

FsoV



# Identification de nouvelles résistance à la jaunisse nanisante et à son vecteur, *Rhopalosiphum padi*, chez le blé

Valérie LAURENT / Florimond Desprez



# Contexte et Objectifs

- Jaunisse nanisante de l'orge
  - Pertes de rendement conséquentes en blé d'hiver ( jusqu'à 30 qx/ha)
  - Fin d'autorisation des néonicotinoïdes
  - Gènes de résistance peu utilisés
  - Phénotypage difficile en blé
- Projet
  - Identifier des résistances au BYDV et des tolérances au puceron *R. padi*
  - Rechercher des QTL de résistance par génétique d'association
  - Cumuler résistance au virus et tolérance à son vecteur dans des génotypes élites



# Jaunisse nanisante de l'orge

- 4 gènes de résistance

- *bdv1*                      7DS      blé tendre Anza
- *bdv2* (TC14)            7DL      *Thinopyrum intermedium* 7Ai#1
- *bdv3* (P29)            7DL      *Thinopyrum intermedium* 7E
- *bdv4*                      2D        *Thinopyrum intermedium* 2Ai-2

# Tolérance au puceron *R. padi*

- 4 QTL de tolérance

- *T. turgidum ssp. dicoccoides*            =>      3 QTL: 4BL, 5AL, 5BL
- Triticales Panda et presto            =>      1 QTL : 1RS



# Matériel

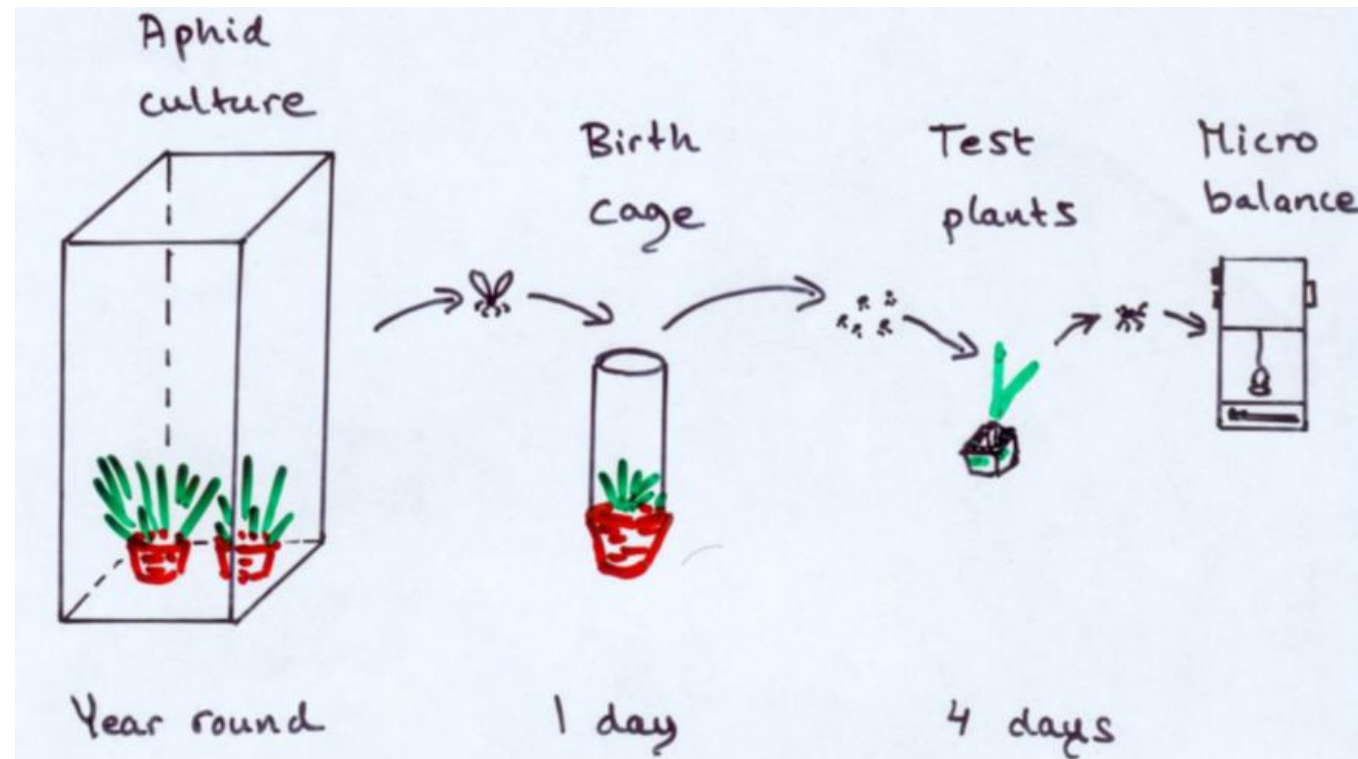
- 682 lignés issues des panels BreedWheat WP3 et WP2
- 18 génotypes porteurs de la translocation chromosomique 1B/1RS
- 3 receveurs élites : Mutic, RGTReform et Ceylon
- Génotypage avec la puce TaBW420K



# Phénotypage de la tolérance au puceron *R. padi*

- 2 témoins: un sensible, LinaR, et un tolérant, Hsp5
- 2 notes: poids de pucerons du génotype / poids de pucerons des témoins  
=> Un génotype tolérant minimise les 2 notes

! Très chronophage: 22 génotypes testés par semaine !



# Phénotypage de la résistance à la jaunisse nanisante

- En infestation naturelle au champs
  - Semis précoce
- En infestation contrôlée
  - Semis en serre
  - Inoculation de 5 pucerons / plante
  - Vernalisation
  - Repiquage en serre insect-proof

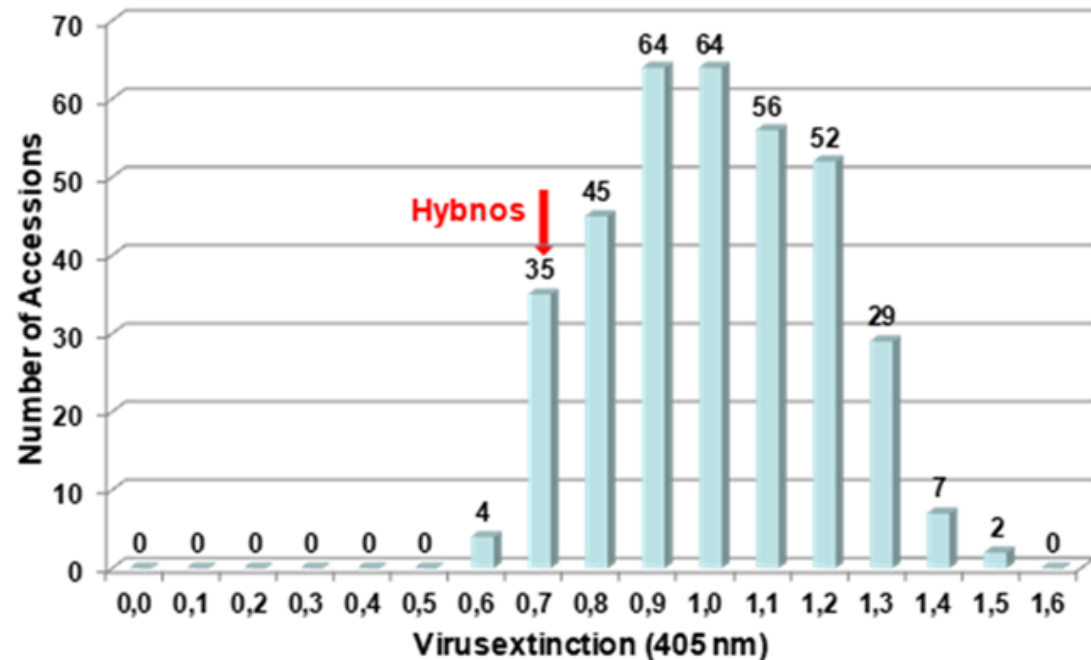
=> Note de 1 (résistant) à 9 (sensible)



# Phénotypage de la résistance à la jaunisse nanisante

- Mesure DAS-Elisa de la teneur en virus six semaines après inoculation

=> Mesure de l'extinction du virus (EX) à 405nm

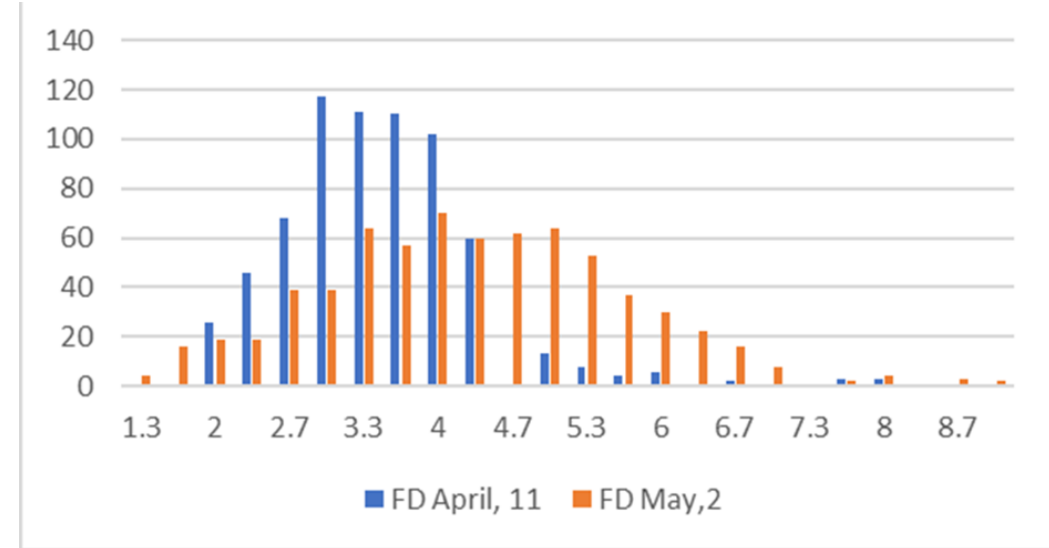
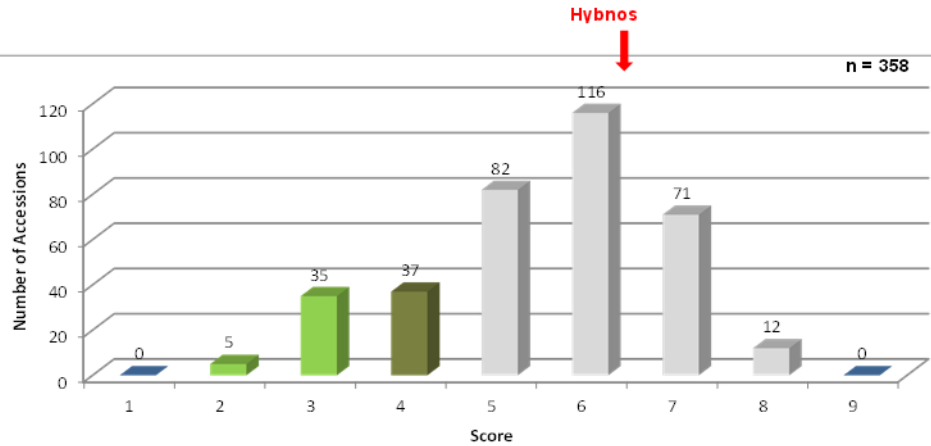


=> Taux d'infection (IR) = pourcentage de plantes avec EX>0.5

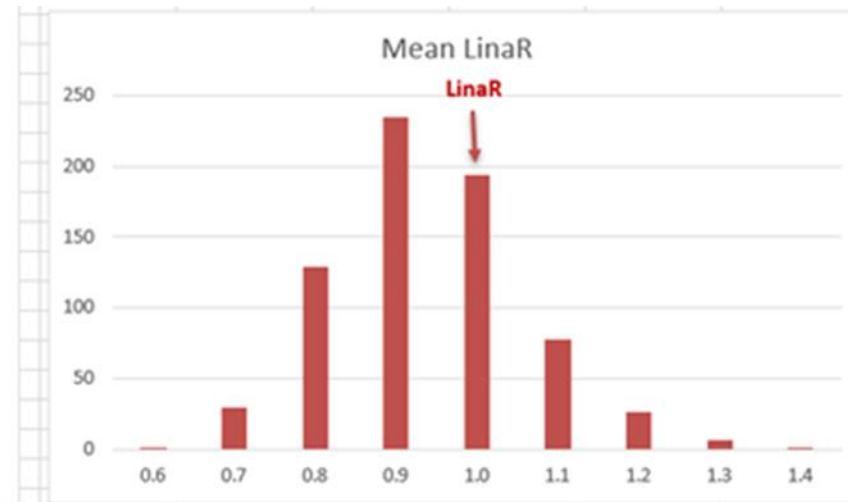
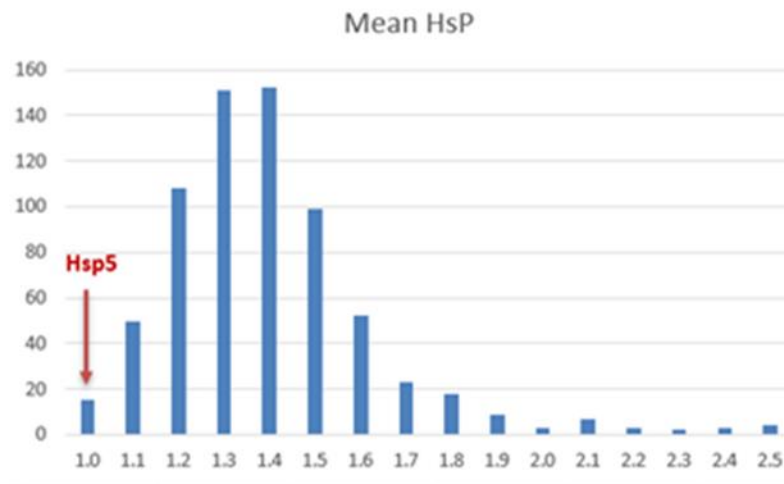


# Phénotypage du panel

- Résistance à la jaunisse phénotypés aux champs les années 1 et 2 en Allemagne et en France



- Tolérance à *R. padi*





# Corrélation notes

- Absence de corrélation entre lieux et années

Corrélation notes	FD2017	JKI2017	Virus2017	FD2018 April	FD2018 May	JKI2018 May	JKI2018 June	virus 30' 2018	Poids pucerons/LinaR
JKI2017	0.020								
Virus2017		0.167							
FD2018 April	-0.070	0.300							
FD2018 May,	0.327	-0.045		0.242					
JKI2018 May	0.023	0.025		-0.122	0.053				
JKI2018 June	-0.115	0.052		-0.087	-0.050	0.594			
virus 30' 2018			0.086			-0.032	-0.154		
virus 60' 2018			0.039			-0.051	-0.145	0.945	
Poids pucerons/HSP									0.635

- Absence de corrélation entre note de résistance à la jaunisse et titre de virus



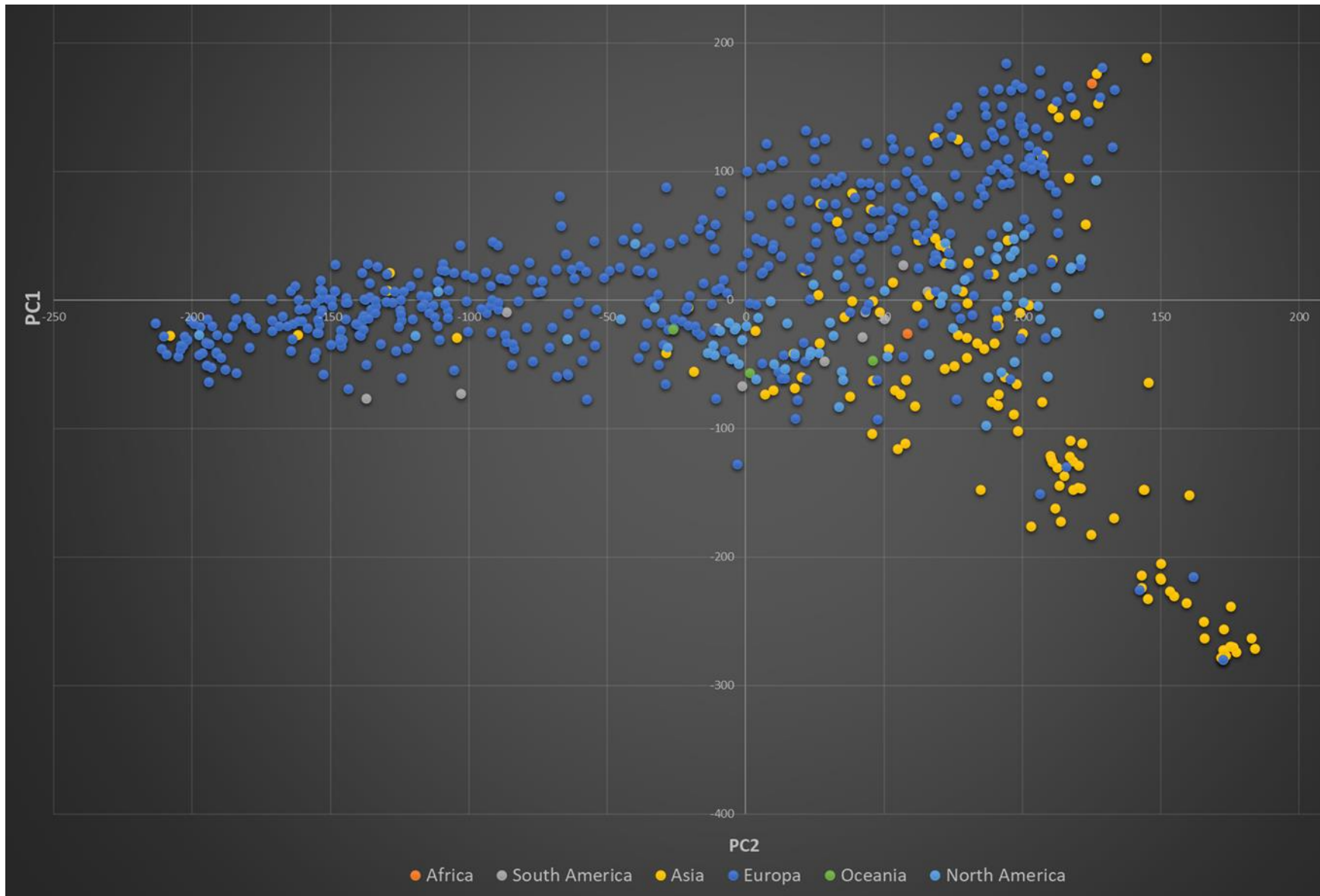
# Analyse d'association

## Package R GAPIT

- Prise en compte de la structure (ACP)  
de l'apparentement (KINSHIP)
- Correction de Bonferroni (162 723 SNP)
- Seuil de significativité : False Discovery Rate 0.05



# GWAS Structure - ACP du panel



- Jaunisse nanisante : 7 MTA

Trait	SNP	Chrom	position	FDR adjusted Pvalue	effet	allèles favorable
<u>FD17</u>	cfn3605518	7DS	47379368	0.009423	-0.33	T
	cfn0942021	7DS	47418481	0.031404	-0.3	G
	cfn3616466	7DS	49634722	0.016204	-0.32	A
	cfn0942454	7DS	49873100	0.018507	-0.31	A
<u>FD18 avril</u>	cfn0824089	5D	466230373	0.010911	-0.4	A
	cfn0432307	5B	573808466	0.030975	-0.31	T
<u>JKI17</u>	cfn0691526	3B	289595455	0.000282	-0.62	G
	cfn0217220	2AL	424505257	0.000825	-0.61	G
	cfn2416298	4BL	642947963	0.000825	-0.61	A
	cfn0179114	1AL	406602404	0.000866	-0.6	C

- Pas de MTA pour la tolérance à *R. padi*



# Génotypes les plus résistants à la jaunisse nanisante et à *R. padi*

	2017		2018				% padiS	% padiR
	fd17	JKI17	FD April	FD May	JKI May	JKI June		
Agror	6	-	3.7	4.7	6	5	68	98
Akmolinka	7	-	4.3	5.3	6.5	6	64	90
Djamin	6	-	4.3	4.3	5	5.5	62	109
Domaca	7	-	2.7	6.7	-	-	77	90
Batkan K	5	-	2.7	4.3	-	-	76	89
TC14.1.24.6	2	-	2	1.7	6	6	75	155
Caldwell	2	4.7	3	2	5	5.5	100	143
P29	2	5.5	3.3	2	6	6	120	217
Pesma	2	4.8	3.3	3	4.5	5	99	179
Swm89y165h	3	4.2	3.7	3.3	5	6	102	147
Giza-Gabo	3	-	4.7	3.3	5	5	90	125
Lunshja	3	-	4	2.3	6	6	105	123
Akasa bi S	5	2.0	4	4	6	6	88	139



# Cumul des résistances dans les élites

- Donneurs

5 padi tolérants:

Agror, Akmolinka, Djamin en 2017

Domaca et Batkan Krasnaya en 2018

8 BYDV résistants:

TC14, Caldwell, Pesma, P29 en 2017

Giza/Gabo, Lushnja, Akasabi S., SWM89Y165H en 2018

- Croisements

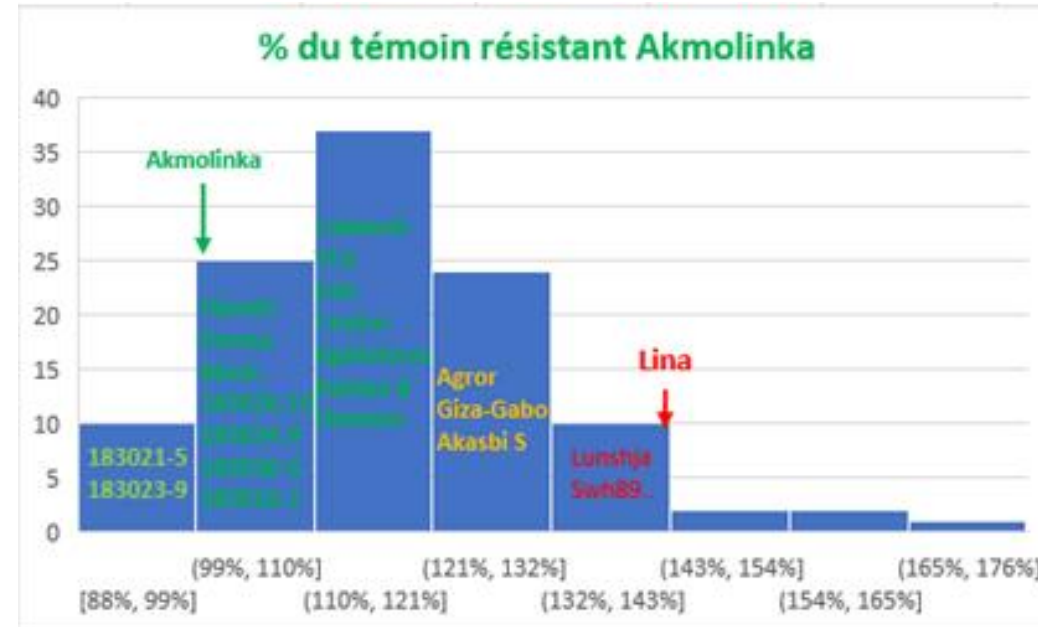
6 (bydvR1 x bydvR1) x padiR1

	RGTReform	Ceylon	Mutic
(elite x bydvR1) x padiR1	12	3	12
+ (élite x padiR1) x bydvR2	9	11	12
(bydvR1 x bydvR1) x elite	1	1	1
(elite x bydvR1) x bydvR2	2		



# Caractérisation des descendance

- Tolérance à *R. padi*



descendance les plus tolérantes

3 avec Agror

2 avec Akmolinka

1 avec Djamin

Descendance	Croisement
183023-9	Akmolinka x (P29 x Mutic)
183026-10	Akmolinka x (Mutic X Pasma)
183021-5	Agror x (Mutic x Caldwell)
183024-9	Agror x (P29 x Mutic)
183030-4	Agror x (TC14 x Mutic)
183016-2	(RGTReform x Pasma) x Djamin

# Caractérisation des descendance

- Résistance à la jaunisse nanisante

- 5 descendants avec une teneur en virus inférieure à TC14
- 4 ont P29 (*bdv3*) comme parent
- 3 ont TC14 (*bdv2*)
- 2 ont à la fois TC14 et P29

Wf183024-2 : Agror x(P29 x Mutic)

Wf183024-11: Agror x(P29 x Mutic)

Wf183034-12 : (TC14 x P29) X Djamin

Wf183033-11 : (TC14 x P29) x Agror

Wf183029-10 : Akmolinka x (TC14 x Mutic)





# Conclusions

- Des marqueurs KASP ont été définis pour les MTA identifiés
  - Définition d'un profil des croisements les plus résistants
    - Agror pour la tolérance au puceron
    - P29 et TC14 pour la résistance à la jaunisse
  - Les descendances produites ont été remises aux partenaires
  - Le phénotypage de la résistance au BYDV du blé reste compliqué sans utiliser systématiquement l'analyse Elisa
- => Les efforts doivent être poursuivis pour définir un protocole de phénotypage efficace



# Contributeurs

- Julius Kuehn Institute

- Antje Habekuß
- Torsten Will

- Florimond Desprez

- Valérie Laurent
- Denis Beghin
- Pierre Devaux
- Aurélie EVRARD

- Swedish University of Agricultural Sciences

- Inger Åhman
- Vehbo Hot





merci