

FLORIMOND  
DESPREZINRA  
SCIENCE & IMPACT

# 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

## 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



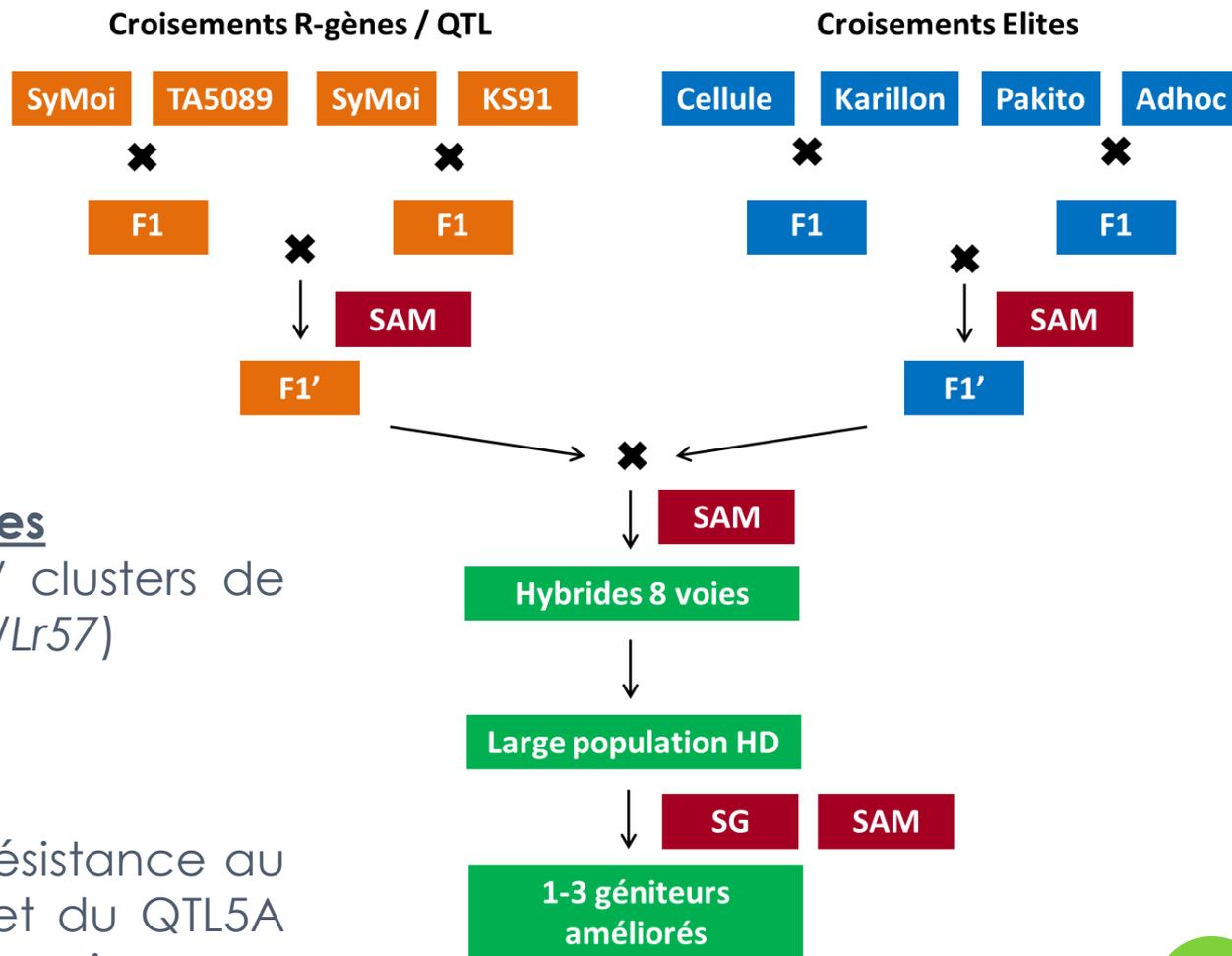
FLORIMOND  
DESPREZ



INRA  
SCIENCE & IMPACT

# 01 | SCHÉMA ROUILLES FLORIMOND DESPREZ





### 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



## 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 (Kuraparthy et al., 2009)

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



# Choix des géniteurs de haute valeur agronomique

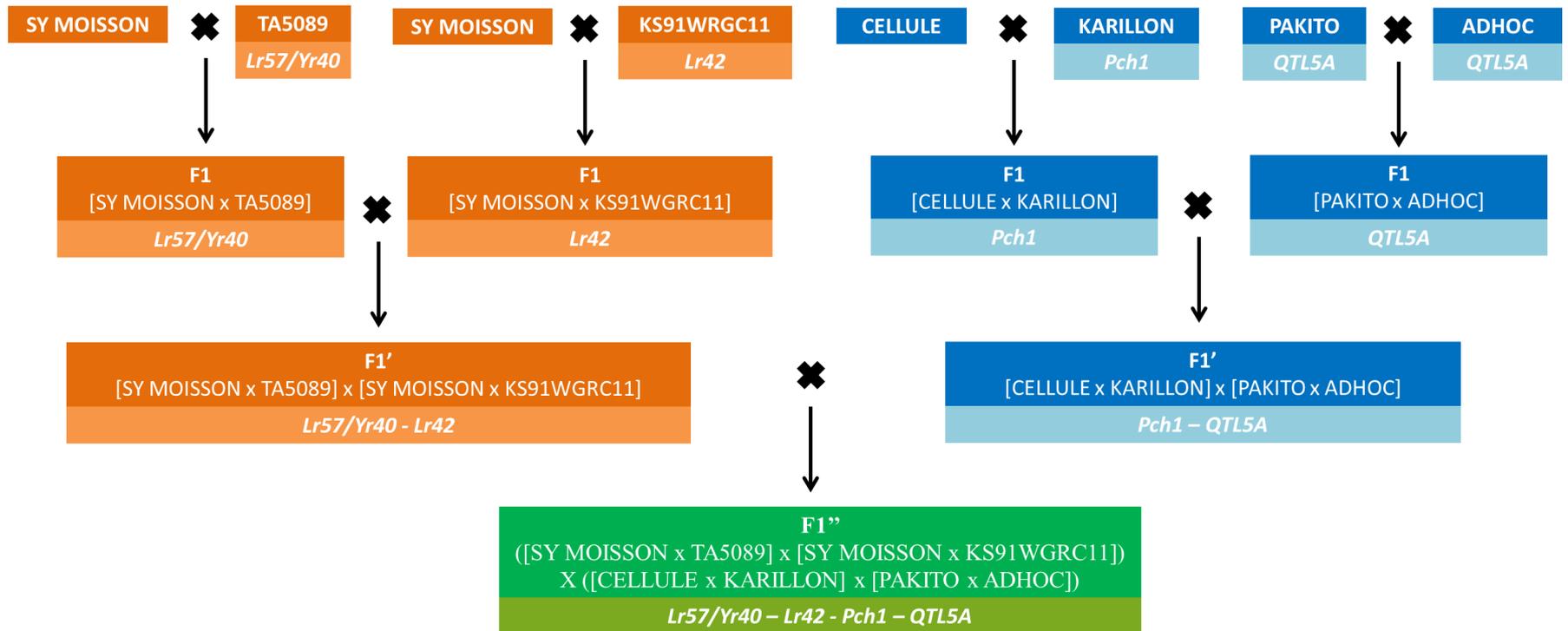
## Objectifs:

- 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
<b>CELLULE</b>	2012	FD	BPS, septo +
<b>KARILLON</b>	2010	AO	BPS, <i>Pch1</i>
<b>PAKITO</b>	2011	RAGT	BPS, QTL5A
<b>ADHOC</b>	2011	Momont	BP, QTL5A, froid +
<b>SY MOISSON</b>	2011	Syngenta	BPS, oïdium +





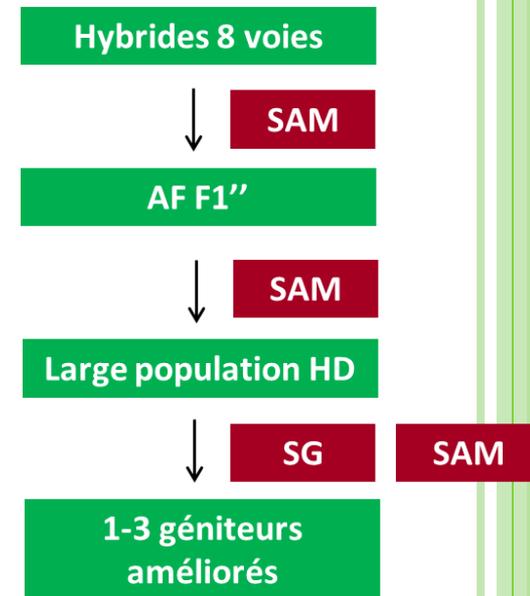
## Ajout d'une AF après les hybrides 8 voies

**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<sup>ème</sup> 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**.



## 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

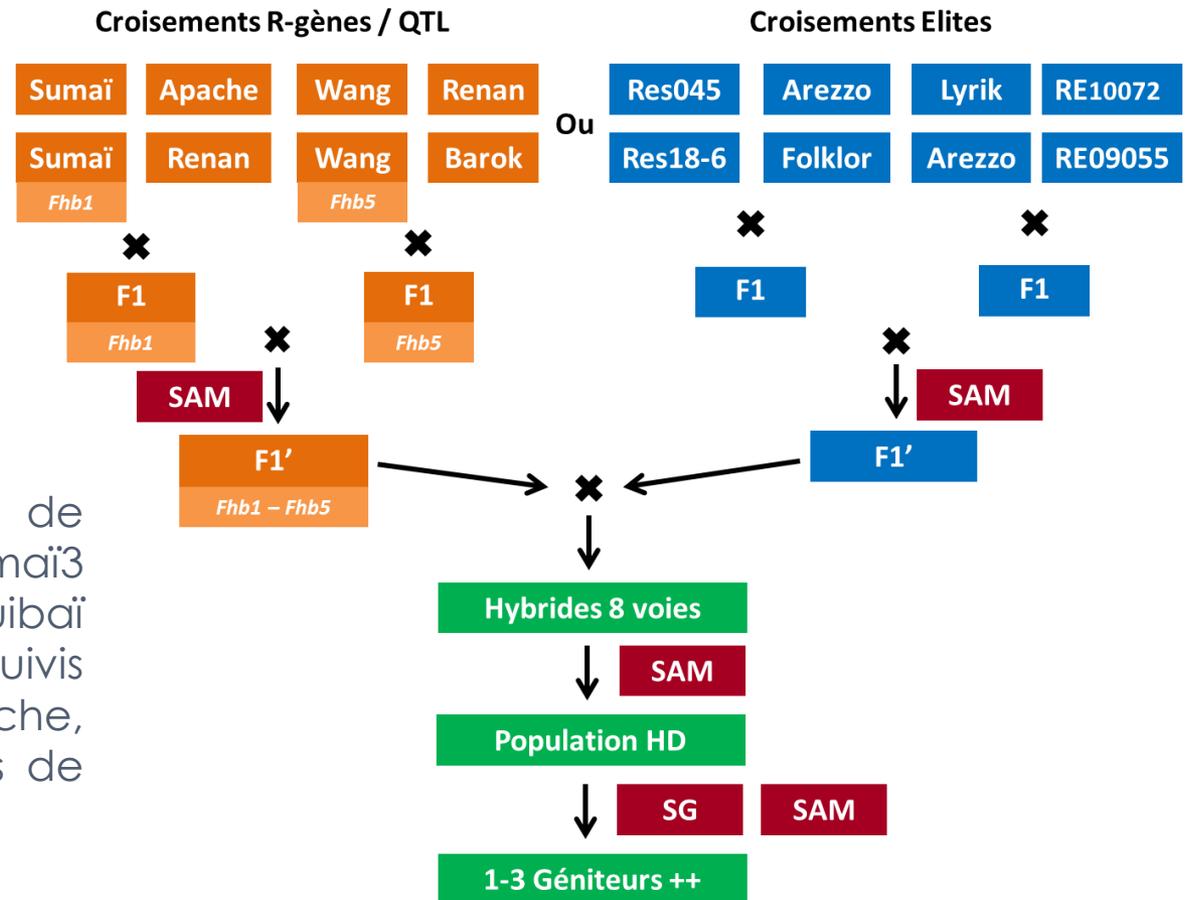


FLORIMOND  
DESPREZ



## 02 | SCHÉMA FUSARIOSE INRA GDEC





### Croisements R-gènes

Les variétés donneuses de résistances étaient Sumaï3 (*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
SUMAİ 3	Fhb1	8 SNPs dans Umn10	Bernardo et al, 2012
WANGSHUIBAİ	Fhb1/Fhb5	Xwmc96 Xgwm304	Lin et al., 2006



# 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
<b>AREZZO</b>	2007	RAGT	BPS
<b>BAROK</b>	2009	AO	BAU, fusa+
<b>FLOKLOR</b>	2011	AO	BPD RJ+
<b>LYRIK</b>	2012	AO	BPS
<b>RESY18-6</b>	-	INRA	Septo+
<b>RESY045</b>	-	INRA	Septo+
<b>APACHE</b>	1998	LG	BPS, Fusa+
<b>RENAN</b>	1990	AO	BAF, Fusa+



## 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



FLORIMOND  
DESPREZ



## 03 | SUITE DU PROJET

FsoV

## Multiplication et Prédiction 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



## Communications et partage

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



13<sup>th</sup> International  
**Wheat Genetics**  
Symposium

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



# 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/>

