Fsov

Fonds de Soutien à l'Obtention Végétale

Blé tendre | Blé dur | Orge | Seigle | Avoine | Triticale | Riz | Épautre

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

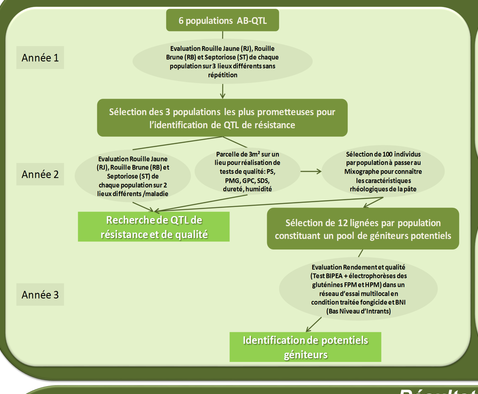
Introduction

La sélection de variétés de blé présentant un niveau de résistance élevée aux maladies est un impératif afin que les agriculteurs puissent appliquer une politique de diminution des intrants phytosanitaires. Pour ceci les sélectionneurs doivent disposer d'une vaste variabilité génétique pour la résistance et/ou la tolérance à diverses maladies. *Aegilops tauschii* est a priori un candidat idéal pour résoudre des problèmes d'insuffisance de variabilité génétique dans le blé tendre.

En 1996, Tanksley *et al.* ont élaboré une stratégie pour simultanément découvrir et transférer des QTL de 'germplasmes inadaptés' dans du matériel de sélection élite. Cette stratégie, appelée « Advanced Backcross QTL analysis » ou (AB-QTL) présente l'intérêt, par rapport à ce qui était fait auparavant, d'exploiter beaucoup plus efficacement les gènes/QTL impliqués dans les caractères quantitatifs.

Ce projet a 2 objectifs principaux. Il consiste à rechercher des QTL de caractères de résistance et de qualité à partir de 3 populations AB-QTL et à créer des géniteurs d'intérêt agronomique avec de nouvelles caractéristiques dues à la variabilité du génome D (*Ae. tauschii*).

Matériel et Méthodes



Phénotypage

- Phénotypage RJ et RB en pépinières inoculées sans répétition
- Phénotypage ST en condition naturelle sans répétition → Calcul d'AUDPC
- Tests de qualité (PMG, PS, GPC, dureté, SDS, mixographe puis alvéographe et panification)
- Evaluation rendement dans 2 réseaux d'essais multilocaux en modalité traitée fongicide sans répétition et en modalité BNI avec 2 répétitions

Génotypage des 3 populations

- Utilisation de 960 marqueurs SNP développés dans le cadre du projet DIGITAL

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

Résultats

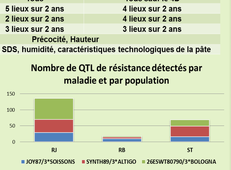
Recherche de QTL de résistance et de qualité

Génotypage et Phénotypage

	Populations		
	JOY87/3*SOISSONS	SYNTH89/3*ALTIGO	26ESWT80790/3*BOLOGNA
Nb d'individus génotypés	273	162	254
Nb de marqueurs polymorphes	350	493	302
Nb de marqueurs cartographiés	350	493	301
Couverture de la carte génétique	836 cM	1 145 cM	645 cM
Chromosomes cartographiés	Tous sauf le 4D	Tous	Tous sauf le 4D
Nb d'environnements d'évaluation RJ	6 lieux sur 2 ans	5 lieux sur 2 ans	4 lieux sur 2 ans
Nb d'environnements d'évaluation RB	3 lieux sur 2 ans	2 lieux sur 2 ans	4 lieux sur 2 ans
Nb d'environnement d'évaluation ST	2 lieux sur 1 années	3 lieux sur 2 ans	3 lieux sur 2 ans
Caractères morphologiques mesurées	Précocité, Hauteur		
Caractères "qualité" mesurés sur un lieu et sur une seule année	PS, PMG, dureté, GPC, SDS, humidité, caractéristiques technologiques de la pâte		

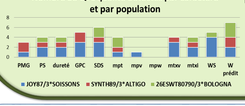
QTL de résistance identifiés

- 224 QTL de résistance identifiés
- 12 régions chromosomiques stables selon les environnements et non liées à la précocité ou à la hauteur
- 5 QTL candidats pour une utilisation en Sélection Assistée par Marqueurs
  - 2 QTL de résistance à la RJ validés sur les chromosomes 2A et 2B (lien avec le projet FSOV 2012 O)
  - 1 QTL de résistance à la RJ sur le chromosome 6B
  - 1 QTL de résistance à la ST sur le chromosome 5B
  - 1 QTL de résistance à la RB sur le chromosome 1D

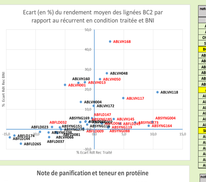


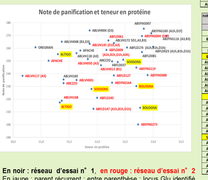
QTL de caractères technologiques

- 47 QTL de qualité et de caractères technologiques identifiés dont :
  - 1 QTL expliquant 46% de la dureté sur le 5D (cohérent avec la localisation du gène Ha) et aussi 23% du SDS et 10% du W prédit (sur une population)
  - 3 QTL présents sur 2 populations (pour le SDS sur le 6A, pour le mbi 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



Caractérisation de potentiels géniteurs





En noir : réseau d'essai n° 1, en rouge : réseau d'essai n° 2
En jaune : parent récurrent ; entre parenthèse : locus Glu identifié par électrophorèse différent du récurrent ; h=het, f= faible densité.

ABLVHxxx : lignée issue pop Afligo
ABFLDxxx : lignée issue pop Soissons
ABSYNGxxx : lignée issue pop Bologna

notes maladie modéliné BNI (Niveau 1) : 1= résistant et 9= Sensible				
lignée	RJ	RB	ST	Fusa
APACHE	1,0	1,0	1,5	N/A
ARCHIMEDE	1,0	1,0	1,5	N/A
CPROBUS	1,0	1,0	4,5	N/A
SOLEMIO	1,0	1,0	4,5	N/A
BOLOGNA	1,0	4,5	4,5	2,0
ABSYNG004	1,0	8,0	1,5	4,0
ABSYNG008	1,0	1,0	1,5	4,0
ABSYNG114	1,0	1,0	1,5	4,0
ABSYNG116	1,0	1,0	1,5	4,0
ABSYNG148	1,0	1,0	1,5	4,0
ABSYNG279	1,5	1,5	2,0	1,0
ACTIBO	4,0	1,0	4,5	4,0
ABLVH001	1,5	1,0	1,5	1,0
ABLVH002	1,5	1,0	1,5	1,0
ABLVH003	1,5	1,0	1,5	1,0
ABLVH117	1,0	1,0	2,0	1,0
ABLVH149	4,0	1,5	1,5	1,0
ABLVH168	1,0	1,5	1,5	1,0
SOYSSON	1,5	1,5	1,5	2,0
ABFLD003	1,0	1,0	1,5	1,0
ABFLD004	1,5	1,0	1,5	1,0
ABFLD005	1,5	1,0	1,5	1,0
ABFLD127	1,5	1,5	1,5	1,0
ABFLD147	1,5	1,0	1,5	1,0
ABFLD149	1,5	1,5	1,5	1,0

notes maladie modéliné BNI (Niveau 1) : 1= résistant et 9= Sensible				
lignée	RJ	RB	ST	Fusa
ARQUEO	1,0	1,0	1,5	1,0
ABFLD002	1,0	1,0	1,5	1,0
ABFLD118	1,0	1,0	1,5	1,0
ABFLD002	1,5	1,0	1,5	1,0
ABFLD003	1,5	4,5	4,5	2,5
ABSYNG007	1,0	4,5	1,5	1,5
ABSYNG015	1,0	1,5	1,5	1,0
ABSYNG015	1,0	1,7	1,5	1,5
ABSYNG016	1,0	1,0	1,5	1,0
ABSYNG024	1,0	1,0	1,5	1,0
ABSYNG275	1,0	5,0	1,5	1,0
ACTIBO	1,5	1,0	1,5	1,0
ABLVH006	1,0	1,0	1,5	1,0
ABLVH008	1,0	1,0	1,5	1,0
ABLVH009	1,5	1,5	1,5	1,0
ABLVH118	1,5	1,7	1,5	1,0
ABLVH130	2,0	1,0	1,5	1,0
ABLVH170	2,0	1,0	1,5	1,0
ABFLD170	1,0	1,0	1,5	1,0
ABFLD171	1,0	1,0	1,5	1,0
ABFLD137	1,0	1,0	1,5	1,0
ABFLD138	1,0	1,0	1,5	1,0
ABFLD140	1,0	1,0	1,5	1,0
ABFLD176	1,0	1,0	1,5	1,0
ABFLD201	1,0	1,5	1,5	1,0

Notes maladies en conditions naturelles

Conclusions et perspectives

- Cinq QTL intéressants liés à des résistances aux maladies ont pu être identifiés, dont 2 avaient également été identifiés dans le projet FSOV 2012 O
  →Parmi les 36 potentiels géniteurs, une lignée, ABFLD127, possède ces 5 QTL de résistance
- Cinq QTL intéressants liés à la qualité ont pu être identifiés dont un en cohérence avec la localisation du gène Ha
- Mise en évidence de lignées pouvant égaler les témoins CTPS du moment avec un réel gain sur la résistance à une ou plusieurs maladies du feuillage sans altération de leur qualité de pâte et de panification

→ Identification de lignées rapidement exploitables dans nos programmes de sélection en s'appuyant sur la SAM