



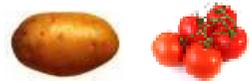
Quelles associations de QTL chez la pomme de terre pour
une résistance efficace et durable au nématode à kyste
Globodera pallida
(AQRGPa)



Contexte économique

Origine : Amérique du sud (Pérou)

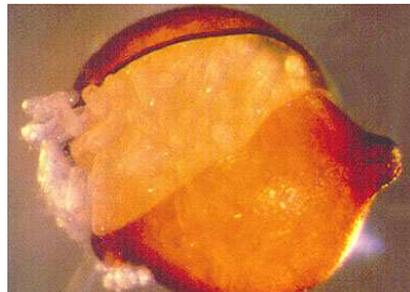
Gamme d'hôtes :



Nombre de génération / an : 1

Statut réglementaire : quarantaine

Forme de survie : Kyste



8 ans dans le sol, 500 larves / kyste

Lutte obligatoire

Rotations inopérantes

Lutte physique possible



**Lutte variétale : une solution idéale,
renforcée par la disparition de nombreuses
molécules**

Des acquis

Les mécanismes mis en oeuvre impactent la durabilité des résistances
 L'INRA exploite trois sources de résistance à *Globodera pallida*

Sources



S. vernei



S. spgazzinii



S. sparsipilum

QTL à effet fort

GpaV_{vrn}

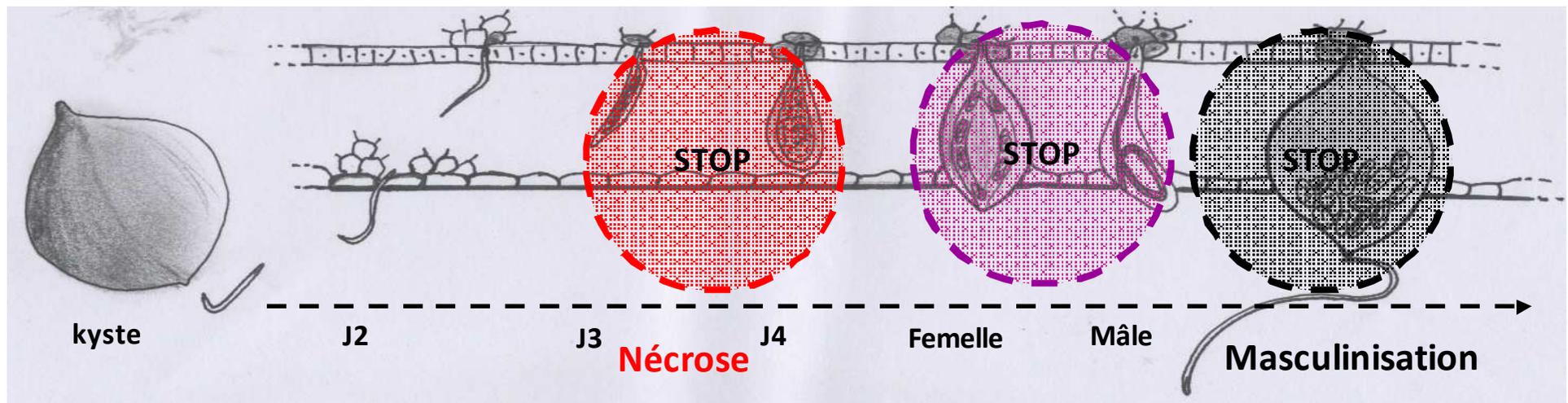
GpaV_{spg}

GpaV_{spl}

QTL à effet faible

GpaVI_{spg} XII_{spg}

GpaXI_{spl}



Caromel et al, 2003, 2005

Roupe van der vort et al 1998, 2000,

Des acquis

La résistance peut être contournée et le fond génétique dans lequel a été introduit la résistance impacte la durabilité des résistance.

Evolution expérimentale

Génotypes

Nematode lineages

Désirée

Gp-Desirée -8x
Gp-Desirée -5x

Iledher

Gp-Iledher-8x
Gp-Iledher-5x
Gp-Desirée-8x

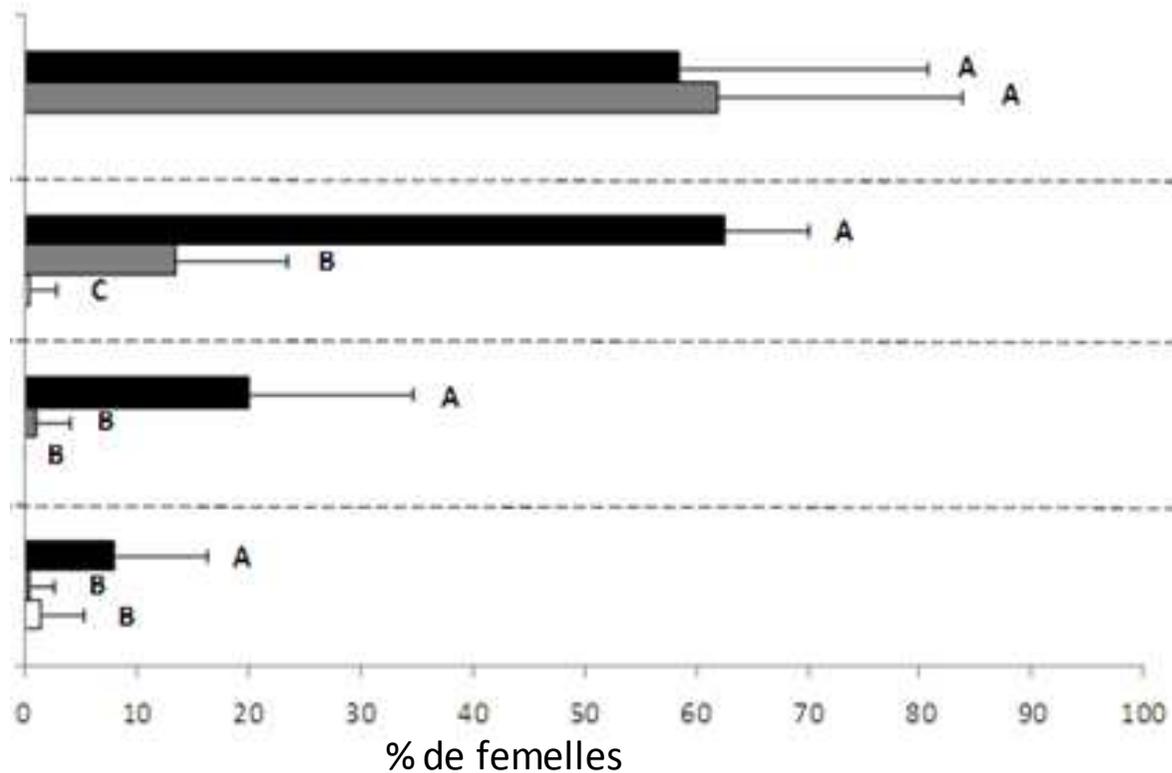
94T.146.52

Gp-94T-146.52 -8x
Gp-94T-146.52 -5x
Gp-Desirée-8x

96F.376.16

Gp-96F-376.16 -8x
Gp-96F-376.16 -5x
Gp-Desirée-8x

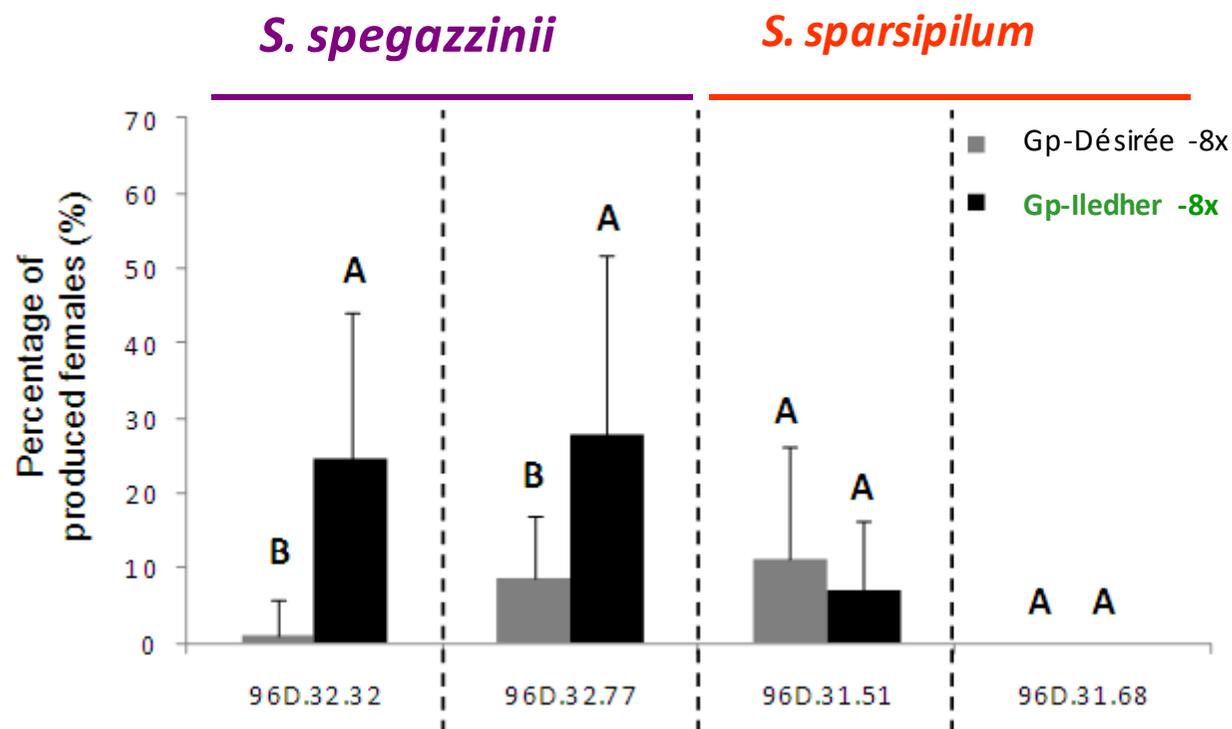
■ Gp-Genotype -8x
■ Gp-Genotype -5x
□ Gp-Désirée -8x



Fournet *et al.*, Plant Pathol **62** 184-193 2013

Des acquis

La source de résistance *S. sparsipilum* contrôle la population virulente sélectionnée sur *S. vernei*. La source *S. spegazzinii* est contournée !



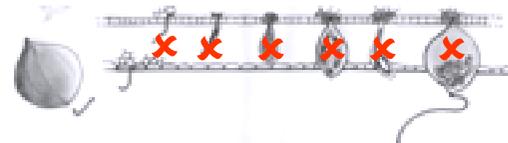
Fournet *et al.*, Plant Pathol **62** 184-193 2013

Questions de recherche

Est-ce que l'association du QTL *GpaXI_{spl}* à effet faible issu de *S. sparsipilum* avec les QTL *GpaV* à effet fort de *S. vernei* ou de *S. spegazzinii* induit :

- une **modification du mécanisme** (la masculinisation devient un blocage précoce),

Mécanismes ?



Associations



GpaV_{vrn}
GpaXI_{spl}



GpaV_{spg}
GpaXI_{spl}

- un **gain d'efficacité** (spectre et lignées virulentes)

Spectre d'efficacité ?



- et une **augmentation de la durabilité** ?

Un programme en 5 étapes

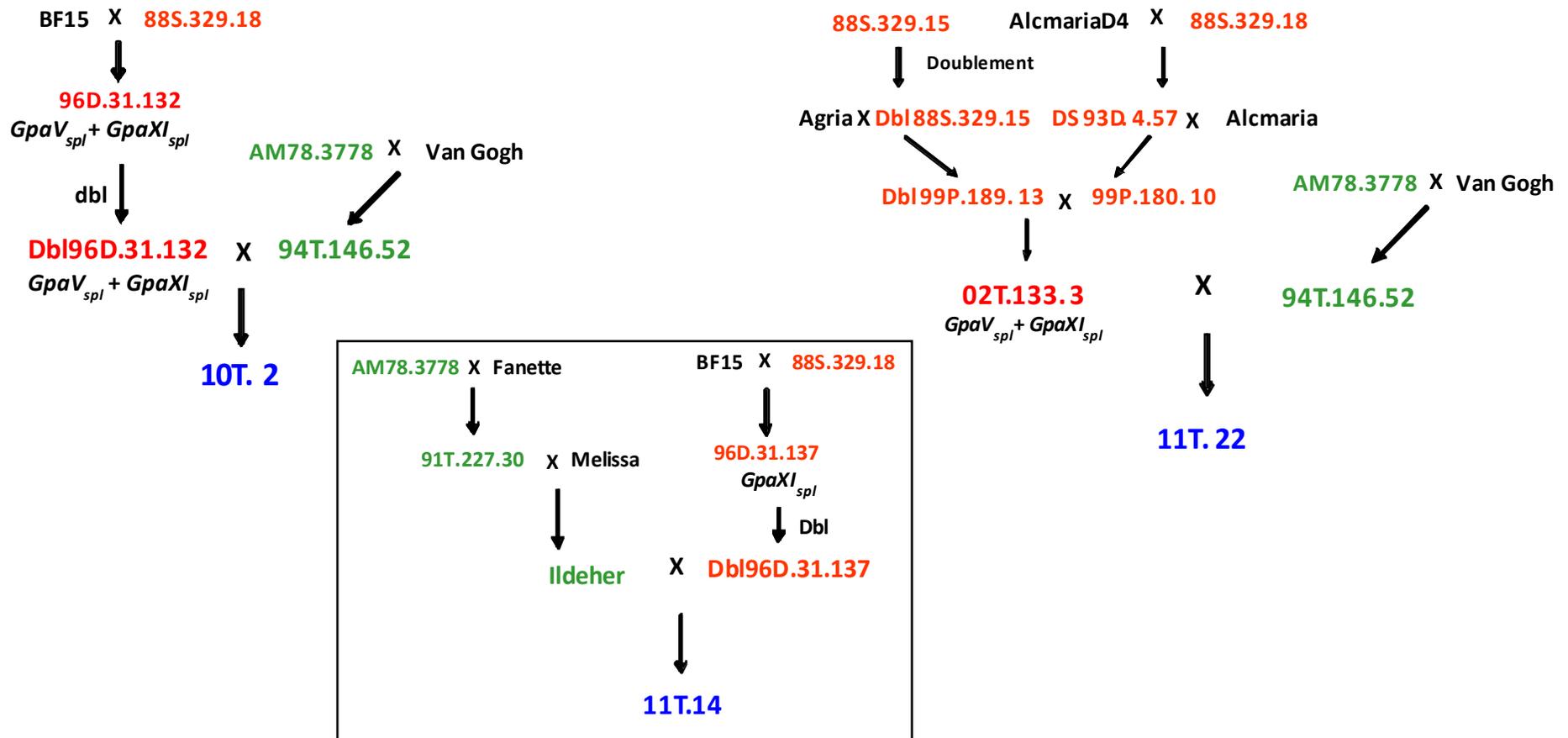
- Appel à proposition CTPS- 2011 *Durée: 3 ans*
 - Thème : «*Promouvoir la santé des plantes pour réduire les intrants phytosanitaires*»
 - *Coût total du projet : 83097 Euros / Subvention demandée: 49815 Euros*
 - **Partenariat :** 2 Partenaires Institutionnels (INRA) : UMR IGEPP et UGAFL
2 Partenaires professionnels : ACVNPT (Association des Créateurs de variétés nouvelles de pomme de terre) et la Coopérative de Noirmoutier
1. Obtention et Multiplication du matériel végétal original d'intérêt
 2. Criblage de différentes combinaisons génétiques par marquage moléculaire
 3. Efficacité et Mécanisme de résistance au laboratoire / population standard de *G. pallida*
 4. Mesure de l'efficacité de la résistance en condition d'infestation naturelle
 5. Aptitude des combinaisons de QTL à contrôler les populations ayant contournée les résistances mono-sources (*S. vernei*)

Du matériel végétal original : du matériel tétraploïde et hétérozygote

Une source de résistance *S. sparsipilum*
 Une source résistance *S. vernei*

Différents fonds génétiques
 Différents niveaux d'introgession

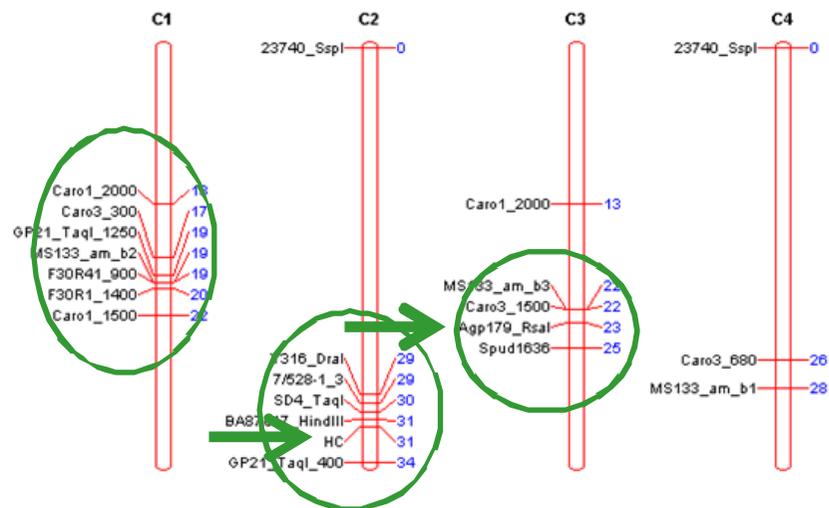
Trois familles qui combinent les sources *S.vernei* et *S. sparsipilum*



Des marqueurs pour géotyper les combinaisons de QTL

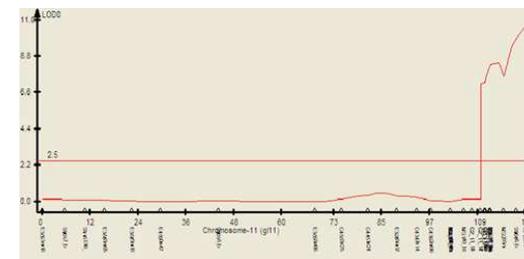
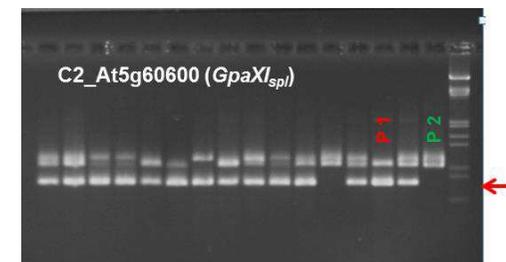
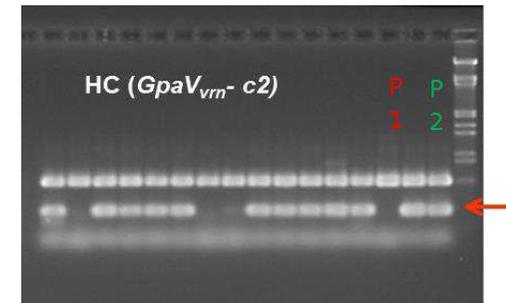
Trois marqueurs ont été utilisés pour suivre la résistance apportée par le parent tétraploïde 94T.146.52 (*S. vernei*)

1 chromosome = 4 groupes d'homologie



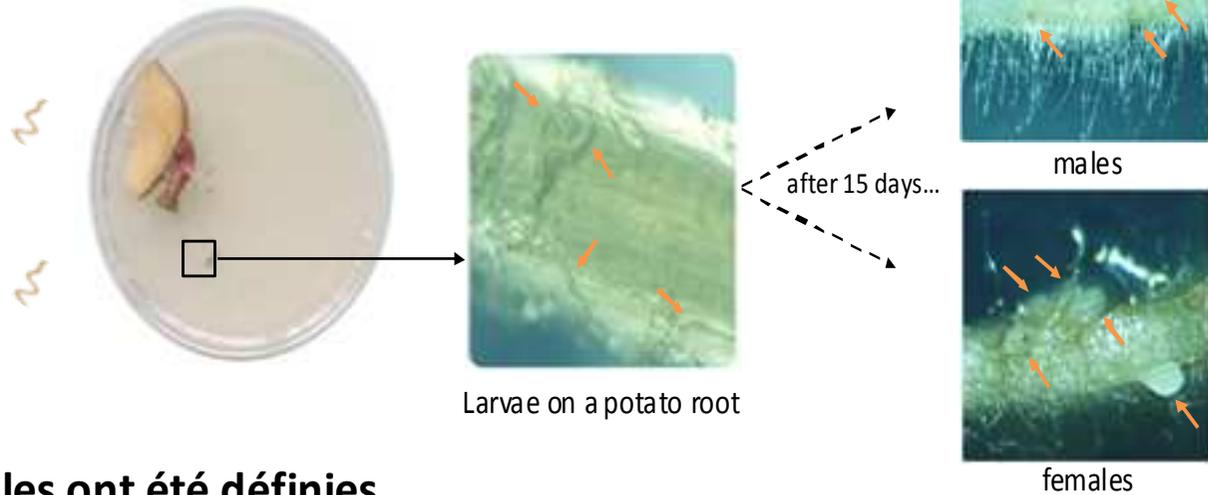
Carte génétique du locus *GpaV_{vrn}* du parent 94T.146.52 (origine *S. vernei*)

Deux marqueurs (MS137 et At5g60600) ont été utilisés pour suivre le QTL à effet faible *GpaXI_{spl}* identifié chez *S. sparsipilum*



De l'intérêt de coupler génotypage et phénotypage

Un phénotypage en boîte de Pétri

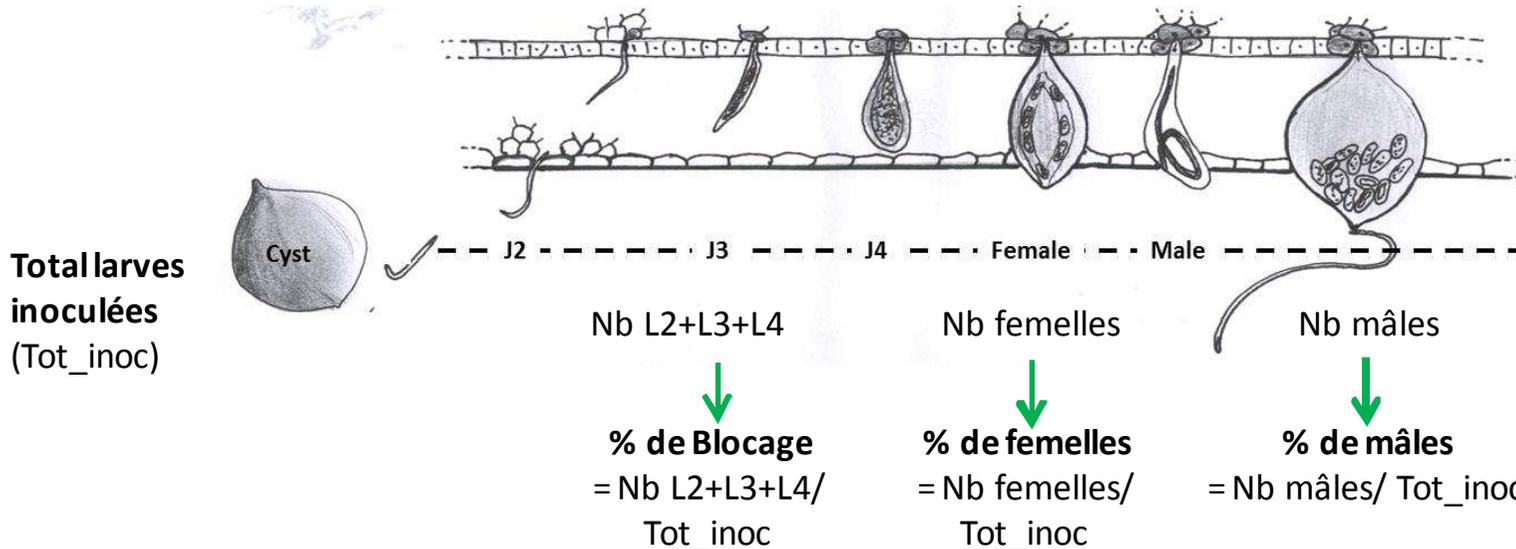


Années d'inoculation :
2011-2014

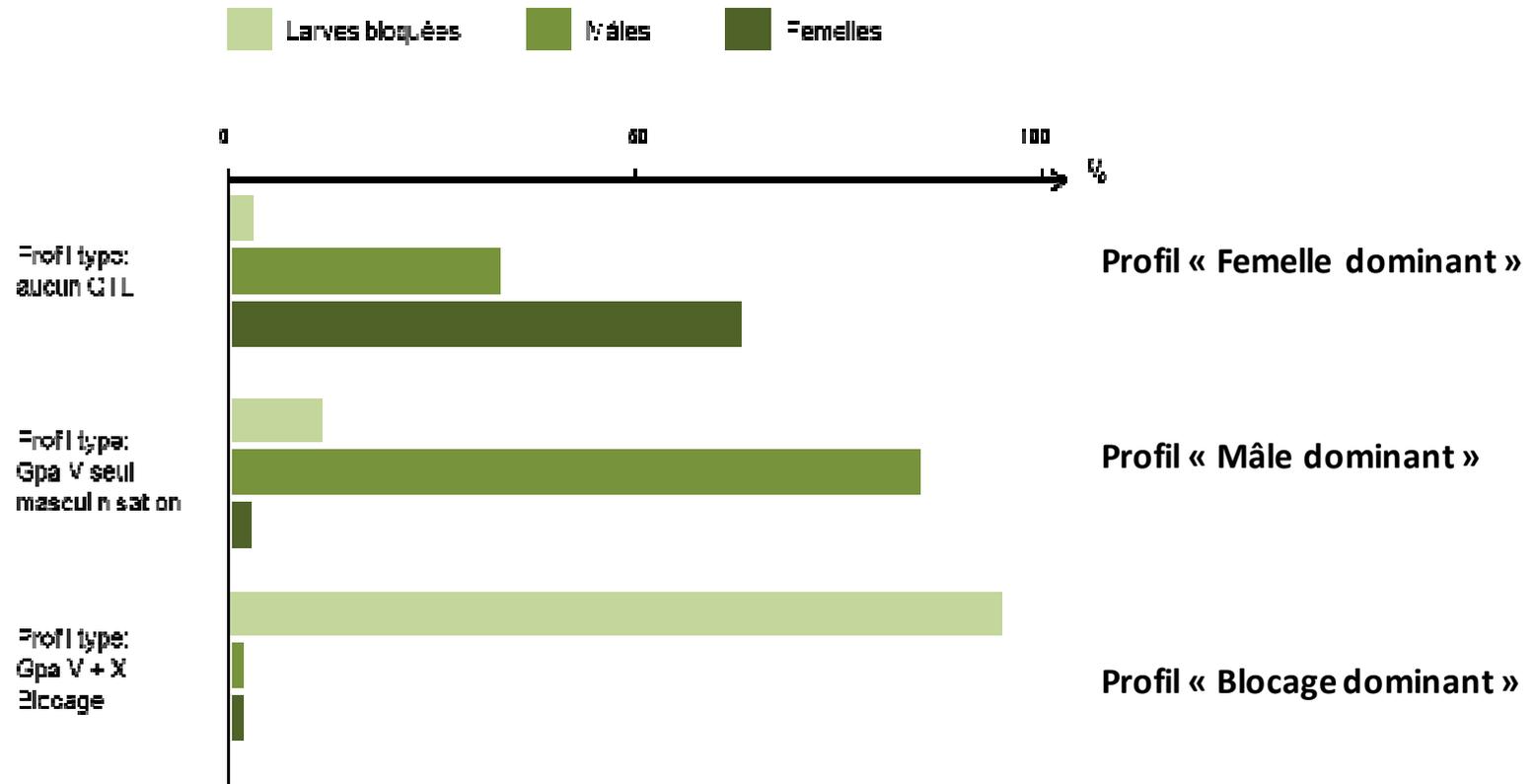
- Pas d'effet année
- Pas d'effet nombre de racines inoculées ($p > 0.05$)

Analyse sur l'ensemble des observations indépendantes

3 variables ont été définies

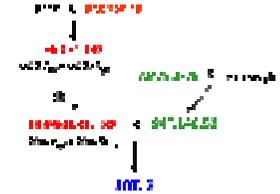


Associations $GpaXI_{spl}$ et $GpaV$: Les profils attendus



Les associations $GpaXI_{spl}$ + $GpaV_{vrn}$

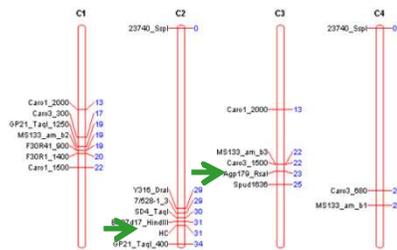
Cas de la famille 10T2



Deux locus cartographiés sur le chromosome V du parent 94T.146.52 contrôlent la résistance.



Carte génétique du locus $GpaXI_{spl}$ du parent dbI96D3.132 (origine *S. sparsipilum*)



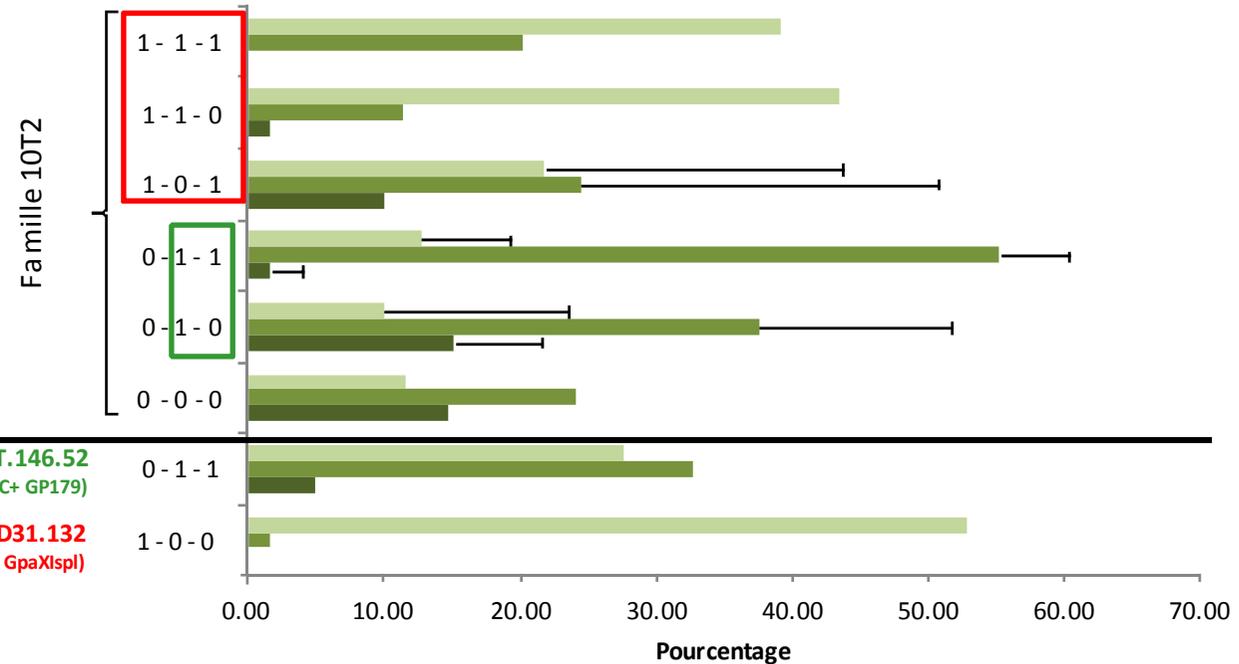
Carte génétique du locus $GpaV_{vrn}$ du parent 94T.146.52 (origine *S. vernei*)

Combinaison de QTL

XI_{spl} - V_{vrn2} - V_{vrn3}

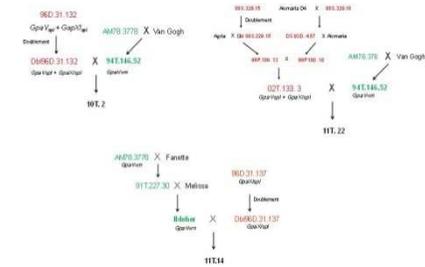
MS137 - HC - GP179

■ Blocage ■ pmale ■ pfem



- $GpaXI_{spl}$ + HC : Modification du mécanisme de résistance : de la masculinisation au blocage
- $GpaXI_{spl}$ + GP179 : pas systématiquement associé à un blocage (2/5 cas)

$GpaXI_{spl}$ + $GpaV_{vrn}$: Des résultats extrapolables à plusieurs fonds génétiques



Familles 10T.2 et 11T.22

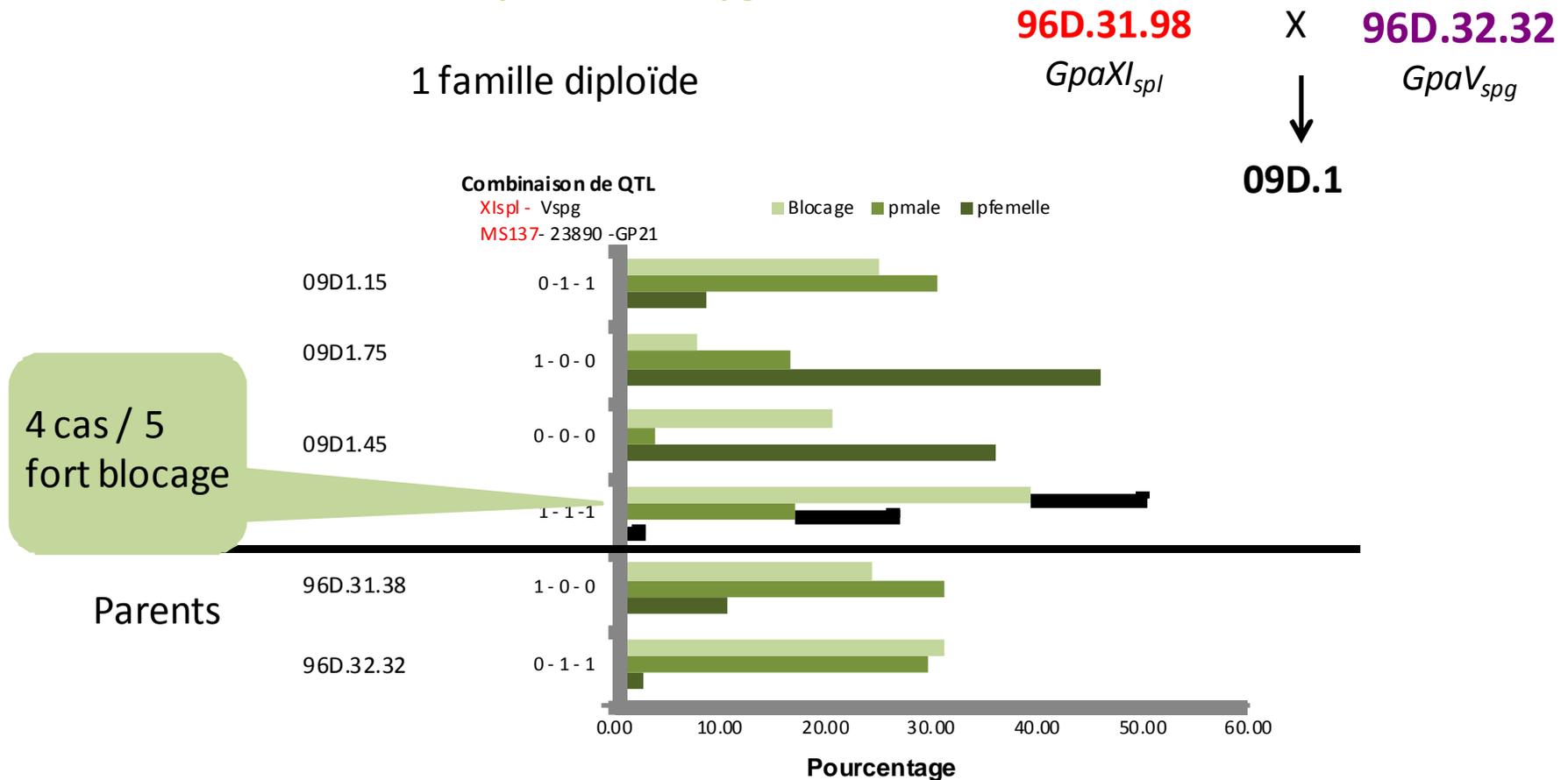
- 2 locus cartographiés sur le chromosome V du clone 94T.146.52
- Association $GpaXI_{spl}$ + HC
 - **Blocage** (11 cas / 12)
- Association $GpaXI_{spl}$ + GP179
 - **Blocage** (3 cas / 6)

Famille 11T.14

- Seule association $GpaXI_{spl}$ + HC étudiée
- Association $GpaXI_{spl}$ + HC
 - **Blocage** (2 cas / 5)
 - **Masculinisation** (3 cas / 5)

Des résultats extrapolables à plusieurs espèces apparentées :

Les associations $GpaXI_{spl} + GpaV_{spg}$



L'introduction de $GpaXI_{spl}$ dans un fond *S. spegazzinii* permet également le modifier le mécanisme de résistance : **de la masculinisation au blocage**

Conclusion / Mécanismes de résistance : $GpaXI_{spl}$ + $GpaV$ De l'épistasie

Des **modifications du mécanisme** de résistance ont été observées traduisant un phénomène **d'épistasie** entre le QTL à effet faible $GpaXI_{spl}$ identifié chez *S. sparsipilum* et les QTL $GpaV$ identifiés chez les deux espèces *S. vernei* et *S. spagazzinii*.

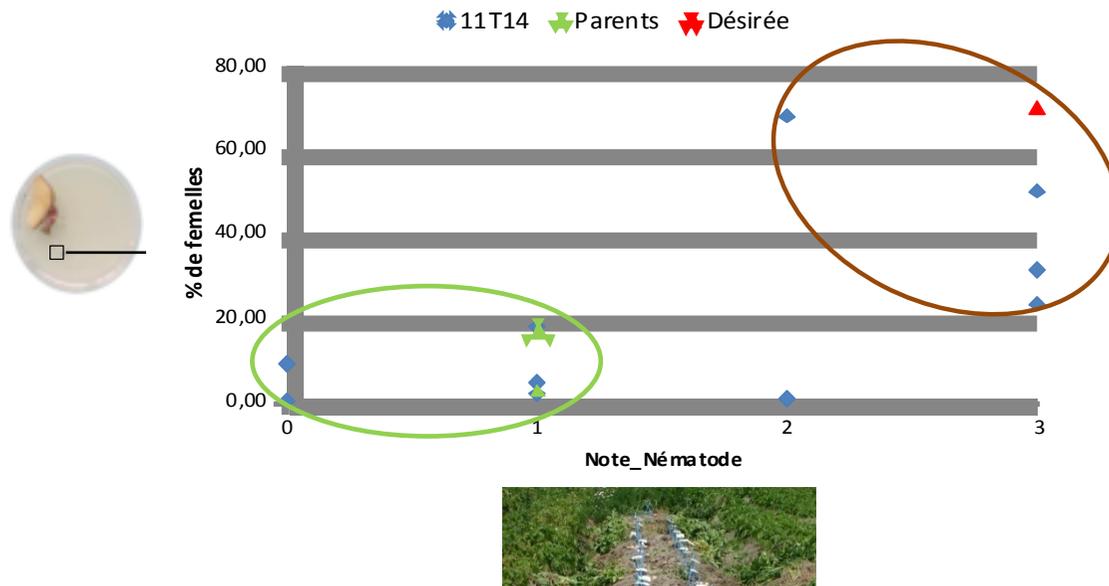
Des résultats confirmés en situation d'infestation naturelle

Les témoins ont le comportement attendu (résultats 2014)

code	Origine	note nématode max
AM 78.3778	<i>S. vernei</i> GpaVvrn (HC+ GP179)	0
lledher	<i>S. vernei</i> GpaVvrn (HC)	1
dbl 96D.31.132	<i>S. sparsipilum</i> (GpaVspl + GpaXIspl)	0
dbl 96D.31.137	<i>S. sparsipilum</i> (GpaXIspl)	1
02T.133.3	<i>S. sparsipilum</i> (GpaVspl + GpaXIspl)	0
Florijn	Témoin résistant	1
Désirée	Témoin sensible	3

Les résultats confirmés en situation d'infestation naturelle

Concordance entre les notes attribuées **au champ** et les pourcentages de femelles obtenus **au laboratoire**



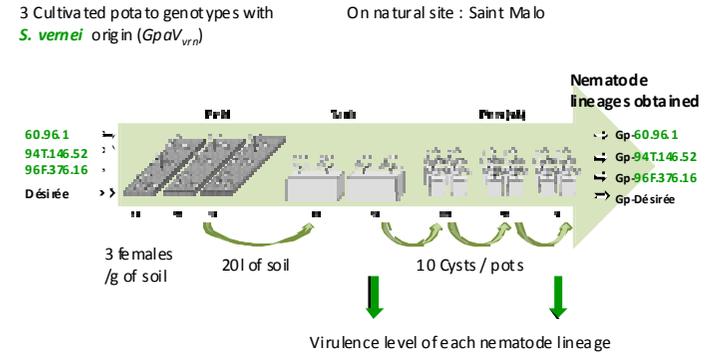
Noirmoutier

- une plateforme pour cribler du matériel végétal en effectif important
- Être affirmatif si on ne fait que du labo sur l'efficacité attendue au champ

Note 0 ou 1 → % de femelle < 20 %
Note 2 ou 3 → % de femelle > 20 %

GpaXI_{spl} - GpaV : Quelle durabilité des constructions génétiques ??

Evaluation directe de la durabilité : mise en place d'un long processus expérimental de sélection (cf intro 5 à 8 ans nécessaires)

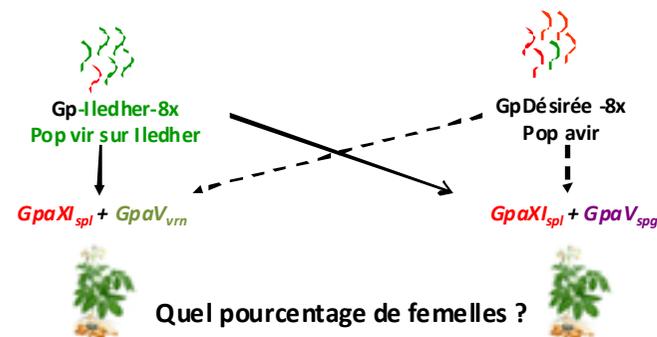


Fournet et al, 2013 Plant Pathol

Utilisation de **populations virulentes**, naturelles ou issus d'un processus de sélection sur Iledher: **Estimation indirecte de la durabilité en condition contrôlée**

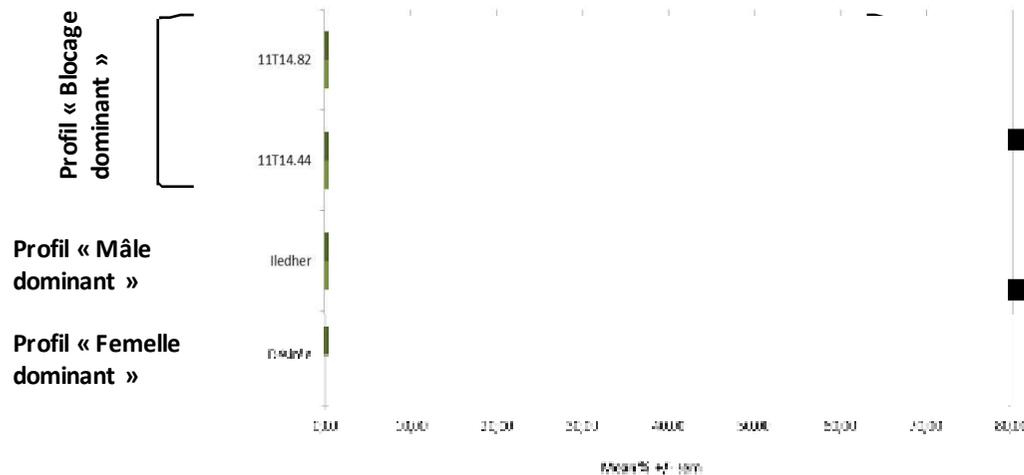
Les hypothèses :

- Une construction génétique qui contrôle la **population virulente** sélectionnée sur Iledher : **durabilité** \geq à Iledher (Iledher = témoin de durabilité)



GpaXI_{spl} - GpaV : une association prometteuse en termes de durabilité des résistances quel que soit le GpaV

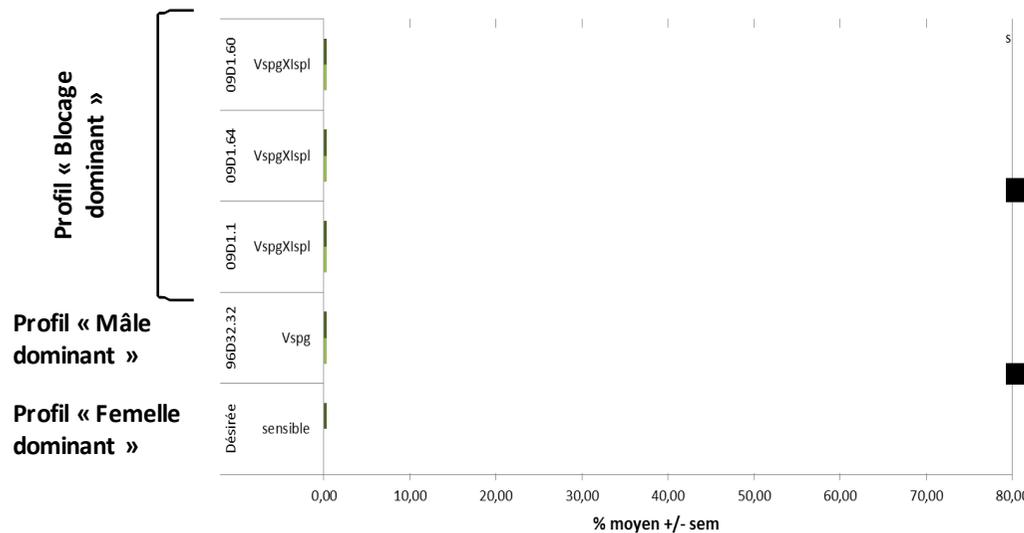
Famille 11T14 (GpaXI_{spl} + GpaV_{vrn})



■ Gain d'efficacité avec les génotypes XI+V

■ Parent R (Gpa V seul) contourné

Famille 09D1 (GpaXI_{spl} + GpaV_{spg})



■ Gain d'efficacité avec les génotypes XI +V

■ Parent R (Gpa V seul) contourné

Conclusion *GpaXI_{spl}* + *GpaV* / durabilité des résistances

- Les constructions qui associent *GpaXI_{spl}* et *GpaV* permettent :
 - de contrôler des **populations européennes** devenues virulentes vis-à-vis de la principale source de résistance utilisée dans les variétés inscrites (*S. vernei* / Iledher...)
 - de contrôler (résultats non présentés) une population naturellement virulente **sud-américaine** (réponse en cas d'introduction)

Des sorties / projet AQRGpa

- Des géniteurs et des clés pour les sélectionneurs afin de créer des variétés qui soient durablement résistantes à *G. pallida*,
- des marqueurs moléculaires pour suivre les constructions génétiques,
- des possibilités d'étendre la production de pomme de terre dans les régions naturellement infestées (nouveaux marchés ??)

Perspectives de recherche

Volet génétique

Incohérences génotypage / phénotypage

Nécessité de poursuivre les travaux de cartographie pour lever ces incohérences

- Perte liaison marqueur – « QTL de résistance » ? ?
- Intervention d'autres locus ??
- Effet du dosage allélique ??

Volet Nématode

Tester ces associations $GpaXI_{spl} + GpaV$ vis-à-vis d'une diversité génétique étendue aux populations sud-américaines

Remerciements

Les partenaires IGEPP

Les Généticiens

L. Chauvin
J.P. Dantec
M.A. Dantec
F. Monot
R. Pouliquen
C. Le Gwen
J. Quéré
C. Souchet

Les Nématologistes

L. Renault
J. Montarry
D. Fouville
E. Grenier

Les partenaires UGAFL

B. Caromel

ACVNPT

Association de Créateurs de Variétés Nouvelles de Pommes de Terre



F. Aurrousseau, C. Chatot, H. Dubreuil, J.M. Abiven



Brassica – Allium - Cynara - Solanum



D. Ruer

Les financeurs



Merci de votre attention