



**HAL**  
open science

## Presentation of "A plant biodiversity effect resolved to a single chromosomal region" by Wuest et al. (2018)

Germain Montazeaud

### ► To cite this version:

Germain Montazeaud. Presentation of "A plant biodiversity effect resolved to a single chromosomal region" by Wuest et al. (2018). Doctoral. Journal club of WP4 in the MoBiDiv project, France. 2023, 33 p. hal-04196806

**HAL Id: hal-04196806**

**<https://hal.inrae.fr/hal-04196806v1>**

Submitted on 5 Sep 2023

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License

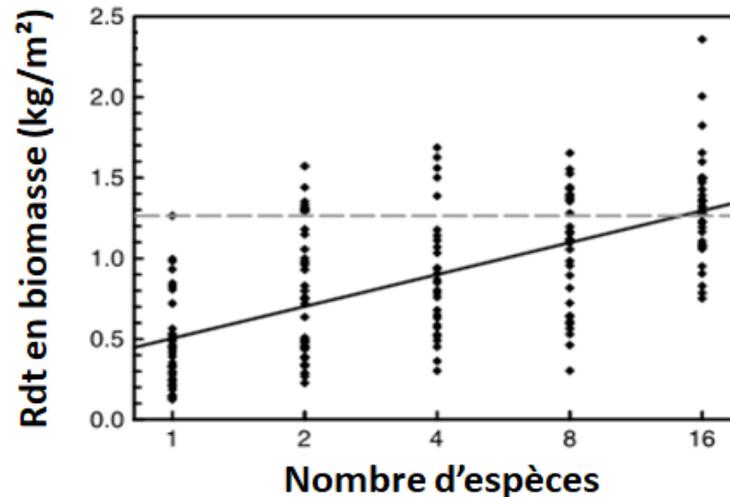
# Journal club

05.09.2023

Wuest, S.E. and Niklaus, P.A. (2018) A plant biodiversity effect resolved to a single chromosomal region. *Nature Ecology & Evolution* 2, 1933–1939

*Germain Montazeaud*

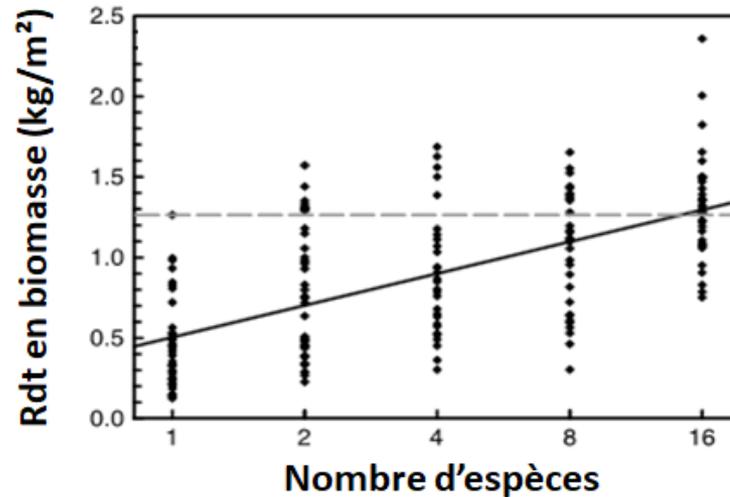
# Contexte



Tilman et al., 2001

- Les études observationnelles et expérimentales en écologie montrent un **lien positif entre diversité végétale et productivité**
- Résultat général, retrouvé dans plusieurs types d'écosystèmes et à plusieurs niveaux d'organisation (paysage, communauté, population intraspécifique)

# Problématique



Tilman et al., 2001

- **Mécanismes ?** → Complémentarité de niche, facilitation, effets de sélection ?
- Une approche classique pour tester ces mécanismes consiste à mesurer des **traits fonctionnels** dans des communautés plurispécifiques et de tester les relations diversité fonctionnelle-productivité
- Limites:
  - Les traits utilisés sont-ils les bons ?
  - La variation phénotypique interspécifique est structurée par des compromis éco-physiologiques qui créent des corrélations entre traits et compliquent donc l'identification des traits causaux (corrélations  $\neq$  causalité)

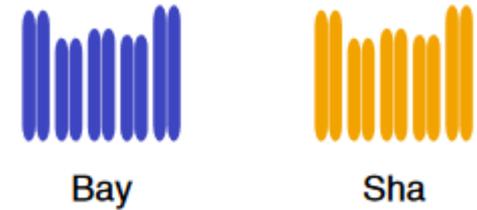
# Approche proposée

- **Utiliser la variabilité intraspécifique**, qui est plus facilement manipulable (les croisements permettent de redistribuer la variation phénotypique dans différents fonds génétiques)
- **Chercher des facteurs génétiques** associées à la relation diversité-productivité, plutôt que des facteurs phénotypiques (approche plus exploratoire, outils génétiques permettant de dépasser l'approche corrélative)

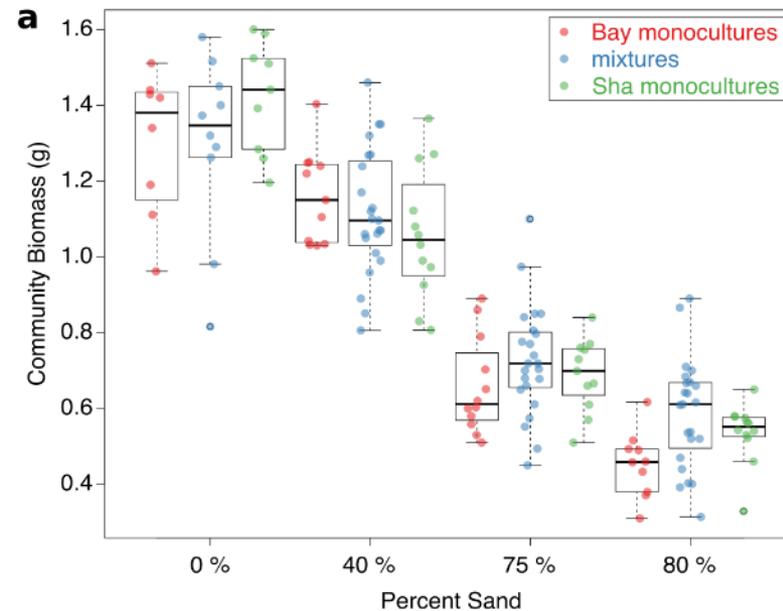
→ **Perspectives intéressantes pour l'amélioration des plantes** : capacité à prédire et à sélectionner des facteurs génétiques intéressants pour optimiser les interactions plante-plante.

# Méthode

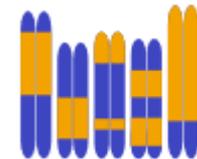
- 1 paire de lignées parentales



→ Ces 2 lignées montrent une interaction positive lorsqu'elles sont cultivées ensemble. L'effet d'interaction dépend de la composition du sol

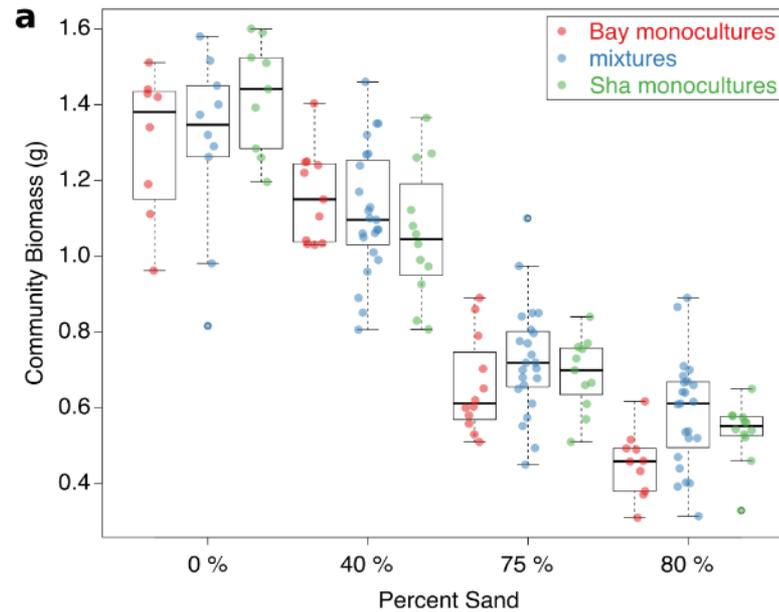


- 18 lignées recombinantes (disponibles et caractérisées)



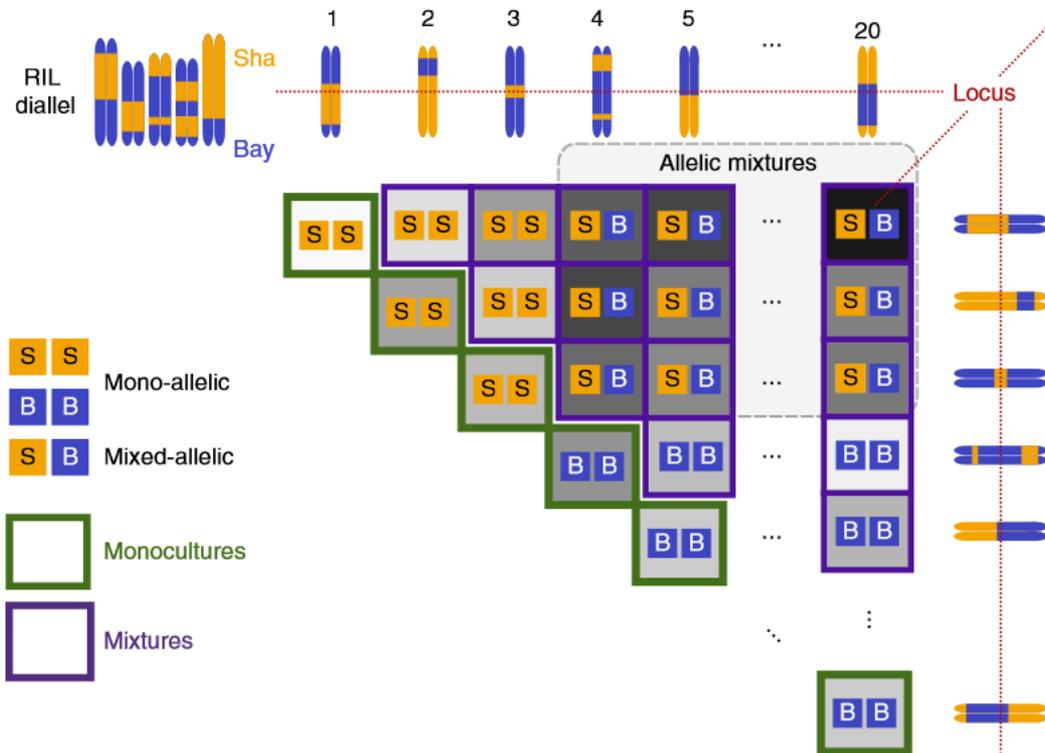
# Objectif

→ Identifier les bases génétiques de l'interaction positive entre Bay et Sha



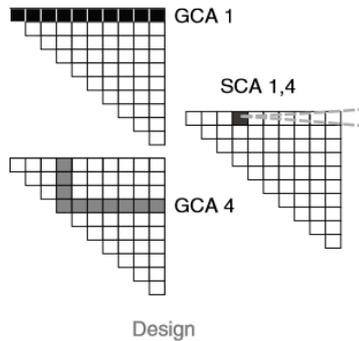
# Méthode

- Expérience de compétition intraspécifique inspirée des plans de croisements (diallèle)



- 4 réplicas (4 blocs)
- 4 plantes par pot, culture en serre (conditions standards)
- récolte à ~ 50 jours, mesure de la biomasse aérienne totale

# Analyses statistiques



Utilisation du cadre analytique de la sélection des variétés hybrides: **Aptitudes générales (GCA) et spécifiques (SCA) à la combinaison**

$$\text{Productivité du mélange } 1 + 4 = GCA_1 + GCA_4 + SCA_{14} + \varepsilon$$

$GCA_i$  : Aptitude générale à la combinaison du génotype  $i \rightarrow$  Production moyenne de biomasse de toutes les communautés comportant le génotype  $i$

$SCA_{ij}$  : Aptitude spécifique à la combinaison des génotypes  $i$  et  $j \rightarrow$  Différence entre la productivité du mélange  $ij$  et  $GCA_i + GCA_j$

# Analyses statistiques

- **Etape 1: estimation des SCAs**

$$Biomass_{ijk} = \mu + \beta_k + GCA_i + GCA_j + SCA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

$\beta_k$ : effet du bloc  $k$

$GCA_i$  : Aptitude générale à la combinaison du génotype  $i$

$SCA_{ij}$  : Aptitude spécifique à la combinaison des génotypes  $i$  et  $j$

# Analyses statistiques

- **Etape 1: estimation des SCAs**

$$Biomass_{ijk} = \mu + \beta_k + GCA_i + GCA_j + SCA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

- **Etape 2: genome-wide mapping des SCAs avec 69 marqueurs microsatellites (QTL interval mapping & marker regression)**

$$\text{Au marqueur } l, SCA_{ij} = \mu + \beta_l Ad_{ijl} + \varepsilon_{ij}$$

$\beta_k$ : effet du bloc  $k$

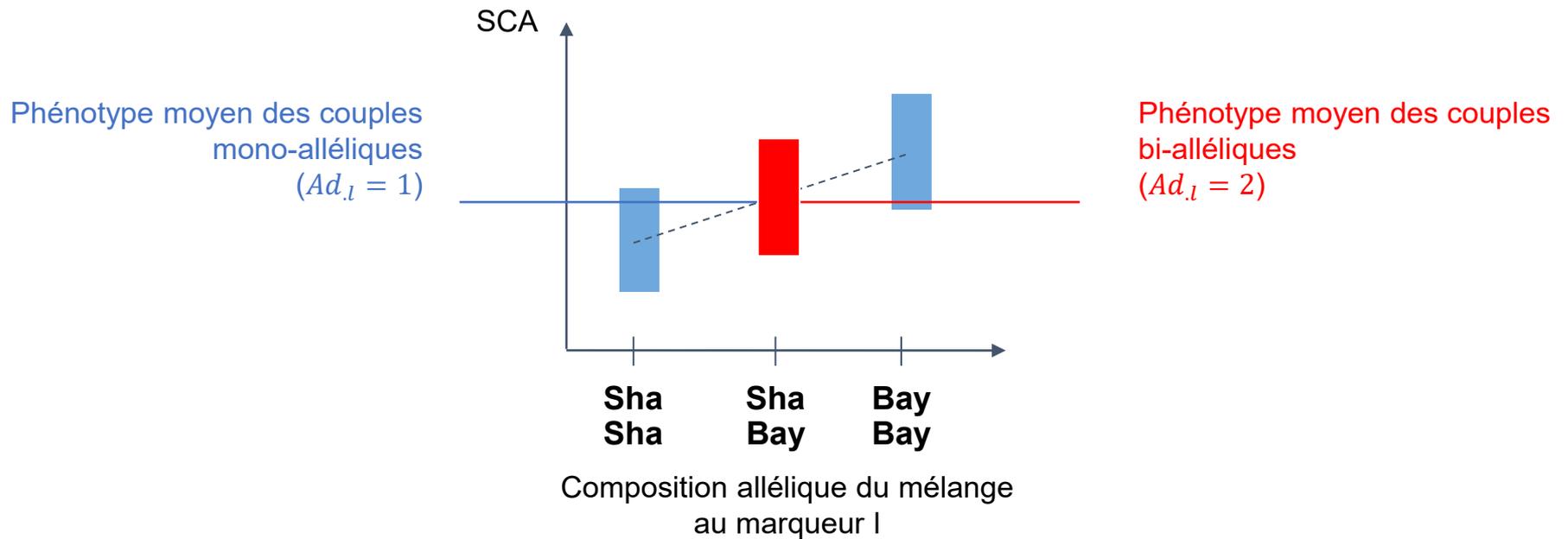
$GCA_i$  : Aptitude générale à la combinaison du génotype  $i$

$SCA_{ij}$  : Aptitude spécifique à la combinaison des génotypes  $i$  et  $j$

$Ad_{ijl}$ : diversité génétique du mélange  $ij$  au locus  $l$  (1 for Sha/Sha and Bay/Bay, 2 for Sha/Bay)

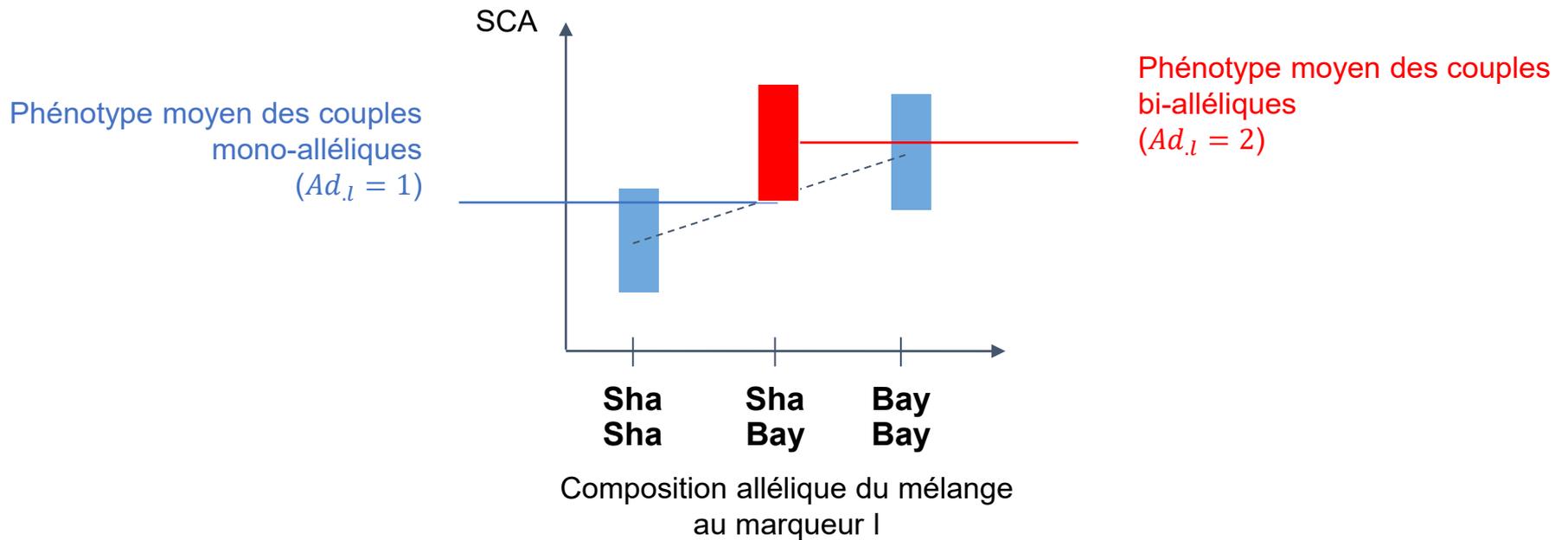
$\beta_l$ : effet de la diversité génétique au locus  $l$

# Analyses statistiques



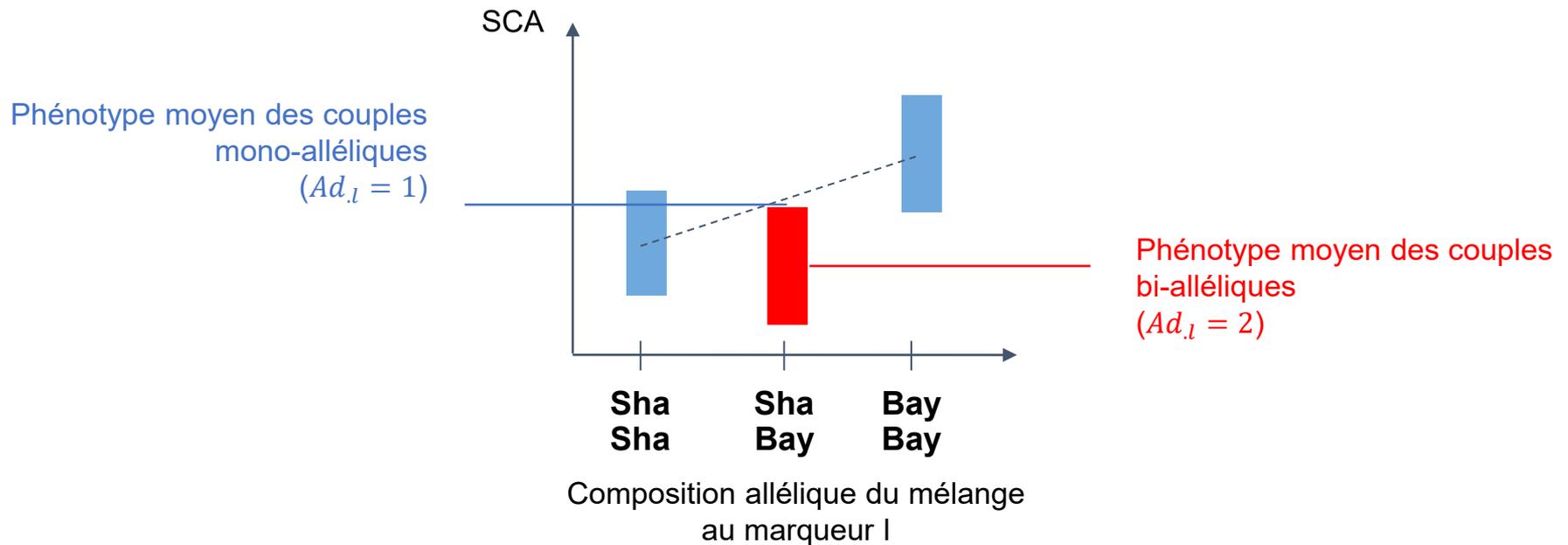
$$\beta_l = 0$$

# Analyses statistiques



$$\beta_l > 0$$

# Analyses statistiques

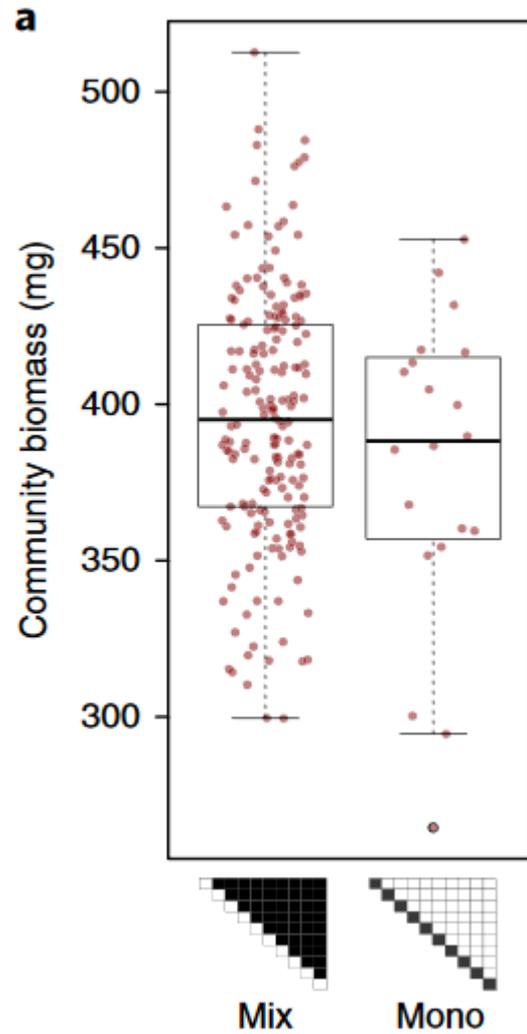


$$\beta_l < 0$$

# Résultats

Les mélanges sont en moyenne plus productifs que les monocultures

→ on retrouve l'interaction positive entre Ba et Shay dans leur descendance

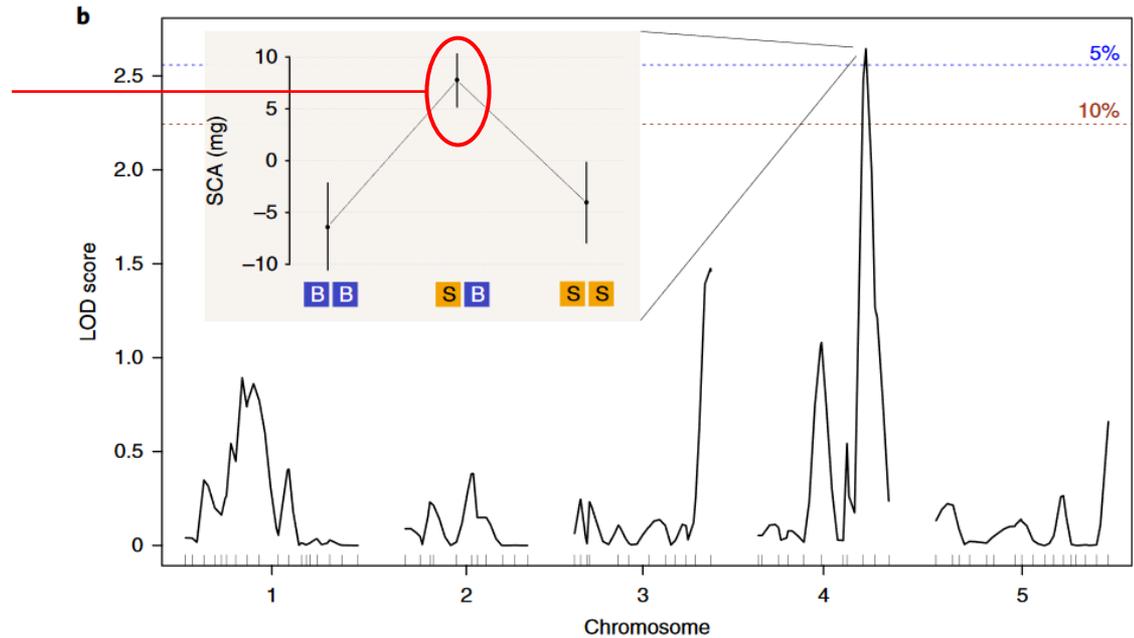


# Résultats

**1 locus à effet majeur sur le chr. 4**

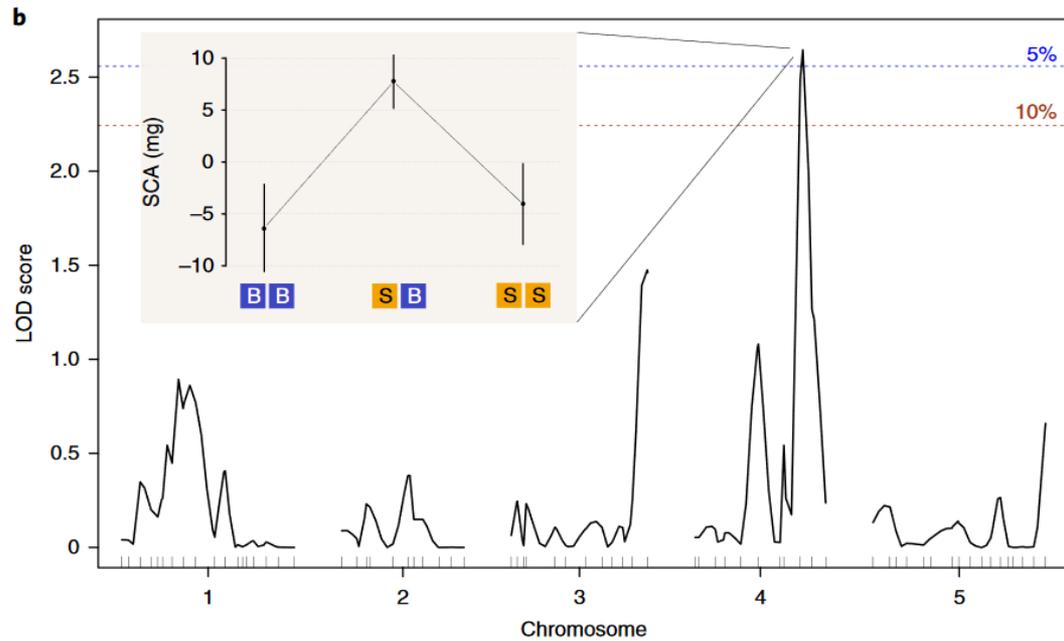
**La diversité allélique à ce locus est associée à un effet positif sur la SCA**

**Les mélanges composés de lignées n'ayant pas le même allèle à ce locus ont des SCA plus élevées que les mélanges monoalléliques**

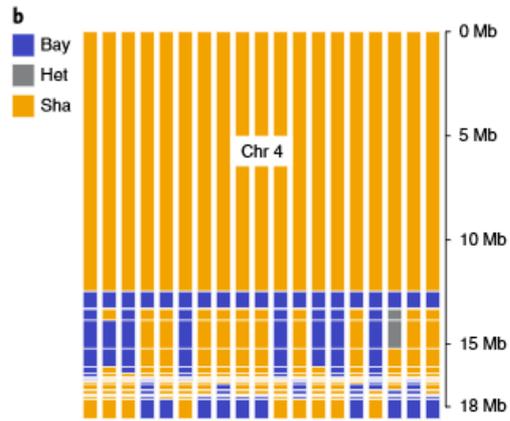


# Résultats

Mais → résolution faible (18 RILs, 69 marqueurs)

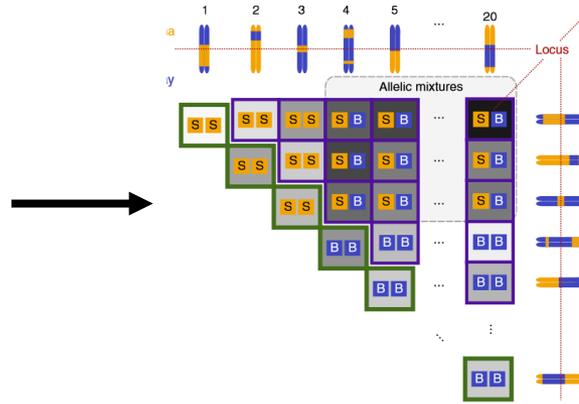
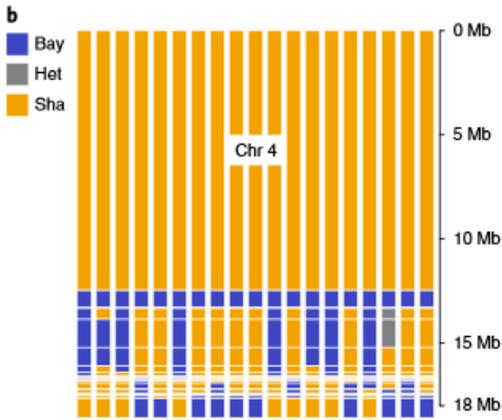


# Résultats



Production de 19  
lignées quasi-  
isogéniques (NILs) par  
autofécondation d'une  
RIL hétérozygote dans  
la zone candidate.

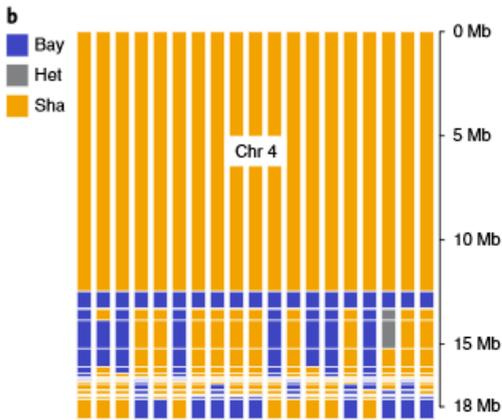
# Résultats



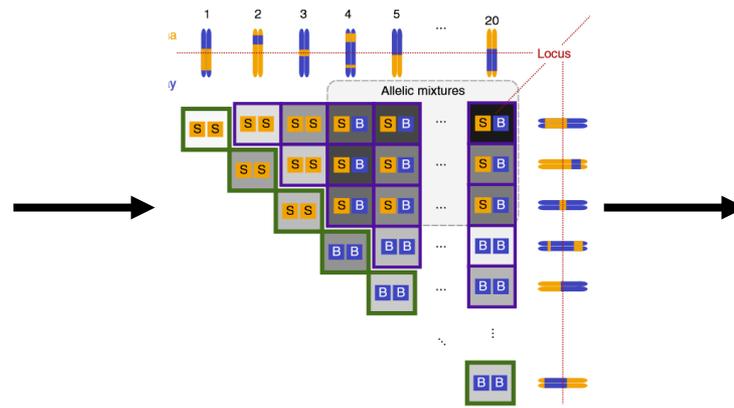
Production de 19  
lignées quasi-  
isogéniques (NILs) par  
autofécondation d'une  
RIL hétérozygote dans  
la zone candidate.

Demi-diallèle avec les  
19 NILs

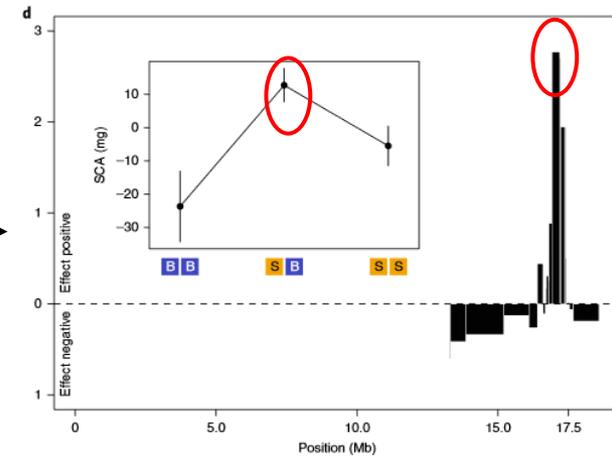
# Résultats



Production de 19 lignées quasi-isogéniques (NILs) par autofécondation d'une RIL hétérozygote dans la zone candidate.



Demi-diallèle avec les 19 NILs

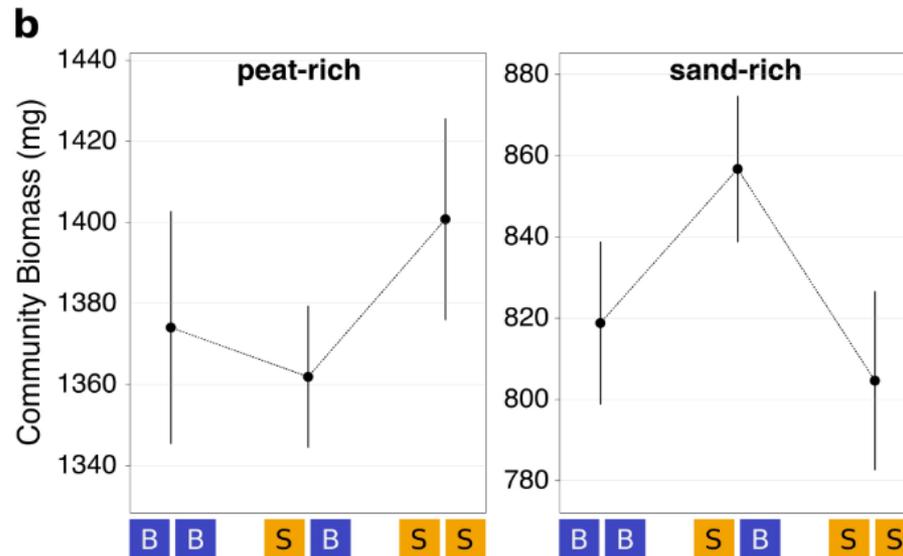


Validation du QTL et réduction de la zone candidate à 310 kb (2,5%. du génome, 86 gènes)

# Résultats

Résultats annexes intéressants:

- L'effet du QTL n'est pas significatif en utilisant un sol plus riche en tourbe
- Les mêmes résultats sont obtenus avec une paire de NILs indépendantes (autre fond génétique)



# Résultats

## Bilan:

- L'effet du QTL et sa dépendance à la composition du sol ont pu être répliqués dans plusieurs expériences indépendantes (manip préliminaire, diallèle avec les RILs, diallèles avec les NILs (dont deux fonds génétiques différents))
- La taille du QTL a pu être réduite à quelques centaines de kb

# Résultats

**Mécanisme?**

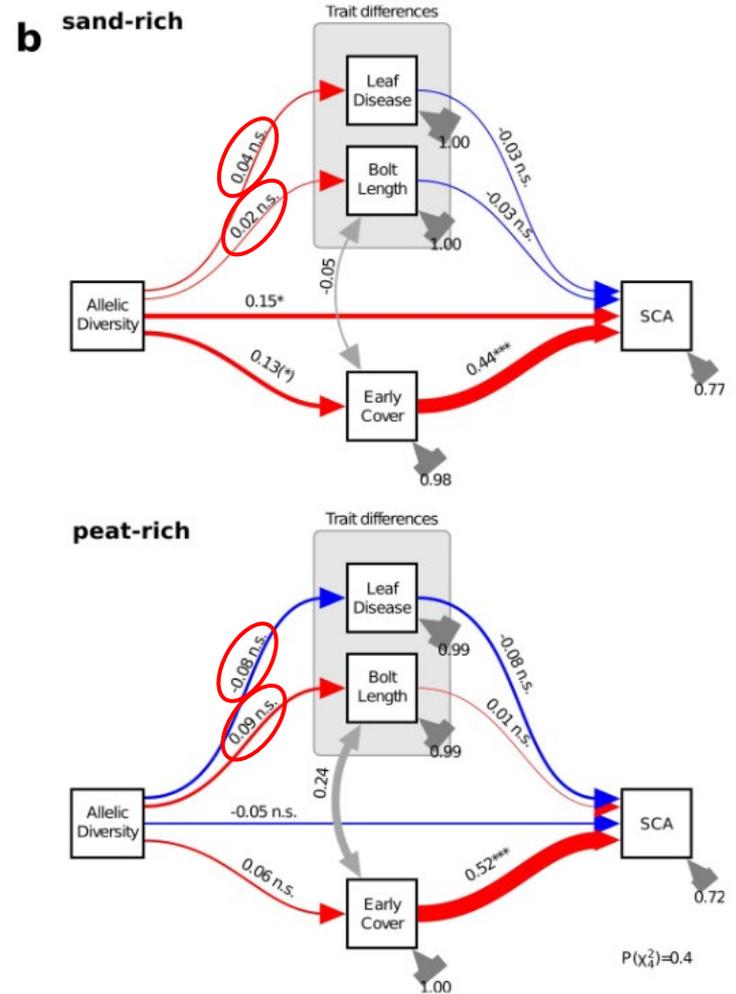
# Résultats

La différence allélique au locus candidat n'est pas corrélée avec des différences de sensibilité aux maladies, ni avec des différences de phénologie

a



b



Structural equation models  
Ajustés sur la base du diallèle avec les NILs

# Résultats

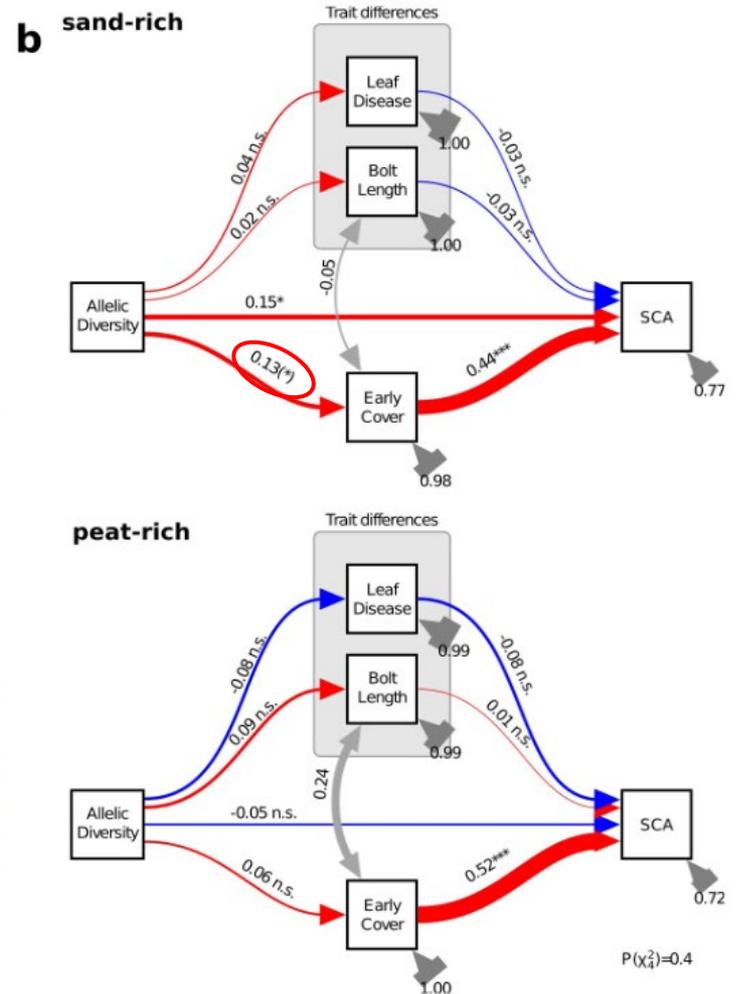
La différence allélique au locus candidat n'est pas corrélée avec des différences de sensibilité aux maladies, ni avec des différences de phénologie

En revanche, l'effet positif de la diversité allélique se manifeste assez tôt avec une couverture foliaire plus importante dans les mélanges bialléliques sur sol sableux

a



b



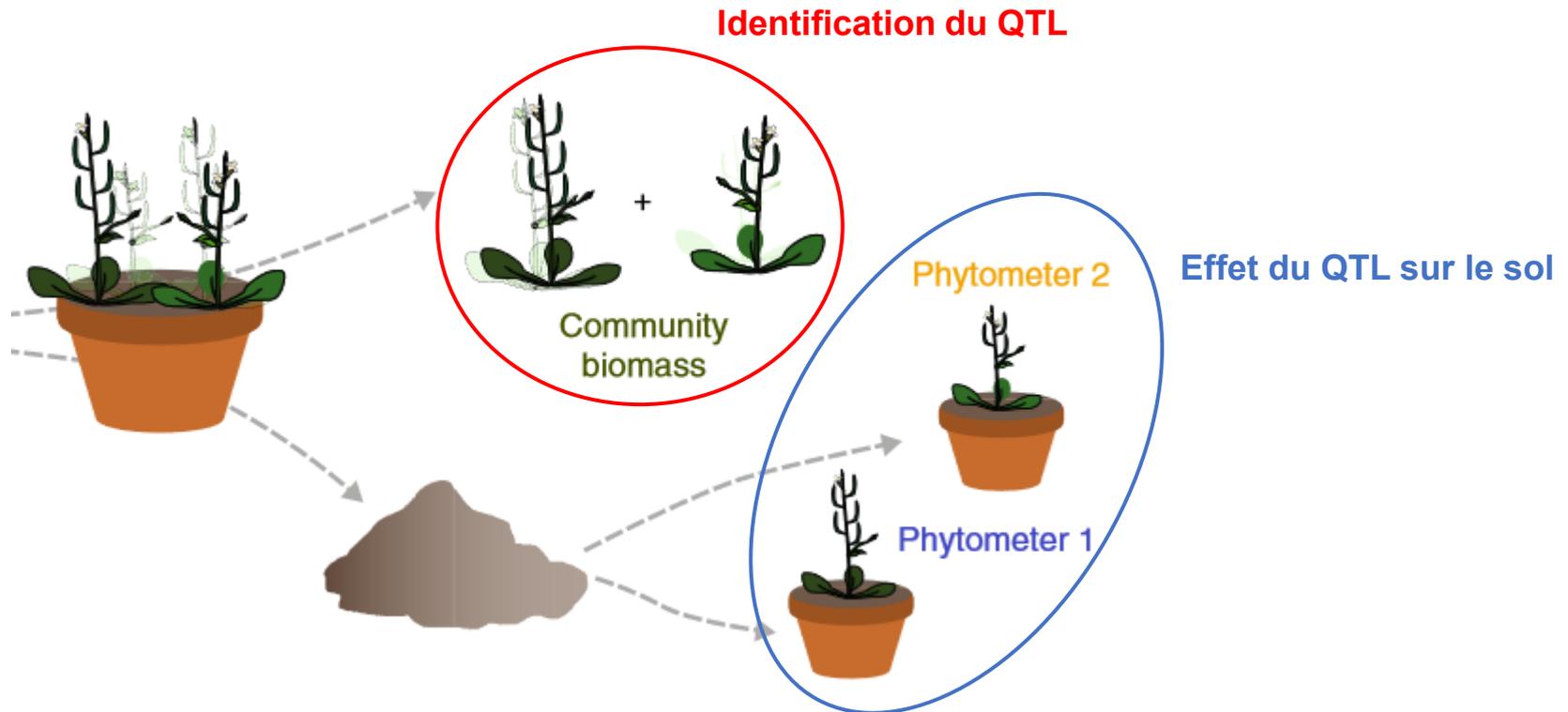
Structural equation models  
Ajustés sur la base du diallèle avec les NILs

# Résultats

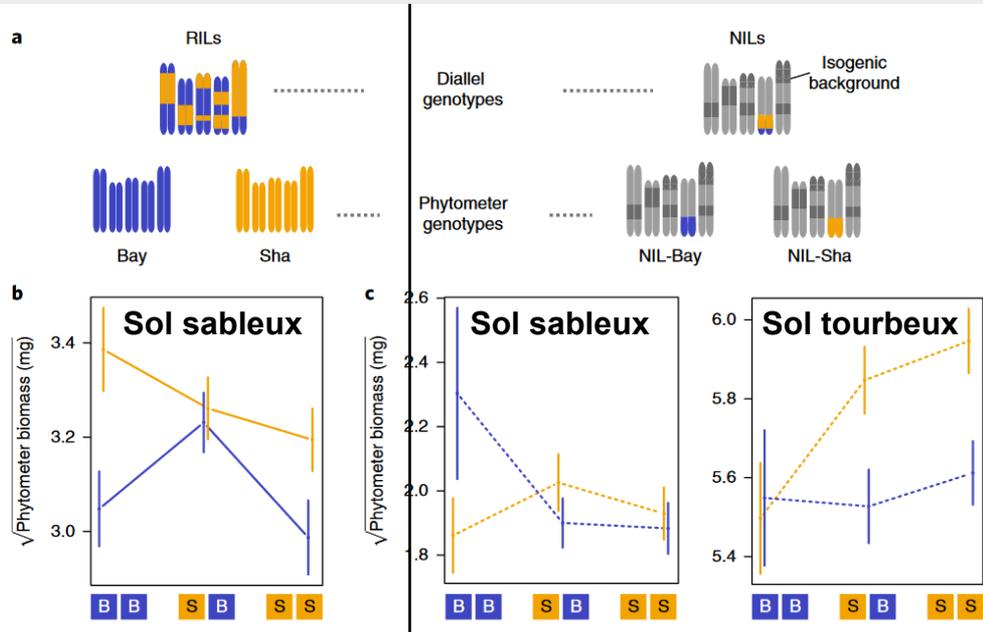
Comme l'effet du QTL change avec la composition du sol, et que plusieurs études ont montré que les interactions plante-plante positives pouvaient être liées à un conditionnement du sol, les auteurs proposent de tester le sol issu des différents mélanges (différentes compositions alléliques) avec des « phytomètres ».

# Résultats

Comme l'effet du QTL change avec la composition du sol, et que plusieurs études ont montré que les interactions plante-plante positives pourraient être liées à un conditionnement du sol, les auteurs proposent de tester le sol issu des différents mélanges (différentes compositions alléliques) avec des « phytomètres ».



# Résultats



**Sol provenant du diallèle avec les RILs**

**Sol provenant du diallèle avec les NILs**

Les auteurs identifient un effet significatif de la diversité allélique au locus sur la biomasse des phytomètres à la génération suivante.

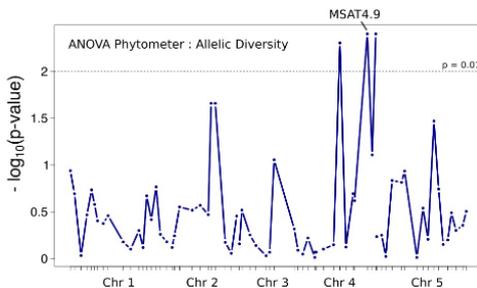
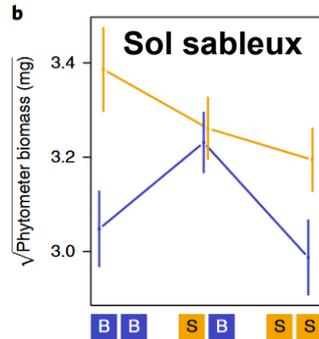
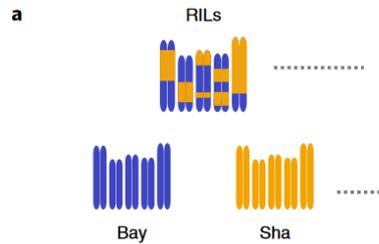
Cet effet dépend cependant de l'expérience (RILs vs NILs), du type de sol (sableux vs tourbeux), et du génotype du phytomètre (Bay vs Sha)

# Résultats

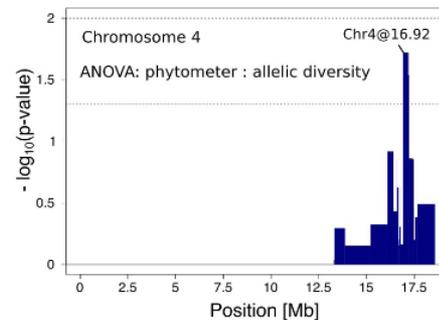
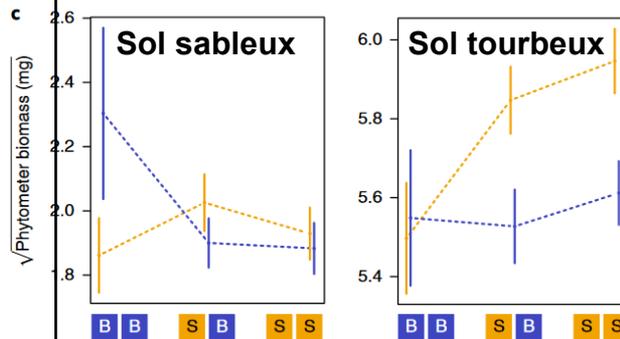
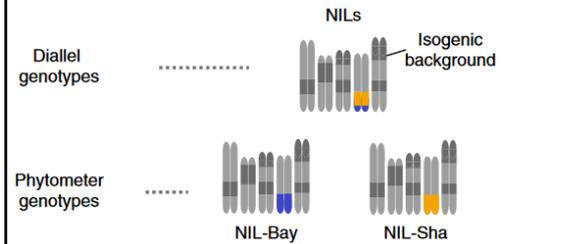
Les auteurs identifient un effet significatif de la diversité allélique au locus sur la biomasse des phytomètres à la génération suivante.

Cet effet dépend cependant de l'expérience (RILs vs NILs), du type de sol (sableux vs tourbeux), et du génotype du phytomètre (Bay vs Sha)

L'interaction entre le génotype du phytomètre et la diversité allélique au locus candidat peut être retrouvée par QTL mapping



**Sol provenant du diallèle avec les RILs**



**Sol provenant du diallèle avec les NILs**

# Conclusions

- Certaines interactions plante-plante peuvent être expliquées par une petite région chromosomique

# Conclusions

- Certaines interactions plante-plante peuvent être expliquées par une petite région chromosomique
- La compréhension fine des mécanismes en jeu requiert des expériences plus avancées, notamment pour mieux caractériser l'impact de la diversité allélique sur le sol

# Conclusions

- Certaines interactions plante-plante peuvent être expliquées par une petite région chromosomique
  - La compréhension fine des mécanismes en jeu requiert des expériences plus avancées, notamment pour mieux caractériser l'impact de la diversité allélique sur le sol
- Perspectives intéressantes pour l'amélioration des plantes

# Avis subjectif



- Approche originale et puissante pour disséquer les bases génétiques des interactions plante-plante → Inspirant pour la sélection des mélanges variétaux [1]
- Résultats « robustes » (reproductibilité du QTL dans plusieurs expériences indépendantes)



- Description de l'approche analytique/statistique assez superficielle
- Les mécanismes moléculaires/éco-physio en jeu restent mal compris

# Discussion