

Résistance partielle à la rouille brune : sources de résistance, utilisation en sélection et durabilité

Henriette GOYEAU

Centre d'Etudes Technique pour l'Amélioration des Céréales
C. E. T. A. C.



Thèse CIFRE



Gustavo Azzimonti, Denis Beghin, Sébastien Caiveau, Philippe du Cheyron, Michaël Cochard, Clément Debiton, Jean-Michel Delhaye, Sylvie Dutriez, Pascal Giraudeau, Mathieu Grare, Volker Lein, Christian Lannou, Philippe Lerebour, Philippe Lonnet, Thierry Marcel, Christophe Michelet, Jean-Michel Moreau, Axel Olivier, Sophie Paillard, Pierre Rigolle, Bernard Rolland, Patrice Sennellart, Jayne Stragliati, Stephen Sunderwirth

Résistance spécifique gènes *Lr*



durabilité



Résistance quantitative



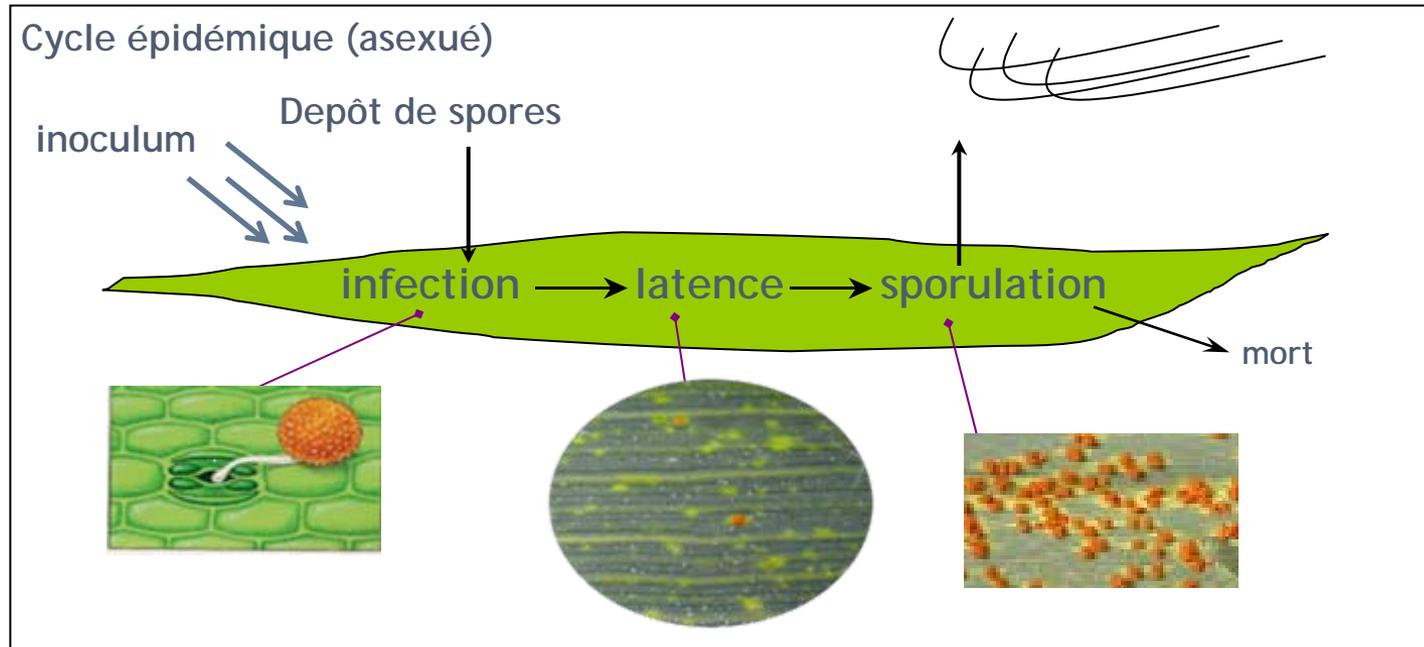
DIVERSIFIER



Durabilité?

Durabilité de la Résistance Quantitative

- Composantes de la résistance



Exercer des contraintes diversifiées pour ralentir l'adaptation

- Spécificité vis-à-vis des isolats du pathogène :
Si adaptation quantitative à l'hôte, risque d'érosion de la résistance

Axes du programme

- I. Caractériser des sources diversifiées de résistance quantitative, et analyser leur déterminisme génétique (marqueurs des QTLs)

- II. Assurer une veille du contexte épidémiologique

I. Sources de résistance diversifiées, déterminisme génétique

- ❖ *Caractérisation des composantes de sources de résistance quantitative : diversité, spécificité, stabilité*
- ❖ *Analyse du déterminisme génétique de sources de résistance quantitative*

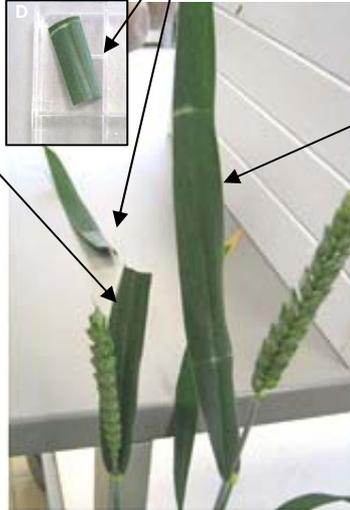
I. Sources de résistance diversifiées, déterminisme génétique

- ❖ *Caractérisation des composantes de sources de résistance quantitative : diversité, spécificité, stabilité*
- ❖ *Analyse du déterminisme génétique de sources de résistance quantitative*

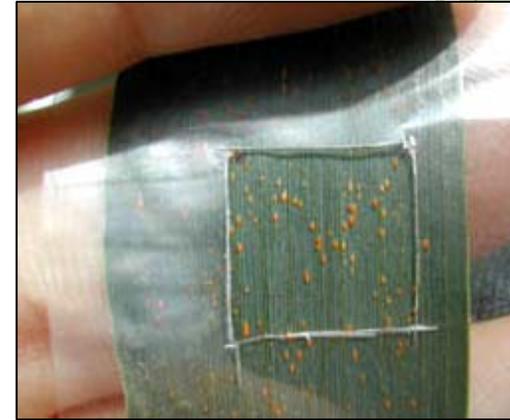
Composantes de la résistance quantitative

Efficacité d'infection

Nb lésions sporulantes / Nb spores déposées



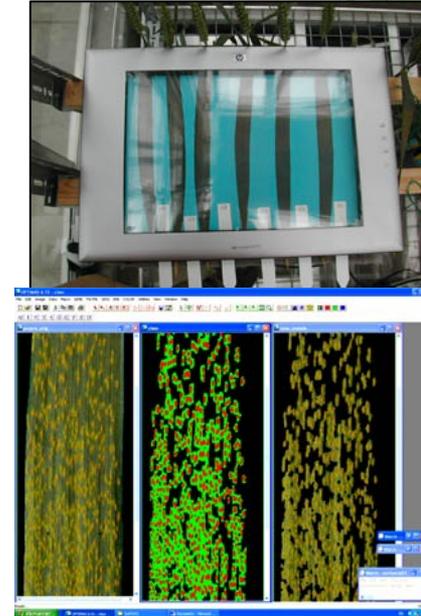
Période de latence



Sporulation

Taille de lésion

Production de spores



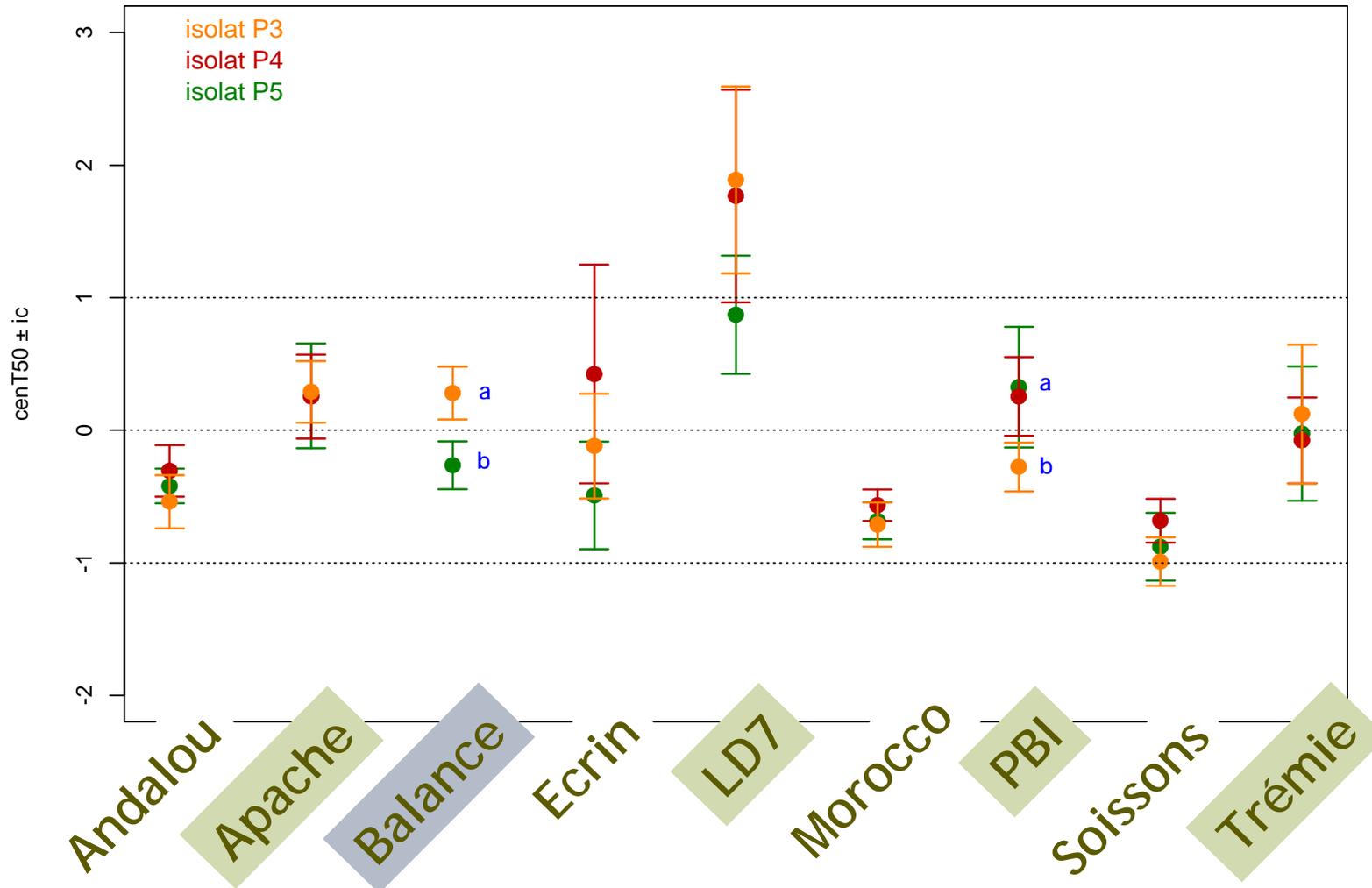
Composantes de la résistance quantitative

Latence :

diversité

spécificité

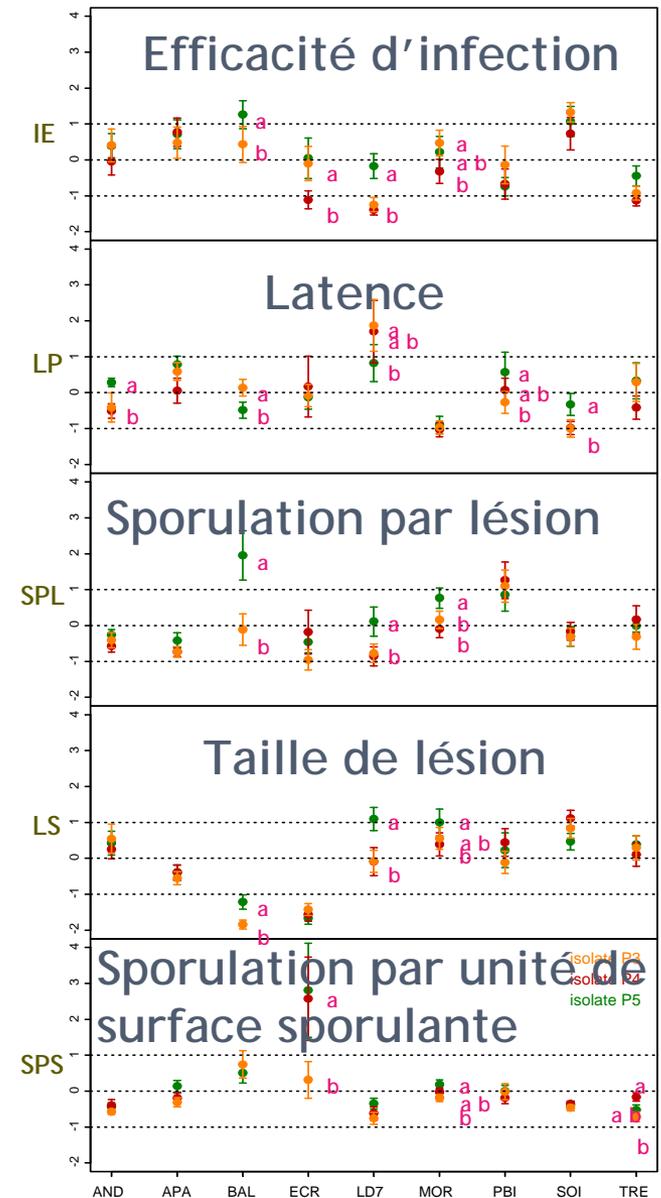
Comparaison multiple des moyennes entre pathotypes



Composantes de la résistance quantitative

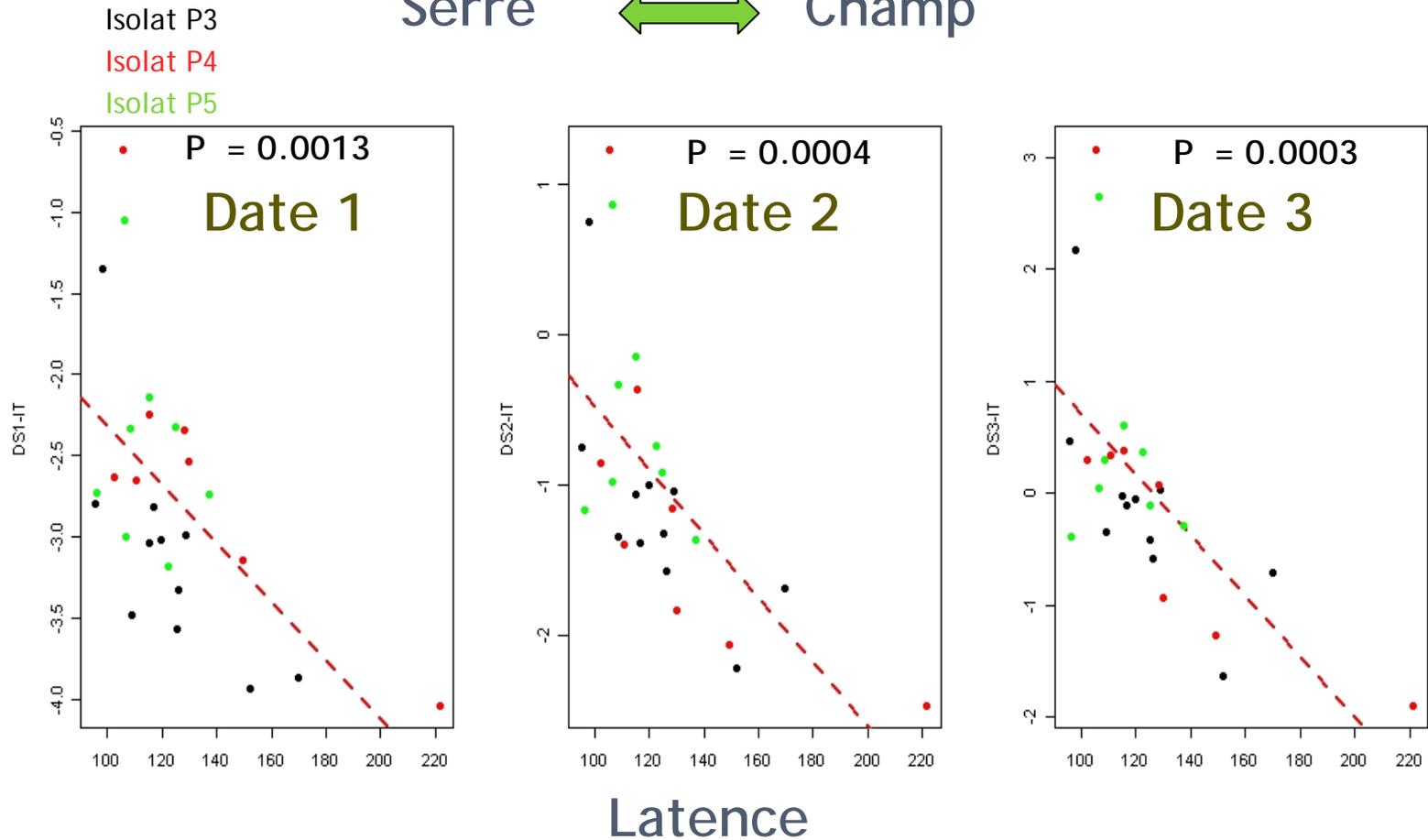
Diversité : toutes les composantes sont affectées par la résistance quantitative

Spécificité : oui, pour certaines composantes, et selon les variétés



Composantes de la résistance quantitative : stabilité

Serre \longleftrightarrow ? \longleftrightarrow Champ



Quatre des 5 composantes étudiées sont corrélées au niveau de résistance au champ

I. Sources de résistance diversifiées, déterminisme génétique

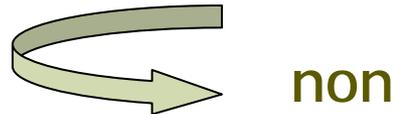
- ❖ Caractérisation des composantes de sources de résistance quantitative : diversité, spécificité, stabilité*
- ❖ Analyse du déterminisme génétique de sources de résistance quantitative*

Déterminisme génétique

? Présence des gènes de résistance quantitative ?

❖ ~~Lr34~~ (csLV34)

❖ ~~Lr46~~ (*wmc044*, *xpsp3100* et *gwm259*)



Déterminisme génétique

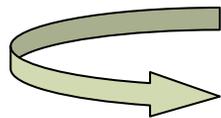
Population HD Apache x Balance (Bioplante)

91 lignées

Serre : Grignon 2010, 2011

Champ :

- 2009 et 2010
- 2 pathotypes
- 2 lieux (Cappelle, Maisse)



13 QTLs

Quantitative Trait Locus

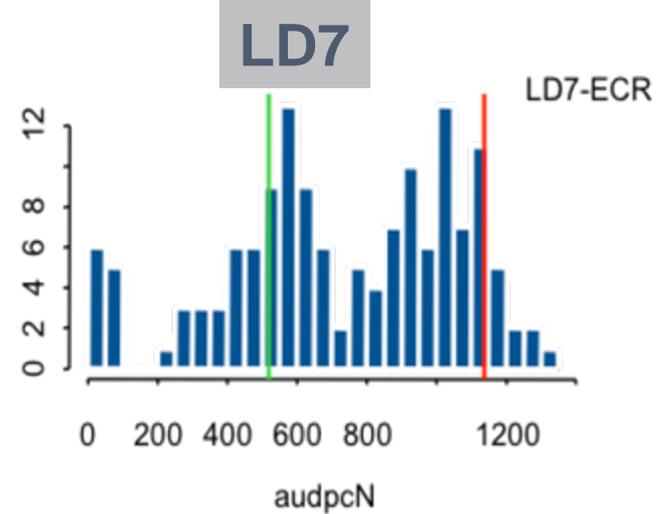
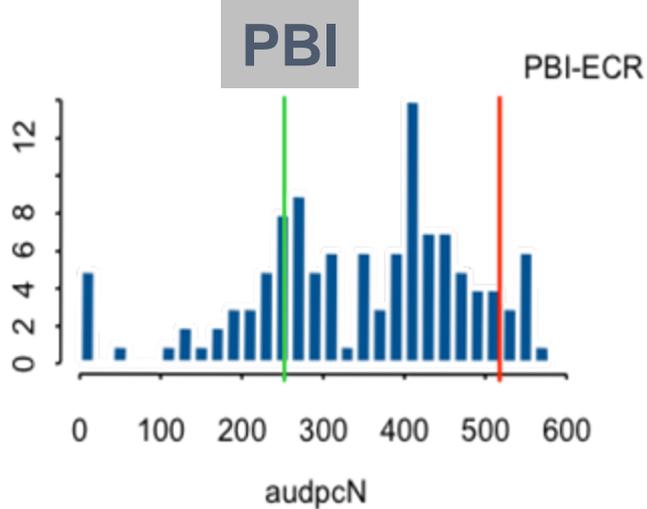
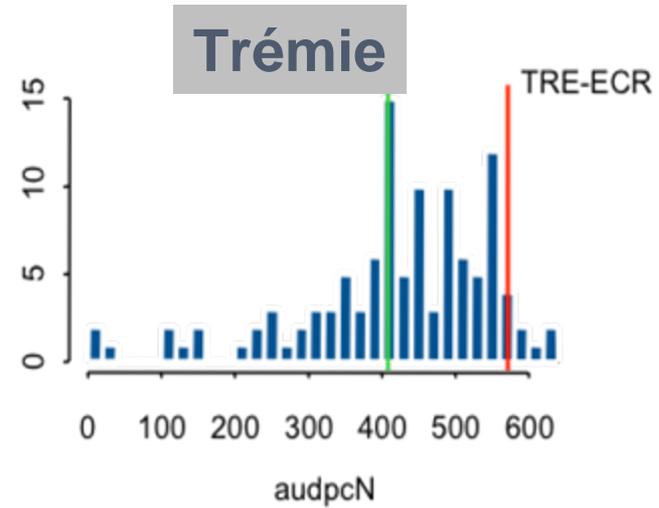
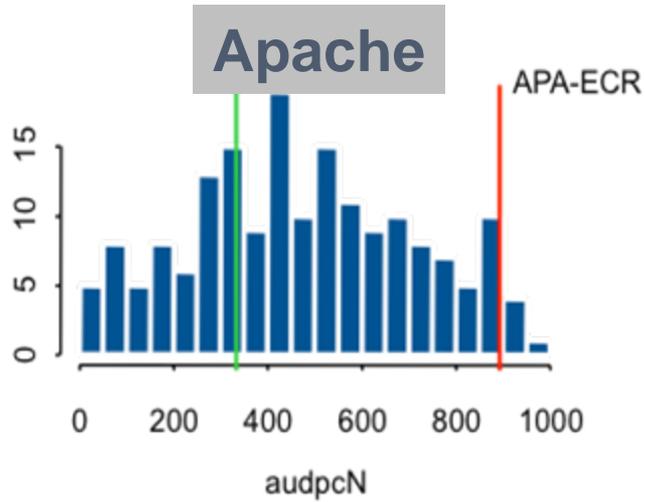
QTL	<i>Qlr.inra-2D</i>
Marqueurs et position	<i>Pt8330 - gpw3320</i>
Expérience	Toutes expé au champ Serre 2010
Stade épidémique	Tous
Composante(s)	Sporulation par unité de surface sporulante
Spécificité	Quantitative
R ² moyen	0.226
effet	Majeur
source	Balance
QTL même position?	QTL for septoria tritici blotch, from Balance, near dwarfing gene <i>Rht8</i> , and several QTLs of morphological traits (Tabib Ghaffary et al. , 2011)

Déterminisme génétique

Populations de cartographie

	Populations SSD	Populations HD
Parent Résistant	Apache (Latence) Trémie (Efficacité d'infection) PBI (Efficacité d'infection)	LD7 (Sporulation)
FSOV 2004	Phénotypage au champ Production de F1 en année 3	Phénotypage au champ
FSOV 2008		
2009 (année 1)	F3 et F4	Création HD
2010 (année 2)	F5	Multiplication HD
2011 (année 3)	F6 Pré-phénotypage F5 (2 lieux/pop)	Multiplication HD Pré-phénotypage (1 lieu)
2012 (année 4)	F7 Phénotypage en F6 (3 lieux/pop)	Phénotypage (3 lieux)

Déterminisme génétique



Phénotypage au champ en F6 (2012)

Axes du programme

- I. Caractériser des sources diversifiées de résistance quantitative, et analyser leur déterminisme génétique (marqueurs des QTLs)
- II. Assurer une veille du contexte épidémiologique

II. Assurer une veille du contexte épidémiologique

❖ *Suivi des populations pathogènes*

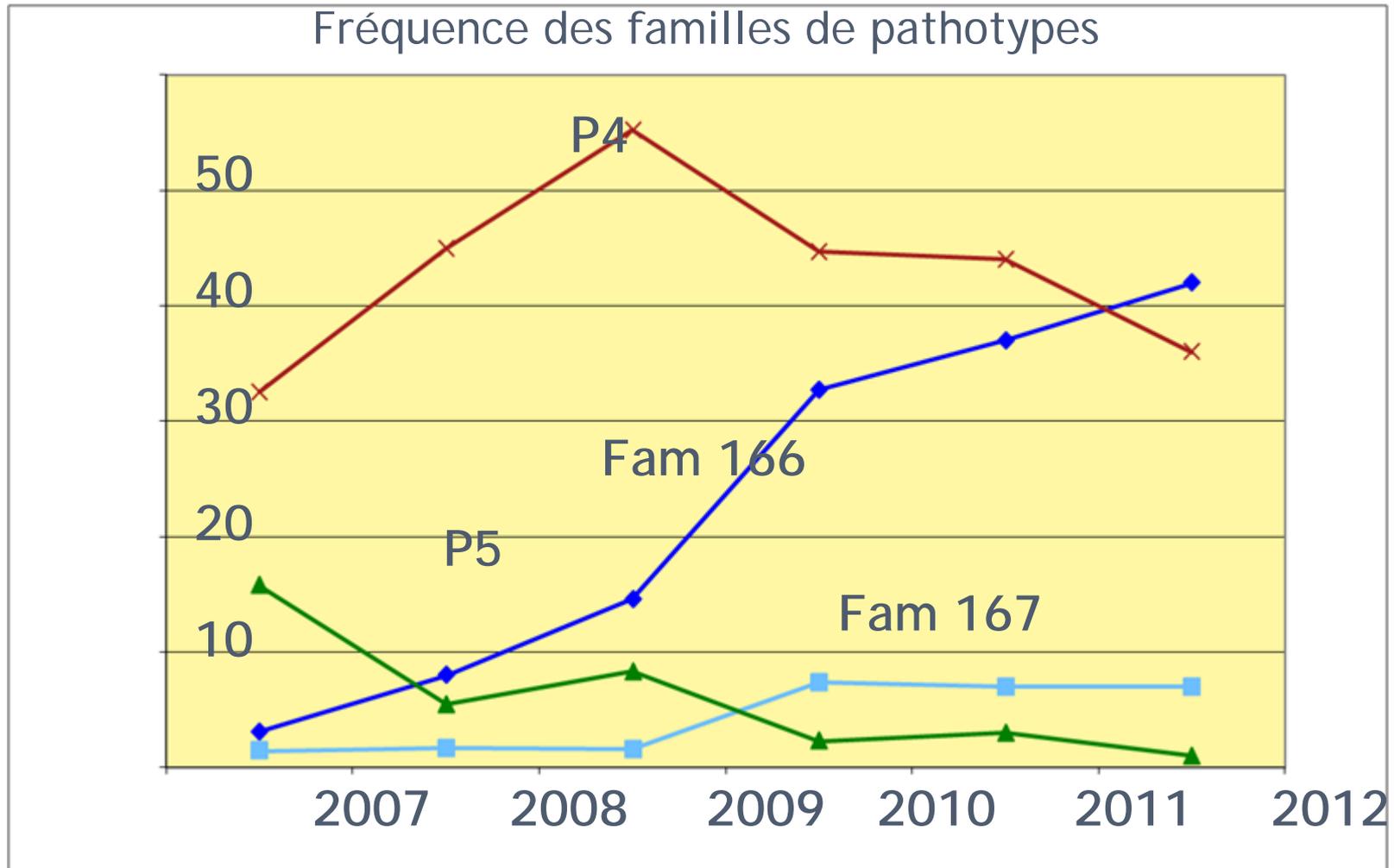
❖ *Suivi des populations hôtes :*

- *nouvelles variétés*
- *matériel en sélection*

Evolution des populations pathogènes

- ❖ Enquête annuelle nationale, tous les partenaires
- ❖ Complexe : nombreux pathotypes (30-40), multivirulents, contournements de gènes *Lr*
- ❖ Evolution rapide

Evolution des populations pathogènes



Choix de pathotypes pertinents pour évaluer la Résistance quantitative

II. Assurer une veille du contexte épidémiologique

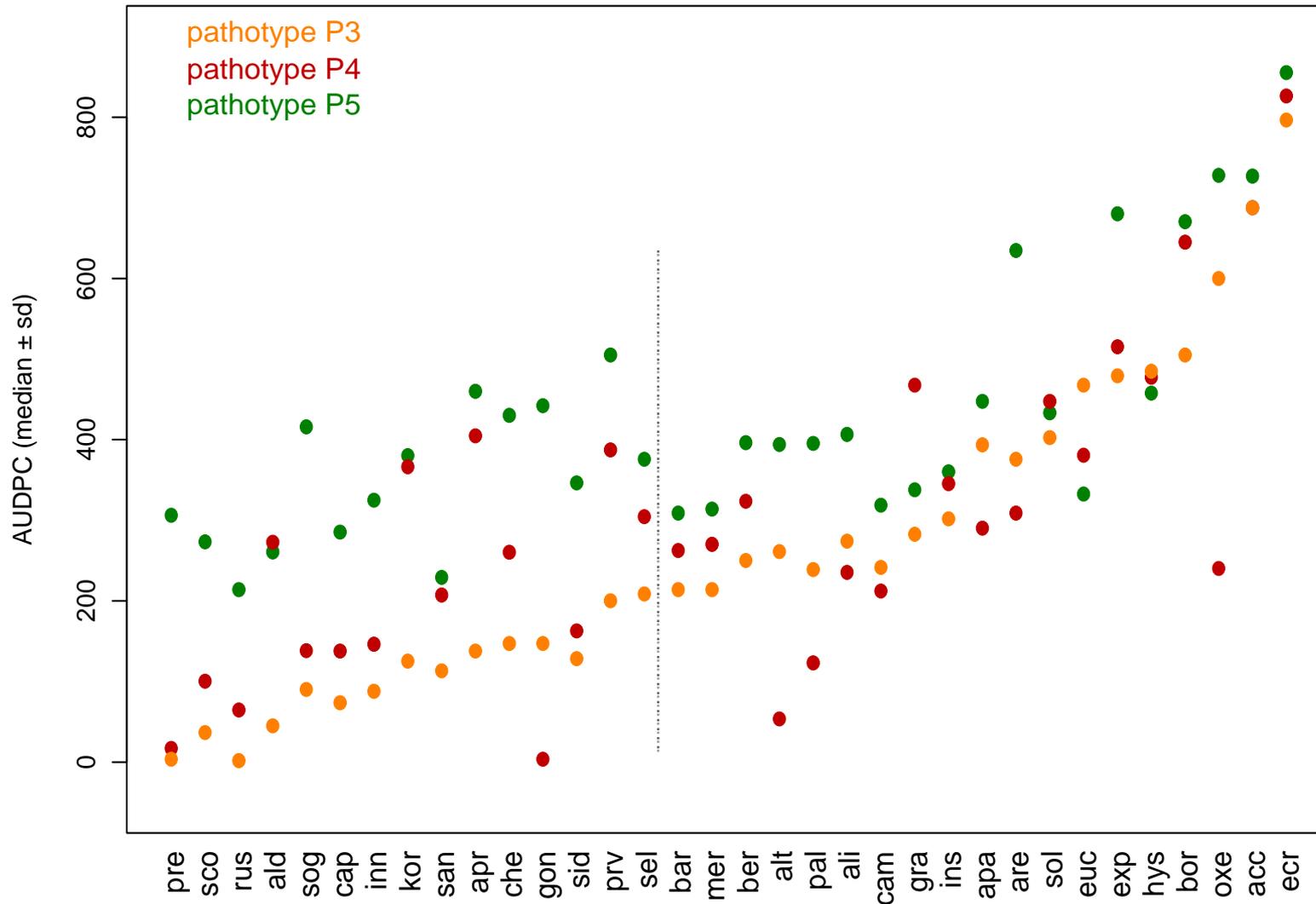
❖ *Suivi des populations pathogènes*

❖ *Suivi des populations hôtes (champ) :*

- *nouvelles variétés : Niveau de résistance quantitative, stabilité vis-à-vis de la population pathogène*
- *matériel en sélection : détection de résistance quantitative*

Résistance quantitative dans les nouvelles variétés

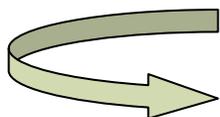
Essais 2009, 2010, 2011



Résistance quantitative dans le matériel en sélection

Pépinière de 75 entrées, inoculation avec 1 pathotype (P5)

- 11 lieux
- 2009 et 2010
- Notation par chaque partenaire sur son lieu
- Echange du fichier commun de résultats



48 variétés ou lignées porteuses d'un bon niveau de résistance quantitative

?Niveau de diversification?

Conclusion - Perspectives

Rouille brune du blé

Sources diversifiées de Résistance Quantitative



[Composantes]

Populations de cartographie

QTLs associés et marqueurs



FOSO 2004

FOSO 2008

FOSO 2012

Collaborations : Associer étroitement les compétences hôte et pathogène