominante de Warrior 1 vers Warrior -.

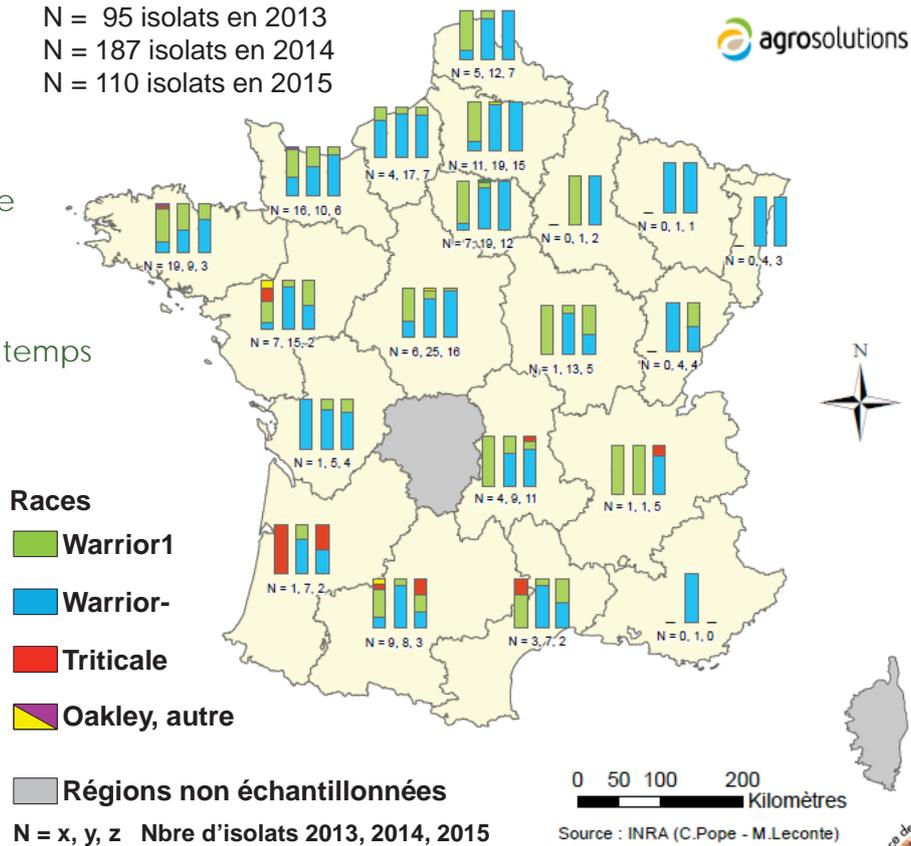


FRÉQUENCE DES RACES PAR RÉGION

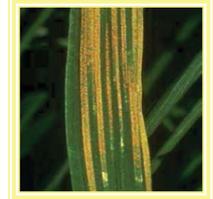
N = 95 isolats en 2013
 N = 187 isolats en 2014
 N = 110 isolats en 2015



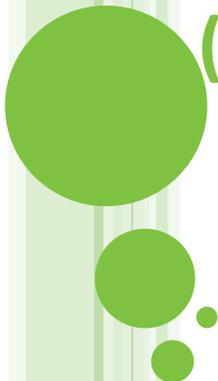
- Pas de régionalisation nette
- Les races évoluent dans le temps et dans l'espace.



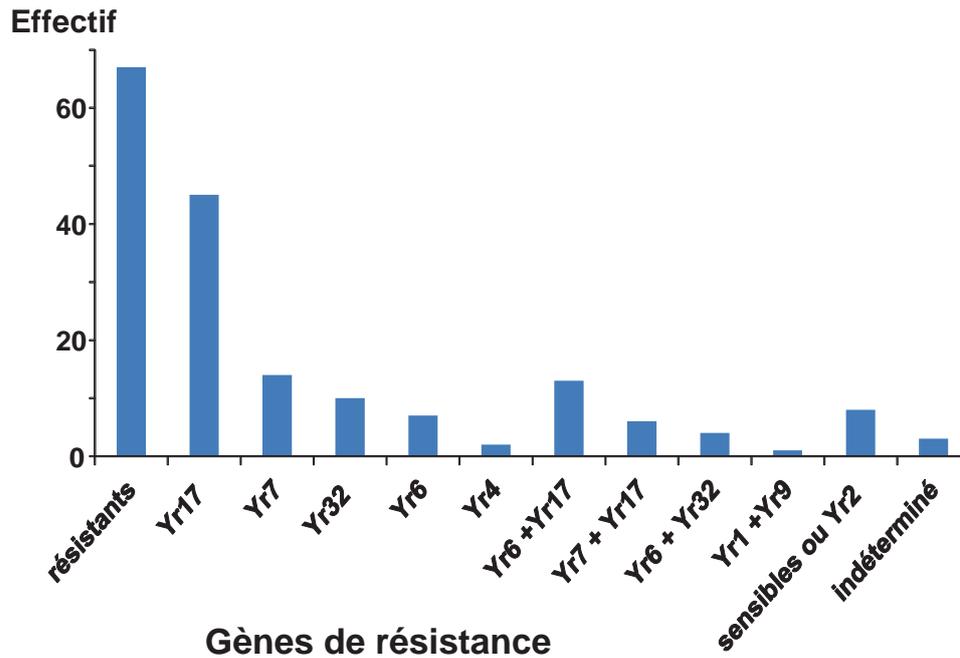
FsoV



Evaluation des résistances de variétés en pré-inscription (CTPS1/2) et de variétés récentes 2012-2015



POSTULATION DES GÈNES DE RÉSIDANCE MAJEURS DE VARIÉTÉS PRÉ/POST INSCRIPTION 2012 – 2015



Les tests réalisés au stade plantule, sur 180 variétés inoculées par 12 races de *Pst* montrent une majorité de résistantes.



FsoV

Expérimentations au champ

- Notations (contamination artificielle / naturelle)
- Notations des épis
- Hétérogénéité spatiale (régionale, UK),
temporelle (entre les années du projet)
importance du suivi

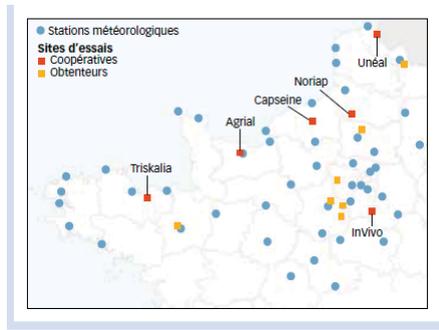


Capseine, 2015



ESSAIS MIS EN PLACE

- Environ 60 essais réalisés sur 3 ans



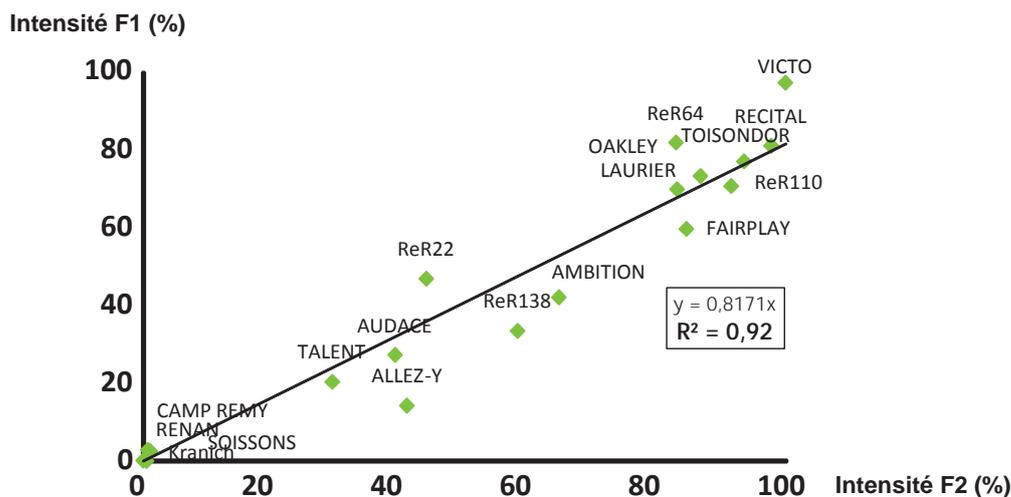
	Contamination naturelle		Contamination artificielle	
	France	Angleterre	France	Angleterre
Nombre de sites	6 (dpts 14, 22, 59, 76, 82 et 91)	4	7 (dpts 28 (x2), 35, 59, 60 et 78 (x2))	4

Contamination par la race Warrior, dominante en France depuis 2011+ race Solstice/Oakley

- Classification
 - **Résistante totale**, tous les sites, intensité <3 %
 - **Moyennement résistante**, intensité <15 % ; au moins un site, ≥3 %
 - **Moyennement sensible**, intensité <40 % ; au moins un site, ≥15 %
 - **Sensible**, au moins un site, intensité ≥40 %



UNE NOTATION DE L'INTENSITÉ DE MALADIE SUR CHAQUE ÉTAGE FOLIAIRE EST-ELLE NÉCESSAIRE POUR APPRÉHENDER LE COMPORTEMENT AU STADE ADULTE ?



Site d'InVivo (91) en contamination naturelle, juin 2014

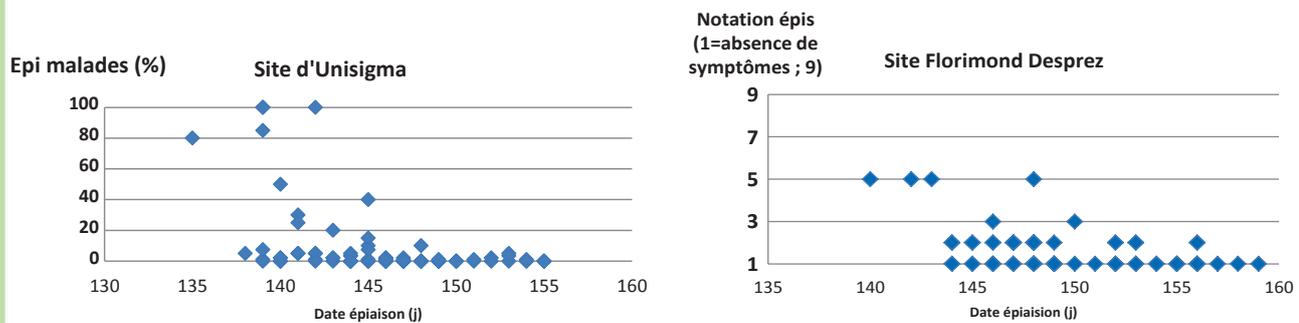
- Les notations d'intensité sur les feuilles F1 et F2 sont fortement corrélées.
- Ces corrélations sont moins importantes avec les étages inférieurs.





NOTATIONS EPIS

- Cas particulier de sporulation sur glumes alors que les feuilles sont résistantes
- Les mécanismes de résistance sur épi ne sont pas maîtrisés. Date d'épiaison en lien avec la pression du pathogène ?



- Date épiaison (j) = nombre de jours entre le 1^{er} janvier et la date où 50 % des épis sont au stade épiaison.

Sites obtenteurs, 2015

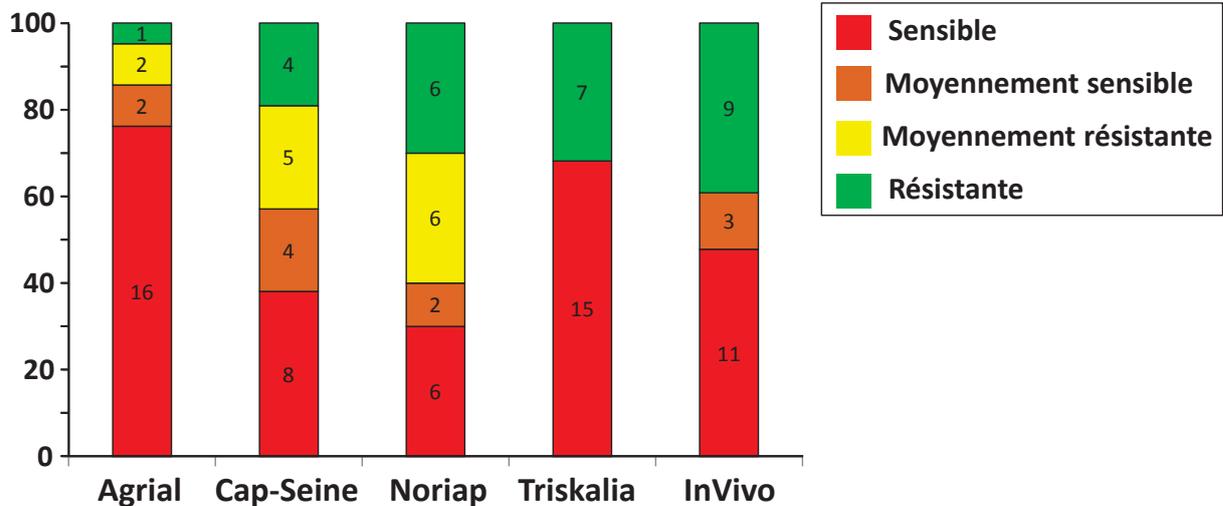
- Hypothèses : ouverture des glumes, gènes de résistance, etc.



LE COMPORTEMENT DES VARIÉTÉS VARIE-T-IL DANS L'ESPACE ET DANS LE TEMPS ?

IMPORTANTANCE DE L'EFFET SITE EN CONTAMINATION NATURELLE EN FRANCE

Génotypes (%)



Importante interaction génotype x site pour les génotypes révélateurs (sites de coopératives françaises) en 2014.

- Le niveau de symptômes de certains génotypes révélateurs diffère selon les sites.

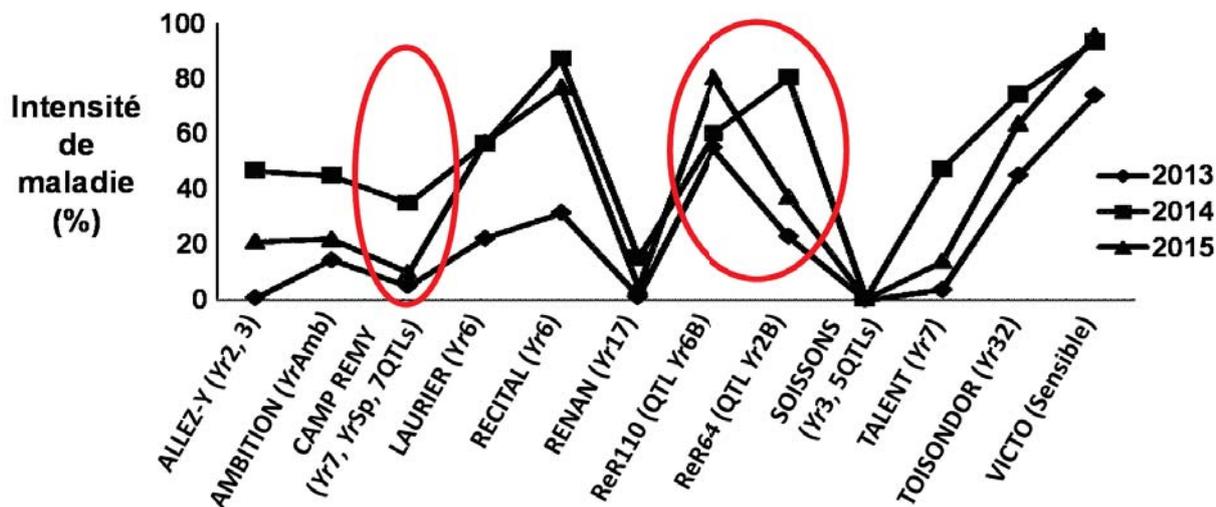


LE COMPORTEMENT DES VARIÉTÉS VARIE-T-IL DANS L'ESPACE ET DANS LE TEMPS ?

IMPORTANCE DE L'EFFET ANNÉE EN CONTAMINATION NATURELLE EN FRANCE

En 2014, année à forte nuisibilité, forte intensité d'attaque, contrairement à 2015.

Hierarchie inversée entre les 2014 et les deux autres années du projet



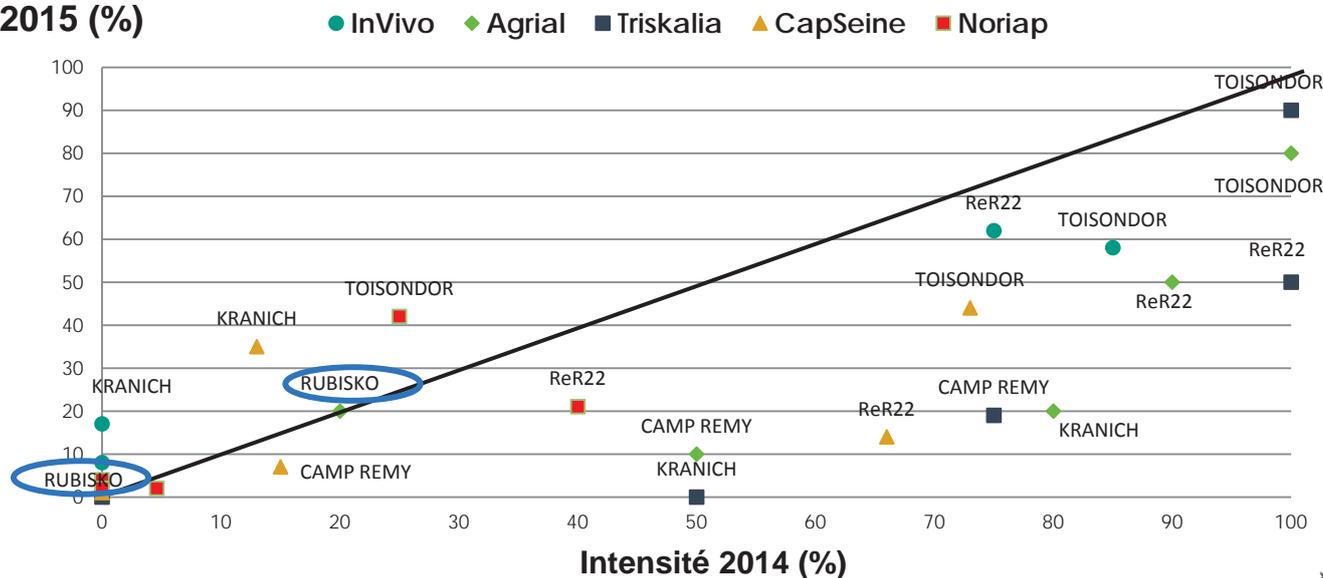
- Classement d'intensité de maladie entre les génotypes révélateurs selon les années : évolution des virulences



IMPORTANCE DE L'EFFET ANNÉE * EFFET SITE

- Pour Rubisko, seul l'effet site est présent entre les 2 années du projet

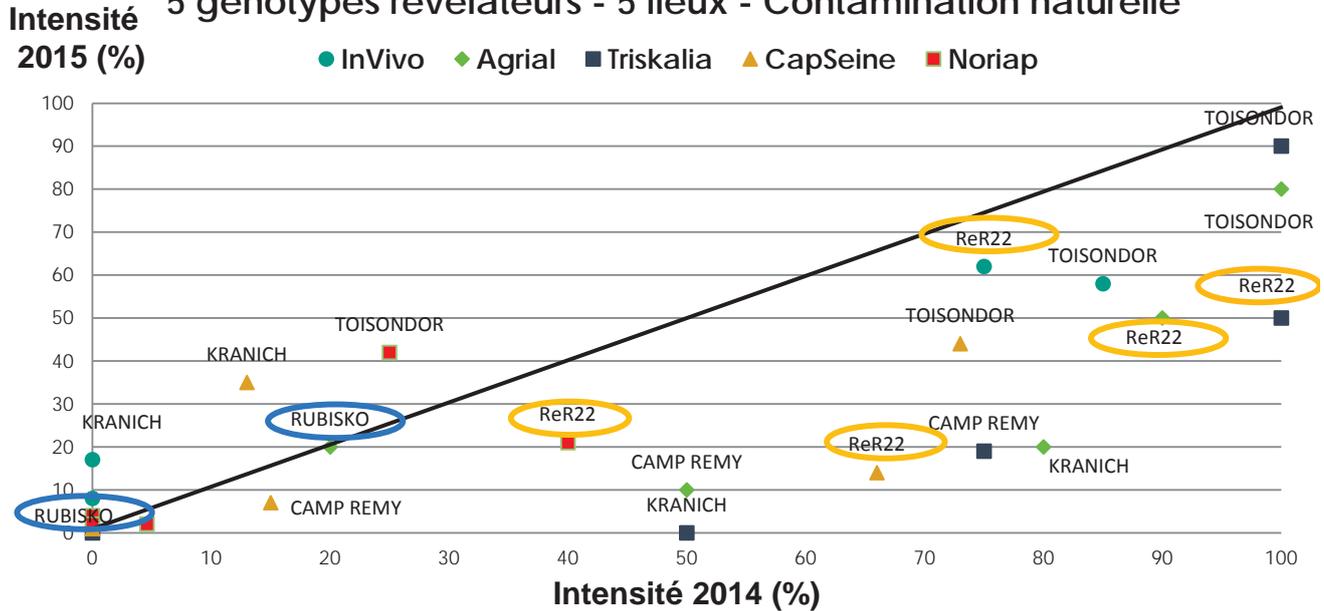
Relation entre les intensités observées en 2014 et 2015.
 Intensité 2015 (%) 5 génotypes révélateurs - 5 lieux - Contamination naturelle



IMPORTANCE DE L'EFFET ANNÉE* EFFET SITE

- Pour Rubisko, seul l'effet site est présent entre les deux années du projet
- Pour ReR22, la pression plus forte en 2014 a engendré des symptômes plus importants en 2014 qu'en 2015.

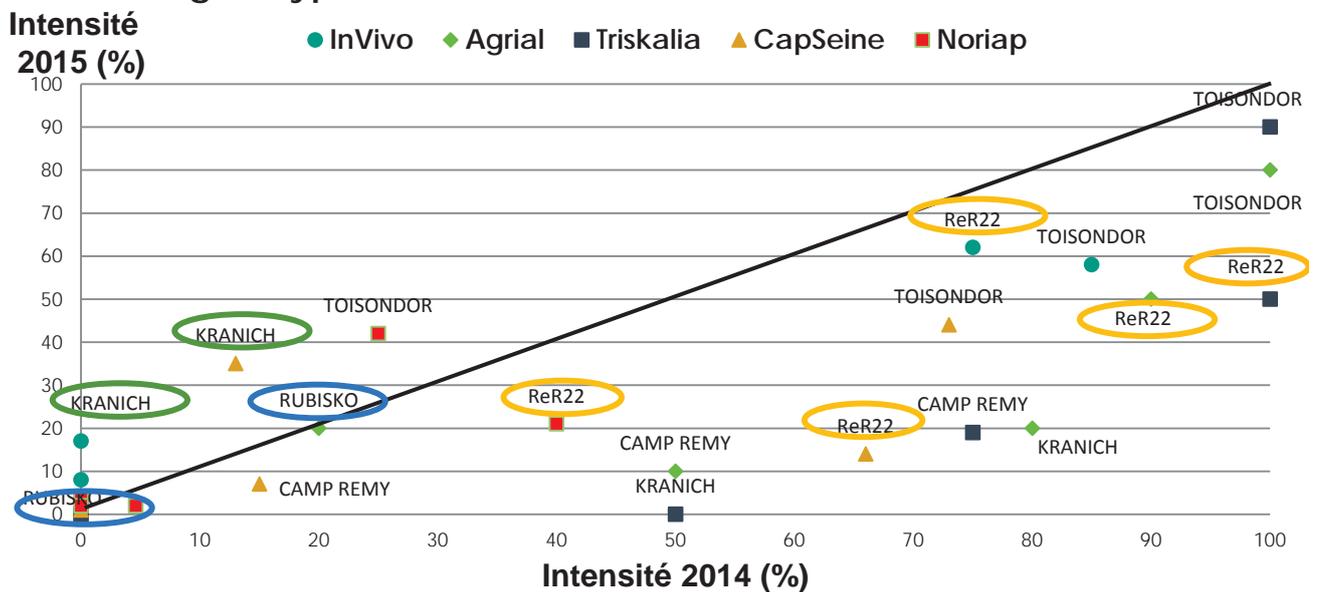
Relation entre les intensités observées en 2014 et 2015.
5 géotypes révélateurs - 5 lieux - Contamination naturelle



IMPORTANCE DE L'EFFET ANNÉE* EFFET SITE

- Pour Kranich, les réponses sont différenciées selon les sites :
 - Sur le site de Capseine (76) et InVivo (91), intensité plus forte en 2015, alors que la pression maladie était moins importante.

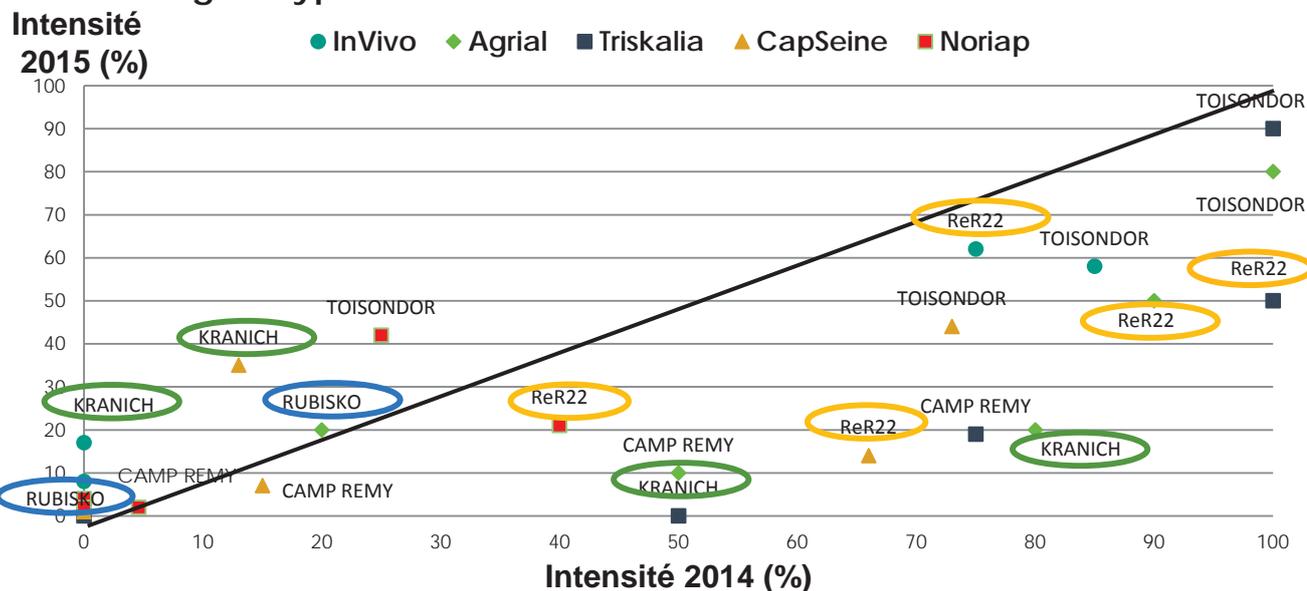
Relation entre les intensités observées en 2014 et 2015.
5 géotypes révélateurs - 5 lieux - Contamination naturelle



IMPORTANCE DE L'EFFET ANNÉE*EFFET SITE

- Pour Kranich, les réponses sont différenciées selon les sites :
 - Sur le site d'Agrial (14) et de Triskalia (29), les infestations ont été plus importantes en 2014, en lien avec la pression maladie.

Relation entre les intensités observées en 2014 et 2015. 5 géotypes révélateurs - 5 lieux - Contamination naturelle



IMPORTANCE DE L'EFFET ANNÉE*EFFET SITE LIEN AVEC LES RACES PRÉSENTES SUR LE SITE

- En 2014, sur les sites où Kranich ou Camp Rémy (dans une moindre mesure) étaient les plus fortement touchées, Warrior 1 était présente (Triskalia). A l'inverse, elle était absente sur le site InVivo.

Coopératives	2013		2014		2015	
	Warrior1	Warrior-	Warrior1	Warrior-	Warrior1	Warrior-
Agrial	6	3	2	8	-	-
Cap-Seine	-	3	1	13	5	13
InVivo	1	-	-	10	3	10
Triskalia	3	4	5	4	-	-
Noriap	-	-	-	1	-	-

Races de *Pst* isolées à partir d'échantillons de coopératives françaises en 2013, 2014, 2015, déterminées par pathotypage et génotypage

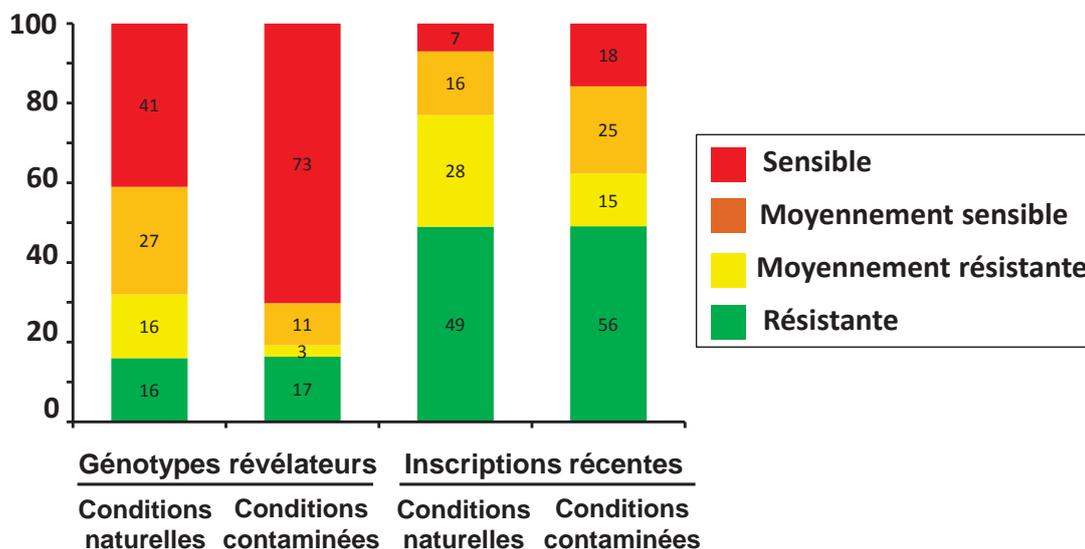
- D'autres races non identifiées ?



EN CONTAMINATION ARTIFICIELLE

- 7 essais obtenteurs en conditions contaminées
- Les réponses variétales en conditions contaminées et naturelles sont dans l'ensemble similaire malgré une intensité de maladie plus forte sur les sites contaminés.

Génotypes (%)



(dispositifs 2015)



EN CONTAMINATION ARTIFICIELLE

- Les mêmes souches inoculées
- Des coefficients de corrélation entre sites globalement élevés

Spearman Correlation Coefficients, N = 20						
	Limagrain	RAGT	NRA Rennes	Florimond Desprez	Unisigma	AgriObtentions
Limagrain						
RAGT	0,88963					
	0,0000					
INRA Rennes	0,93195	0,84614				
	0,0000	0,0000				
Florimond Desprez	0,85610	0,93865	0,80898			
	0,0000	0,0000	0,0000			
Unisigma	0,91134	0,86642	0,84548	0,88116		
	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000		
AgriObtentions	0,66314	0,70801	0,65703	0,59111	0,62989	
	0,0014	0,0005	0,0016	0,0061	0,0029	
Syngenta	0,95052	0,86934	0,93175	0,87562	0,95618	0,70765
	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0005

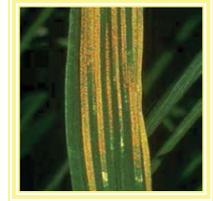
Coefficient de corrélation de Spearman et p-value associées pour l'intensité de maladie pour les génotypes révélateurs (N=20) sur les sites des obtenteurs.

	INRA RENNES	FLORIMOND DESPREZ
LAURIER	80	75
KRANICH	55	0,1
FRUCTIDOR	25	0
MUSIK	55	75

- Mais des différences de réponse entre génotypes révélateurs...
- ... ce qui suggère des contaminations naturelles

Intensité de rouille jaune (%) sur 2 sites en contamination artificielle en 2014 pour 4 variétés.





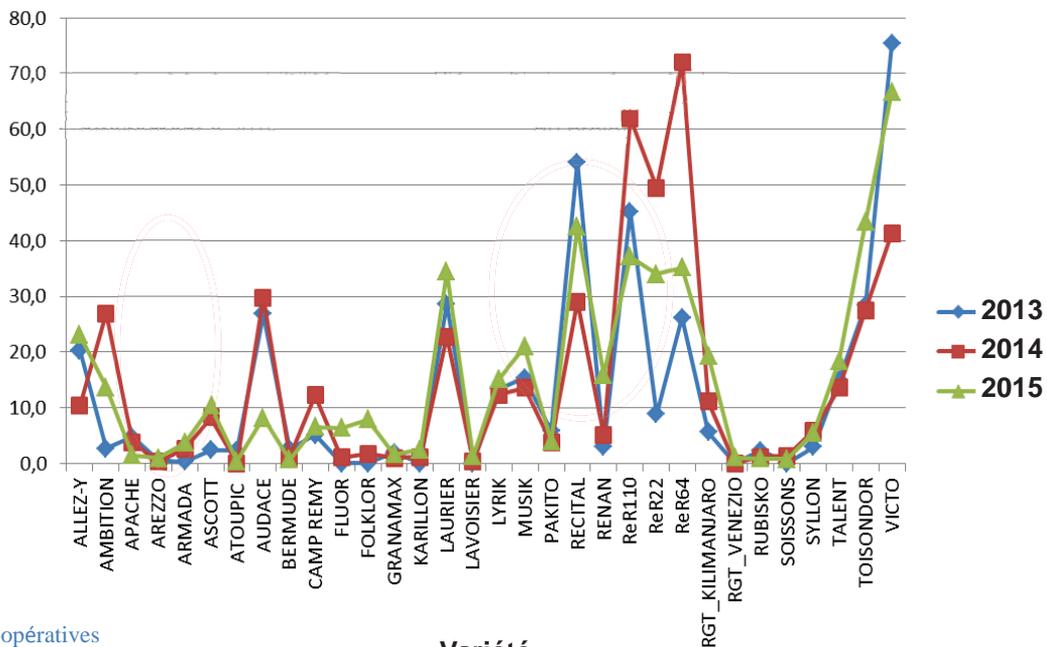
Evaluation des résistances de variétés en Angleterre



IMPORTANCE DE L'EFFET ANNÉE EN ANGLETERRE EN CONDITION NATURELLE

- La hiérarchie des intensités de maladie entre années est également différente selon les variétés (ex : Audace, Récital).

Intensité moyenne de maladie (%)

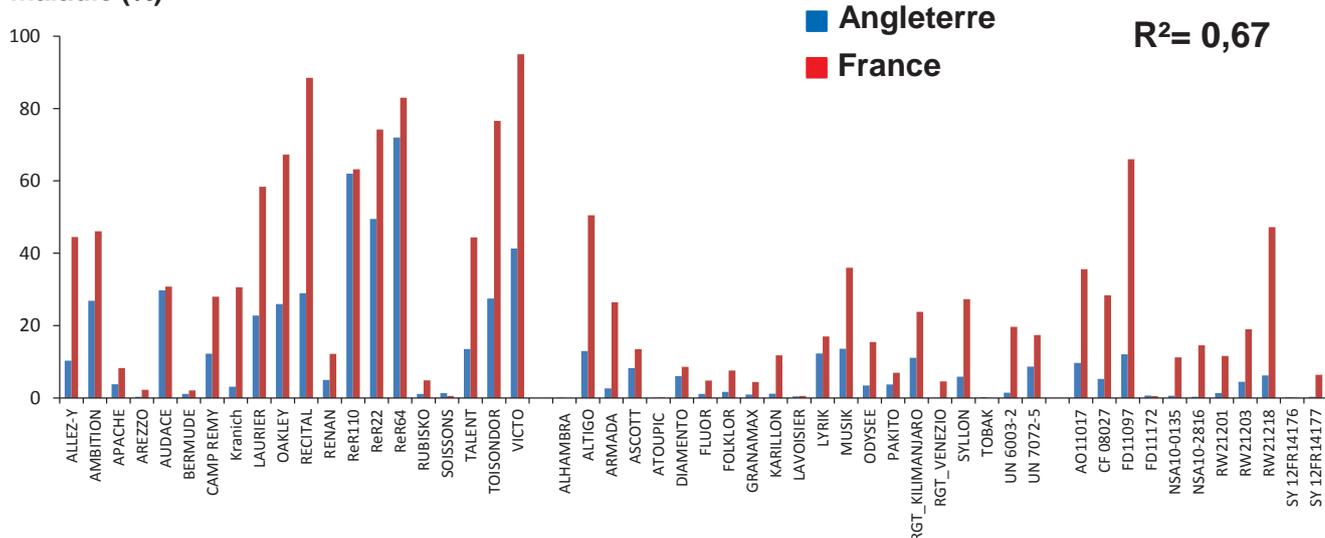


sur 4 sites de coopératives



COMPARAISON DES NOTATIONS EN ANGLETERRE ET EN FRANCE EN 2014 EN CONDITIONS NATURELLES

Intensité de maladie (%)



Variétés révélatrices

Variétés inscrites récemment

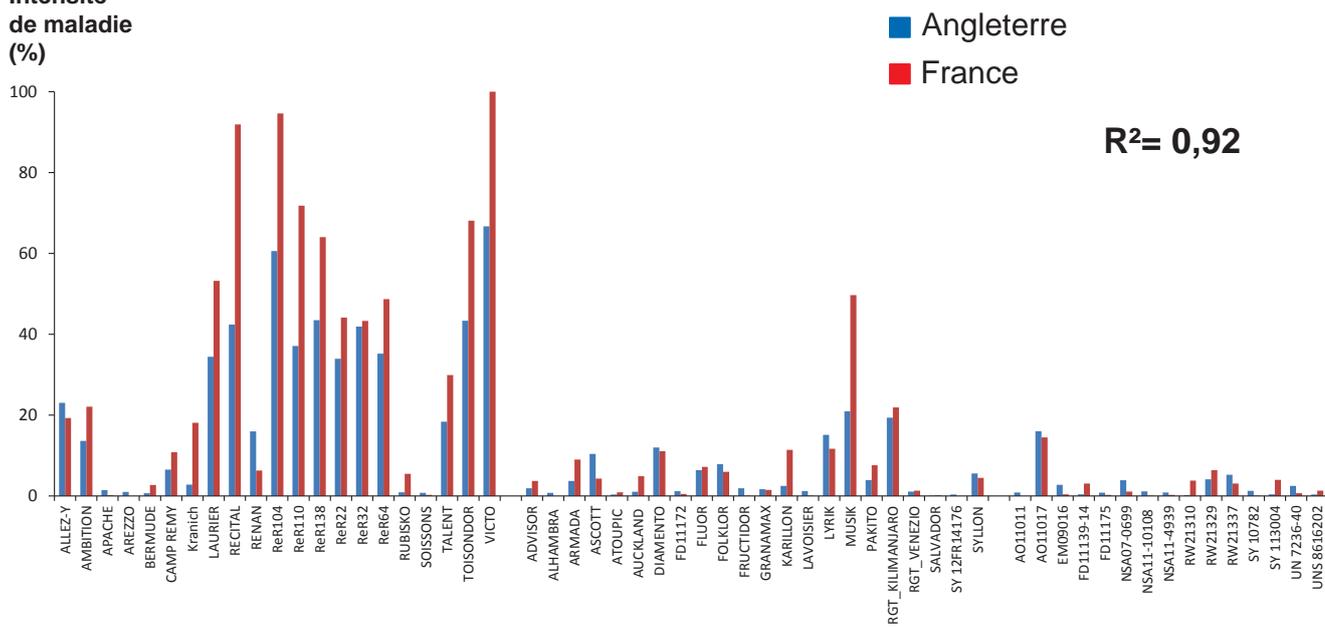
Variétés en pré-inscription

- Une tendance générale similaire mais une hiérarchie des symptômes qui peut varier pour certains géotypes (ex : FD11097)



COMPARAISON DES NOTATIONS EN ANGLETERRE ET EN FRANCE EN 2015 EN CONDITIONS NATURELLES

Intensité de maladie (%)



Variétés révélatrices

Variétés inscrites récemment

Variétés en pré-inscription

- En 2015, année à pression plus faible en France, le comportement des variétés en France et en Angleterre est proche.



RACES PRÉSENTES EN ANGLETERRE EN CONDITION NATURELLE

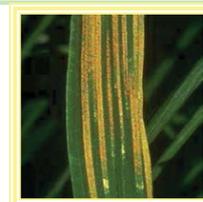
- Plusieurs races en Angleterre, dont certaines présentes en France

Races	Fr	UK	Virulences
Triticale	+	-	- 2 - - 6 7 8 - 10 - - - - -
Triticale aggressive	+	-	- 2 - - 6 7 8 9 10 - - - - -
Kranich	-	+	1 2 3 - 6 7 8 9 - 17 25 32 - Amb
Warrior 1	+	+	1 2 3 4 6 7 - 9 - 17 25 32 Sp Amb
Warrior -	+	+	1 2 3 4 6 7 - 9 - 17 25 32 Sp -
Warrior Av17	+	-	1 2 3 4 6 7 - 9 - - 25 32 Sp -
Warrior AvSp	-	+	1 2 3 4 6 7 - 9 - 17 25 32 - -
Warrior Av4	-	+	1 2 3 - 6 7 - 9 - 17 25 32 Sp -
Warrior Av4,Sp	-	+	1 2 3 - (6) 7 - 9 - 17 25 32 - -
Warrior Av4,7	-	+	1 2 3 - (6) - - 9 - 17 25 32 Sp -
Warrior Av1,9,17	-	+	- 2 3 4 6 7 - - - - 25 32 Sp -
Oakley/Soltice	+	+	1 2 3 4 6 - - 9 - 17 25 32 - -
Sterling	+	+	1 2 3 4 6 7 - 9 - 17 25 32 - -

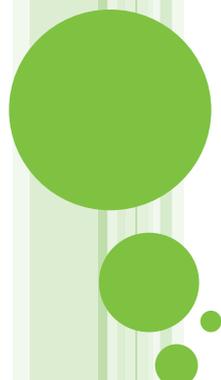
- Corrélation entre les observations dans les 2 pays, l'intérêt serait d'inoculer en UK une race non détectée en F.



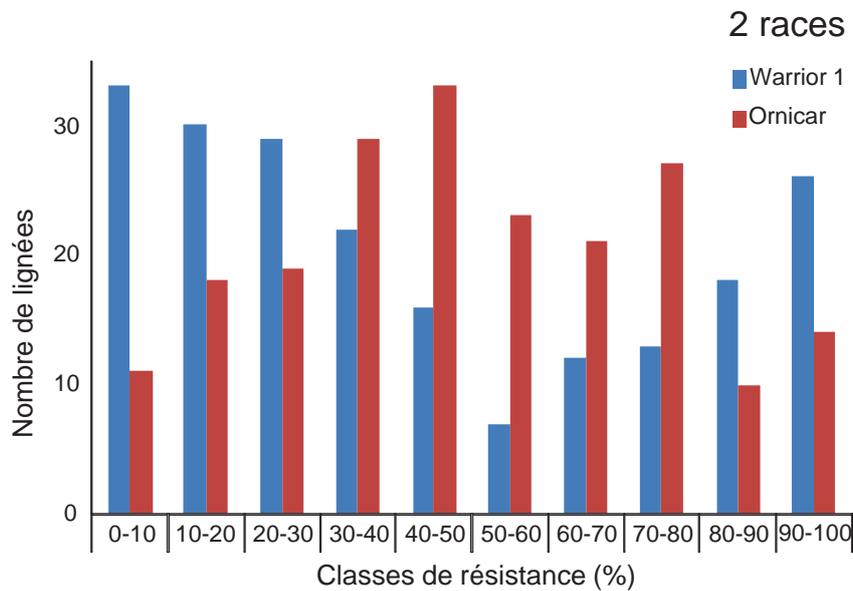
FsoV



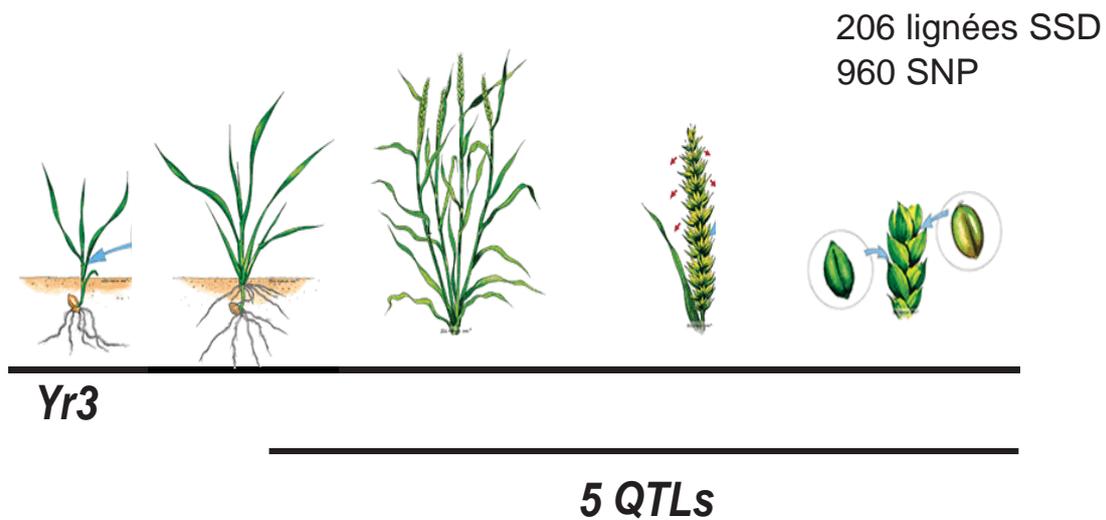
Recherche de résistance durable Population Nogent x Soissons



POPULATION SOISSONS X NOGENT
 DISTRIBUTION DES CLASSES DE RÉSISTANCE (% SURFACE SPORULANTE)
 FIN ÉPIAISON, INRA DE VERSAILLES, 2013



QTLs DE RÉSISTANCE ADULTE CHEZ SOISSONS
 PHÉNOTYPAGE, GÉNOTYPAGE DE LA POPULATION NOGENT X SOISSONS



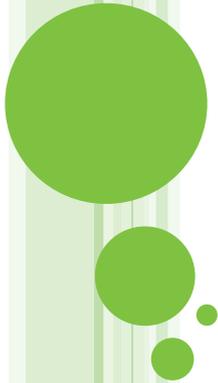
○ 5QTL identifiés :

- QTL 2Aa, 2Ab, 2B, 6D efficaces pour les 2 souches (Ornicar, Warrior1)
- QTL 7B spécifique de la souche Warrior1





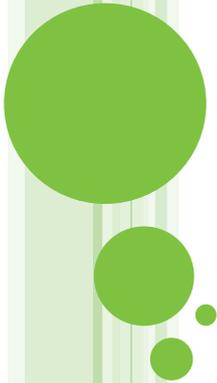
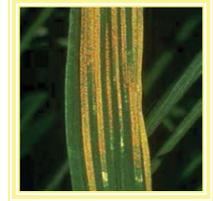
Conclusions



CONCLUSIONS

- La rouille jaune évolue de manière rapide et son suivi est complexe. Des réponses variétales en certains sites ne sont pas comprises.
- Pour appréhender au mieux l'évolution de *Pst* et les relations pathogène – plante hôte, il est nécessaire de maintenir
 - Une interaction forte entre recherche, sélection et développement
 - Un travail en réseau à l'échelle nationale et internationale
- Des gènes de résistance durable ont été identifiés vis-à-vis de la race Warrior et constitue des leviers de lutte

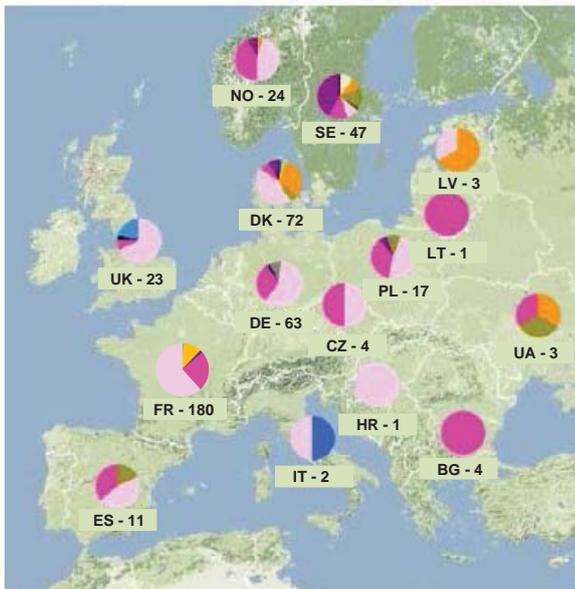




Rouille jaune Et en 2017 ?



DISTRIBUTION DES RACES DE PST EN 2016



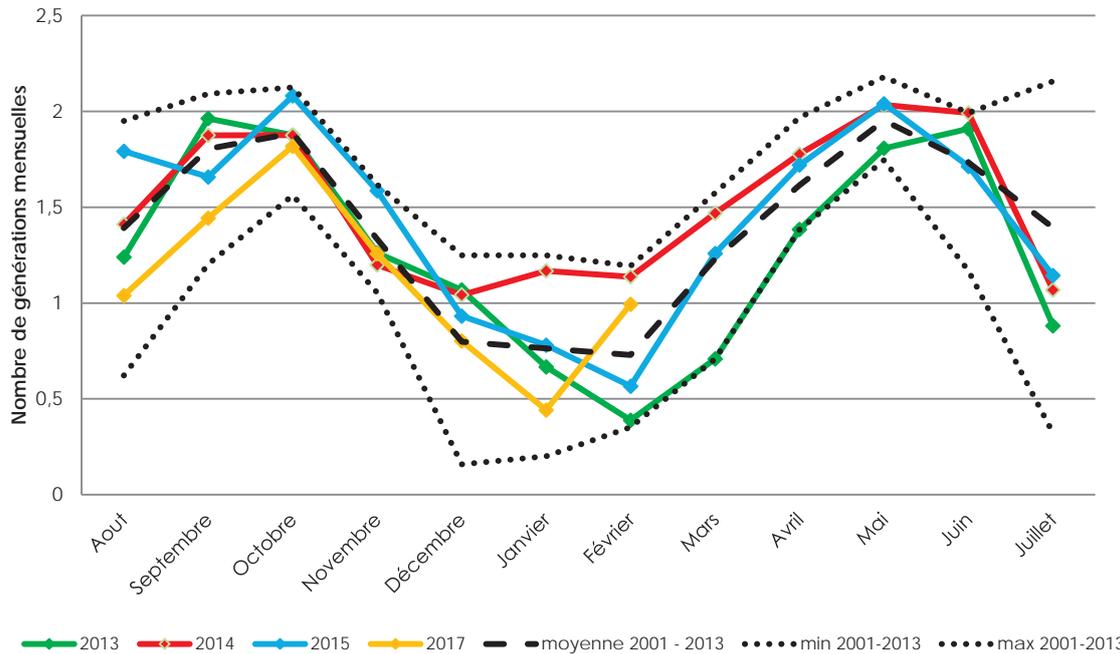
Spectre de virulences

	New-2016	- 2 - - 6 7 8 9 - - 25 32 Sp -
	PstS3+V2 V25	- 2 - - 6 7 8 - - - 25 - - -
	Hereford	- 2 3 - 6 7 8 - - - 25 32 - -
	Triticale 2006	- 2 - - 6 7 8 - 10 - - - - -
	Triticale 2015	- 2 - - 6 7 8 9 - - - - -
	Triticale 2016	- - - - 6 - 8 - - - - - - -
	Tulsa	- - 3 4 6 - - - - - 25 32 - -
	Kranich	1 2 3 - 6 7 8 9 - 17 25 32 - Amb
	Warrior 1	1 2 3 4 6 7 - 9 - 17 25 32 Sp Amb
	Warrior -	1 2 3 4 6 7 - 9 - 17 25 32 Sp -
	Oakley/Soltice	1 2 3 4 6 - - 9 - 17 25 32 - -
	Oakley + V7	1 2 3 4 6 7 - 9 - 17 25 32 - -
	autre	



UN HIVER 2017 SUFFISAMMENT RIGOUREUX POUR LIMITER LE DÉVELOPPEMENT DE LA ROUILLE JAUNE ?

Nombre de générations mensuelles théoriques pour les campagnes culturales 2013, 2014, 2015 et 2017
Région Nord Ouest



Merci !





Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FSOV 2012 P – TAUSCHII

*Valorisation de nouveaux gènes de résistance et de qualité issus
d'*aegilops tauschii**

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017

VALORISATION DE NOUVEAUX GÈNES DE RÉSISTANCE ET DE QUALITÉ ISSUS D'*AEGILOPS TAUSCHII*

DUCHALAIS Laure

PARTENAIRES:

- GIE RGC

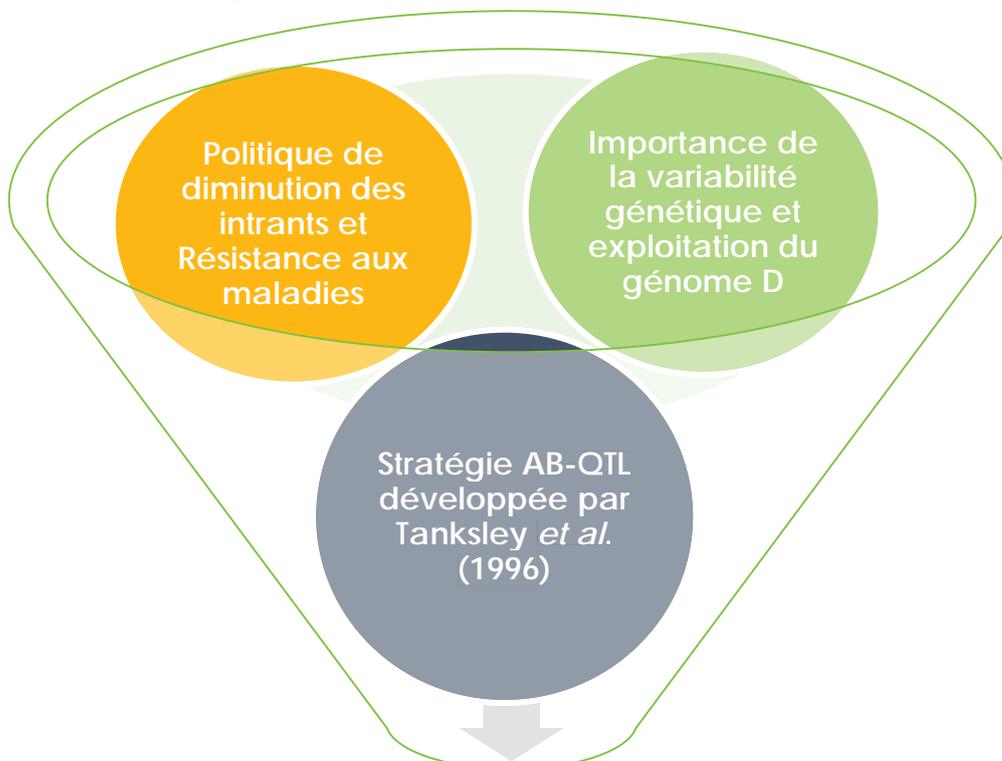
- UNISIGMA

- INRA GDEC

- INRA APBV



CONTEXTES ET OBJECTIFS



DOUBLE OBJECTIF DE CE PROJET

- Recherche de QTL de caractères de résistance et de qualité
- Création de nouveaux géniteurs d'intérêt agronomiques avec de nouvelles caractéristiques dues à la variabilité du génome D



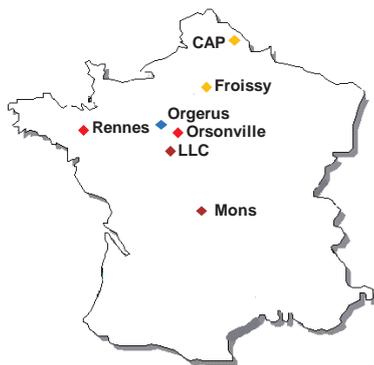
MATÉRIEL ET MÉTHODES

RECHERCHE DE QTL DE RÉSISTANCE ET DE QUALITÉ (ANNÉE 2)

Phénotypage « Résistance »



- 2 sites par maladie sur la campagne 2014
 - Inoculation avec les races Oakley et Warrior-1 pour les sites RJ
 - Inoculation avec les races BT06M136, BT10M217-1 et BT06M40 pour les sites RB
 - En conditions naturelles pour les sites ST
- Semis de 2 lignes de pépinières par génotype sans répétition
- Caractères mesurés : précocité + note globale variant de 1 à 9 sauf sur le lieu de Rennes où la septoriose a été notée sur les 2 premiers étages foliaires
- Calculs d'AUDPC



Phénotypage « Qualité »

- Semis en une parcelle de 3m² par génotype sur le site d'Orgerus → Production d'échantillons et de semences
- Tests « qualité » réalisés à l'INRA de CF
 - PS, PMG, GPC, SDS, dureté
 - Mixographe → affaiblissement de la pâte et prédiction du W



MATÉRIEL ET MÉTHODES

RECHERCHE DE QTL DE RÉSISTANCE ET DE QUALITÉ (ANNÉE 2)

Génotypage

- Prélèvement de 5 jeunes feuilles de plantes **BC2F6** par génotype
- Extraction d'ADN et génotypage à l'aide de **960 SNP** développés dans le cadre du projet DIGITAL par la plateforme Gentyane

Analyse des données

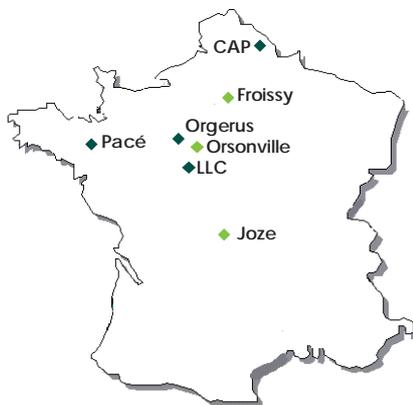
- Données de phénotypage nettoyées par suppression des points aberrants
- Données de génotypage nettoyées par délétion des marqueurs monomorphes et des marqueurs et individus présentant un taux d'hétérozygotie et/ou un taux de données manquantes supérieur à 20%
- Utilisation du logiciel MapDisto v2.0 pour la construction des **cartes génétiques**
- Analyse QTL effectuée avec le logiciel WinQTL cartographer par **Composite Interval Mapping**
- **Méta-analyse** manuelle



MATÉRIEL ET MÉTHODES

IDENTIFICATION DE POTENTIELS GÉNITEURS (ANNÉE 3)

- 12 lignées retenues par population grâce aux phénotypages « Maladies » et « Qualité » → **Caractérisation plus fine**



Caractérisation agronomique

- 2 réseaux d'essais mis en place
- Témoins CTPS et parents récurrents inclus
- 2 modalités par site
 - Traitee fongicide sans répétition
 - BNI en 2 répétitions (Réduction de l'apport azoté et du nombre de fongicide + Absence de régulateur)
- Divers caractères notés (épiaison, hauteur, maladies, verse, rendement et PS)

Caractérisation de leur qualité

- Alvéographe de Chopin
- Test de panification BIPEA
- Détermination des gluténines de HPM et de FPM



RÉSULTATS

RECHERCHE DE QTL DE RÉSISTANCE ET DE QUALITÉ

Analyse des données phénotypiques

Phénotypage Maladies

- Très forte pression RJ en 2014
 - Très bonne discrimination du matériel pour la RJ
 - Difficulté à évaluer la RB même dans les essais inoculés
- Bonne corrélation entre environnements pour les maladies
 - Distributions observées en 2013 confirmées en 2014
- Peu voire pas de corrélations observées entre maladies et caractères morphologiques

Caractère	Précocité	Hauteur	RJ							RB					ST				Nombre de variables utilisées pour la détection de QTL		
			2013		2014			Total	2013			2014		Total	2013		2014			Total	
			Mons	Cappelle	Mons	Louville	Froissy		Cappelle	Mons	Orsonville	Louville	Mons		Louville	Orgerus	Orsonville	Orsonville			Rennes
Lieu	moyenne																				
JOY87/3*SOISSONS	1	1	1	1	1	2	3	4	15	1			1	2	5			2	2	6	28
SYNTH89/3*ALTIGO	1	1	1		1	2	3	4	14			1	1		2	1		2	4	9	27
26ESWT80790/3*BOLOGNA	1	1	1		1		3	4	11	1	1		1	2	6		1	2	3	8	27

Nombre de Variables utilisées pour la détection de QTL de résistance



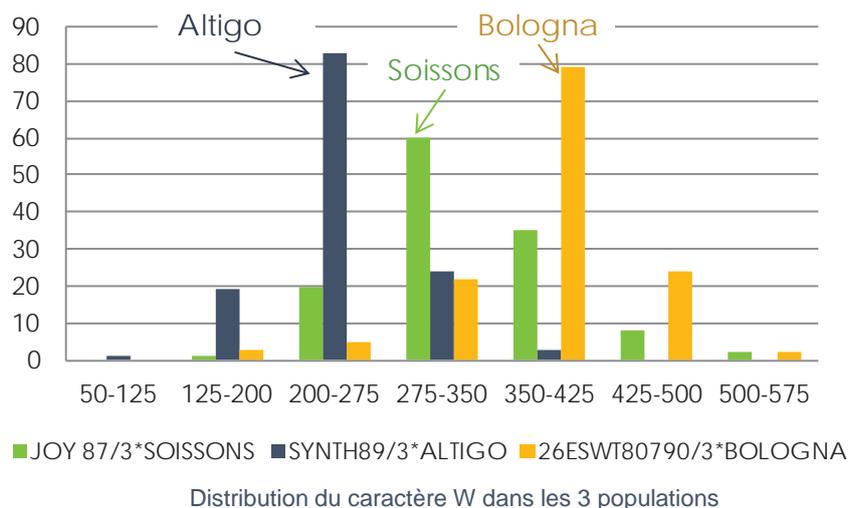
RÉSULTATS

RECHERCHE DE QTL DE RÉSISTANCE ET DE QUALITÉ

Analyse des données phénotypiques

Phénotypage qualité

- 1 seul lieu et une seule répétition
 - Résultats à prendre avec précaution
- Très grande variabilité au sein des 3 populations pour l'ensemble des caractères étudiés

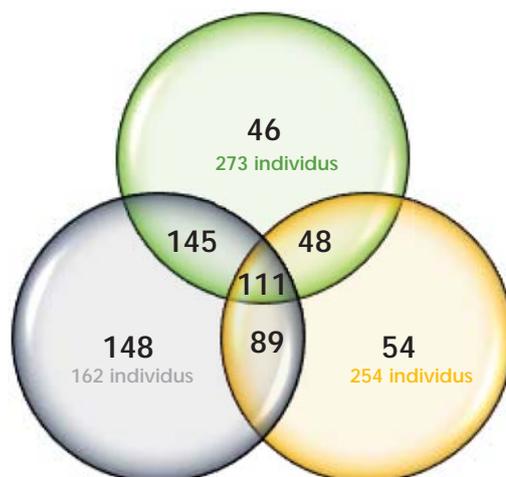


RÉSULTATS

RECHERCHE DE QTL DE RÉSISTANCE ET DE QUALITÉ

Cartographie génétique

- Après nettoyage des données
 - JOY87/3*SOISSONS: 273 individus et 350 SNP
 - SYNTH89/3*ALTIGO: 162 individus et 493 SNP
 - 26ESWT80790/3*BOLOGNA: 254 individus et 302 SNP
- Totalité des marqueurs cartographiés
 - A l'exception d'un seul chez 26ESWT80790/3*BOLOGNA



RÉSULTATS

RECHERCHE DE QTL DE RÉSISTANCE ET DE QUALITÉ

Cartographie génétique

○ Couvertures génétiques

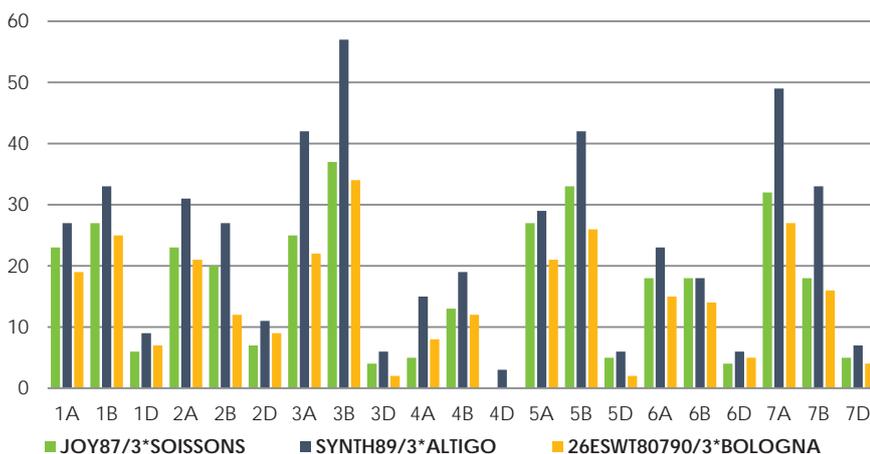
- JOY87/3*SOISSONS : 836 cM
- SYNTH89/3*ALTIGO : 1 145 cM
- 26ESWT80790/3*BOLOGNA : 645 cM

○ Densité de marqueurs

- Un marqueurs tous les 2,1 à 2,4 cM

○ Répartition des marqueurs

- Moins de marqueurs polymorphes sur le génome D
- Absence de marqueurs sur le 4D dans 2 populations



Nombre de Marqueurs cartographiés par chromosome et par population



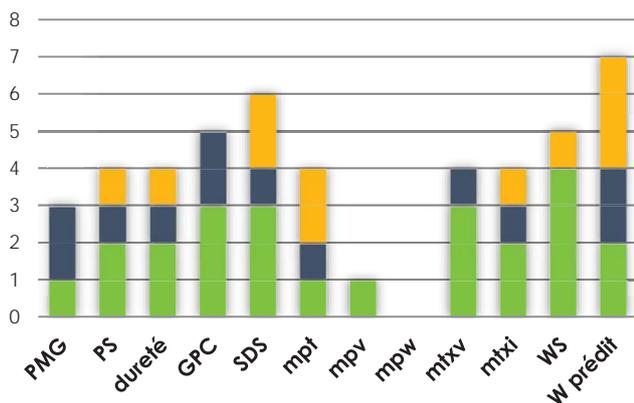
RÉSULTATS

RECHERCHE DE QTL DE RÉSISTANCE ET DE QUALITÉ

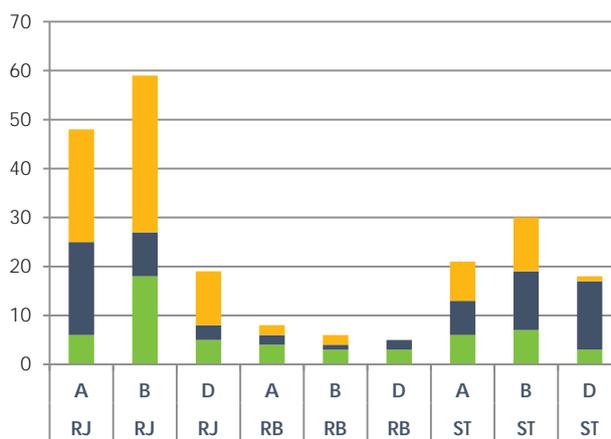
Analyse de liaison

○ QTL de résistance

- 224 QTL de résistance identifiés
- 12 régions chromosomiques stables selon les environnements et non liées à la précocité ou à la hauteur



Nombre de QTL de qualité détectés par population et par caractère



Nombre de QTL de résistance détectés par population, par sous-génome et par caractère

■ 26ESWT80790/3*BOLOGNA ■ SYNTH89/3*ALTIGO ■ JOY87/3*SOISSONS

○ QTL de qualité

- 47 QTL de qualité et de caractères technologiques



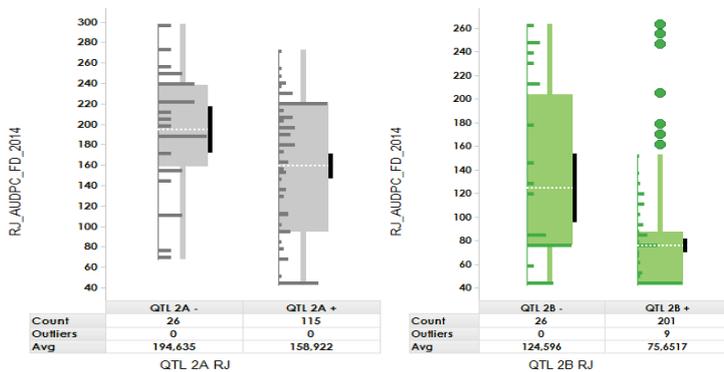
RÉSULTATS

RECHERCHE DE QTL DE RÉSISTANCE ET DE QUALITÉ

Méta analyse

QTL de résistance

- 5 QTL candidats pour une utilisation en Sélection Assistée par Marqueurs
 - 3 QTL de résistance à la RJ sur les chromosomes 2A, 2B (QTL tous deux également identifiés dans le cadre du FSOV 2012 O) et 6B
 - 1 QTL de résistance à la ST sur le chromosome 5B
 - 1 QTL de résistance à la RB sur le chromosome 1D



Exemples d'expression des QTL 2A et 2B de résistance à la rouille jaune dans leur population de détection

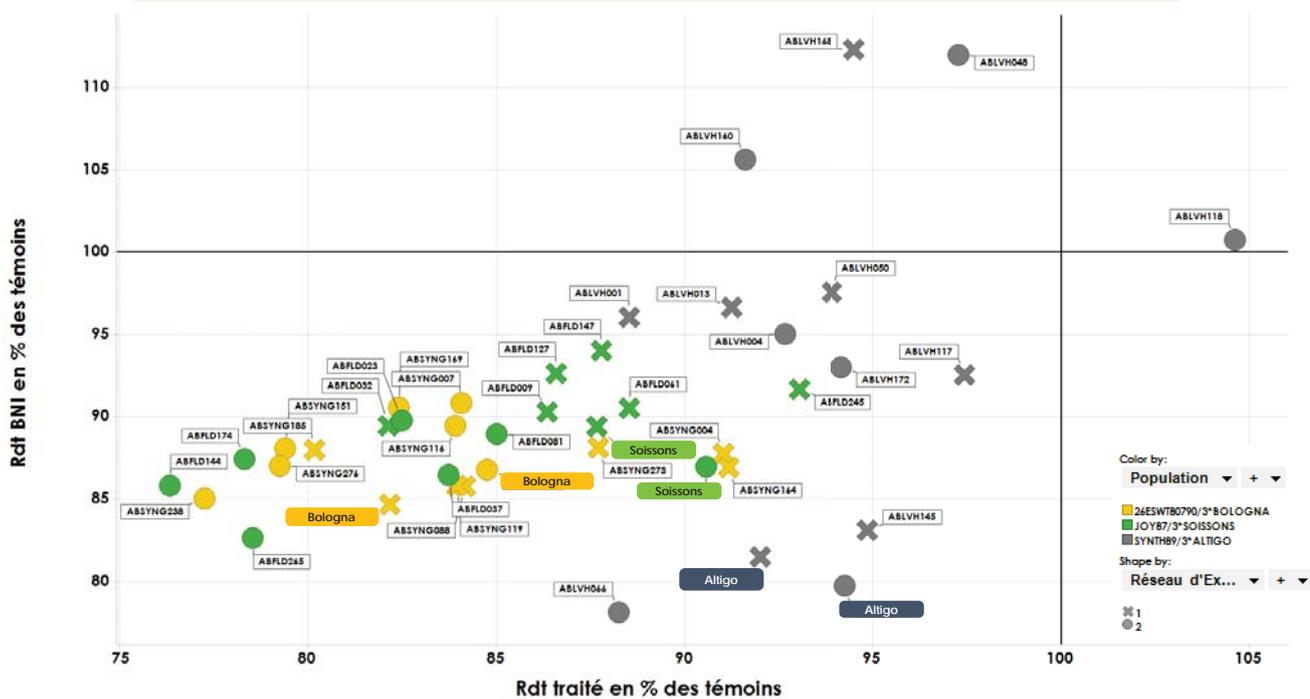
QTL de qualité

- 5 QTL candidats pour une utilisation en Sélection Assistée par Marqueurs
 - 1 QTL expliquant 46% de la dureté, 23% du SDS et 10% du W prédit sur le chromosome 5D (cohérent avec la localisation du gène Ha)
 - 3 QTL présents sur 2 populations (pour le SDS sur le 6A, pour le mti du mixographe sur le 5B, pour le W prédit sur le 3A)
 - 1 QTL présent sur les 3 populations pour la mpt du mixographe sur le 1D



RÉSULTATS – IDENTIFICATION DE POTENTIELS GÉNITEURS

Potentiel agronomique



Rendement en condition traitée vs Rendement en condition BNI

- Amélioration nette du rendement en condition BNI par rapport aux parents récurrents et même aux témoins CTPS pour quelques lignées issues d'Altigo
- Amélioration plus mitigée du rendement en condition traitée
 - Seules certaines lignées issues de la population SYNTH89/*3ALTIGO présentent des rendements équivalents ou supérieures à Altigo et une seule supérieure aux témoins CTPS



PARTENAIRES ET REMERCIEMENTS



- Annaig BOUGUENNEC
- Joseph JAHIER
- Bernard ROLLAND



- Clément DEBITON
- Philippe LEREBOUR



- Jérôme AUZANNEAU
- Denis BEGHIN
- Sébastien CAIVEAU
- Laure DUCHALAIS
- Bernard DUPERRIER



- Etienne Paux
- Charles Poncet





Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

FSOV 2012 Q – ROUILLE BRUNE

Résistance durable à la rouille brune du blé : production d'un panel de QTL cartographiés et diversifiés

5^{ème} Rencontre Scientifique

Jeudi 23 Mars 2017

RÉSISTANCE DURABLE À LA ROUILLE BRUNE DU BLÉ : PRODUCTION D'UN PANEL DE QTL CARTOGRAPHIÉS ET DIVERSIFIÉS



GOYEAU Henriette

PARTENAIRES

GIE RECHERCHES GENETIQUES CEREALES Club 5

CETAC

Arvalis-Institut du Végétal

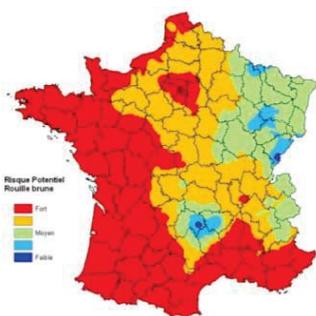
INRA UMR BIOGER-Grignon et IGEP-Le Rheu



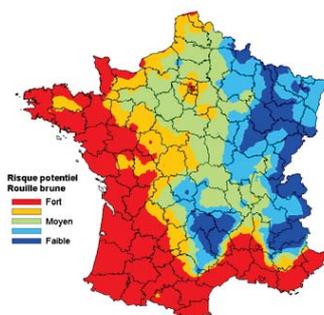
Centre d'Etudes Technique pour l'Amélioration des Céréales
C. E. T. A. C.



RISQUE ROUILLE BRUNE : CLIMATIQUE

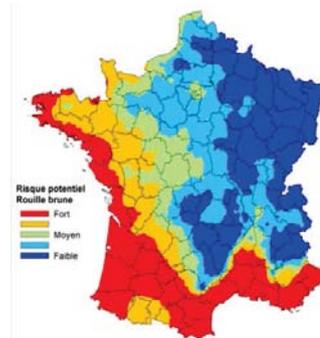


2007



2014

ARVALIS
Institut du végétal



2015

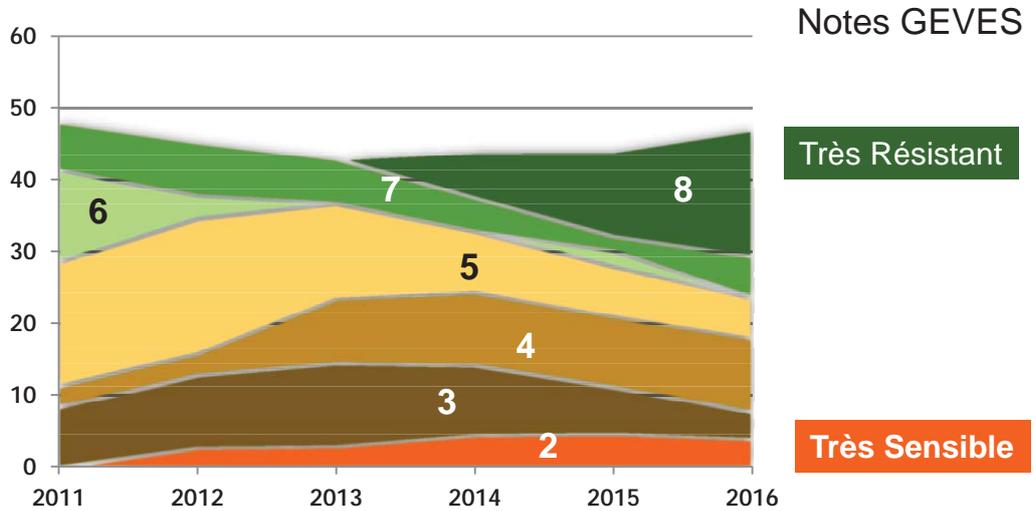
Niveau de gravité de la rouille brune ces 12 dernières années :

2003 ↑ 2004 → 2005 → 2006 → 2007 ↑↑ 2008 ↓ 2009 ↓ 2010 ↓
2011 → 2012 ↑ 2013 → 2014 ↑ 2015 ↑



SENSIBILITÉ À LA ROUILLE BRUNE DES 10 VARIÉTÉS LES PLUS CULTIVÉES

% de la surface cultivée en blé



DURABILITÉ DE LA RÉSISTANCE

Résistance spécifique gènes *Lr*



durabilité



Résistance quantitative QTLs



Durabilité?



DIVERSIFIER



FSOV 2004, 2008 :
IDENTIFIER DES SOURCES DE RÉSISTANCE DIVERSIFIÉES
PRÉPARER LES POPULATIONS DE CARTOGRAPHIE

FSOV 2004	Phénotypage au champ Production de F1 en année 3	
FSOV 2008	P1 (Latence)	P4 (Efficacité d'infection, Sporulation)
Parents	P2 (Efficacité d'infection)	
Résistants	P3 (Efficacité d'infection, Sporulation)	
	Populations SSD	Populations HD
2009 (année 1)	F3 et F4	Création HD
2010 (année 2)	F5	Multiplication HD
2011 (année 3)	F6 Pré-phénotypage F5 (2 lieux/pop)	Multiplication HD Pré-phénotypage (1 lieu)
2012 (année 4)	F7 Phénotypage en F6 (3 lieux/pop)	Phénotypage (3 lieux)



AXES DU PROGRAMME FSOV 2012

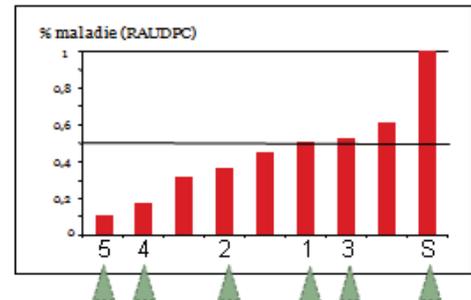
- Cartographie de QTLs de résistance à la rouille brune à partir des 4 populations FSOV 2008
- Elargissement du panel de sources de résistance (populations 5 et 6).
- Actualisation des connaissances et méthodologies pour le phénotypage de la résistance quantitative à la rouille brune (veille épidémiologique)



POPULATIONS DE CARTOGRAPHIE QTLs

- 6 populations biparentales de blé tendre
 - 6 parents ayant des **niveaux de résistances** différents (dont parent 6 résistance totale)
 - 2 parents sensibles :
 - Ecrin (**commun** à 5 populations)
 - Chinese-Spring

Pourcentage de maladie causée par la rouille brune pour différentes variétés de blé tendre



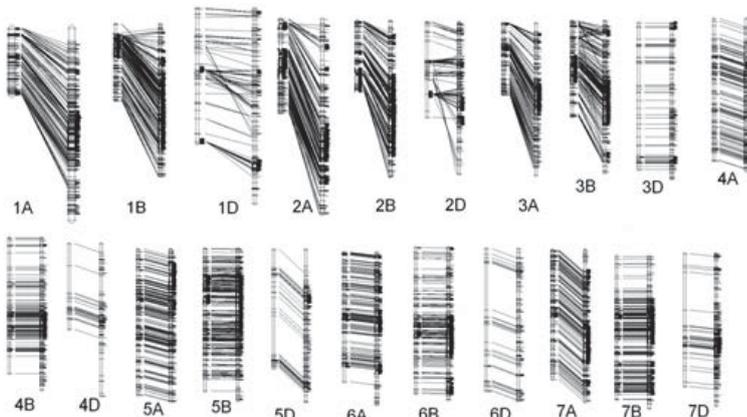
Populations	Type	Effectif	Génotypage	Phénotypage	Cartographie
POP 1	SSD F7	180	Puce SNP 90k	2013	Commune
POP 2	SSD F7	115	Puce SNP 90k	2013	
POP 3	SSD F7	124	Puce SNP 90k	2013	
POP 4	HD	142	Puce SNP 90k	2012	Séparée
POP 5	HD	98	Puce SNP 90k	2015	
POP 6	SSD F6	298	Puce SNP 420k	2015	Séparée



POPULATIONS DE CARTOGRAPHIE QTLs

CARTE CONSENSUS DES POPULATIONS POP1, POP 2, POP 3 ET POP 4

- 14686 marqueurs cartographiés (**2157** bins)



Comparaison ordonnancement des marqueurs de la carte consensus (consensus Wang et al. 2014 vs consensus Berton 2015)

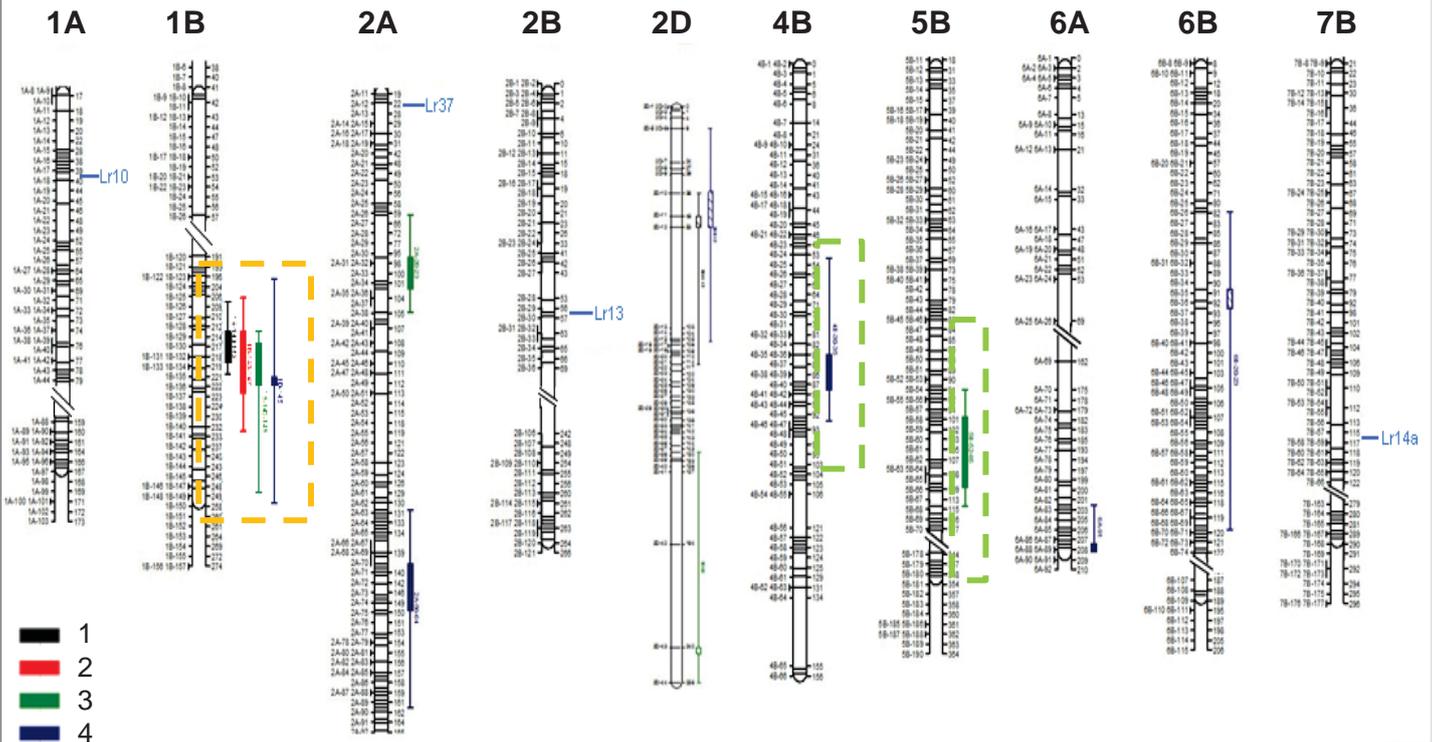
POP5 ET POP 6

- Population 5 non intégrée
 - Chr 2A/5A et 5B/7B non dissociable
 - Inversions blocs de marqueurs carte de 8710 marqueurs(**922** bins)
- Population 6 non intégrée
 - Peu de marqueurs communs carte de 103 581 marqueurs(**5965** bins)



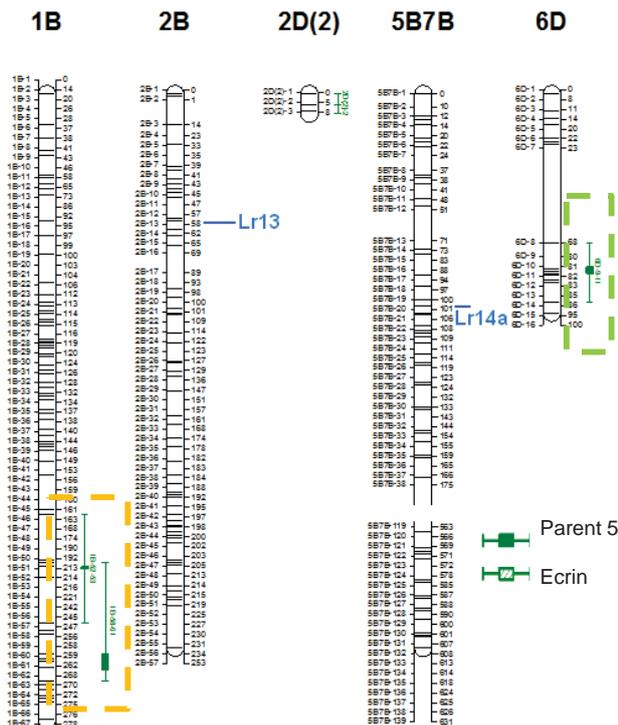
DÉTECTION DE QTLs

Populations 1, 2, 3, 4



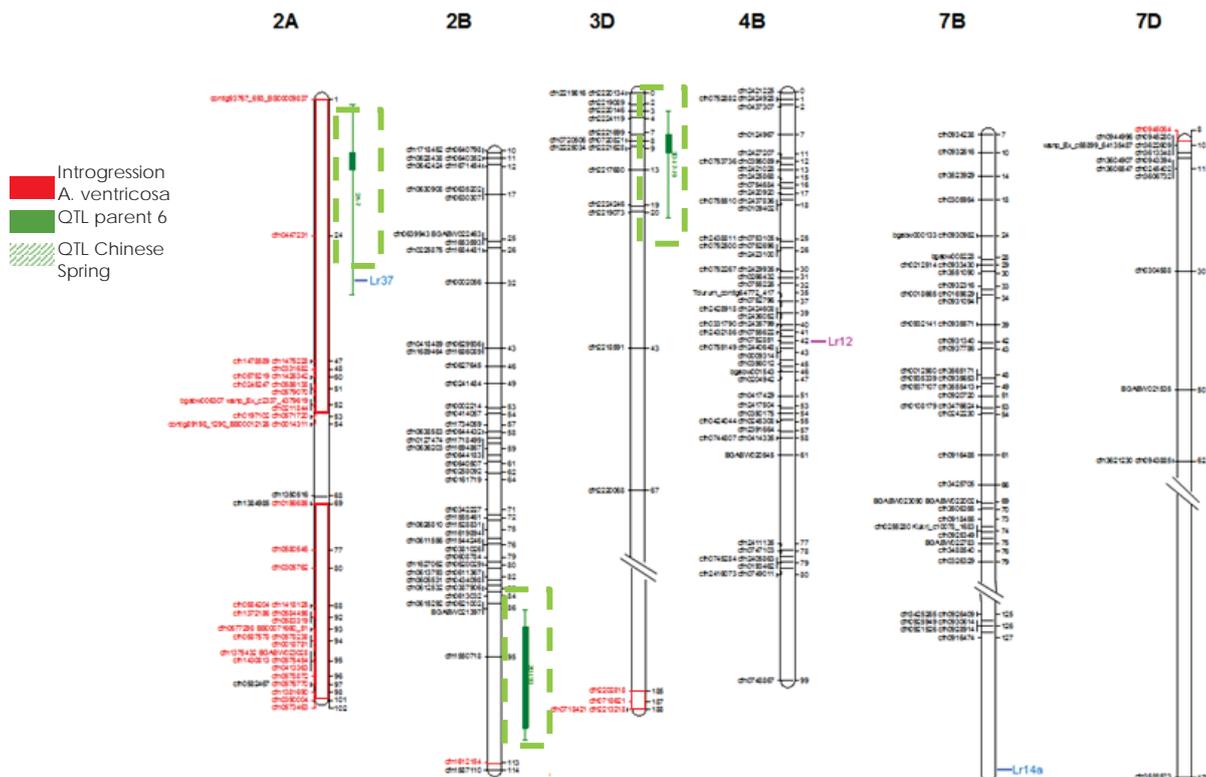
DÉTECTION DE QTLs

Population 5



Population 6

DÉTECTION DE QTLs



- 4 QTL détectés
- QTL2A dans une introgression d'A. ventricosa
- QTL2B spécifique à un environnement



DÉTECTION DE QTLs

Diversité des QTLs détectés

- 16 QTL provenant de 6 parents résistants
 - différentes sources de résistances
- 3 QTL robustes, à effet important, à combiner
 - **QTL 4B (pop 4), 5B (pop 3) et 6D (pop 5)**
- **QTL1B** lié à un gène de sensibilité (hypothèse)
- **QTL1s 2A, 2B, 3D** résistance totale parent 6



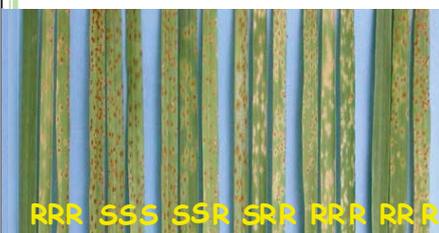
AXES DU PROGRAMME FSOV 2012

- Cartographie de QTLs de résistance à la rouille brune à partir des 4 populations FSOV 2008
- Elargissement du panel de sources de résistance (populations Renan et Sidéral).
- Actualisation des connaissances et méthodologies pour le phénotypage de la résistance quantitative à la rouille brune (veille épidémiologique)



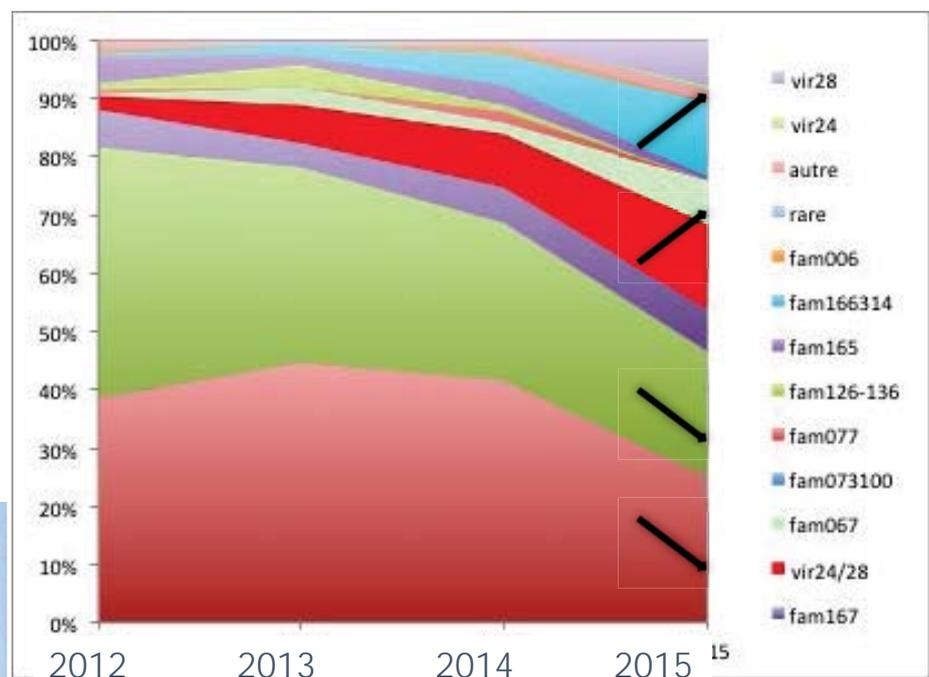
EVOLUTION DES POPULATIONS DE ROUILLE BRUNE

Phénotypage des virulences de 1499 isolats sur gamme d'hôtes différentiels stade plantule



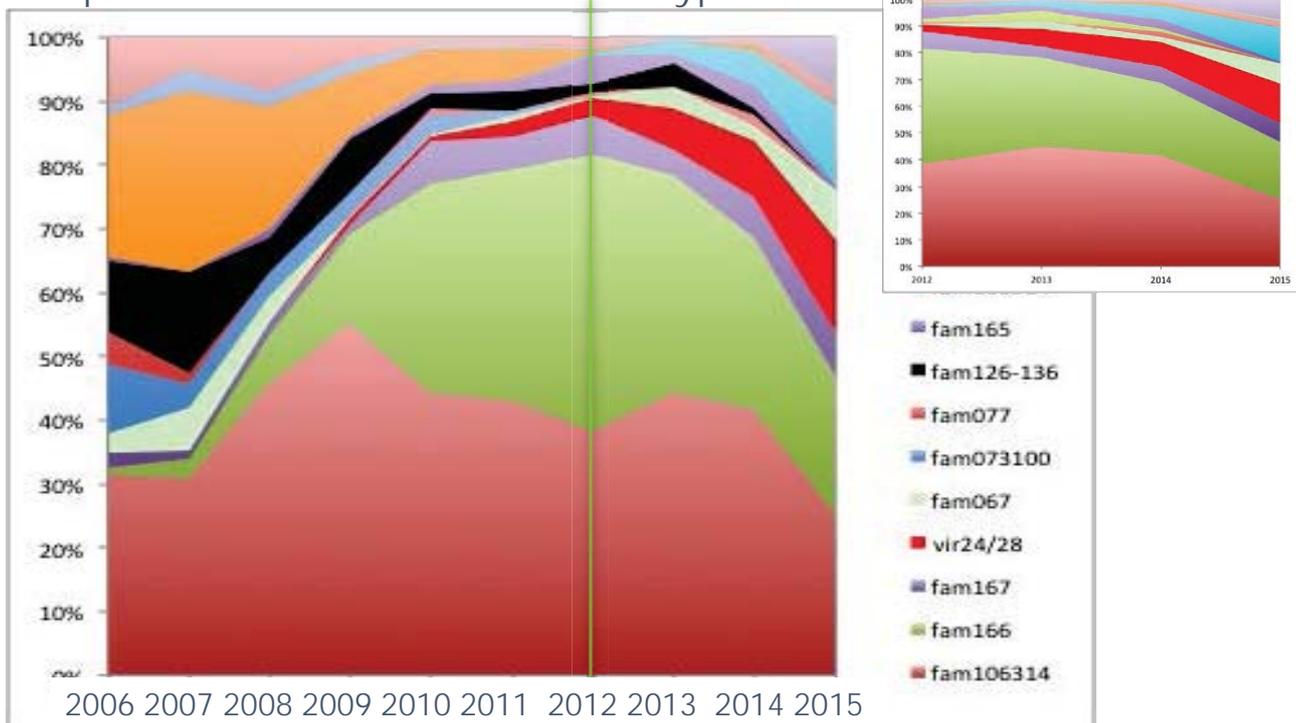
RRR SSS SSR SPR RRR RR.R

Fréquences des Familles de Pathotypes



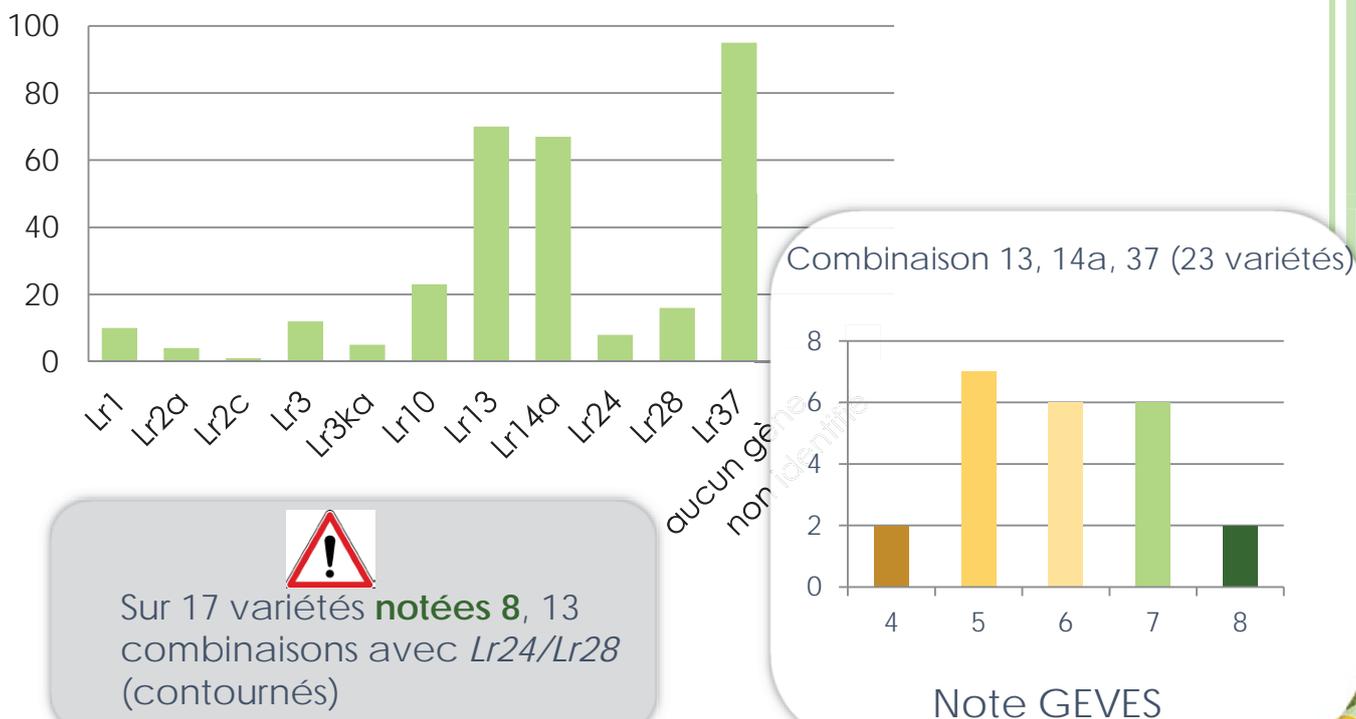
ÉVOLUTION DES POPULATIONS DE ROUILLE BRUNE

Fréquences des Familles de Pathotypes



GENES DE RESISTANCE *Lr* DANS LES VARIÉTÉS INSCRITES 2012-2015

Sur 150 variétés inscrites, nombre de variétés avec le gène :



RESISTANCE DURABLE A LA ROUILLE BRUNE DU BLÉ : CONCLUSIONS - PERSPECTIVES

7 QTLs d'intérêt, diversifiés, cartographiés

Backcross de **lignées porteuses** des QTL

Design de marqueurs Kasp-SNP
(**intervalles de confiance**
cartographie FSOV 2012)

Sélection de recombinants
BC₁S₁, BC₁S₂, BC₁S₃, BC₁S₄

Phénotypage
Génotypage

Marqueurs diagnostiques gènes *Lr*

Marqueurs diagnostiques QTL

Connaissances et méthodologie phénotypage

- Virulences
- Gènes *Lr*



