

**Exploitation de Résistances Durables
aux Septorioses et Fusarioses
du Blé Tendre**

Olivier ROBERT



- ❖ Identifier de nouvelles sources de résistances à la septoriose (*Zymoseptoria. tritici*)
 - Dans 3 populations
 - Dans 8 populations

- ❖ Identifier de nouvelles sources de résistances à la fusariose (*F. graminearum*)
 - Dans 1 population

Matériel et Méthodes

Matériel Végétal

- ❖ Sept populations Bioplane constituées de 63 à 97 lignées haploïdes doublées (HD)

Population	Effectif
Apache x Balance	91
FD3 x Robigus	87
Robigus x Soissons	92
FD12 x SE11	88
Cordiale x Nuage	97
Bermude x Timber	82
Nogal x Bio110	63

- ❖ Une population de 96 lignées SSD RIL F_{6:7} issue du croisement Kulm/M3 (produite par J. Faris de l'USDA-ARS)

Tests de résistance à la septoriose

En serre, au stade juvénile



Au champ, au stade adulte



Génotypage

- ❖ De 2500 à 7000 marqueurs DArT (Triticarte Lty) selon les versions de la puce
- ❖ Les marqueurs DArT ont été utilisées sur les 7 populations Bioplante

- ❖ De 3 à 284 marqueurs SSR
- ❖ Les marqueurs SSR ont été utilisées sur 4 populations
 - Apache/Balance (169), FD3/Robigus (57), Nogal/Bio110 (3), Kulm/M3 (284)

Analyses statistiques

- ❖ Cartographie → MapDisto
- ❖ Analyse QTL → WinQTLCartographer
- ❖ Carte consensus et Méta-analyse → MetaQTL
- ❖ Génétique d'association → STRUCTURE, CoCoa 1.0 et TASSEL 2.1

Carte Consensus

(en collaboration avec INRA – GDEC)

Analyse QTL et Méta-QTL

Exemple du MQTL12

→ MQTL12 = 13 QTLs

MQTL 12 →

3A

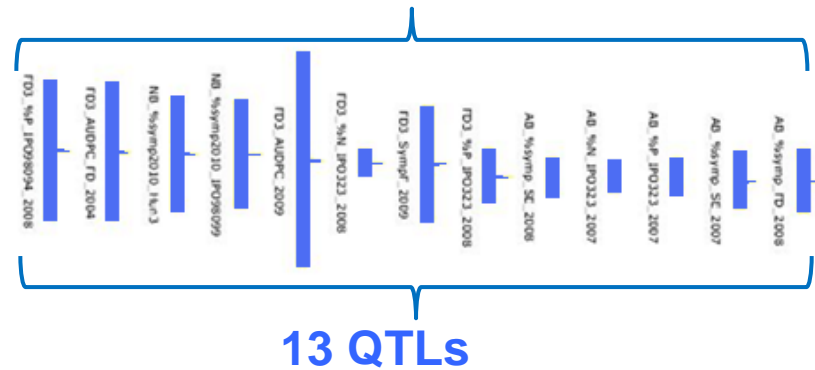


Stade juvénile et adulte

3 populations

4 isolats (IPO323, IPO98094, Hun3, IPO98099)

$R^2 \rightarrow$ 9% à 70%



Analyse QTL et Méta-QTL

- ❖ 115 QTL de résistance à la septoriose
- ❖ 66 QTL liés à la hauteur et à la précocité



- ❖ 27 MQTL de résistance
- ❖ 14 MQTL de hauteur et/ou de précocité
- ❖ 10 QTL de résistance

➔ 37 loci de résistance à la septoriose

Analyse de Génétique d'Association

- ❖ 614 individus et 3390 marqueurs → 2 millions de données
- ❖ Structuration → 7 groupes
- ❖ Résultats identiques avec les 2 matrices de parenté (CoCoa ou TASSEL)

- ❖ Note visuelle (1 à 9)

- ❖ GLM → 13 marqueurs liés ($p < 0.001$ et $R^2 > 2$)
- ❖ MLM → 10 marqueurs liés

5 communs

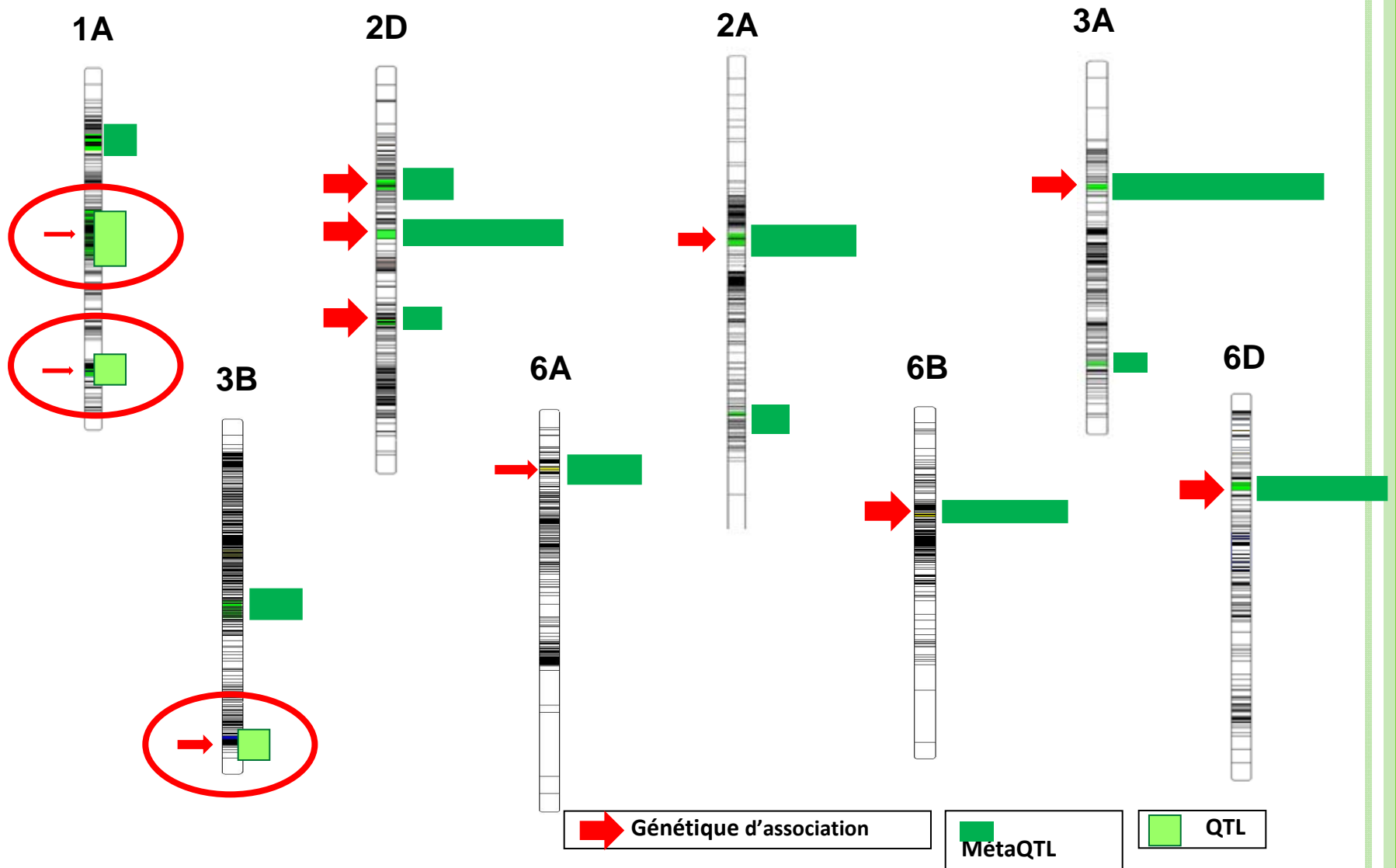
- ❖ Pourcentage de symptômes

- ❖ GLM → 12 marqueurs liés ($p < 0.001$ et $R^2 > 2$)
- ❖ MLM → 7 marqueurs liés

4 communs

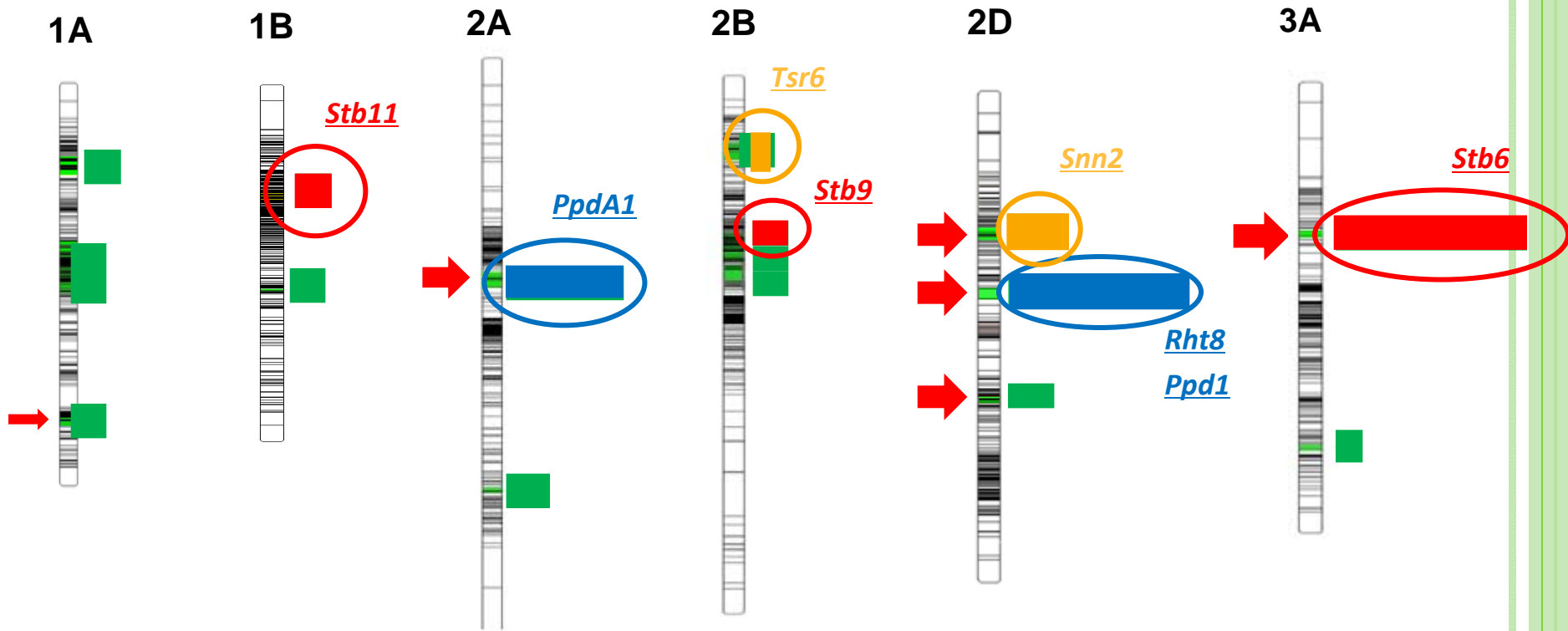
→ 28 marqueurs de résistance

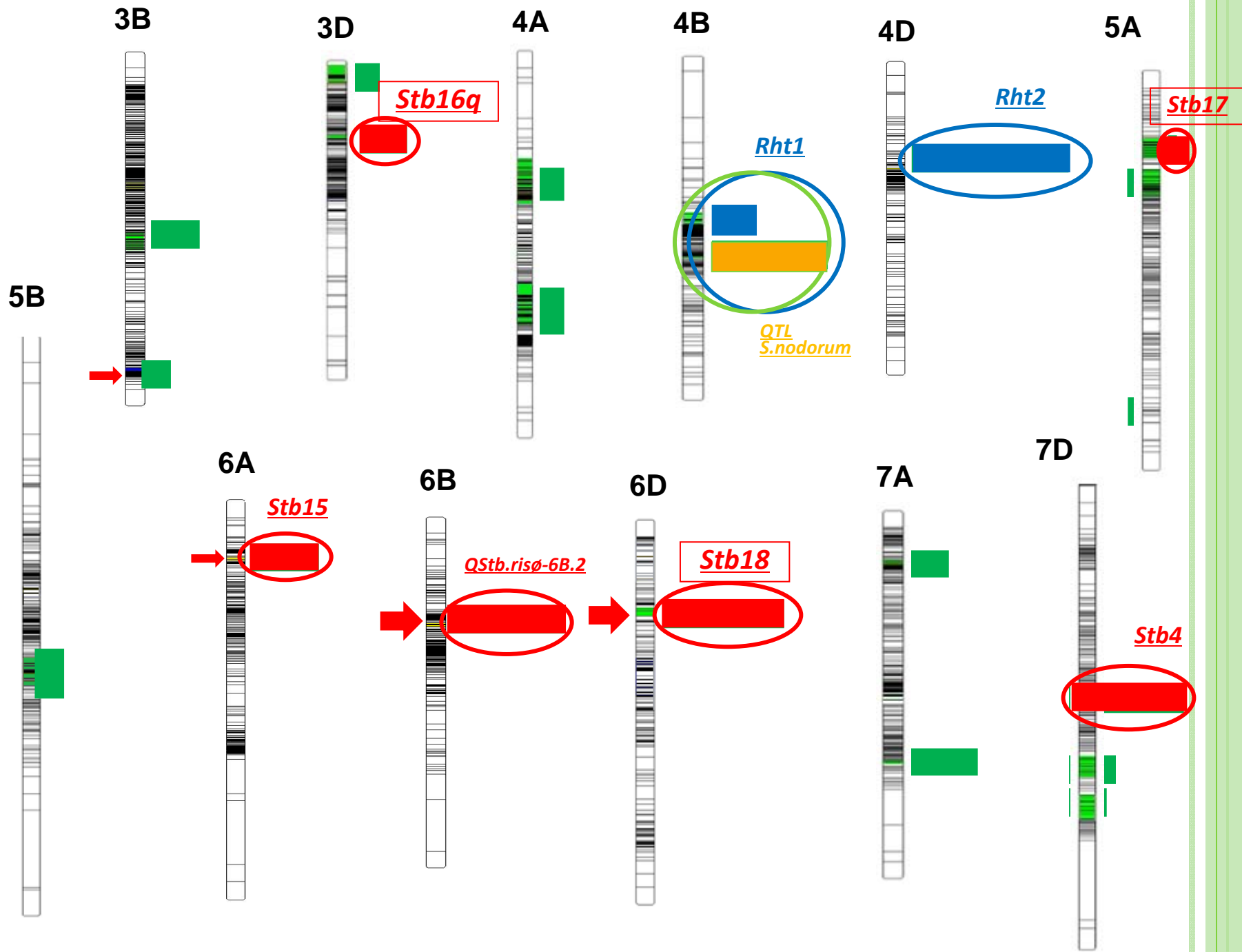
Comparaison Analyse de Liaison / Génétique d'Association



Colocalisations

- → Gènes/QTL de résistance à *M. graminicola*
- → Gènes/QTL de résistance à d'autres maladies
- → Gènes de développement (hauteur, précocité)





En conclusion - Bilan des résultats exploitables en sélection

Programme de 2 ans (en réalité : 5 ans)

- ❖ Une carte consensus (8556 marqueurs) obtenue en collaboration avec INRA – GDEC
- ❖ 3 Nouveaux gènes majeurs de résistance à la septoriose (*Stb16q*, *Stb17* et *Stb18*) (collaboration avec ARS-USDA pour *Stb16q* et *Stb17*)
- ❖ 27 M-QTL de résistance à la septoriose (11 M-QTL confirmés par Génétique d'Association)
- ❖ 10 QTL de résistance à la septoriose (3 QTL confirmés par Génétique d'Association)

En conclusion - Perspectives

- ❖ **Publications : 3 Articles (1 soumis), 1 mémoire de Doctorat (WUR) et 2 mémoires d'Ingénieur (AgroCampus Ouest)**
- ❖ **La majorité des gènes majeurs, QTL et M-QTL sont exploitables en sélection**
- ❖ **Mais, pas le *Stb16q* → Les marqueurs liés au gène sont perfectibles en sélection assistée par marqueurs...**
- ❖ **Nouveau programme FSOV 2012:**
- ❖ ***Recherche de nouveaux marqueurs étroitement liés au gène Stb16q***
- ❖ ***Partenaires : Florimond Desprez (coord.), INRA-GDEC, INRA-Bioger, Arvalis, R2n, PRI, ARS-USDA***