

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

**DUCHALAIS Laure**

PARTENAIRES:

- GIE RGC



- UNISIGMA

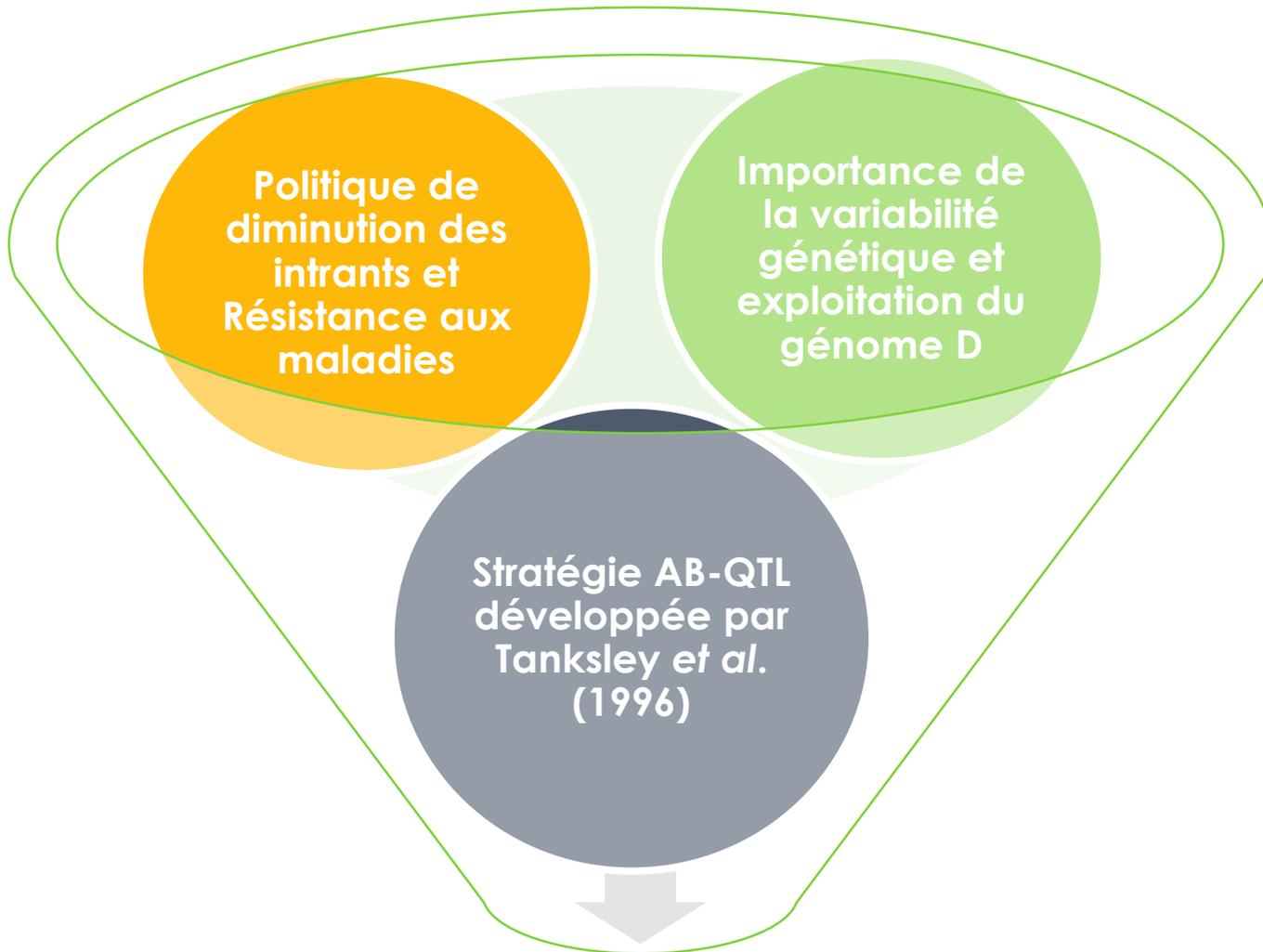


- INRA GDEC

- 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

6 populations AB-QTL

Année 1

Evaluation Rouille Jaune (RJ), Rouille Brune (RB) et Septoriose (ST) de chaque population sur 3 lieux différents sans répétition

Sélection des 3 populations les plus prometteuses pour l'identification de QTL de résistance

Année 2

Evaluation Rouille Jaune (RJ), Rouille Brune (RB) et Septoriose (ST) de chaque population sur 2 lieux différents /maladie

Parcelle de 3m<sup>2</sup> sur un lieu pour réalisation de tests de qualité: PS, PMG, GPC, SDS, dureté, humidité

Sélection de 100 individus par population à passer au Mixographe pour connaître les caractéristiques rhéologiques de la pâte

Recherche de QTL de résistance et de qualité

Sélection de 12 lignées par population constituant un pool de géniteurs potentiels

Année 3

Evaluation Rendement et qualité (Test BIPEA + électrophorèses des gluténines FPM et HPM) dans un réseau d'essai multilocal en condition traitée fongicide et BNI (Bas Niveau d'Intrants)

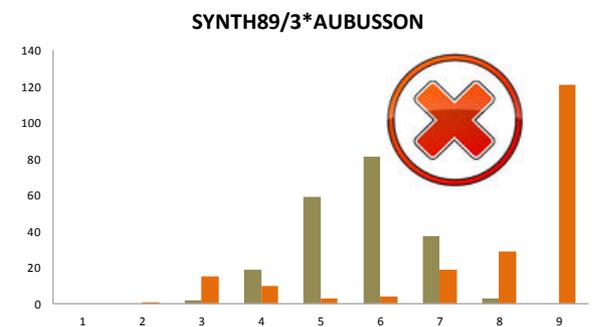
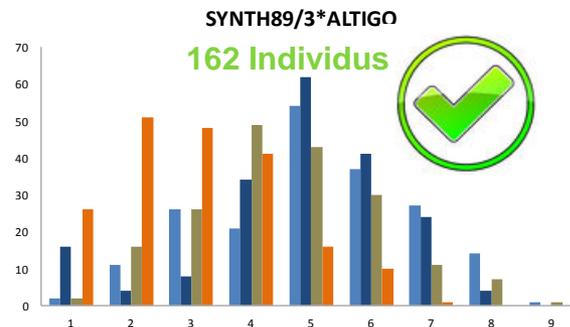
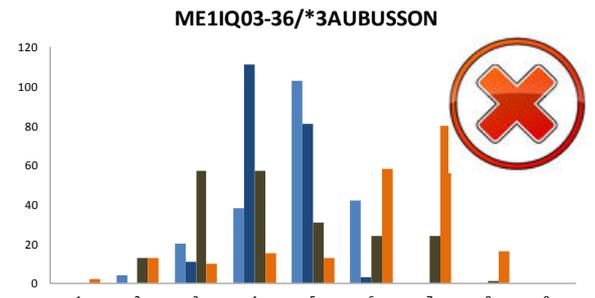
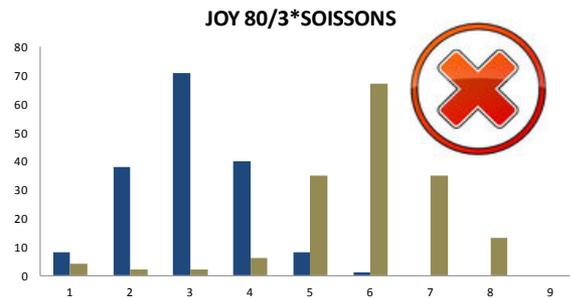
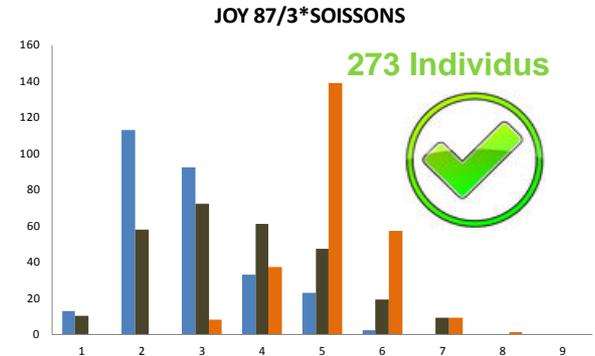
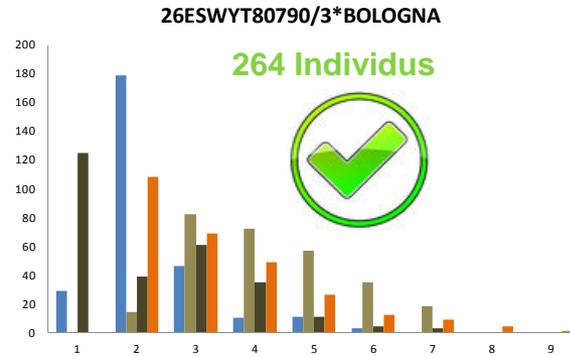
Identification de potentiels géniteurs

# SÉLECTION DES 3 POPULATIONS LES PLUS PROMETTEUSES (ANNÉE 1)

- Chaque population a été implantée dans 3 sites différents en 2 lignes de pépinière sans répétition
  - 1 lieu inoculé Rouille Jaune (RJ)
  - 1 lieu inoculé Rouille Brune (RB)
  - 1 lieu en contamination naturelle pour la Septoriose

- 2 ou 3 notes globales réalisées sur chaque site en fonction de l'intensité des différentes pressions maladies
  - Calculs d'AUDPC

- Notations de précocité, hauteur et homogénéité



Distribution des AUDPC 2012/2013 maladies des 6 populations de départ

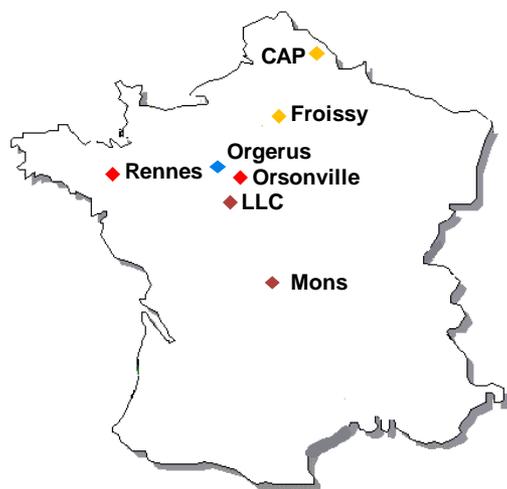
- RJ– Mons (63)
- RB– Mons (63)
- RJ– Cappelle en Pévèle (59)
- Septoriose
- RB – Louville la Chenard (28)

# 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 3m<sup>2</sup> 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 cartographier par **Composite Interval Mapping**
- **Méta-analyse** manuelle

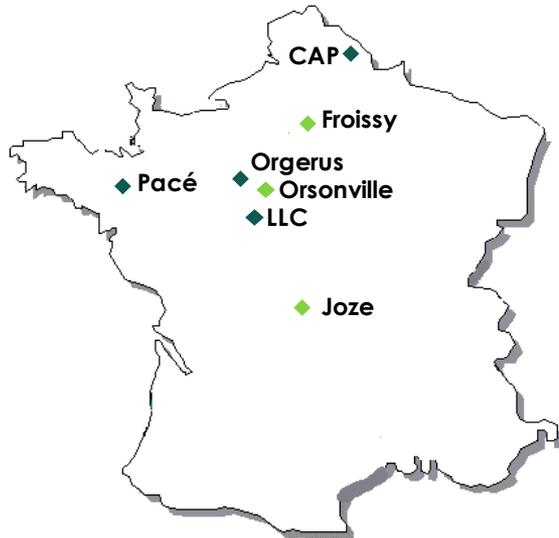
# MATÉRIEL ET MÉTHODES

## 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
  - Traitée 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		
JOY87/3*SOISSONS	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

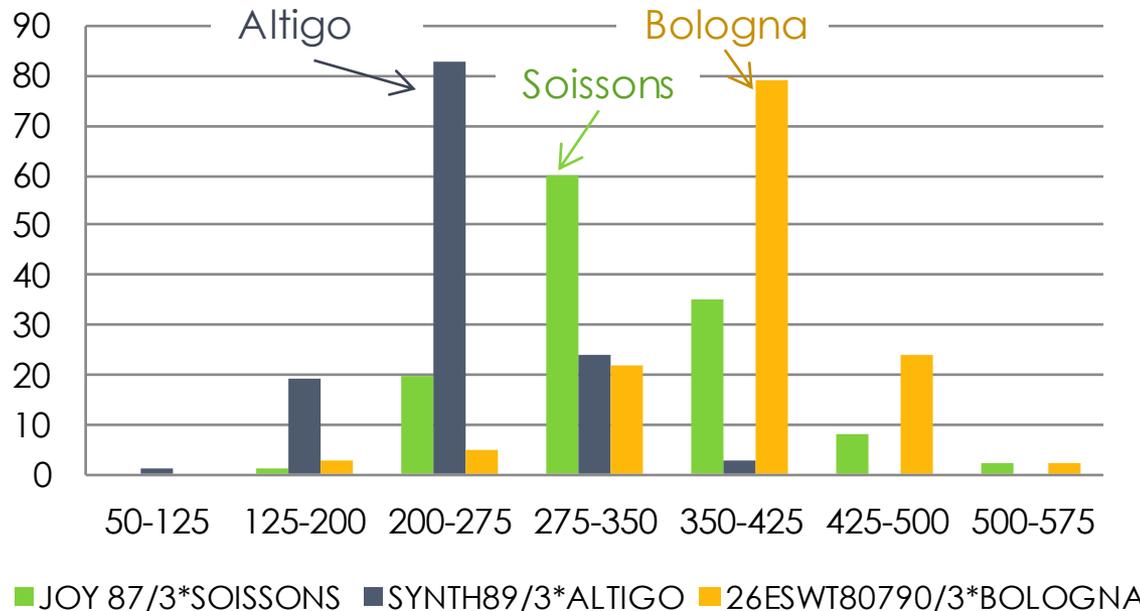
# RÉSULTATS

## 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



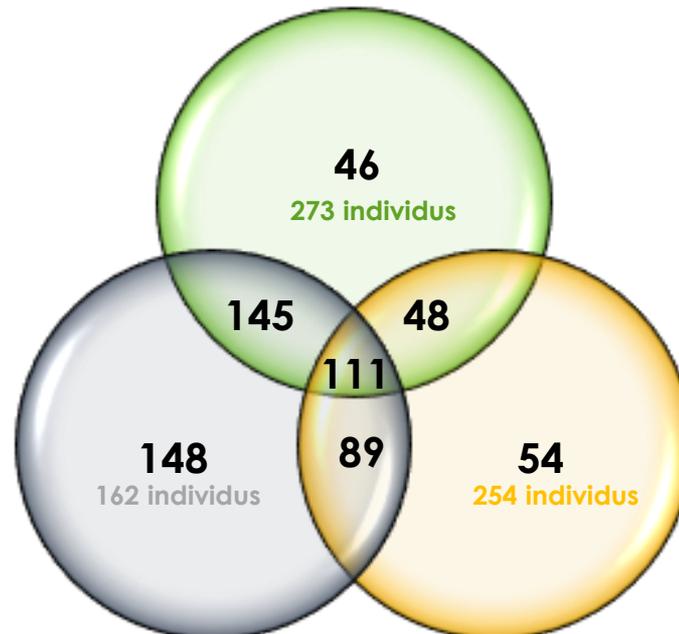
Distribution du caractère W dans les 3 populations

# 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



Distribution des SNP au sein des 3 populations

# RÉSULTATS

## RECHERCHE DE QTL DE RÉSISTANCE ET DE QUALITÉ

### Cartographie génétique

#### ○ Couvertures génétiques

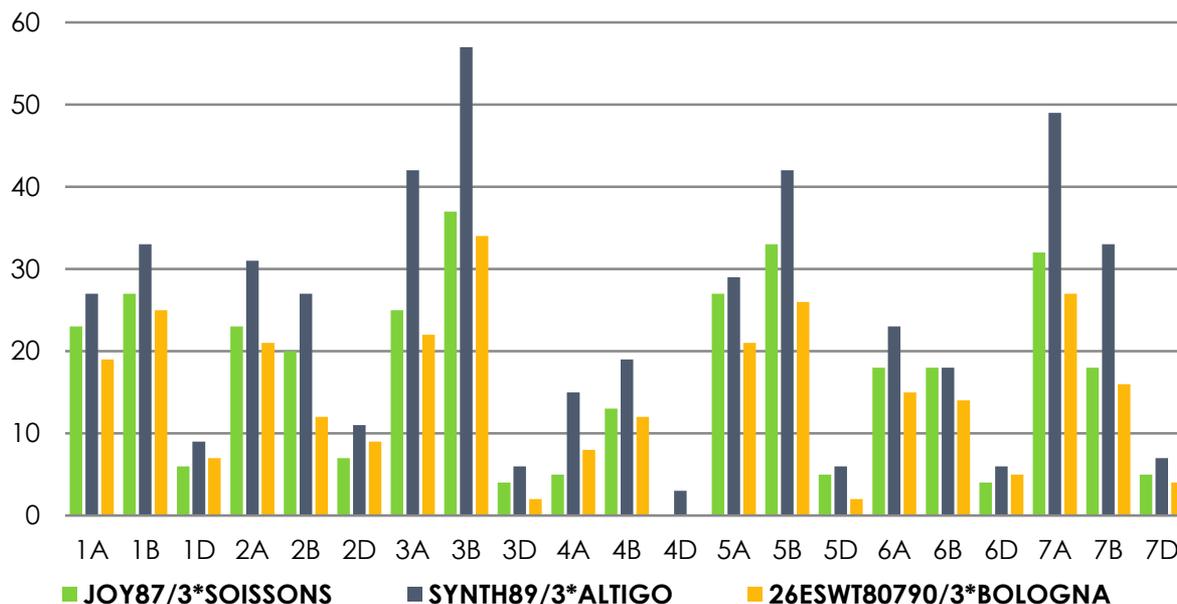
- JOY87/3\*SOISSONS : 836 cM
- SYNTH89/3\*ALTIGO : 1 145 cM
- 26ESWT80790/3\*BOLOGNA : 645 cM

#### ○ Répartition des marqueurs

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

#### ○ Densité de marqueurs

- Un marqueurs tous les 2,1 à 2,4 cM



Nombre de Marqueurs cartographiés par chromosome et par population

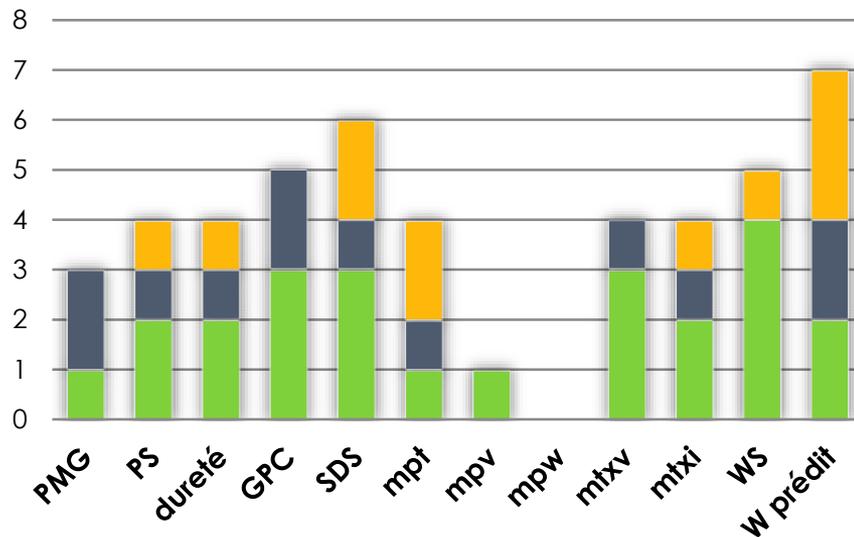
# RÉSULTATS

## RECHERCHE DE QTL DE RÉSISTANCE ET DE QUALITÉ

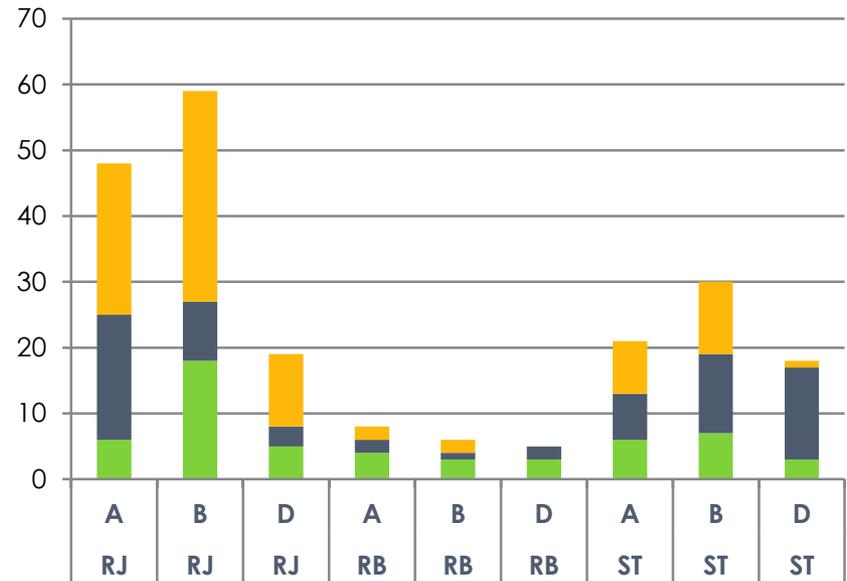
### Analyse de liaison

#### ○ 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



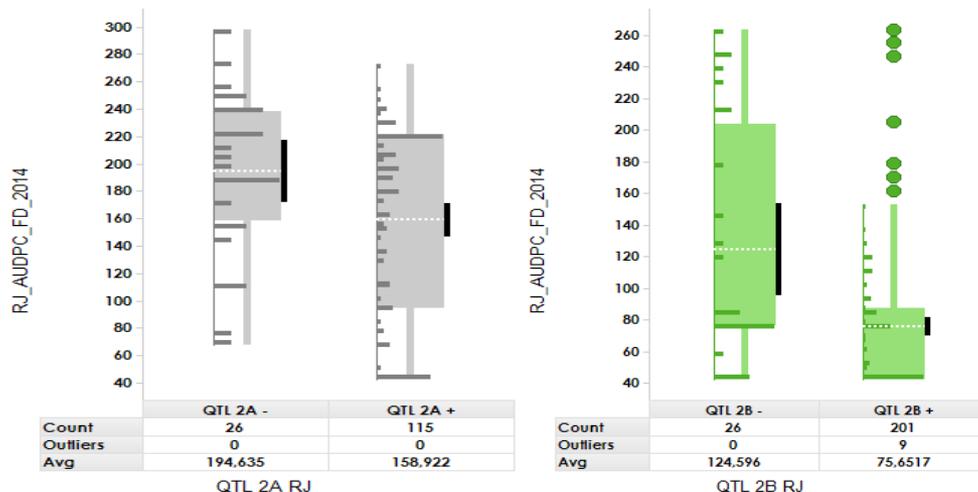
# RÉSULTATS

## 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**



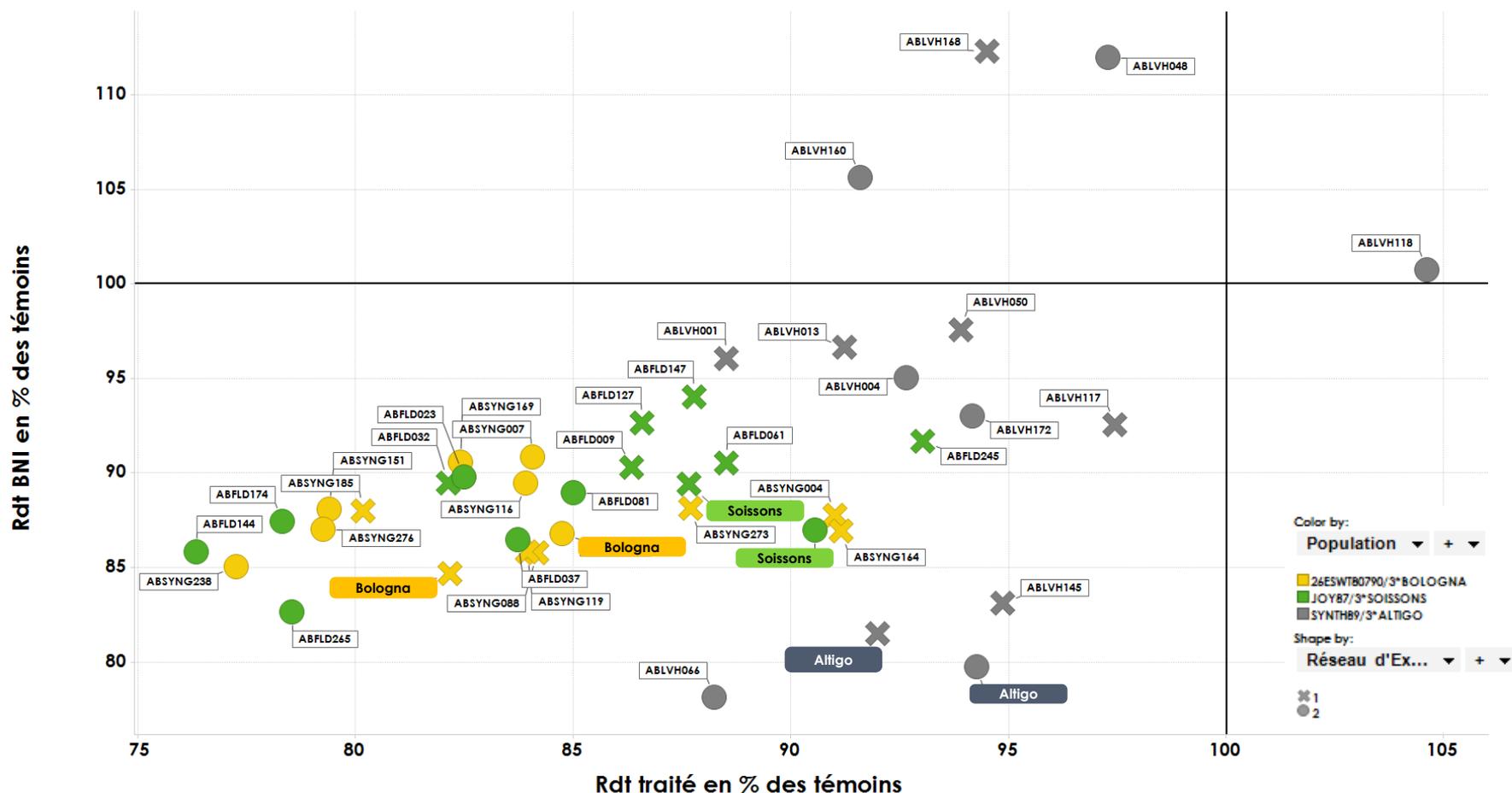
Exemples d'expression des QTL 2A et 2B de résistance à la rouille jaune dans leur population de détection

#### 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 mtxi 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



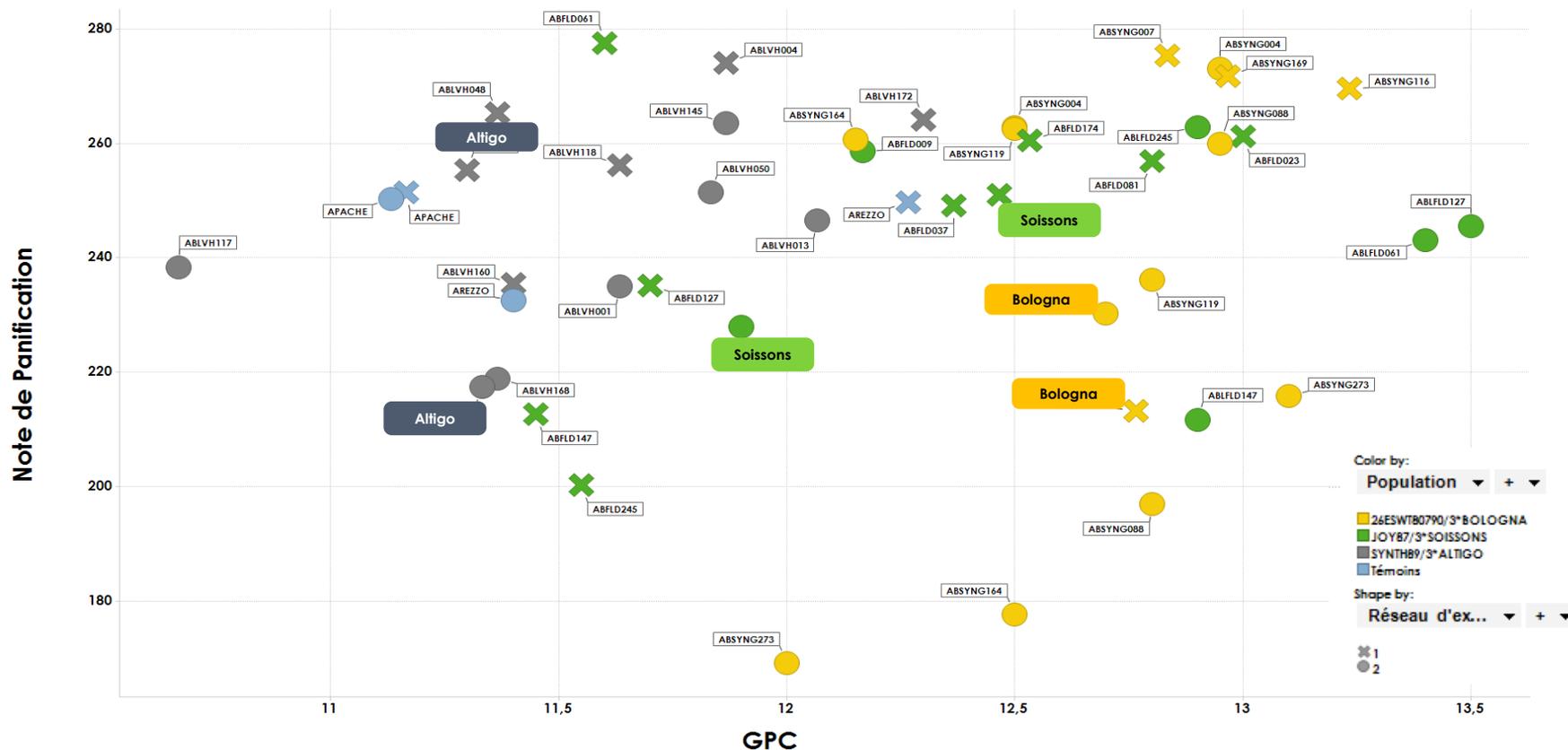
Rendement en condition traitée vs Rendement en condition BNI

- o Amélioration nette du rendement en condition BNI par rapport aux parents récurrents et même aux témoins CTPS pour quelques lignées issues d'Altigo
- o 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



# RÉSULTATS – IDENTIFICATION DE POTENTIELS GÉNITEURS

## Potentiel Qualité



Note de panification et teneur en protéines

Notes de panification des lignées BC2 en général équivalentes voire meilleures que les parents récurrents



Introgression des gènes de lignées exotiques dans le fond élite ne semble pas avoir altéré la qualité des pâtes et de panification

# 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

# 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