

FsoV

INRAE

Institut
de Gènes

JKI
Julius Kühn-Institut

CETAC

SECOBRA
recherches

SEMENCES
Lemaire Deffontaines
SÉLECTIONNEUR - OBTENTEUR

Lidea
FRESH IDEAS FOR AGRICULTURE

KWS

DSV

ASUR
plant. breeding

08/04/2024

DéLiBeRe JNO: Développement de Lignées de Blé adaptées et Résistantes à la Jaunisse Nanisante

Edouard PENEZ



Jaunisse Nanisante sur Blé (BYDV)



Maladie virale présente chez les céréales (Blé, Orge et Avoine)

Virus BYDV : Barley Yellow Dwarf Virus

Vecteur : Pucerons (*Rhopalosiphum padi* et *Sitobion avenae*)

Perte de rendement de 30 à 80%

Rhopalosiphum padi et
Sitobion avenae



Sources de gènes connus

- Gènes de résistance présent dans 2 espèces sauvages:
 - ✓ *Thinopyrum intermedium*
 - ✓ *Agropyron cristatum*
- 4 gènes de résistances connus

| Gène | Source | Variété | Chromosome | NB |
|--------------|---|--------------------------------------|------------|--------------------------------|
| <i>Bydv1</i> | <i>Triticum aestivum</i> cv. « Frontana » | Anza | 7D | Tolérance, polygénique |
| <i>Bydv2</i> | <i>Thinopyrum intermedium</i> | TC14, Mackellar, Glover | 7A | Ph1b délétion |
| <i>Bydv3</i> | <i>Thinopyrum intermedium</i> | P29, P107, P98134, P961341 | Groupe 7 | Tolérance, résistance au champ |
| <i>Bydv4</i> | <i>Thinopyrum intermedium</i> | Zhong4, Zhong 5, Z1, Z2,Z6 Linkang11 | | Tolérance |



Objectif du projet DéLiBéRé JNO

- Caractériser par phénotypage les ressources génétiques (Labo/Champs)
- Développer du matériel végétal original résistant à la JNO avec des introgressions de taille réduite (gène *ph1*)
- Caractérisation phénotypique (Labo/Champs) et moléculaire (taille et position des introgressions) du matériel créé



Objectif du projet DéLiBéRé JNO

- **Caractériser par phénotypage les ressources génétiques (Labo/Champs)**
- Développer du matériel végétal original résistant à la JNO avec des introgressions de taille réduite (gène *ph1*)
- Caractérisation phénotypique (Labo/Champs) et moléculaire (taille et position des introgressions) du matériel créé



Caractérisation des ressources génétiques (Labo)

- Phénotypage en conditions contrôlées (JKI) :
 - 30 accessions testées
 - Virus BYDV (souche PAV)
 - Résistance / tolérance au virus quantifiée par le titre du virus, par Test ELISA
 - Tolérance dans les variétés :
 - ✓ Mackellar (*Bydv2*)
 - ✓ Glover (*Bydv2*)
 - ✓ P961341 (*Bydv3*)
 - ✓ P29 (*Bydv3*)
 - ✓ Zhong 4 (*Bydv4*)

| Génotype | Res (ELISA) |
|---------------------------|-------------|
| MacKellar | 0,34 |
| P 9613 41 | 0,59 |
| Glover | 0,72 |
| Zhong 4 | 0,72 |
| Frontana Nr. 568 | 0,89 |
| Spinebill | 0,91 |
| Milan 1 | 0,98 |
| 89 Zhong 2 | 0,98 |
| P 29 | 0,98 |
| Anza Lr 37Yr17 Sr 38 | 1,03 |
| Anza 5 | 1,03 |
| or Selection P44 (breitbl | 1,05 |
| Milan | 1,05 |
| Frontana 2 | 1,06 |
| Edgar | 1,09 |
| IR 38 | 1,09 |
| Frontana 3 | 1,12 |
| 682-L-1Y-1M-3Y-100B-50 | 1,12 |
| Anza 1 | 1,13 |
| Anza 2 | 1,16 |
| Lira (Sommertyp) | 1,21 |
| s. schmaler gelber Rand | 1,21 |
| Zhong 7725 | 1,21 |
| Siren | 1,22 |
| CM 406-10-25Y-4M-1Y-1M | 1,29 |
| Hybnos | 1,33 |
| Condor 2 | 1,34 |
| Anza 4 | 1,42 |
| Condor 3 | 1,47 |
| Anza 3 | 1,60 |



Caractérisation des ressources génétiques (Champs)

- Phénotypage aux champs 2020 (CETAC) :
 - ✓ 109 accessions évaluées
 - ✓ 3 lieux d'expérimentation
 - ✓ 1 répétition par lieu (2 lignes de 1,5m)
 - ✓ Très bon niveau d'infestation



| Variétés | Moy Note 1 | Moy Note 2 |
|------------------|------------|------------|
| AUS 11955 | 1,5 | 1,2 |
| ZHONG 4 | 1,0 | 2,0 |
| CPI 147233b | 1,8 | 2,0 |
| CPI 147251b | 2,8 | 2,5 |
| CPI 147242b | 1,8 | 2,7 |
| CPI 147236a | 2,3 | 2,7 |
| OK7211542 | 2,3 | 3,0 |
| CPI 147239b | 1,7 | 3,2 |
| AUS 6770 | 2,7 | 3,2 |
| CPI 147247a | 1,7 | 3,3 |
| CPI 147280b | 2,3 | 3,5 |
| CPI 147232 a/b | 2,2 | 3,7 |
| CPI 147238b | 2,3 | 3,7 |
| RGT Wolverine | 2,0 | 3,8 |
| CPI 147234b | 1,7 | 3,8 |
| CPI 147231b | 2,3 | 3,8 |
| CPI 147250a | 3,2 | 4,5 |
| AABBVV | 4,0 | 4,7 |
| P29 | 3,2 | 5,3 |
| P961341 | 6,3 | 7,2 |
| GLOVER | 6,0 | 7,5 |
| MACKELLAR | 6,5 | 8,0 |
| Precoce du Japon | 8,0 | 8,7 |
| GAW.30A-4 | 8,2 | 8,7 |
| Toluca.50 | 8,2 | 8,7 |
| Ts'ao Yuan 2 | 8,2 | 8,7 |
| NW69A | 8,3 | 8,7 |
| GAW.26-1 | 8,5 | 8,7 |
| GAW.40-3 | 8,5 | 8,7 |
| Hayato Komugi | 8,5 | 8,7 |
| CPI 147257b | 6,0 | 8,8 |
| FAO.33.316 | 8,8 | 8,8 |
| I.BO.1828 | 8,5 | 8,8 |



Caractérisation des ressources génétiques (Champs)

- Phénotypage aux champs 2020 (CETAC) :
 - ✓ 109 accessions évaluées
 - ✓ 3 lieux d'expérimentation
 - ✓ 1 répétition par lieu (2 lignes de 1,5m)
 - ✓ Très bon niveau d'infestation
- A retenir :
 - ✓ 15 accessions intéressantes (Fond Vert)
 - ✓ Confirmation des tolérances observées (JKI)
 - ✓ Confirmation également des accessions sensibles (JKI)

| Variétés | Moy Note 1 | Moy Note 2 |
|------------------|------------|------------|
| AUS 11955 | 1,5 | 1,2 |
| ZHONG 4 | 1,0 | 2,0 |
| CPI 147233b | 1,8 | 2,0 |
| CPI 147251b | 2,8 | 2,5 |
| CPI 147242b | 1,8 | 2,7 |
| CPI 147236a | 2,3 | 2,7 |
| OK7211542 | 2,3 | 3,0 |
| CPI 147239b | 1,7 | 3,2 |
| AUS 6770 | 2,7 | 3,2 |
| CPI 147247a | 1,7 | 3,3 |
| CPI 147280b | 2,3 | 3,5 |
| CPI 147232 a/b | 2,2 | 3,7 |
| CPI 147238b | 2,3 | 3,7 |
| RGT Wolverine | 2,0 | 3,8 |
| CPI 147234b | 1,7 | 3,8 |
| CPI 147231b | 2,3 | 3,8 |
| CPI 147250a | 3,2 | 4,5 |
| AABBVV | 4,0 | 4,7 |
| P29 | 3,2 | 5,3 |
| P961341 | 6,3 | 7,2 |
| GLOVER | 6,0 | 7,5 |
| MACKELLAR | 6,5 | 8,0 |
| Precoce du Japon | 8,0 | 8,7 |
| GAW.30A-4 | 8,2 | 8,7 |
| Toluca.50 | 8,2 | 8,7 |
| Ts'ao Yuan 2 | 8,2 | 8,7 |
| NW69A | 8,3 | 8,7 |
| GAW.26-1 | 8,5 | 8,7 |
| GAW.40-3 | 8,5 | 8,7 |
| Hayato Komugi | 8,5 | 8,7 |
| CPI 147257b | 6,0 | 8,8 |
| FAO.33.316 | 8,8 | 8,8 |
| I.BO.1828 | 8,5 | 8,8 |



Objectif du projet DéLiBéRé JNO

- Caractériser par phénotypage les ressources génétiques (Labo/Champs)
- **Développer du matériel végétal original résistant à la JNO avec des introgressions de taille réduite (gène ph1)**
- Caractérisation phénotypique (Labo/Champs) et moléculaire (taille et position des introgressions) du matériel créé



Développement de matériel végétal original

- Source de recombinaison homéologue :
 - ✓ Cadenza (porteur du gène *ph1*)
 - ❖ Cadenza 0348
 - ❖ Cadenza 1691
- Sources de résistance/tolérance à la JNO identifiées :
 - ✓ Glover (Bydv2)
 - ✓ MacKellar (Bydv2)
 - ✓ P961341 (Bydv3)
 - ✓ P29 (Bydv3)
 - ✓ OK7211542 (Bydv ?)
 - ✓ Zhong 4 (Bydv 4)



Développement de matériel végétal original

- Réalisation des croisements :

| Mutant Ph1 | | Donneur Bydv | Bydv | Type | Introgression |
|--------------|---|--------------|-------|-----------------------|-------------------------------|
| Cadenza 0348 | X | GLOVER | Bydv2 | Printemps x Printemps | <i>Thynopirum intermedium</i> |
| Cadenza 1691 | | | | | |
| Cadenza 0348 | X | MACKELLAR | Bydv2 | Printemps x Hiver | <i>Thynopirum intermedium</i> |
| Cadenza 1691 | | | | | |
| Cadenza 0348 | X | P29 | Bydv3 | Printemps x Hiver | <i>Thynopirum intermedium</i> |
| Cadenza 1691 | | | | | |
| Cadenza 0348 | X | P961341 | Bydv3 | Printemps x Hiver | Thynopirum intermedium |
| Cadenza 1691 | | | | | |
| Cadenza 0348 | X | ZHONG 4 | Bydv4 | Printemps x Printemps | <i>Thynopirum intermedium</i> |
| Cadenza 1691 | | | | | |
| Cadenza 0348 | X | OK7211542 | Bydv? | Printemps x Hiver? | <i>Thynopirum ponticum</i> |
| Cadenza 1691 | | | | | |



Développement de matériel végétal original

- Réalisation des rétrocroisements (BC1F1) :

| Pedigree F1 | | Récurrent | Bydv |
|---------------------------------------|--------------|-------------------------|------------------|
| (Cadenza 0348 x GLOVER) | X | Cadenza 0348 | Bydv2 |
| (Cadenza 0348 x MACKELLAR) | X | Cadenza 0348 | Bydv2 |
| (Cadenza 0348 x P29) | X | Cadenza 0348 | Bydv3 |
| (Cadenza 0348 x P961341) | X | Cadenza 0348 | Bydv3 |
| (Cadenza 0348 x ZHONG 4) | X | Cadenza 0348 | Bydv4 |
| (Cadenza 0348 x OK7211542) | X | Cadenza 0348 | Bydv? |
| Pedigree F1 | | Récurrent | Bydv |
| (Cadenza 1691 x GLOVER) | X | Cadenza 1691 | Bydv2 |
| (Cadenza 1691 x MACKELLAR) | X | Cadenza 1691 | Bydv2 |
| (Cadenza 1691 x P29) | X | Cadenza 1691 | Bydv3 |
| (Cadenza 1691 x P961341) | X | Cadenza 1691 | Bydv3 |
| (Cadenza 1691 x ZHONG 4) | X | Cadenza 1691 | Bydv4 |
| (Cadenza 1691 x OK7211542) | X | Cadenza 1691 | Bydv? |



Développement de matériel végétal original

- Génotypage des plantes BC1F1 pour le gène *ph1* :
 - ✓ 295 individus BC1F1 testés
 - ✓ 57 plantes sélectionnées (homozygote *ph1*)

| Semis (plaque 40) | Nb de plantes obtenues | | Nb de plantes positives | | Nb de plantes douteuses | |
|-------------------|------------------------|------------|-------------------------|-----------|-------------------------|----------|
| | GENECH | KWS | GENECH | KWS | GENECH | KWS |
| Croisements | | | | | | |
| (Glox348)x348 | 19 | 19 | 5 | 2 | 1 | 3 |
| (Glox1691)x1691 | 20 | 19 | 4 | 6 | 2 | 0 |
| (Macx348)x348 | 16 | 21 | 3 | 2 | 0 | 0 |
| (Macx1691)x1691 | 20 | 17 | 6 | 1 | 1 | 1 |
| (P29x348)x348 | | 32 | | 4 | | 0 |
| (P29x1691)x1691 | 19 | 20 | Erreur | 4 | Erreur | 0 |
| (P96x348)x348 | 1 | 18 | 1 | 2 | 0 | 0 |
| (P96x1691)x1691 | 14 | 19 | 1 | 3 | 1 | 0 |
| (OK7x348)x348 | 21 | | 2 | | 2 | |
| Total | 130 | 165 | 22 | 24 | 7 | 4 |



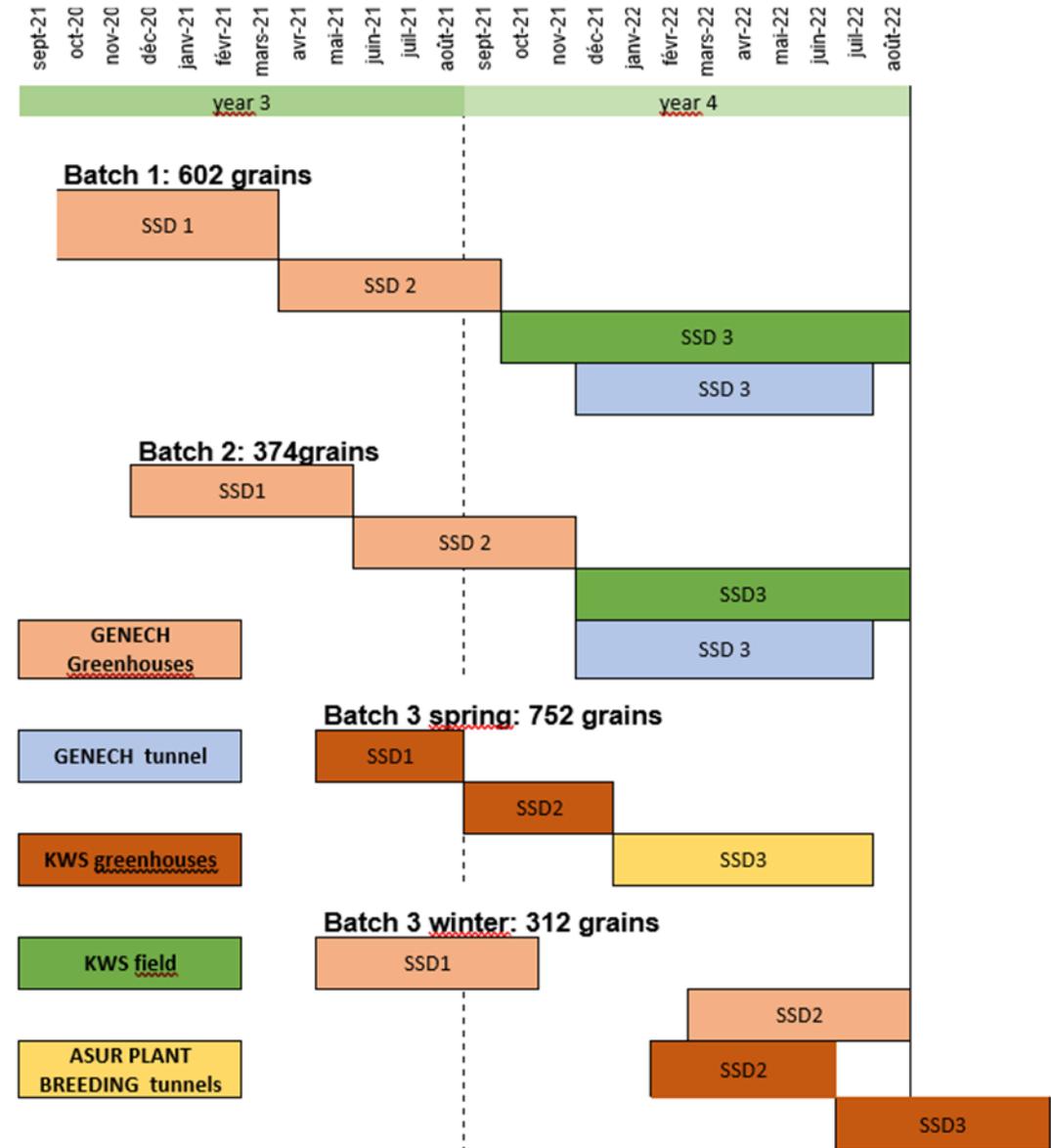
Développement de matériel végétal original

- 57 plantes BC1F1 sélectionnées
 - ✓ 1754 grains BC1F2
 - ✓ Développement de population BC1F5 par méthode SSD



Développement de matériel végétal original

- Lignées à phénotyper :
 - ✓ Batch 1
 - ✓ Batch 2
 - ✓ Batch 3 (type printemps)
- Lignées en stock :
 - ✓ Batch 3 (type hiver)



Développement de matériel végétal original

BILAN DE LA PRODUCTION SSD :

- Sources de résistance/tolérance à la JNO identifiées :
 - ✓ Glover (Bydv2) → 819 ind BC1F5
 - ✓ MacKellar (Bydv2) → 267 ind BC1F5
 - ✓ P961341 (Bydv3) → 695 ind BC1F5
 - ✓ P29 (Bydv3) → 65 ind BC1F5
 - ✓ OK7211542 (Bydv ?) → 300 ind BC1F5
 - ✓ ~~Zhong 4 (Bydv 4)~~



Objectif du projet DéLiBéRé JNO

- Caractériser par phénotypage les ressources génétiques (Labo/Champs)
- Développer du matériel végétal original résistant à la JNO avec des introgressions de taille réduite (gène *ph1*)
- **Caractérisation phénotypique (Labo/Champs) et moléculaire (taille et position des introgressions) du matériel créé**



Caractérisation phénotypique (inoculations calibrées au laboratoire)

BILAN DE LA PRODUCTION SSD :

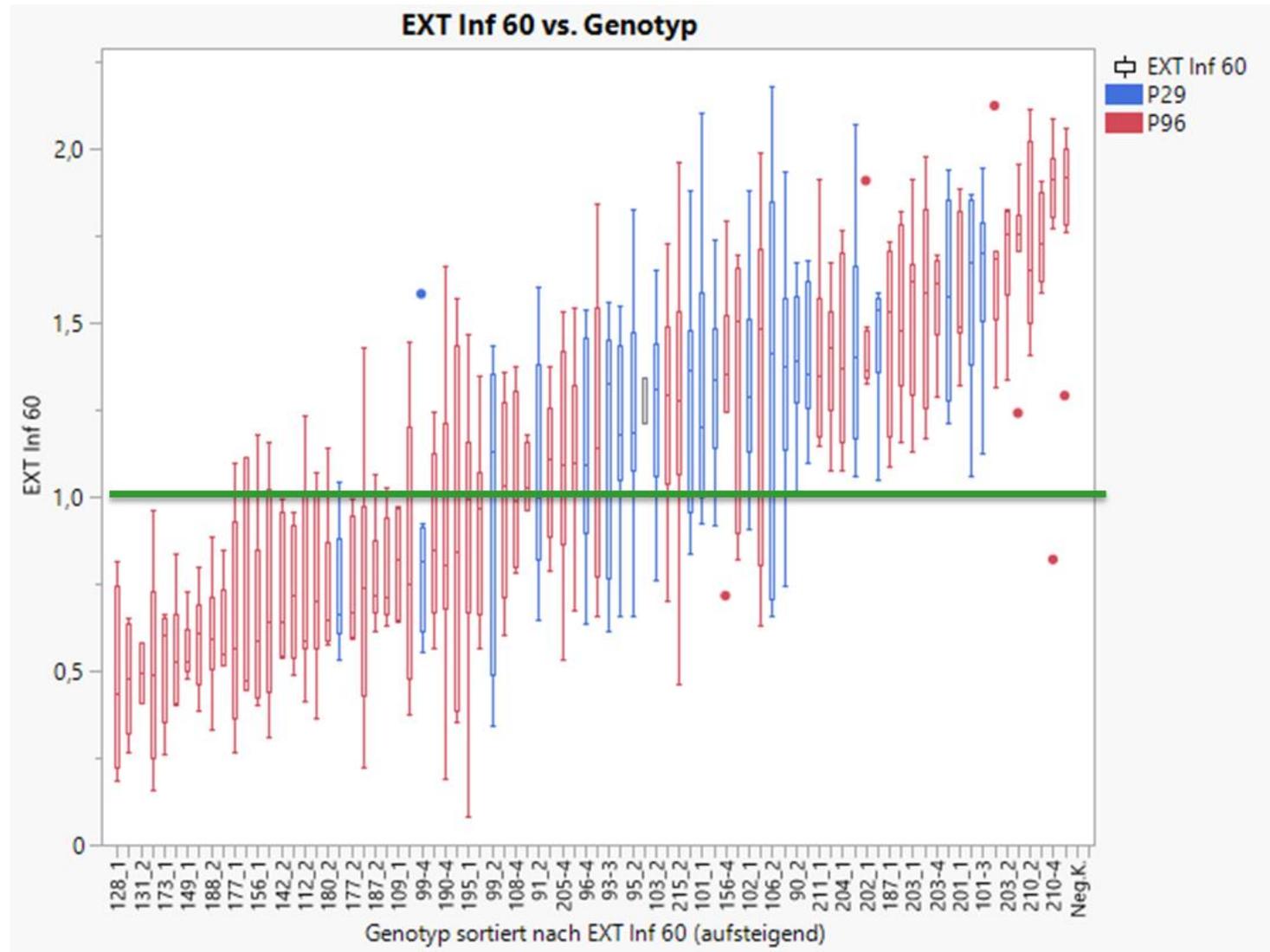
▪ Sources de résistance/tolérance à la JNO identifiées :

| | | |
|--------------------------------|--------------------------|------------------|
| ✓ Glover (Bydv2) | 819 ind BC1F5 | Type printemps |
| ✓ MacKellar (Bydv2) | 267 ind BC1F5 | Type printemps |
| ✓ P961341 (Bydv3) | 695 ind BC1F5 | |
| ✓ P29 (Bydv3) | 65 ind BC1F5 | |
| ✓ OK7211542 (Bydv ?) | 300 ind BC1F5 | Octoploïd (n=56) |

- Génotypage des populations P961341 et P29 par puce 35K
- Pré-Sélection de 80 génotypes (profil génétique) :
 - ✓ 21 génotypes provenant de P29
 - ✓ 59 génotypes provenant de P961341



Caractérisation phénotypique (inoculations calibrées au laboratoire)



Caractérisation phénotypique (inoculations calibrées au laboratoire)

Génotypes intéressants:

- ✓ 2 génotypes provenant P29
- ✓ 31 génotypes provenant P961341 dont 20 avec des faibles concentrations de virus

| Population | Genotype | Moyenne (EXT Inf 60) | Taux d'infection (%) |
|------------|----------|----------------------|----------------------|
| P961341 | 128_1 | 0,47 | 50 |
| P961341 | 190_2 | 0,47 | 88 |
| P961341 | 131_2 | 0,49 | 33 |
| P961341 | 162-3 | 0,50 | 88 |
| P961341 | 173_1 | 0,53 | 75 |
| P961341 | 198_1 | 0,55 | 75 |
| P961341 | 149_1 | 0,57 | 88 |
| P961341 | 116_1 | 0,59 | 86 |
| P961341 | 188_2 | 0,60 | 100 |
| P961341 | 121_1 | 0,61 | 63 |
| P961341 | 177_1 | 0,62 | 100 |
| P961341 | 139-3 | 0,68 | 60 |
| P961341 | 156_1 | 0,69 | 88 |
| P961341 | 196_2 | 0,70 | 75 |
| P961341 | 142_2 | 0,71 | 88 |
| P961341 | 108_1 | 0,72 | 75 |
| P961341 | 112_2 | 0,74 | 100 |
| P961341 | 110_1 | 0,74 | 100 |
| P961341 | 180_2 | 0,74 | 100 |
| Check | Alcedo | 0,74 | 100 |
| P961341 | 177_2 | 0,74 | 88 |
| P961341 | 190_1 | 0,75 | 88 |
| P961341 | 187_2 | 0,78 | 100 |
| P961341 | 143_2 | 0,78 | 71 |
| P961341 | 109_1 | 0,81 | 50 |
| P961341 | 194_1 | 0,81 | 100 |
| P29 | 99-4 | 0,86 | 100 |
| P961341 | 110_2 | 0,87 | 100 |
| P961341 | 190-4 | 0,89 | 100 |
| P961341 | 131-4 | 0,90 | 75 |
| P961341 | 195_1 | 0,90 | 88 |
| P961341 | 117_2 | 0,94 | 100 |
| P29 | 99_2 | 0,97 | 100 |
| P961341 | 164_1 | 1,00 | 63 |



Caractérisation phénotypique (Aux Champs)

Décisions prises :

FOCUS sur les “Type Hiver” et sur Bydv2, Bydv3 et **Bydv? (OK7211542)**

Volume des BC1F5 -> constitution de 2 groupes

✓ GROUPE 1 :

109 lignées provenant d'OK7211542

33 lignées provenant de P29

399 lignées provenant de P961341

✓ GROUPE 2 :

77 lignées provenant d'OK7211542

31 lignées provenant de P29

326 lignées provenant de P961341

Groupe 1 sur 3 sites (KWS: 59, Secobra:78 et ASUR: 60) sur 2 rep

Groupe 2 sur 3 sites (LD:59, LIDEA: 28 et DSV: 28) sur 2 rep

+parents



Caractérisation phénotypique (Aux Champs)

GROUPE 1

Labo/Champs 2023:

KWS : assez bonne pression JNO (sans WDV)

SECOBRA : pression hétérogène, gradient

ASUR: symptômes peu fréquents + pression adventice

Conclusion

Peu de cohérence comme en 2020 entre Labo et champs sur les 80 génotypes

$R^2 = 0,0358$ (Correlation Note/Titre Virus)

Sélection difficile sur le reste des individus avec un risque d'erreur non négligeable

| Genotype | Mean KWS_Sec | Titre virus | Genotype | Mean KWS_Sec | Titre virus |
|---------------|--------------|-------------|---------------|--------------|-------------|
| P961341 128_1 | 1,9 | 0,47 | P29 91_2 | 3,9 | 1,08 |
| P961341 190_2 | 2,2 | 0,47 | P961341 206_1 | 2,1 | 1,13 |
| P961341 131_2 | 3,1 | 0,49 | P961341 199_2 | 2,6 | 1,17 |
| P961341 173_1 | 1,8 | 0,53 | P29 95_2 | 2,4 | 1,23 |
| P961341 198_1 | 2,1 | 0,55 | P29 103_2 | 1,8 | 1,26 |
| P961341 149_1 | 3,7 | 0,57 | P961341 212_1 | 3,0 | 1,26 |
| P961341 116_1 | 2,5 | 0,59 | P961341 215_2 | 2,4 | 1,28 |
| P961341 188_2 | 1,9 | 0,60 | P29 95_1 | 4,1 | 1,30 |
| P961341 121_1 | 2,4 | 0,61 | P29 101_1 | 2,3 | 1,31 |
| P961341 177_1 | 2,6 | 0,62 | P29 92_2 | 3,5 | 1,32 |
| P961341 156_1 | 2,7 | 0,69 | P29 102_1 | 2,0 | 1,33 |
| P961341 196_2 | 2,3 | 0,70 | P961341 192_1 | 2,5 | 1,33 |
| P961341 142_2 | 2,7 | 0,71 | P961341 130_1 | 3,8 | 1,34 |
| P961341 108_1 | 2,1 | 0,72 | P29 106_2 | 2,5 | 1,35 |
| P961341 112_2 | 2,8 | 0,74 | P29 96_1 | 2,6 | 1,36 |
| P961341 110_1 | 3,1 | 0,74 | P29 90_2 | 3,1 | 1,39 |
| P961341 180_2 | 2,6 | 0,74 | P29 92_1 | 3,4 | 1,39 |
| P961341 177_2 | 2,8 | 0,74 | P961341 211_1 | 2,9 | 1,40 |
| P961341 190_1 | 2,3 | 0,75 | P961341 181_2 | 2,7 | 1,40 |
| P961341 187_2 | 2,4 | 0,78 | P961341 204_1 | 2,3 | 1,41 |
| P961341 143_2 | 2,8 | 0,78 | P961341 202_1 | 2,0 | 1,45 |
| P961341 109_1 | 2,2 | 0,81 | P29 90_1 | 3,5 | 1,45 |
| P961341 194_1 | 2,0 | 0,81 | P961341 187_1 | 2,3 | 1,47 |
| P961341 110_2 | 3,2 | 0,87 | P961341 205_1 | 2,7 | 1,51 |
| P961341 195_1 | 2,4 | 0,90 | P961341 203_1 | 2,8 | 1,54 |
| P961341 117_2 | 2,3 | 0,94 | P961341 201_1 | 2,1 | 1,59 |
| P29 99_2 | 2,4 | 0,97 | P29 97_2 | 3,5 | 1,60 |
| P961341 164_1 | 2,6 | 1,00 | P961341 203_2 | 2,1 | 1,69 |
| P961341 208_2 | 2,2 | 1,05 | P961341 213_2 | 2,8 | 1,71 |
| | | | P961341 210_2 | 2,4 | 1,73 |



Caractérisation phénotypique (Aux Champs)

GROUPE 2

Labo/Champs 2023:

DSV: essai abandonné

LD: pression faible et hétérogène

LIDEA: faible pression JNO + pression WDV

Conclusion

Sélection impossible

$R^2 = 0,0443$ (Correlation Note/Titre Virus)

Risque d'erreur élevé à très élevé

| Genotype | Mean LD_LIDEA | Titre Virus |
|---------------|---------------|-------------|
| P961341 162-3 | 7,8 | 0,50 |
| P961341 139-3 | 6,0 | 0,68 |
| P29 99-4 | 6,0 | 0,86 |
| P961341 190-4 | 6,0 | 0,89 |
| P961341 131-4 | 7,0 | 0,90 |
| P961341 108-4 | 6,3 | 1,04 |
| P961341 137-4 | 6,0 | 1,08 |
| P961341 205-4 | 6,3 | 1,09 |
| P29 96-4 | 6,8 | 1,13 |
| P29 93-3 | 6,8 | 1,18 |
| P29 90-3 | 6,8 | 1,19 |
| P29 101-3 | 5,8 | 1,31 |
| P961341 156-4 | 6,0 | 1,33 |
| P29 95-4 | 7,0 | 1,44 |
| P961341 206-4 | 5,5 | 1,57 |
| P961341 203-4 | 7,3 | 1,57 |
| P29 92-3 | 7,0 | 1,58 |
| P961341 206-3 | 5,5 | 1,66 |
| P961341 209-4 | 6,0 | 1,74 |
| P961341 210-4 | 5,8 | 1,79 |
| P961341 204-3 | 7,0 | 1,84 |

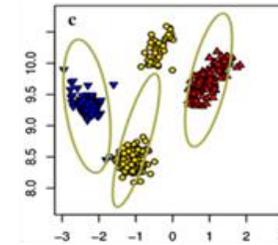
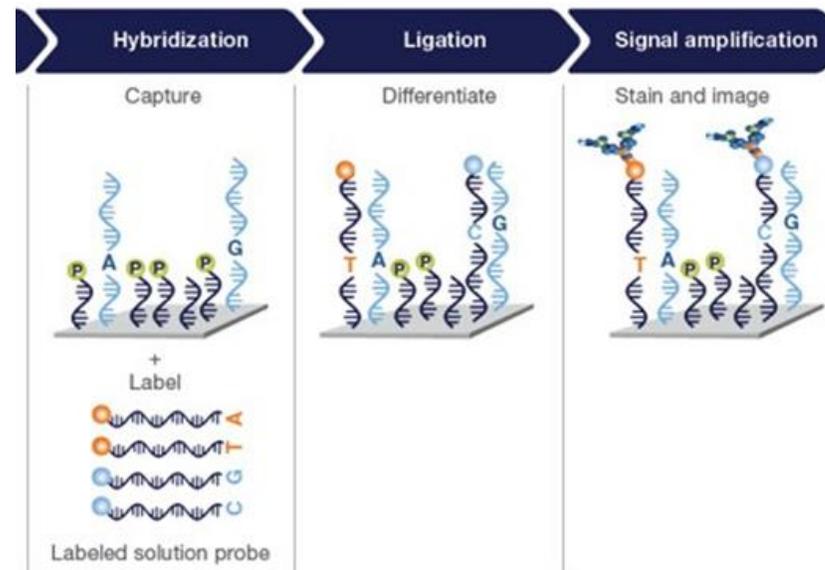


Caractérisation moléculaire (taille et position des introgressions, marqueurs diagnostics)

- Objectif: identification de recombinants dans une population en ségrégation

Etape 1 : Screening des parents avec une puce 35K SNP

- Analyse basée sur Off-Target Variants (OTVs)
 - Repère les introgressions



Applied Biosystems™ Axiom™ 384-array layout



Applied Biosystems™ GeneTitan™ Multi-Channel (MC) Instrument



Caractérisation moléculaire (taille et position des introgressions, marqueurs diagnostics)

- Objectif: identification de recombinants dans une population en ségrégation
- Screening des parents avec une puce 35K (SNP)
 - 4 parents: Glover, Mackellar, P29, P961341
 - 5 plantes/genotype (minimum 4/5 plantes pour être retenu)
- OK7211542 = octoploid (n = 56) = **non retenu**
- Glover & Mackellar: introgression sur le chromosome 7DL (Bdv2)
- P29 & P961341 retenus pour approfondir notre recherche

| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 |
|---|----------------------|------------------------------------|-----------------------------|-----------------------------|-------------------|-----------------|---|
| A | P29 (L 10.6) | Glo/P29 (S 2-5) Glo (L 2.8) | P29 (S 18.4) | Glo (S 2.5) P29 (L 31.1) | Mac (S 0.5) | Glo (S 1; L1.8) | P29 (S 3.6) |
| B | P96 (S 238.2) | P96 (683) | P29 (S 10.6) P96 (L 3.2) | | Glo/Mac (L 13-21) | Glo (L 0.2) | |
| D | Glo/Mac (L 9.2) | Mac (L 16) P29 (L 189.5) | | P29 (L 78.7) | | P (L 28.7) | P96 (S 51.6) Glo (L 477.5) Mac (L297.6) P96 (L107.6) |



- Objectif: identification de recombinants dans une population en ségrégation

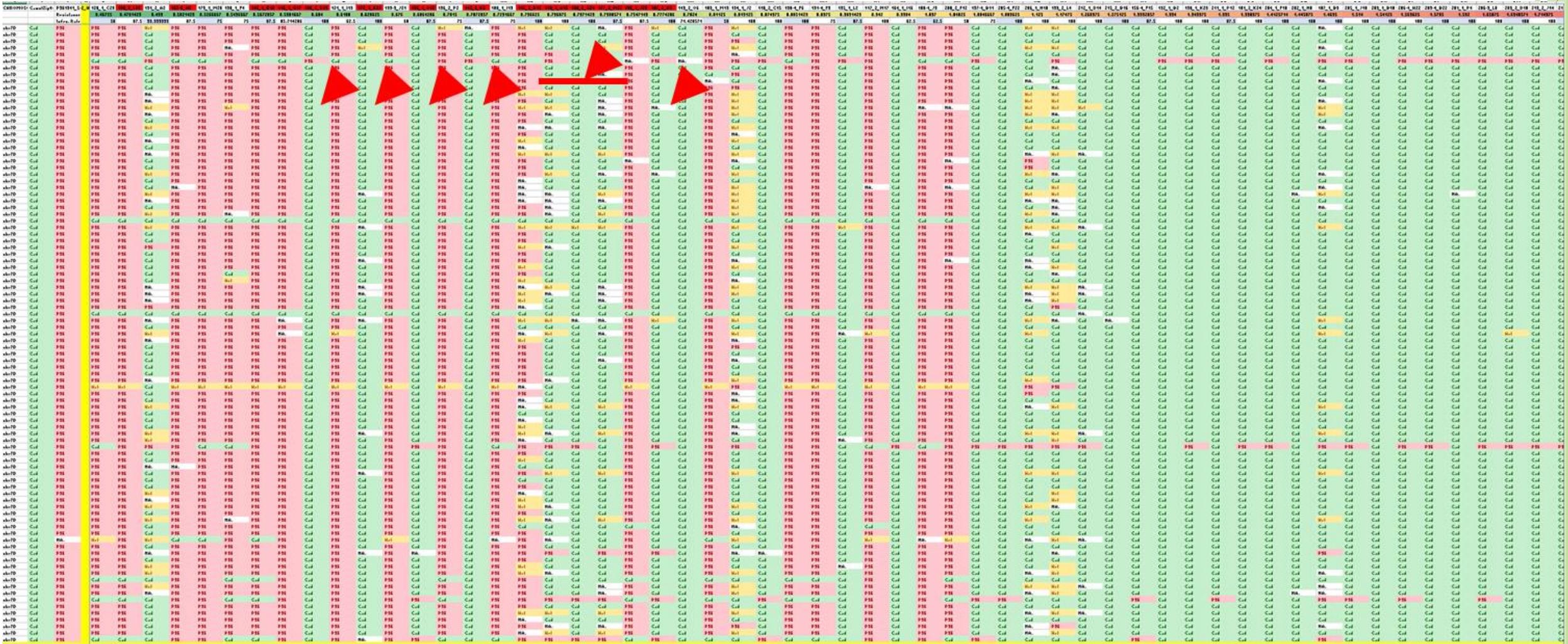
Etape 2 : Screening des populations en segregation avec une puce 35K (SNP)

- Population OK7211542 = octoploid (n = 56) = **non retenu**
 - Population Glover & Mackellar: introgression sur le chromosome 7DL (Bydv2) = **non retenus**
 - **Population provenant de P29 & P961341 retenus**
-
- ✓ 65 individus provenant de la population P29
 - ✓ 695 individus provenant de la population P961341



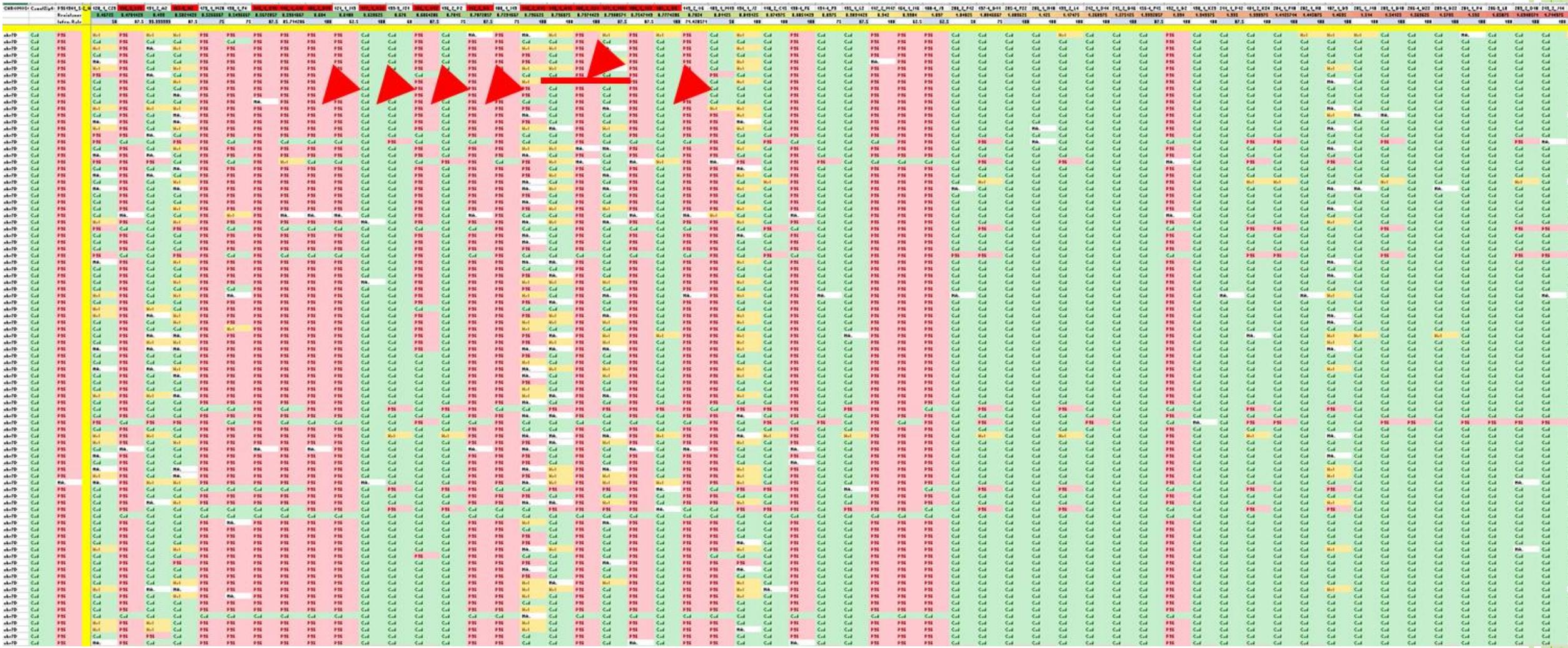
Caractérisation moléculaire (taille et position des introgressions)

Population P961341: Chr7DL (BYDV2)



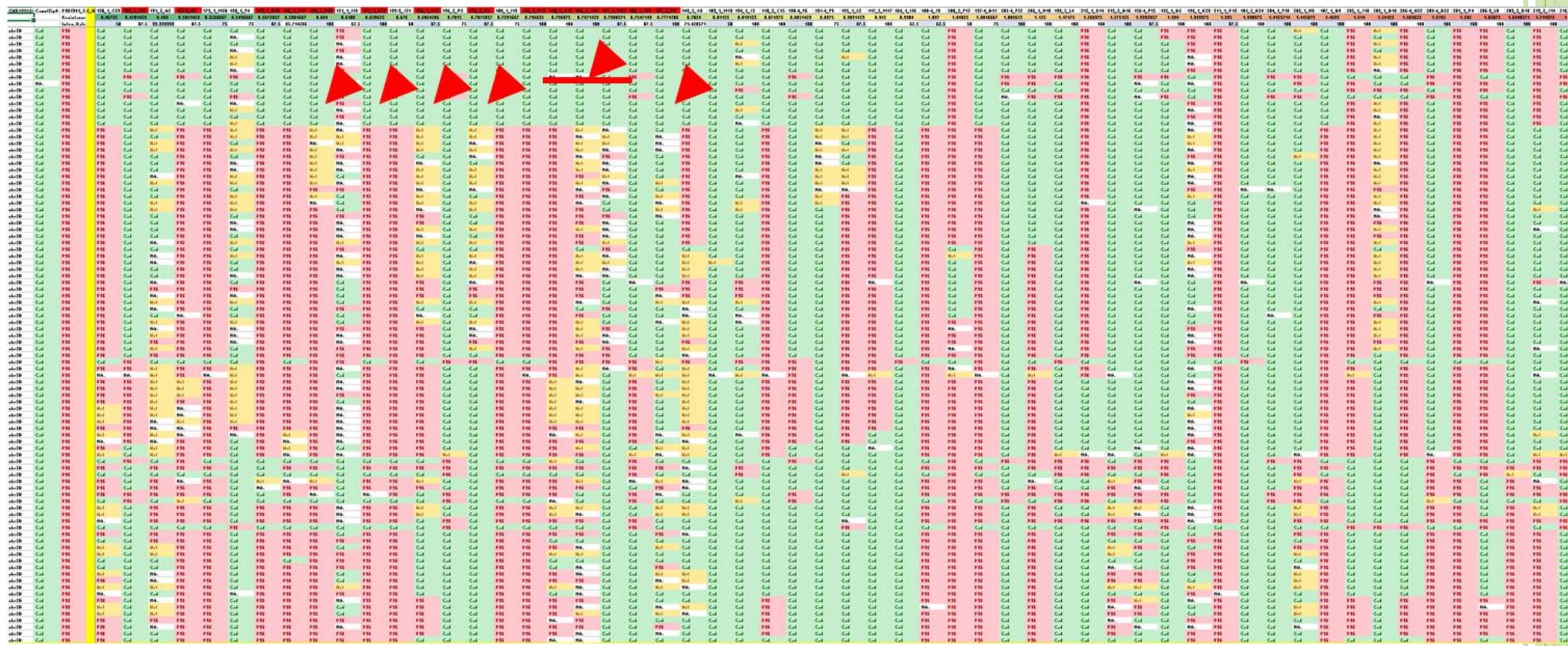
Caractérisation moléculaire (taille et position des introgessions)

Population P961341: Chr7DS (BYDV3)?



Caractérisation moléculaire (taille et position des introgressions, marqueurs diagnostics)

Population P961341: Chr2BL (BYDV4)?



A Retenir :

- Population provenant de P29 :
 - ✓ Lignées à faible niveau de tolérance
 - ✓ Différentes sources de P29?

- Population provenant de P961341 :
 - ✓ Plus de lignées avec un bon niveau de Tolérance
 - ✓ Plusieurs loci -> effet sur la tolérance BYDV
 - 7DL = BYDV2
 - 7DS = BYDV3?
 - 2BL = BYDV4?



CONCLUSION et PERSPECTIVES

Le projet nous a permis de :

- développer des génotypes tolérants au virus de la jaunisse nanisante de l'orge (BYDV) à partir de nouvelles ressources génétiques exotiques (P29, P961341, Mackellar, Glover et OK 7211542)
- démontrer la possibilité de réduire la taille des introgressions grâce au gène mutant *ph1*
- introduire d'autres sources de tolérances autres que *BYDV2*
- offrir la possibilité de combiner différentes introgressions pour augmenter le niveau de tolérance

Ce qu'il reste à faire :

- continuer à réduire la taille des fragments pour éviter les effets délétères (grâce à *ph1* dans BC1F5)
- Evaluer/Réévaluer aux champs les individus développés (BC1F5)
- Pousser les analyses génétiques (GWAS) avec les nouvelles données de phénotypage 2024



REMERCIEMENTS



Pierre SOURDILLE



Paul FORGEOIS
Charlotte THIBAUT



Torsten WILL

Ensemble du groupe CETAC :



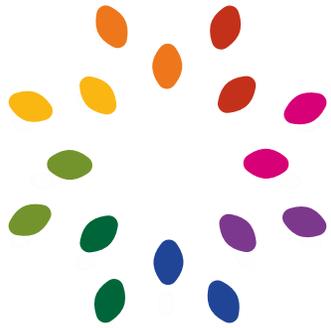
SECOBRA Recherches : Pascal Giraudeau et Romain Lamerand
Lemaire Deffontaines : Anne-Charlotte Lombart
LIDEA : Sylvie Dutriez et Matthieu Michel
KWS Momont : Philippe Momont et Gemma Molero
DSV : Raphaël Vequaud et Sébastien Cuvelier
ASUR : Charles Snijders, Thierry Bouthillier et Nuno Almeida



FsoV

Julien Constant





merci