

Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

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

Ellen GOUEMAND¹, Marc LEMMENS², Laure DUCHALAIS³, Gert KEMA⁴, Delphine HOURCADE⁵, Denis BEGHIN¹, Brigitte MANGIN⁶

¹ Florimond Desprez Veuve & Fils, 59242 Cappelle-en-Pévèle – (FD)

² University of Natural Resources and Applied Life Sciences - Department for Agrobiotechnologies (BOKU IFA), 3430 Tulln (Autriche) – (IFA)

³ RAGT 2n, 28150 Louville La Chenard – (R2n)

⁴ Plant Research International (PRI), 3708 Wageningen (Pays-Bas) – (PRI)

⁵ Arvalis - Institut du Végétal, 31450 Baziège

⁶ INRA – LIPM, 31326 Castanet-Tolosan



Résumé: Ce projet présente une étude du déterminisme génétique chez le blé tendre de la résistance à deux maladies : la septoriose (*Zymoseptoria tritici*) et la fusariose (*Fusarium graminearum*). L'analyse est basée sur cinq populations biparentales obtenues par croisement d'un même parent sensible avec cinq parents présentant des résistances partielles pour ces maladies.

Introduction: A l'heure actuelle, seulement 18 gènes de résistance à la septoriose ont été découverts et sur une centaine de gènes/QTLs recensés de résistance à la fusariose, uniquement 3 (*Fhb1*, *Qfhs-ifa-5A*, *Fhb2*) seraient réellement utilisables dans des programmes de sélection (Buerstmayr et al., 2009). Le manque de variabilité disponible est un frein à la production de variétés durablement résistantes. Très récemment, 3 nouveaux gènes de résistance à la septoriose ont été découverts, notamment grâce au projet FSOV2008B, ainsi que 2 nouveaux gènes de résistance à la fusariose (*Fhb4* et *Fhb5*). Ces avancées récentes démontrent bien les possibilités de progrès. Ce projet a pour but d'étudier le déterminisme génétique de lignées précédemment sélectionnées pour leur résistance à la septoriose et à la fusariose (FSOV 2004).

Matériel & Méthodes

Cinq populations connectées d'haploïdes doublés (HD) de blé tendre ont été étudiées dans ce projet: les populations 08342 (FD3 x BIO4036), 08343 (FD3 x 04CYBHFU25), 08344 (FD3 x A40.22.1.2), 08346 (FD3 x BIO5019), et 08347 (FD3 x BIO719). Les lignées BIO4036, 04CYBHFU25, A40.22.1.2, BIO5019 et BIO719 avaient été précédemment sélectionnées (FSOV 2004) pour leur résistance à la fusariose et/ou à la septoriose. Les 555 lignées HD, appartenant aux cinq populations, ont été phénotypées au stade adulte sur 3 lieux en 2014 et 2015. Les tests de résistance à la septoriose au stade adulte ont été menés avec 3 isolats différents sur les sites de R2n et FD. La résistance à la fusariose des plantes a uniquement été étudiée sur les sites FD et IFA. Au PRI, des tests précoces de résistance à la septoriose ont été effectués sur les populations à l'aide de l'isolat déterminé comme le plus discriminant sur les parents. Les 5 populations ont été génotypées avec la puce SNP Axiom® 420K. Les données de phénotypage et de génotypage ont ensuite été analysées pour permettre la découverte de QTLs de résistance à la fusariose et à la septoriose. Trois méthodes d'analyse ont été comparées : une analyse de liaison population par population (package RQTL, puis Biomercator), une analyse de liaison en populations connectées (logiciel MCQTL) et une analyse de génétique d'association (modèle MLM).

Résultats / Discussion

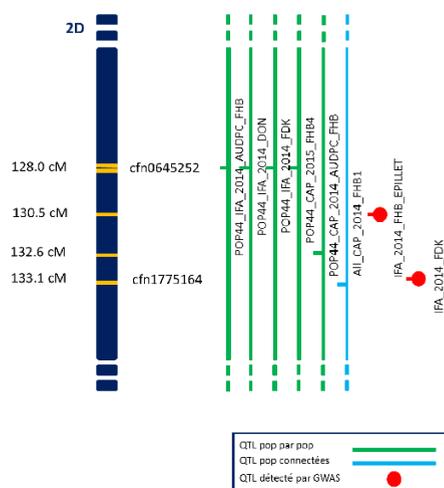
L'analyse population par population a permis la mise en évidence de 363 QTLs, dont 38 pour la résistance à la septoriose et 125 pour la résistance à la fusariose (Tableau I). Le plus faible nombre de QTLs détectés pour la septoriose s'explique par une présence importante de rouille jaune dans les essais, ne permettant pas la réalisation de l'ensemble des notations ainsi que le développement total de la septoriose sur les feuilles. La méta-analyse de ces résultats a mis en évidence 103 Méta-QTLs (MQTLs) différents regroupant jusqu'à 30 QTLs initiaux.

Tableau I : Nombre de QTLs détectés par l'analyse de liaison population par population

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

Au total, 106 QTLs distincts ont été détectés en populations connectées (dont 50 pour la résistance à la fusariose et 9 pour la résistance à la septoriose). L'analyse inter-populations a permis la détection de QTLs qui n'avaient pas été préalablement mis en évidence avec l'analyse intra-population. De plus, 623 associations marqueurs/caractères ont été mises en évidence grâce à la génétique d'association.

Une comparaison des principaux QTLs détectés par les différentes méthodes a été effectuée, permettant de souligner des régions génomiques d'intérêt. Les QTLs de résistance ne colocalisant pas avec des QTLs de développement (précocité et hauteur) s'avèrent particulièrement pertinents pour la sélection.



Au final, la comparaison des méthodes a mis en évidence 17 MQTLs de résistance « pure » pour les caractères rouille jaune, septoriose et fusariose. La figure ci-dessus représente l'un de ces MQTLs de résistance stricte à la fusariose détecté sur le chromosome 2D.

