

Un plan nord pour le soya !

Aurélie Tardivel¹, Humira Sonah¹, Francois Belzile¹, Louise S. O'Donoghue²

¹Dépt. de Phytologie, Faculté des Sciences de l'agriculture et de l'alimentation and Institut de Biologie Intégrative et des Systèmes, Université Laval, Québec, QC G1V 0A6, Canada, ²CÉROM, Centre de recherche sur les grains inc., 740, chemin Trudeau, Saint-Mathieu de Beloeil, QC J3G 0E2 Canada

Le soya est aujourd'hui une culture économiquement importante, mais dont la production reste cantonnée au sud du Canada. En effet, son extension vers les latitudes plus élevées est limitée par la disponibilité de cultivars hâtifs et performants. Afin d'élargir les zones de production possibles, le développement de variétés très précoces est nécessaire. Cet objectif est cependant limité par le peu de connaissances dont on dispose sur les gènes contrôlant la maturité et par la corrélation négative existant entre haut rendement et maturité précoce. Le présent projet vise à l'identification de marqueurs liés aux quatre principaux gènes de maturité caractérisés à ce jour (E1 à E4) (Xia *et al.*, 2012) et à la mise en place d'un outil de sélection pouvant faciliter et accélérer le développement de variétés hâtives à haut rendement.

Grâce aux avancées technologiques, une nouvelle approche de génotypage rapide et économique a été développée : le génotypage par séquençage (GBS) (Elshire *et al.*, 2011). Celui-ci permet d'identifier des milliers de marqueurs SNP chez de nombreuses lignées et en peu de temps. Un protocole GBS ainsi qu'un pipeline d'appel de SNP pour le soya ont été développés (Sonah *et al.*, sous presse) et utilisés pour caractériser 144 lignées exotiques hâtives pertinentes pour l'étude des gènes de maturité ainsi que 305 lignées représentant la diversité du soya cultivé dans l'est du Canada. Cinq haplotypes (empreintes génétiques distinctes), composés de 5 marqueurs placés à l'intérieur et autour du gène *E3* ont été observés. Un haplotype est trouvé chez les lignées portant l'allèle sauvage *E3Ha* (lequel confère une maturité tardive) et un autre à l'allèle mutant *e3T*, qui diffère par une délétion de 13.3 kb à l'extrémité 3' du gène *E3*. Le séquençage du gène *E3* pour les lignées présentant le troisième et quatrième haplotype a révélé deux nouveaux allèles, tous deux caractérisés par la présence d'un codon stop prématuré et par un phénotype hâtif. La caractérisation moléculaire des génotypes partageant le cinquième haplotype a conduit à la découverte d'un autre allèle défini par une substitution d'acide aminé. Toutefois l'impact de cette mutation sur le phénotype reste à explorer.

Les informations générées ont permis de compléter la caractérisation génétique détaillée d'un des gènes les plus importants contrôlant la maturité. Ce travail de caractérisation allélique sera poursuivi sur les autres gènes de maturité connus. Les résultats obtenus, alliés à une caractérisation phénotypique (portant sur la maturité et le rendement), permettront d'atteindre l'objectif initial qui est la mise en place d'un outil de sélection pour le développement de variétés hâtives à haut rendement.

Références :

¹ Xia Z., H. Zhai, B. Liu, F. Kong, X. Yuan, H. Wu, E.R. Cober, et K. Harada, 2012b. Molecular identification of genes controlling flowering time, maturity, and photoperiod response in soybean. *Plant Syst Evol*, 298:1217–1227.

² Elshire R.J., J.C. Glaubitz, Q. Sun, J.A. Poland et K. Kawamoto, 2011. A Robust, Simple Genotyping-by-Sequencing GBS Approach for High Diversity Species. *PLoS ONE*, 65: e19379.

³ Sonah H., M. Bastien, E. Iquiria, A. Tardivel, G. Légaré, B. Boyle, E. Normandeau, J. Laroche, S. Larose, M. Jean, et F. Belzile, en impression. An improved genotyping by sequencing GBS approach offering increased versatility and efficiency of SNP discovery and genotyping. *PLoS One*.

Un plan nord pour le soya!

Journée d'information scientifique
– Grandes cultures –
25/02/2013

Aurélie Tardivel



Une plante de jours courts



Cultivar non adapté tardif



$\leq 13.5h$



Récolte



$> 13.5h$



Pas de récolte
Pas de floraison

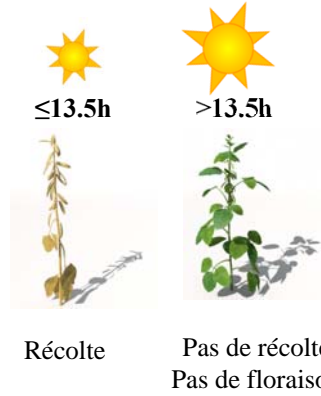
Source: Cober *et al.*, 2001



Une plante de jours courts

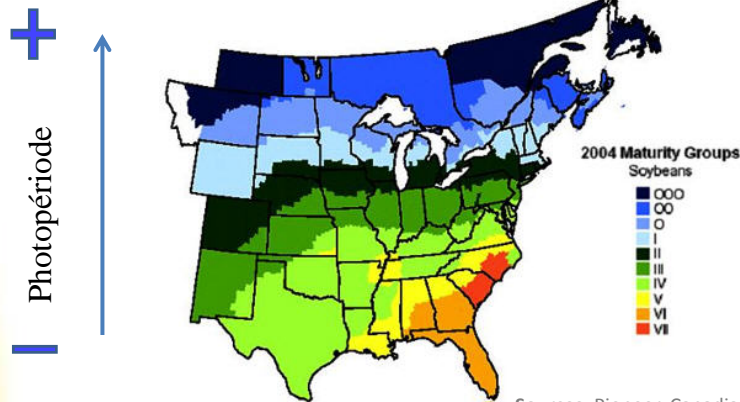
Contrôle génétique complexe

- Beaucoup de gènes (E)
- Fonctionnels/dysfonctionnels



Sources: Kim *et al.*, 2012, Xia *et al.*, 2012

Répartition géographique limitée



Sources: Pioneer, Canadian soybean council

Répartition géographique limitée



Photopériode



Peu de cultivars disponibles !

Sources: Pioneer, Canadian soybean council

Sources de gènes de maturité

Quelles lignées possèdent quels gènes?



Lignées canadiennes adaptées

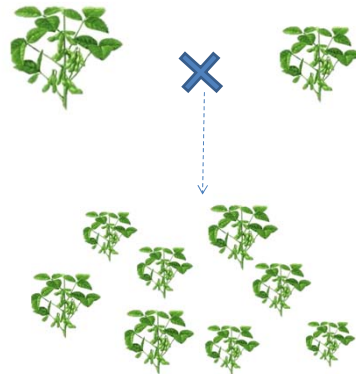
E1? E3?
E2? E4?



Lignées hâtives parentales

Rôle des marqueurs moléculaires

Permet le transfert rapide de nouveaux gènes



Orienter les croisements

Optimiser la complémentarité

Choisir les descendants

Choisir les combinaisons

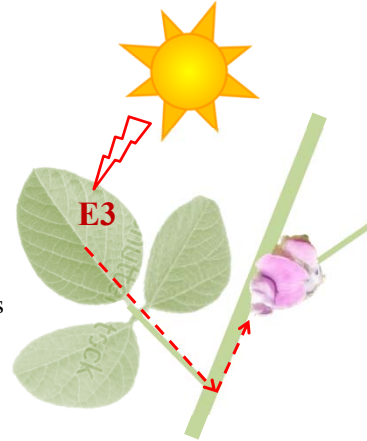
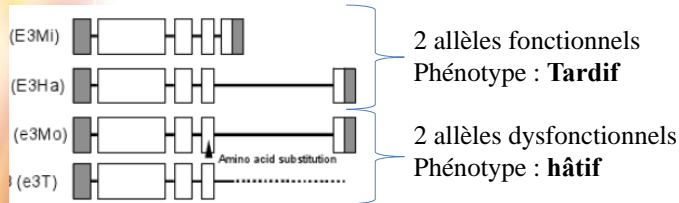
Objectifs

- Identifier des marqueurs liés à la maturité
Développer une nouvelle méthode de caractérisation avec
un grand nombre de marqueurs

- Développer un outil de sélection pour la maturité hâtive
 - Étendre les zones de cultures
 - Rotation avec des céréales d'hiver

Commencer par le locus E3

- E3 est un récepteur de lumière



Collections étudiées

Collection canadienne

305
Lignées adaptées
canadiennes



Bonne qualité agronomique
Diversité cultivée au Canada

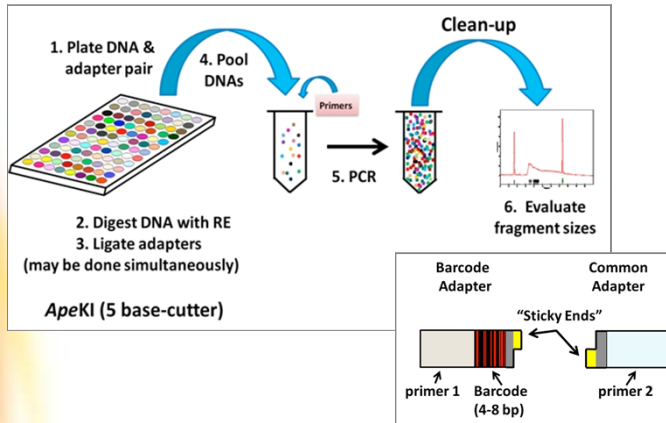
Collection hâtive

144
Lignées hâtives
parentales



Groupe de maturité 0 à 000
Origine géographique variée

Obtenir des marqueurs



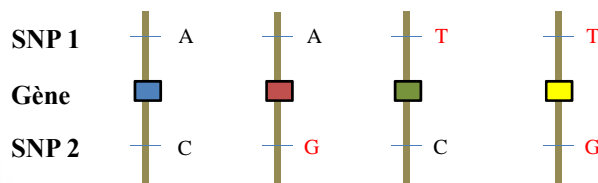
10 157 SNP
Pour 449 individus

Source: Elshire *et al.*, 2011

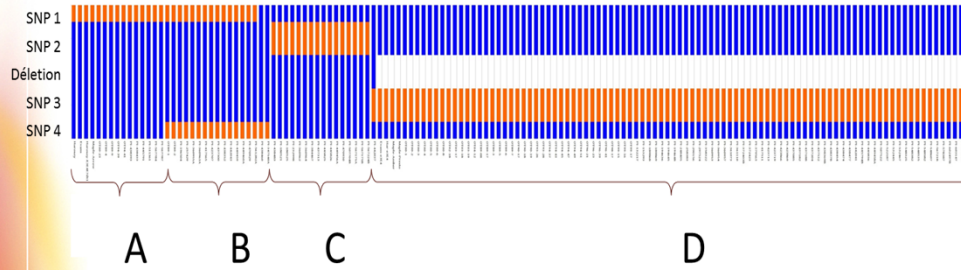
Utiliser des marqueurs

Haplotype:

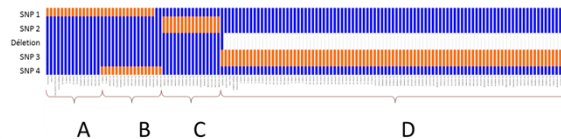
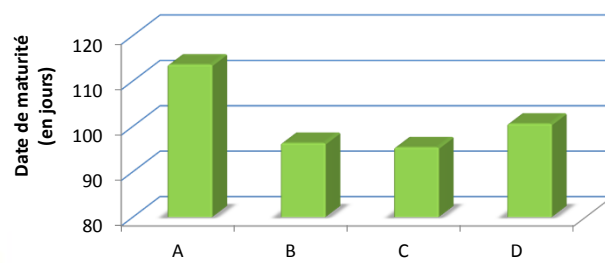
Associer plusieurs marqueurs pour caractériser des allèles transmis



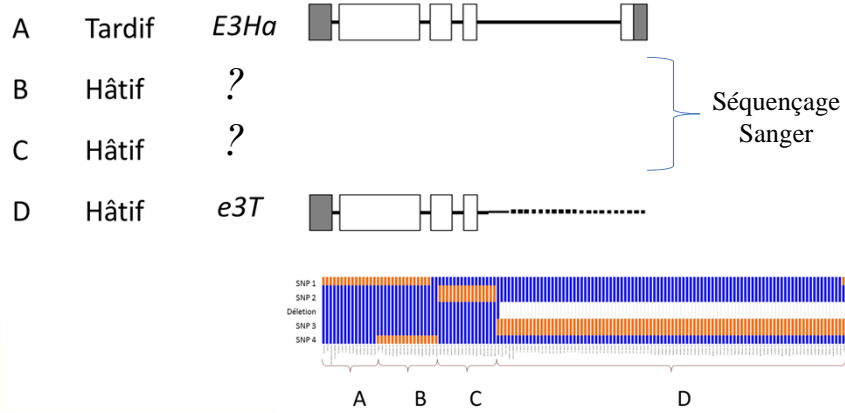
Collection hâtive



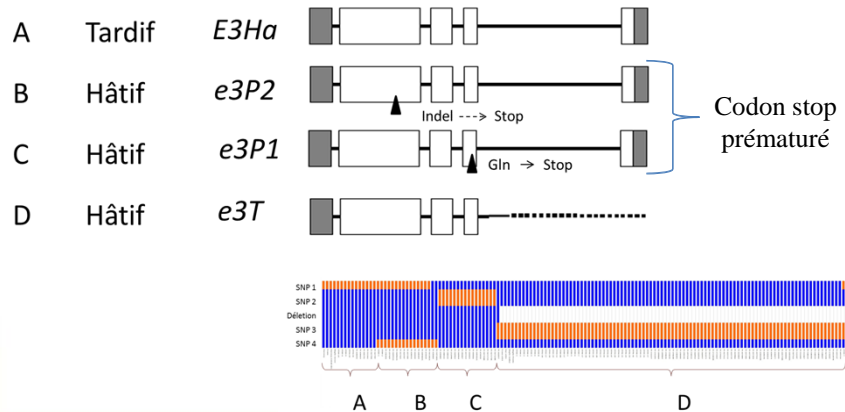
Collection hâtive



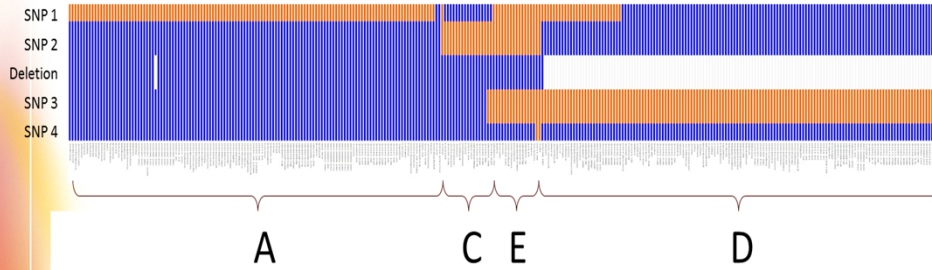
Collection hâtive



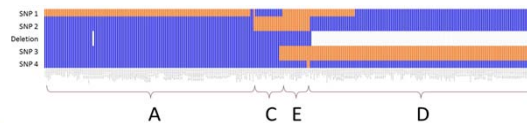
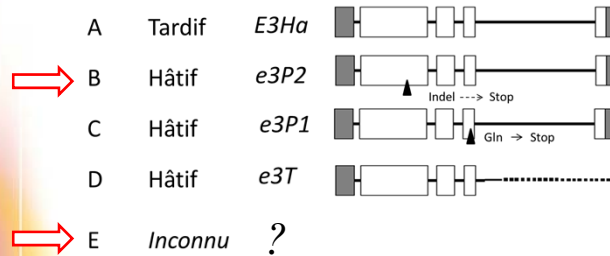
Collection hâtive



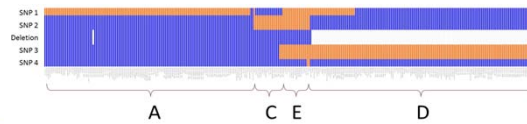
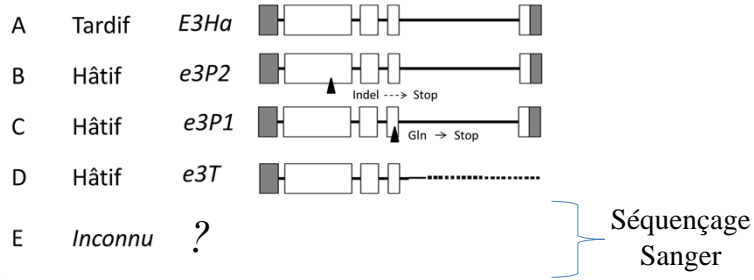
Collection canadienne



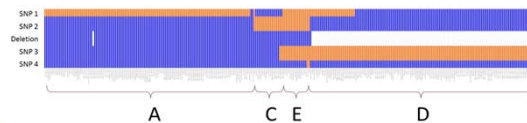
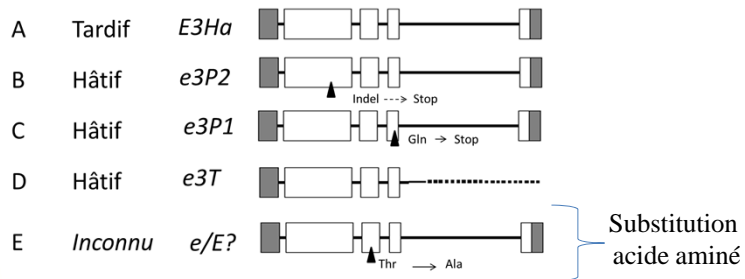
Collection canadienne



Collection canadienne



Collection canadienne



Conclusion

La méthode GBS a été très efficace pour identifier des marqueurs liés au locus E3

- Marqueurs plus proches
- Marqueurs plus informatifs

Conclusion

L'approche utilisée a permis d'identifier des haplotypes propres à des allèles fonctionnels et non fonctionnels

- Caractérisation allélique rapide
- Découverte de 3 nouveaux allèles

À suivre...

Développement et utilisation des marqueurs identifiés dans le cadre d'un programme d'amélioration

Extension et application de cette méthode à d'autres gènes de maturité (E)

Remerciements

Ce projet est financé par le programme de Développement de produit Agricole Innovateur (DPAI) de AAC et l'Alliance de recherche sur les cultures commerciales du Canada



Université Laval:

François Belzile
Martine Jean
Huma Sonah
Martin Lacroix
Plateforme d'analyse génomiques
Plateforme de bio-informatique

CÉROM:

Dr Louise O'Donoghue
Université de Guelph
Dr Istvan Rajcan
Agriculture Canada
Dr Elroy Cober