

Interactions plante-plante : Bases éco-évolutives et génétique d'association

Germain Montazeaud, Timothée Flutre

Plan

I. Bases éco-évolutives

II. Démarche de génétique d'association

I. Bases éco-évolutives

Les interactions plante-plante dans les écosystèmes naturels



Comment plusieurs espèces peuvent-elles co-exister?

→ Définition du concept de niche écologique:

(Grinnel, 1917; Hutchinson, 1957)

“l’ensemble des conditions biophysiques permettant à une espèce d’exister”

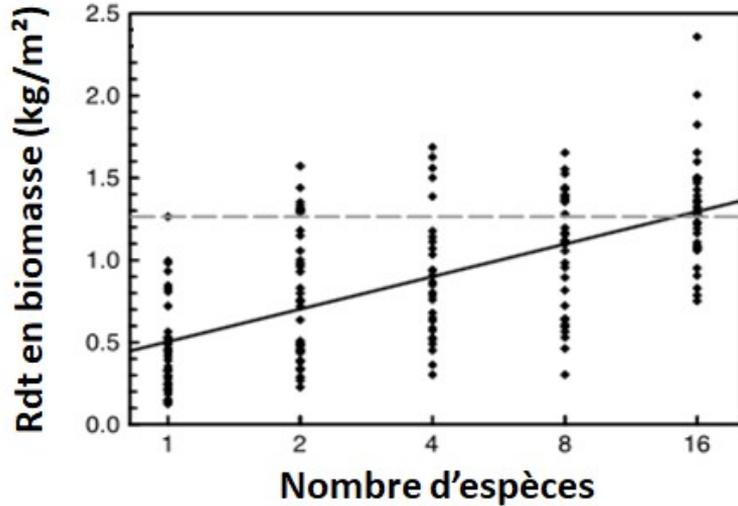
Peut-être défini par un ensemble d’axes (ressources, températures, prédateurs,...)

→ Principe de “limite à la similarité” et de “complémentarité de niche”:

(MacArthur & Levins, 1967)

La co-existence est possible si les espèces ont des besoins en ressources différents

Les interactions plante-plante dans les écosystèmes naturels



Tilman et al., 2001

Les écosystèmes les plus diversifiés ont une productivité primaire supérieure

→ Résultats retrouvés dans plusieurs types d'écosystèmes, surtout chez les espèces de prairies mais aussi les forêts, etc.

(Loreau et al., 2001; Hooper et al., 2005)

→ Résultats similaires (mais plus rares) à l'échelle intra-spécifique

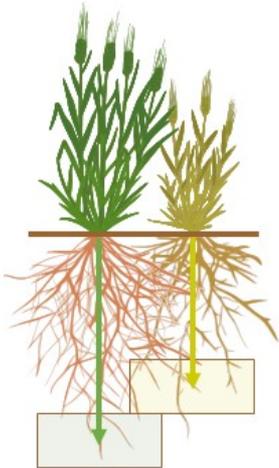
(Hughes et al., 2008; Atwater & Callaway, 2015)

Les interactions **positives** : mécanismes écologiques

La complémentarité de niche

Des génotypes (espèces) ayant des besoins en ressources différents entrent moins en compétition, et utilisent donc les ressources de façon plus efficace

(MacArthur and Levins, 1967)



Ici complémentarité spatiale, autres exemples: complémentarité dans la forme des ressources utilisée, dans la temporalité d'utilisation des ressources, etc.

C
ou
re

La facilitation

La présence d'un génotype crée une modification environnementale favorable pour la croissance de l'autre génotype

(Callaway, 1995)

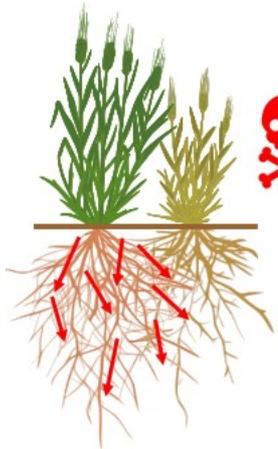


Ici acidification du sol, autres exemples: protection contre la sécheresse, protection contre l'herbivorie, etc.

Les interactions **négatives**: mécanismes écologiques

L'allélopathie

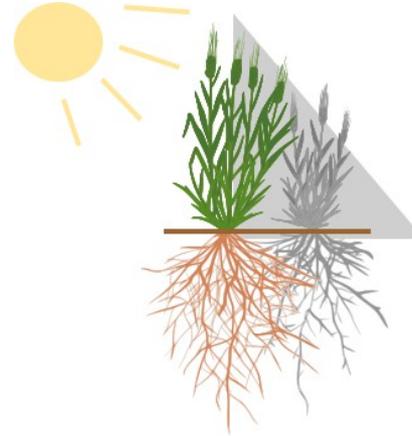
un génotype produit un composé biochimique toxique pour l'autre génotype (Stackowitz, 2001)



*Ici allélopathie par sécrétion racinaire.
autres exemples:
allélopathie par
dégradation des tissus, etc.*

La compétition

Une acquisition disproportionnée des ressources par un génotype réduit la quantité de ressources disponibles pour l'autre génotype (Tilman, 1982)

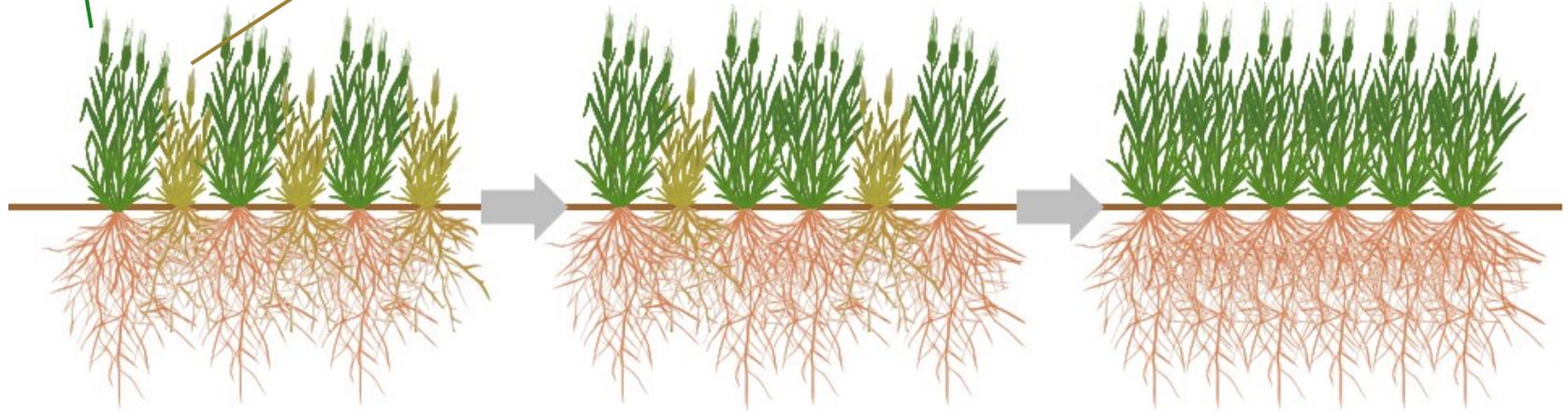


*Ici compétition pour la lumière.
autres exemples:
compétition pour l'eau,
les éléments minéraux,
etc.*

Les conséquences évolutives de la compétition: la Tragédie des Communs

Forte
aptitude à la
compétition

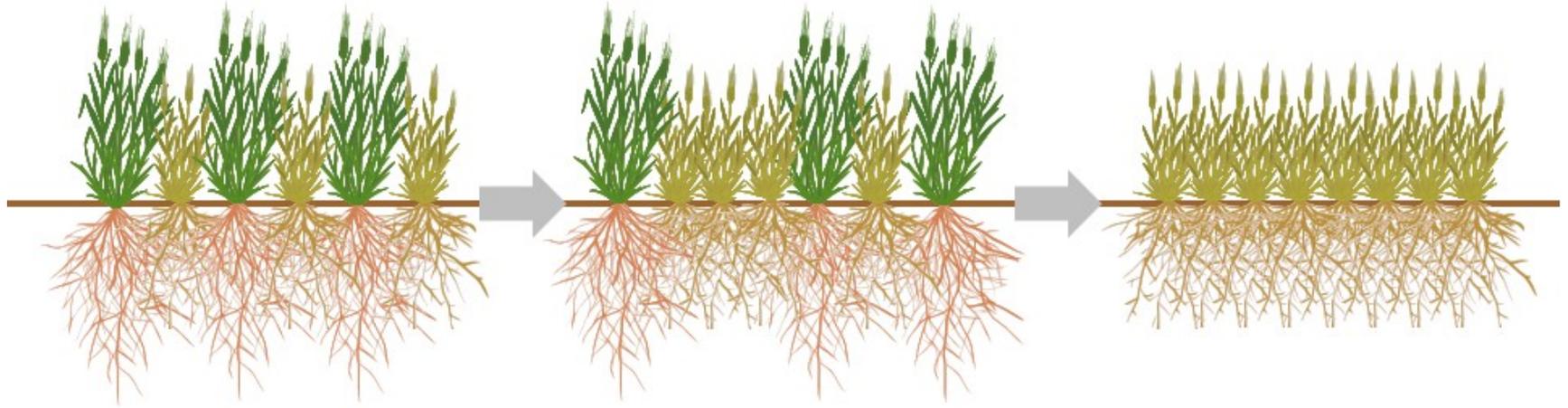
Faible
aptitude à la
compétition



Les conséquences évolutives de la compétition: la Tragédie des Communs



Comment la sélection peut-elle être inversée pour ne retenir que les individus les moins compétitifs ?



Intensité de la
compétition

Rendement en
grains



Donald, 1968

C
ou
r

Les interactions intra-spécifiques vues par la biologie évolutive

+



Apis mellifera

Hamilton, 1964



Phénotype
altruiste

Comment des phénotypes a priori défavorables pour les individus qui les expriment peuvent-ils être maintenus au cours de l'évolution ?

→ **Théorie de sélection de parentèle (kin selection theory):**

Un **apparemment fort** entre des individus de la même espèce favorise l'évolution et le maintien de **phénotypes altruistes** (ou coopératifs) (Hamilton, 1964)

Phénotype altruiste: phénotype qui diminue le pouvoir reproducteur de l'individu qui l'exprime mais qui augmente celui de ses partenaires (ceux avec qui il interagit). Le partage du phénotype altruiste par l'ensemble des individus d'un groupe permet de maximiser la performance du groupe.

Les interactions intra-spécifiques vues par la biologie évolutive

+



Apis mellifera

Hamilton, 1964



Phénotype
altruiste

Comment des phénotypes a priori défavorables pour les individus qui les expriment peuvent-ils être maintenus au cours de l'évolution ?

→ **Théorie de sélection de parentèle (kin selection theory):**

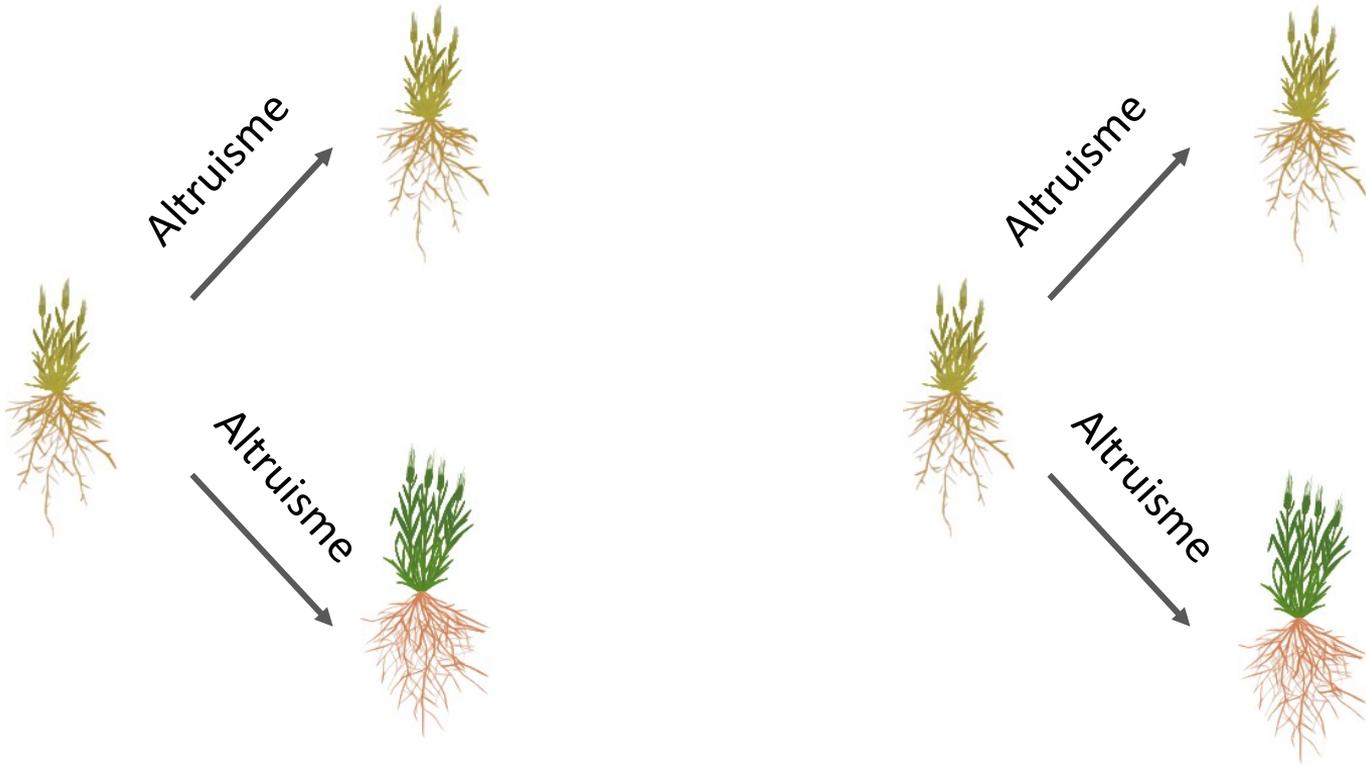
Un **apparemment fort** entre des individus de la même espèce favorise l'évolution et le maintien de **phénotypes altruistes** (ou coopératifs) (Hamilton, 1964)



Phénotype
altruiste

Phénotype altruiste: phénotype qui diminue le pouvoir reproducteur de l'individu qui l'exprime mais qui augmente celui de ses partenaires (ceux avec qui il interagit). Le partage du phénotype altruiste par l'ensemble des individus d'un groupe permet de maximiser la performance du groupe.

Les interactions intra-spécifiques vues par la biologie évolutive



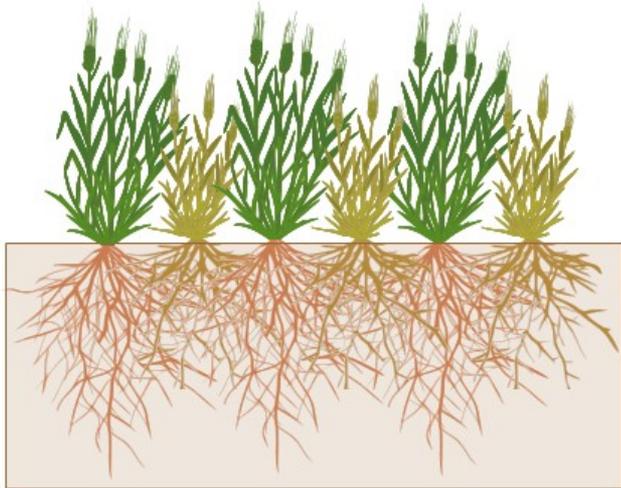
Altruisme **sans** reconnaissance

Altruisme **avec** reconnaissance

ou
re

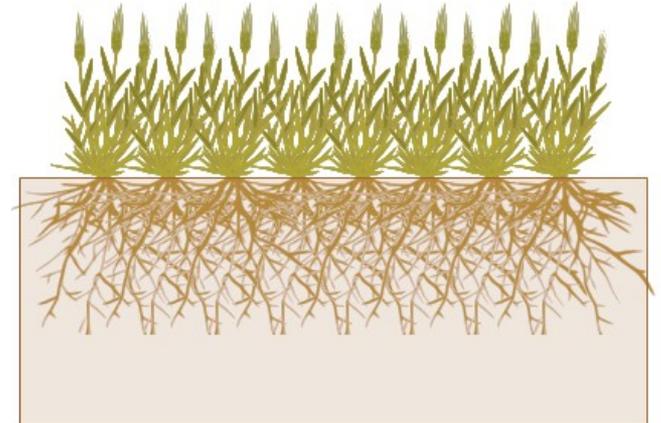
Ecologie

La **diversité** a un effet positif sur la productivité à l'échelle du groupe

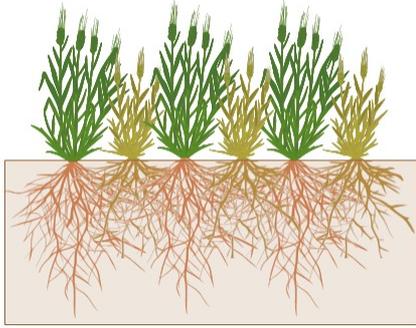


Biologie évolutive

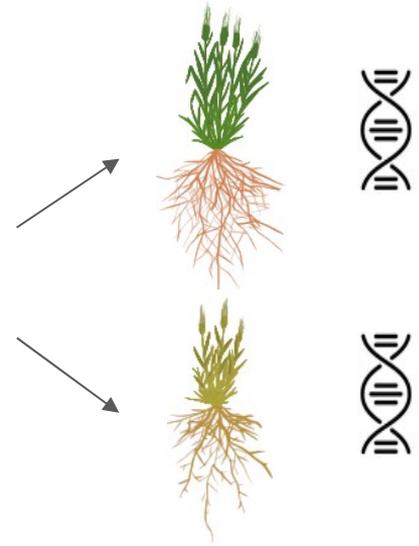
L'**homogénéité** a un effet positif sur la productivité à l'échelle du groupe



II. Démarche de génétique d'association



Les différences phénotypiques sont en partie causées par des différences génétiques !



Comment les différences génétiques entre les individus affectent la performance de groupe ?

C
OU
re

L'approche classique pour étudier le lien génotype-phénotype : GWAS (Genome-Wide Association Study)

Objectif

Identifier les régions du génome impliquées dans le déterminisme d'un caractère (P)

Matériel

Une population de génotypes diversifiée avec un faible déséquilibre de liaison moyen sur laquelle on mesure la valeur du caractère (P) sur chaque génotype + une information de polymorphisme (e.g. SNPs) sur l'ensemble des individus avec une bonne couverture du génome

Méthode

Pour tous les loci auxquels on dispose d'une information de polymorphisme, on teste l'effet de ce polymorphisme sur le caractère d'intérêt (approche locus par locus)

C
ou
re



L'approche classique pour étudier le lien génotype-phénotype: GWAS (Genome-Wide Association Study)

Modèle (simplifié), cas d'une population de lignées pures avec une information de polymorphisme sur L SNPs bi-alléliques:

$$P_i = \mu + \beta x_{iI} + \varepsilon_i \longrightarrow$$

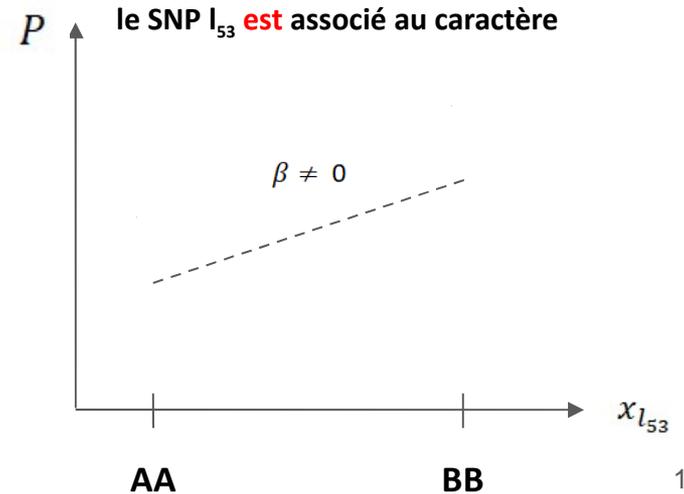
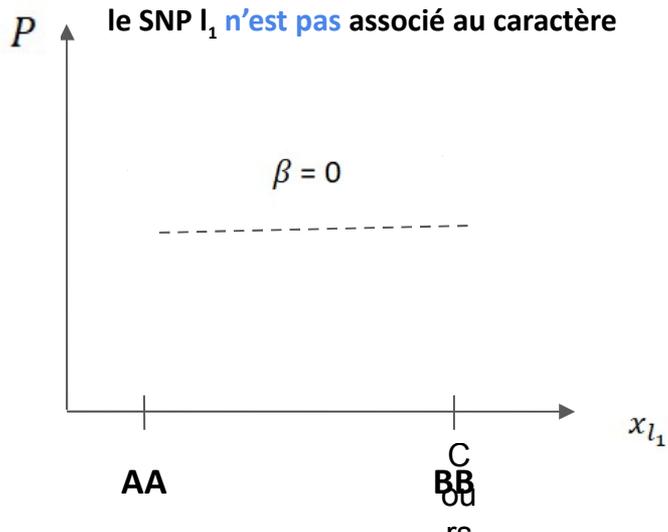
P_i : Phénotype de la lignée i

μ : Phénotype moyen

x_{iI} : Valeur allélique de la lignée i au SNP I

β : effet de la variation allélique au SNP I

ε_i : erreur



Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

Objectif

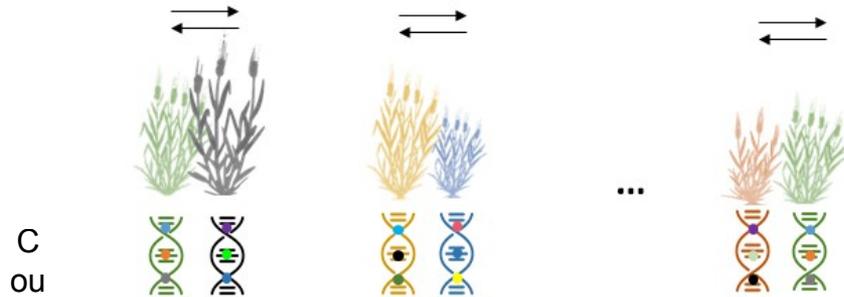
Identifier les régions du génome pour lesquelles les différences alléliques entre les individus affectent un caractère mesuré à l'échelle du groupe (P)

Matériel

- cf. propriétés des populations utilisées en GWAS, mais les génotypes doivent être évalués en situation d'interaction, par exemple en couple (situation la plus simple)

Méthode

Pour tous les loci auxquels on dispose d'une information de polymorphisme, on teste l'effet de la diversité allélique entre les individus d'un même groupe sur le caractère P



Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

Modèle (simplifié), cas d'une population **de couples** de lignées pures avec une information de polymorphisme sur L SNPs bi-alléliques:

$$P_i = \mu + \beta x_{i1} + \varepsilon_i$$

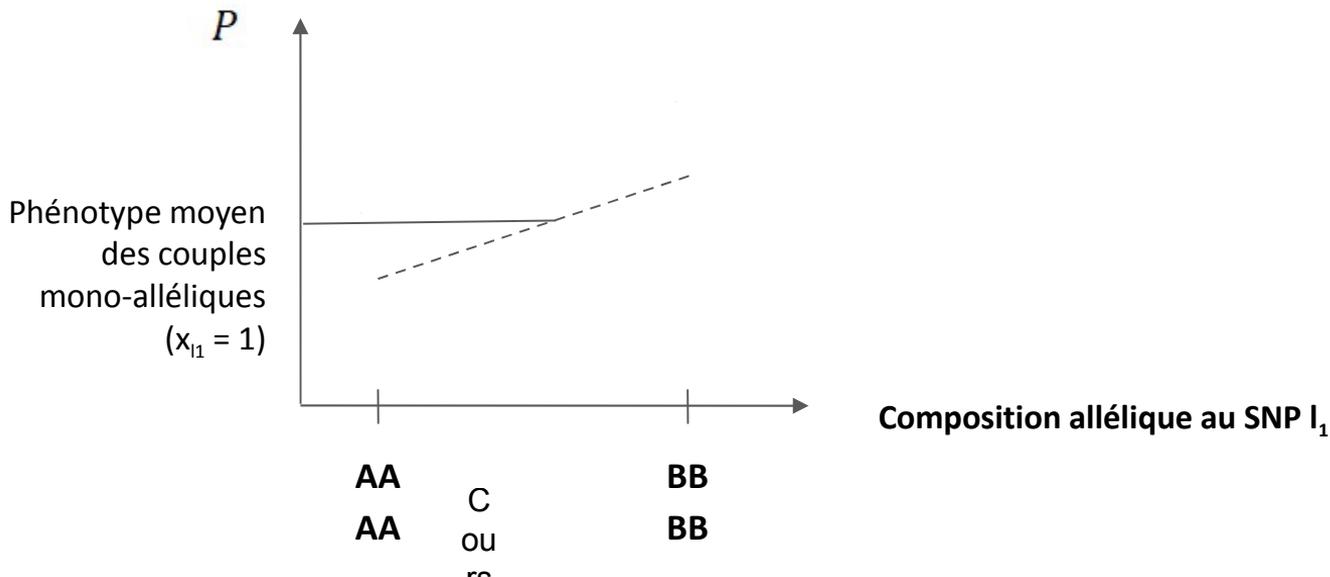
P_i : Phénotype du couple i

μ : Phénotype moyen

x_{i1} : nombre d'allèles au SNP 1 dans le couple i (1 ou 2)

β : effet du nombre d'allèles au SNP 1

ε_i : erreur



Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

Modèle (simplifié), cas d'une population **de couples** de lignées pures avec une information de polymorphisme sur L SNPs bi-alléliques:

$$P_i = \mu + \beta x_{i1} + \varepsilon_i$$

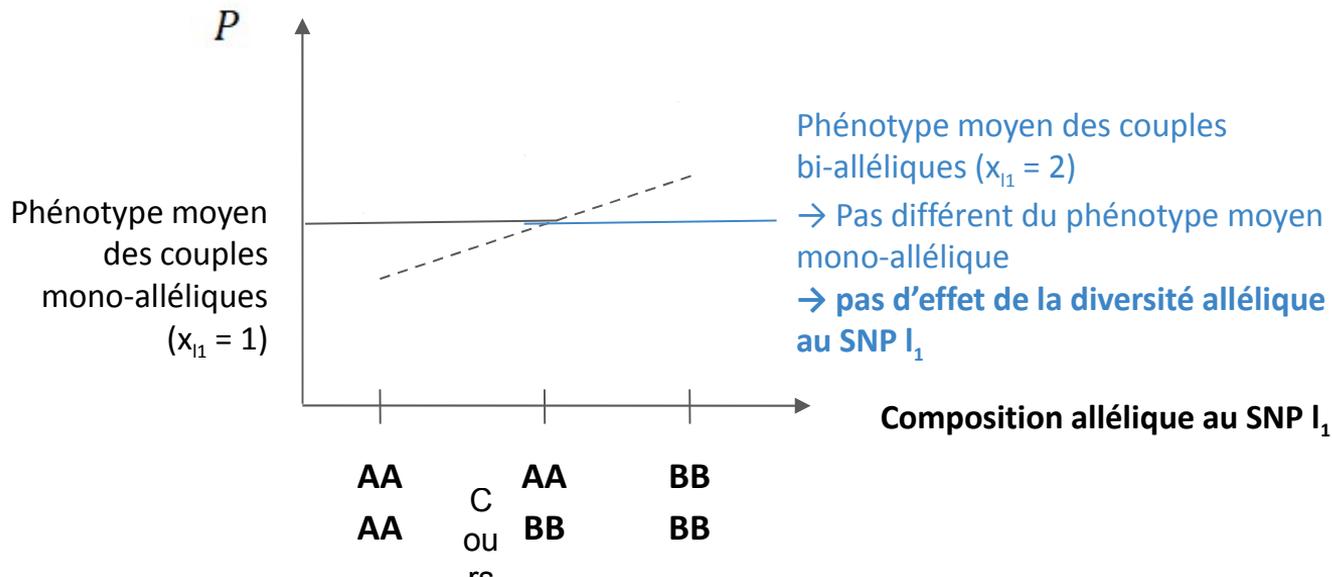
P_i : Phénotype du couple i

μ : Phénotype moyen

x_{i1} : nombre d'allèles au SNP 1 dans le couple i (1 ou 2)

β : effet du nombre d'allèles au SNP 1

ε_i : erreur



Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

Modèle (simplifié), cas d'une population **de couples** de lignées pures avec une information de polymorphisme sur L SNPs bi-alléliques:

$$P_i = \mu + \beta x_{i1} + \varepsilon_i$$

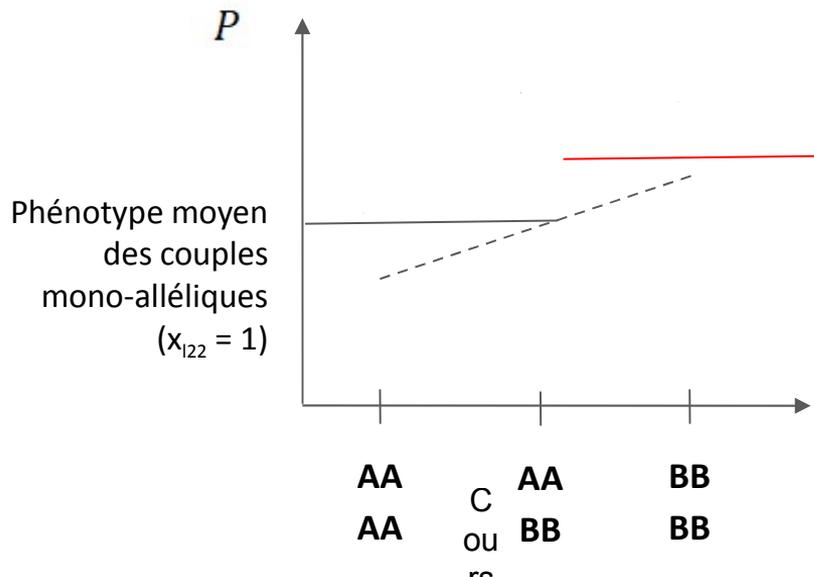
P_i : Phénotype du couple i

μ : Phénotype moyen

x_{i1} : nombre d'allèles au SNP 1 dans le couple i (1 ou 2)

β : effet du nombre d'allèles au SNP 1

ε_i : erreur



Phénotype moyen des couples

bi-alléliques ($x_{12} = 2$)

> au phénotype moyen mono-allélique

→ **effet positif de la diversité allélique au SNP 1**

(complémentarité, facilitation, ...)

Composition allélique au SNP 1

Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

Modèle (simplifié), cas d'une population **de couples** de lignées pures avec une information de polymorphisme sur L SNPs bi-alléliques:

$$P_i = \mu + \beta x_{iL} + \varepsilon_i$$

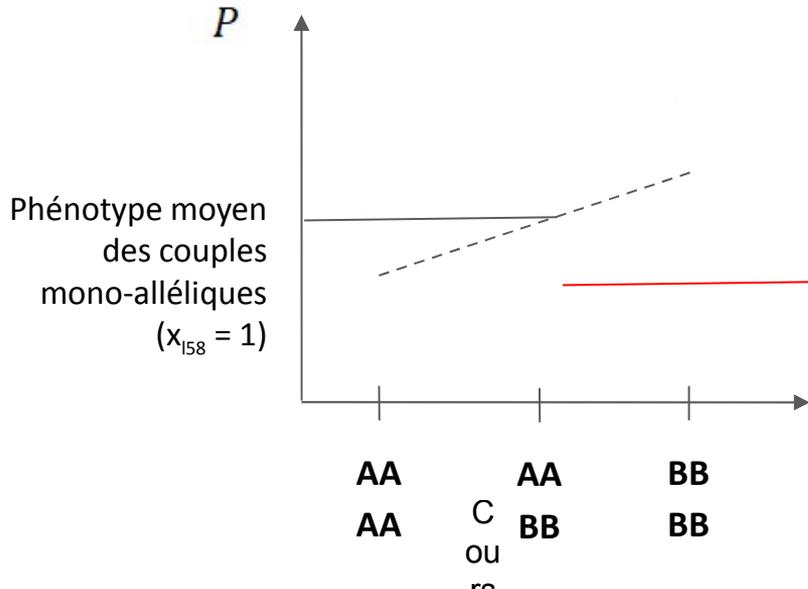
P_i : Phénotype du couple i

μ : Phénotype moyen

x_{iL} : nombre d'allèles au SNP L dans le couple i (1 ou 2)

β : effet du nombre d'allèles au SNP L

ε_i : erreur



Phénotype moyen des couples bi-alléliques ($x_{I58} = 2$)

< au phénotype moyen mono-allélique

→ **effet négatif de la diversité allélique au SNP I_{58}**
(compétition, allélopathie, reconnaissance entre apparentés, ...)

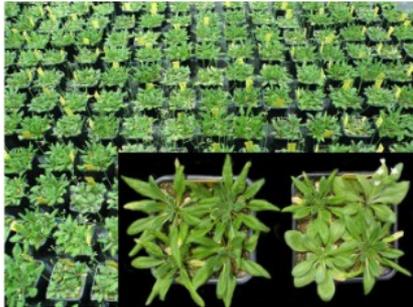
Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

→ Application chez l'espèce modèle *Arabidopsis Thaliana* (Wuest & Niklaus, 2018)

18 RILs (Recombinant Inbred Lines) + leurs 2 parents

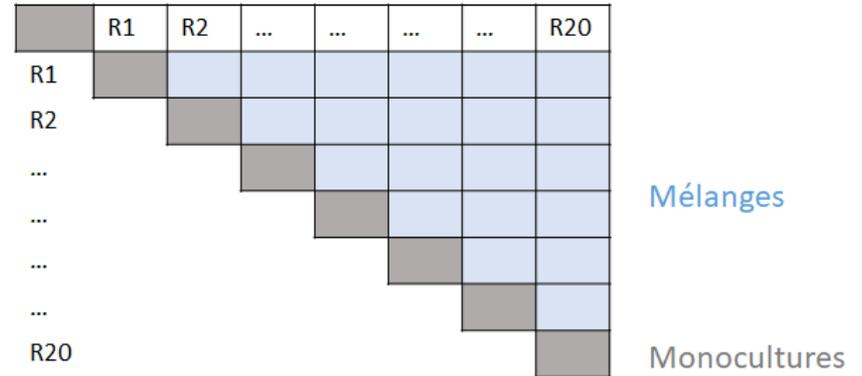


Assemblage en monocultures et mélanges selon un demi diallèle



Monoculture

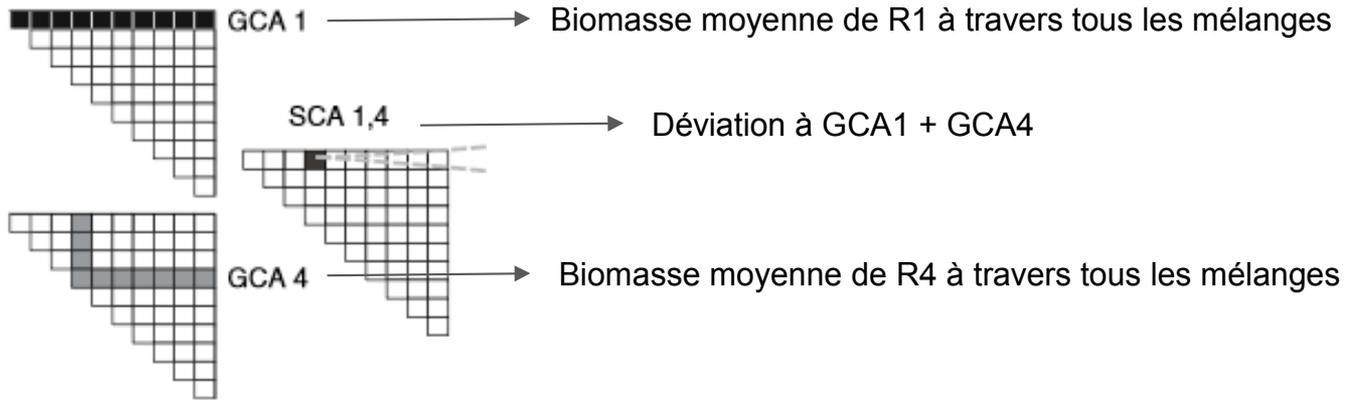
Mélange binaire



Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

→ Application chez l'espèce modèle *Arabidopsis Thaliana* (Wuest & Niklaus, 2018)

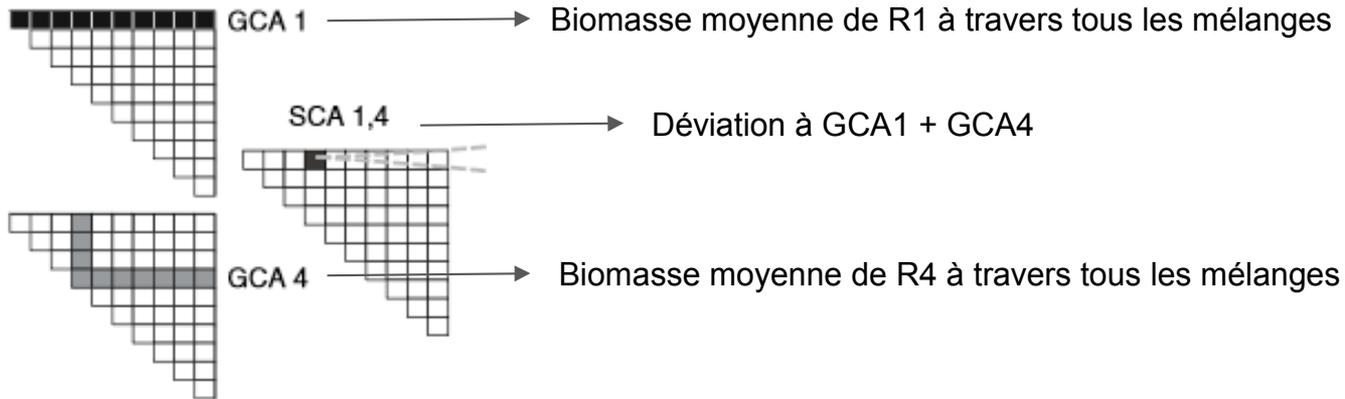
Calcul des Aptitudes Générales (GCA) et Aptitudes Spécifiques (SCA) au Mélange



Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

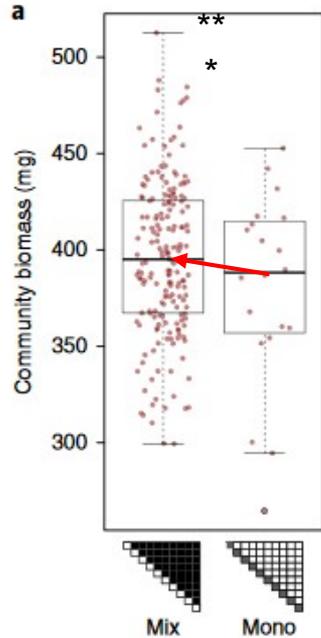
→ Application chez l'espèce modèle *Arabidopsis Thaliana* (Wuest & Niklaus, 2018)

Calcul des Aptitudes Générales (GCA) et Aptitudes Spécifiques (SCA) au Mélange



Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

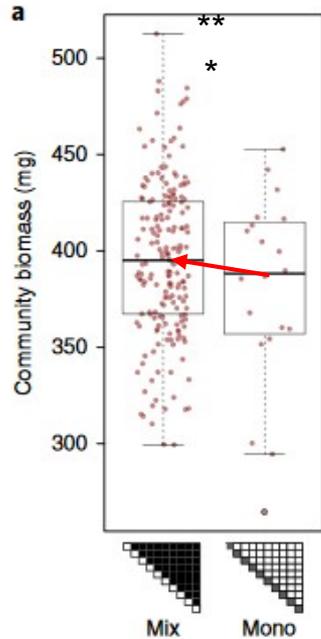
→ Application chez l'espèce modèle *Arabidopsis Thaliana* (Wuest & Niklaus, 2018)



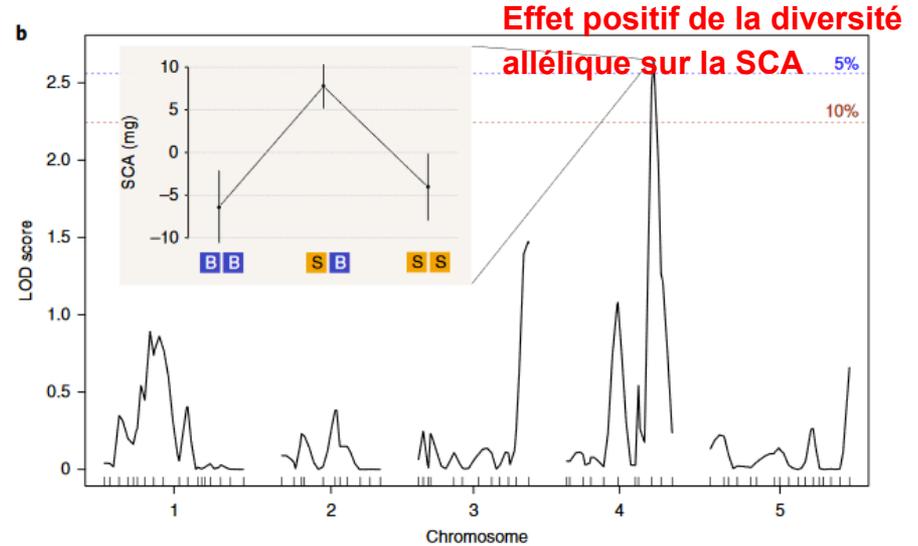
C
OU
re

Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

→ Application chez l'espèce modèle *Arabidopsis Thaliana* (Wuest & Niklaus, 2018)

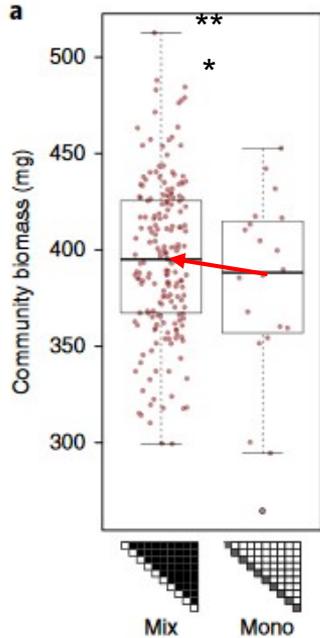


Ef
t
d
e
la
di
v
er
sité
allé
l
é
n

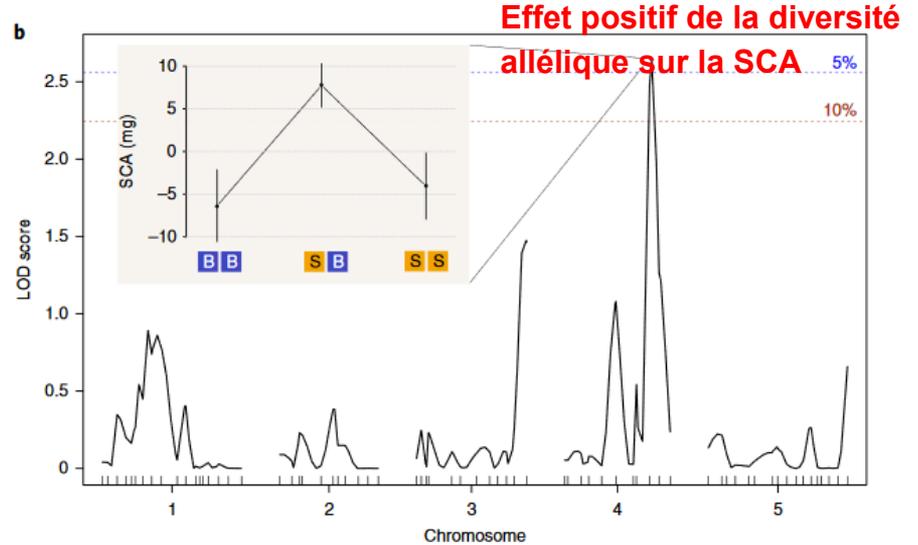


Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

→ Application chez l'espèce modèle *Arabidopsis Thaliana* (Wuest & Niklaus, 2018)



Effet de la diversité allélique

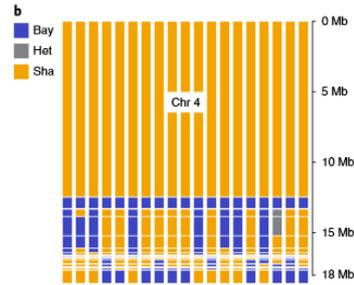


mais: seulement 67 marqueurs et 18 lignées ... → faible résolution

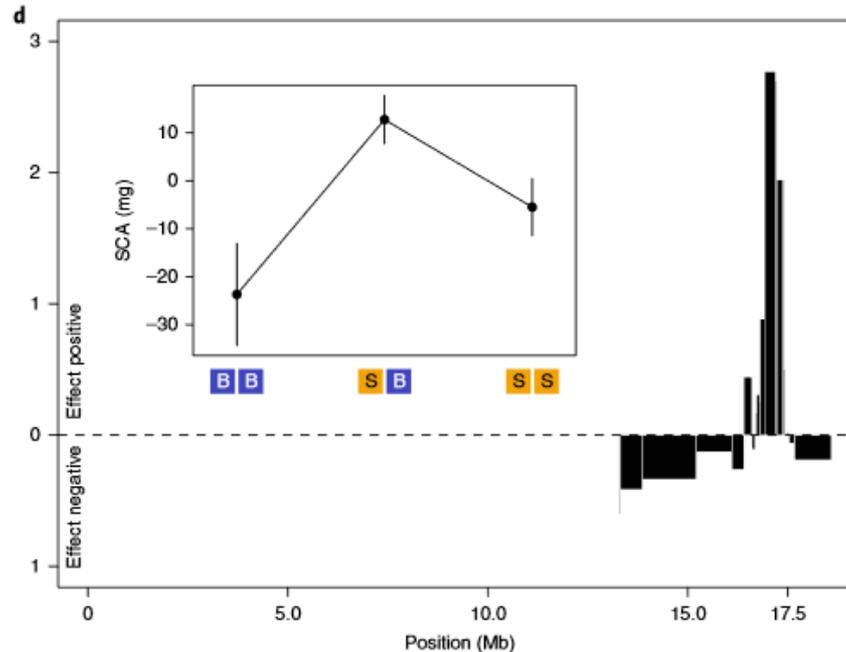
Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

→ Application chez l'espèce modèle *Arabidopsis Thaliana* (Wuest & Niklaus, 2018)

Réduction de la zone génomique impliquée (310 kb, 2,5% du génome, 86 gènes)



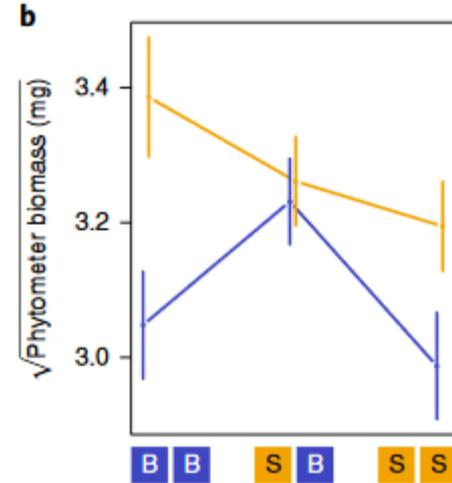
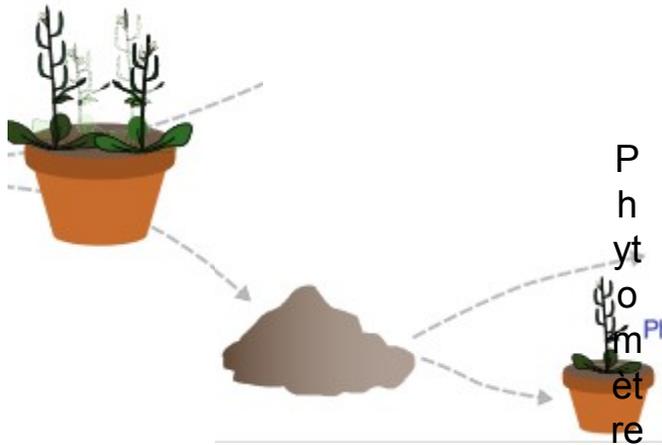
19 Near Isogenic Lines (NILs)



Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

→ Application chez l'espèce modèle *Arabidopsis Thaliana* (Wuest & Niklaus, 2018)

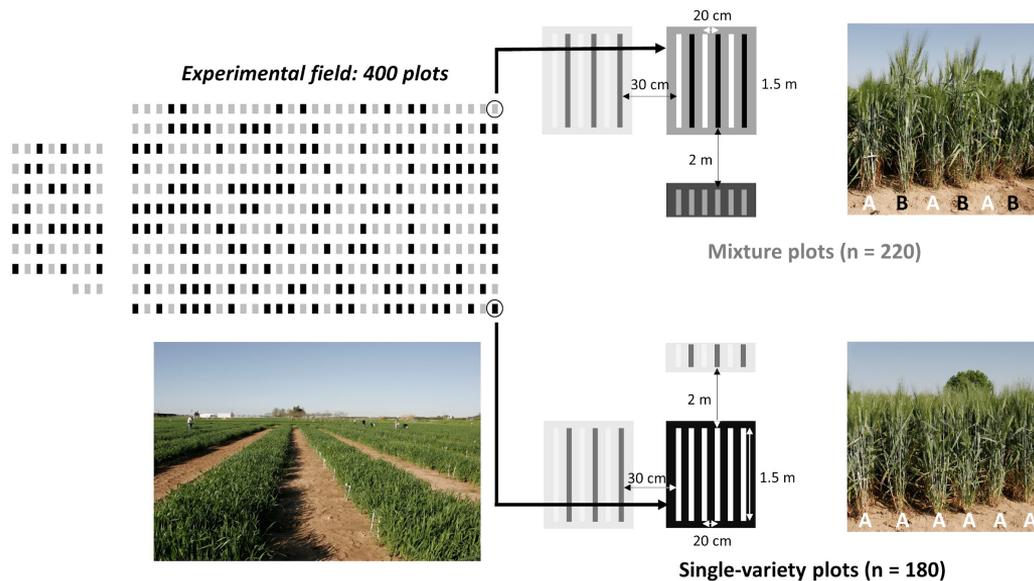
Mécanismes ? Pas de lien avec la phénologie ou les maladies, mais un effet de “soil legacy”



is
s
u
e
S
d'
u
n
p
a
n
el
à
b
a
s
e
g
é
n
ét
iq
u
e

Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

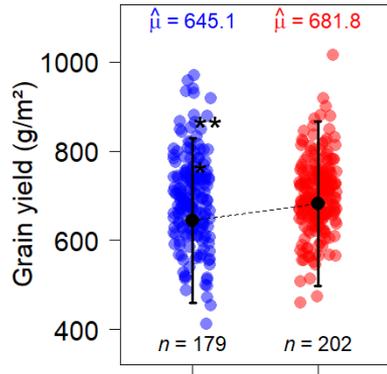
→ Application dans des mélanges variétaux de blé dur (Montazeaud et al., *submitted*)



C
ou
r

Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

→ Application dans des mélanges variétaux de blé dur (Montazeaud et al., *In prep*)



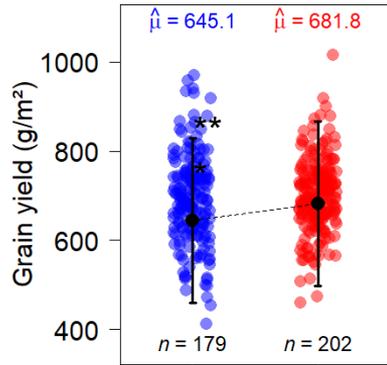
M
o
n
o
c
ul

M
ixt
ur
e
s

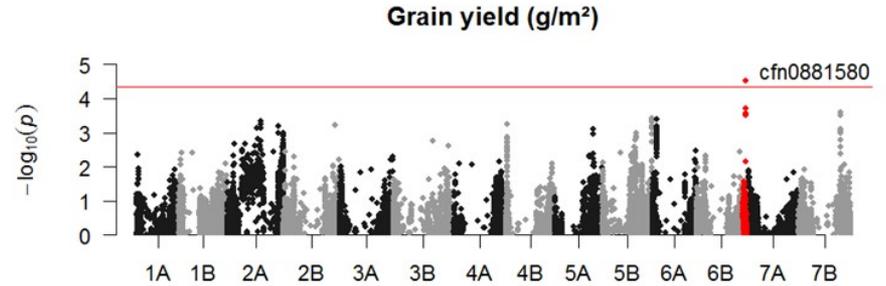
C
ou
rs

Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

→ Application dans des mélanges variétaux de blé dur (Montazeaud et al., *In prep*)



Ef
fe
t
d
e
la
di
v
er
sit
é
all
éli
q
ue

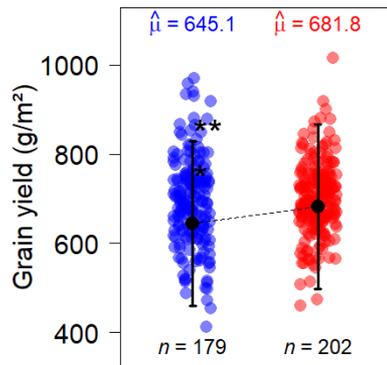


M
o
n
o
c
ul

M
ixt
ur
e
s

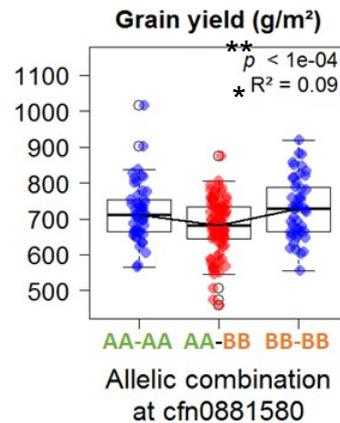
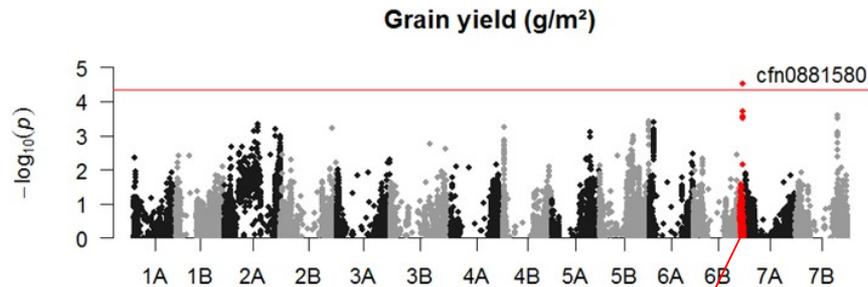
Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

→ Application dans des mélanges variétaux de blé dur (Montazeaud et al., *In prep*)



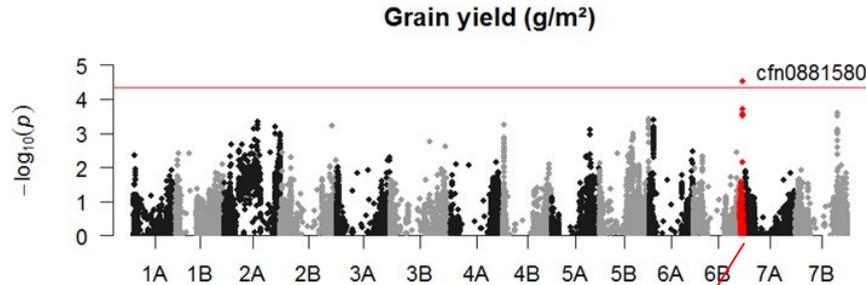
E
f
f
e
t
d
e
l
a
d
i
v
e
r
s
i
t
é
a
l
l
é
l
i
q
u
e

N
e
g
a
t
i
v
e
e
f
f
e



Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

→ Application dans des mélanges variétaux de blé dur (Montazeaud et al., *In prep*)

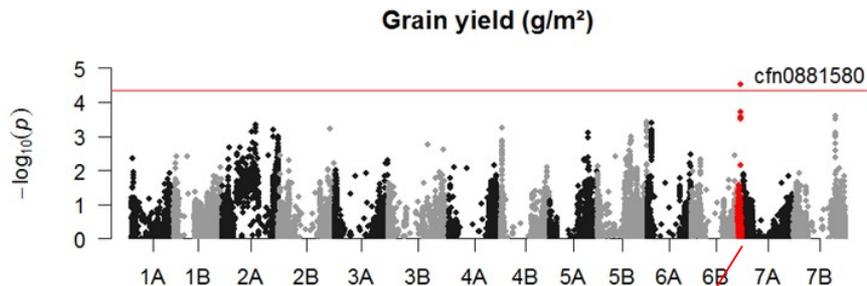


C
OU
re

2,
7
M
b
0,
02
5
%
du
gé

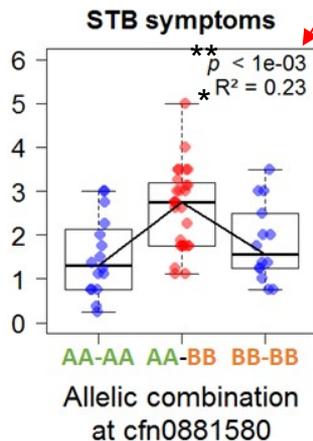
Une approche locus-à-locus pour tester les effets de la diversité à l'échelle génomique

→ Application dans des mélanges variétaux de blé dur (*Montazeaud et al., In prep*)



S
ep
tor
ia
trit
ici
bl

C
OU
re



CONCLUSIONS

- Les interactions plante-plante peuvent en partie être expliquées par des interactions allèle-allèle
- Les effets de la diversité allélique peuvent être opposés aux effets de la diversité génotypique : les bénéfices apportés par un mélange peuvent être compromis par des combinaisons alléliques défavorables
- Implication pour les mélanges variétaux: assemblage assisté par marqueur ?
- La compréhension fine des mécanismes impliqués dans les interactions alléliques reste limitée
- Perspectives :
 - caractérisation physiologique et moléculaire des mécanismes impliqués
 - utilisation de modèles génétiques plus complexes (architecture multi-génique)
 - application aux mélanges inter-spécifiques

Perspective : GWAS blé-pois dans MoBiDiv

- Design expérimental :
 - 200 géotypes de blé tendre et 2 géotypes de pois
 - 2 sites (Saclay et Rennes), 2 années à partir de 2023
 - micro-parcelles de 7-12 m²
 - sans intrant de synthèse (∅ traitement, ∅ fertilisation)
 - phénotypage en cours de cycle et récolte triée
- Questions de recherche : **quelle architecture génétique de l'aptitude du blé à la co-culture avec le pois ?**
 - approche par GWAS, décomposition GMA/SMA et Pr/As, lien avec les traits explicatifs, etc
 - contacts : J. Enjalbert, T. Flutre, N. Moutier, A. Baranger, T. Mary-Huard