

TritiRB : Caractérisation de sources de résistance durables à la rouille brune chez le Triticale

Anne-Lise BOIXEL¹, Valérie LAURENT², Annaïg BOUGUENNEC³, Ellen GOUEMAND DUGUE², Christophe JEUDI^{2*}, Éric DELALEAU⁴, Frédéric FANTIN⁵, Anthony ROULLIER⁶, Philippe Du CHEYRON⁷, Ghislain DELESTRE¹, Corentin PICARD¹, Henriette GOYEAU¹

1 - Université Paris-Saclay, INRAE, UR BIOGER, 91123 Palaiseau

2 - SAS Florimond Desprez Veuve et Fils, BP 41, 59242 Cappel en Pévèle

3 - UCA, INRAE, GDEC, 63000, Clermont-Ferrand, FRANCE

4 - Lemaire-Deffontaines, 180 rue du Rossignol, 59310 Auchy les Orchies

5 - Agri-Obtentions URD78, Ferme de Gauvilliers, 78660 Orsonville

6 - RAGT 2n, rue Emile Singla, site de Bourran, 12000 Rodez

7 - Arvalis-Institut du Végétal, 3 rue Joseph et Marie Hackin, 75016 Paris

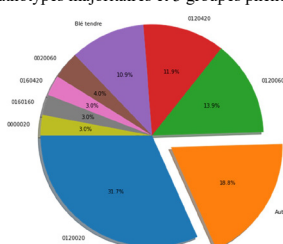
*Coordinateur : GIE Triticale

Contexte et objectifs

Le triticale est sujet à des épidémies de rouille brune, qui peuvent impacter fortement le rendement (de 30 à 40% sur variété sensible en 2016) en particulier dans l'Ouest de la France. Il est donc indispensable de veiller à introduire dans le fonds génétique des sources de résistance, de préférence quantitatives et diversifiées, pour assurer leur durabilité. Pour une gestion de l'efficacité et de la durabilité des résistances génétiques du Triticale vis-à-vis de la rouille brune, nous avons procédé à la caractérisation : (i) des populations de l'agent pathogène (*P. triticina*) à l'origine des épidémies de rouille brune sur cette espèce, (ii) de la résistance du matériel génétique proposé par le GIE Triticale, (iii) du déterminisme génétique de la résistance à la rouille brune en réalisant le phénotypage de lignées descendantes de croisements avec une variété sensible.

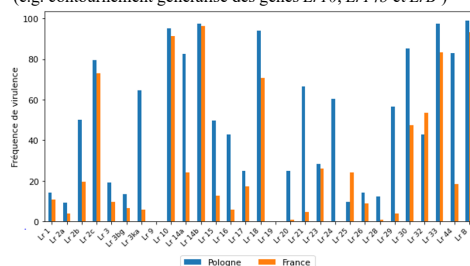
Gamme d'hôtes différentiels spécifique triticale

Mise au point d'une gamme de 12 hôtes différentiels permettant de mieux discriminer les phénotypes de virulence vis-à-vis des gènes *Lr* et des sources de résistance utilisées dans la sélection du triticale : 8 pathotypes majoritaires et 3 groupes phénotypiques



Proportion des pathotypes tels que caractérisés sur la gamme d'hôtes spécifiques triticale mise au point dans le cadre du projet

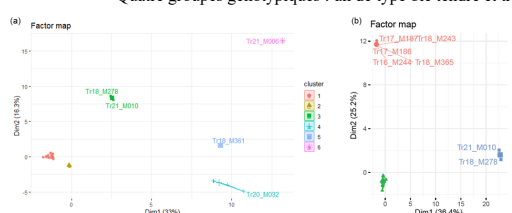
Des populations françaises et polonaises de *P. triticina* sur triticale qui présentent 74% de similitude sur leurs fréquences de virulence (e.g. contournement généralisé des gènes *Lr10*, *Lr14b* et *LrB*)



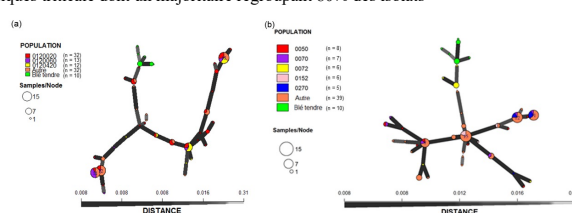
Comparaison des fréquences de virulence au sein des populations françaises (n = 101 échantillons) et polonaises (n = 242 échantillons) collectées sur triticale pour 29 isolignées Thatcher pour les gènes *Lr*

Caractérisation des populations de *P. triticina* prélevées sur triticale

Quatre groupes génotypiques : un de type blé tendre et trois autres spécifiques triticale dont un majoritaire regroupant 80% des isolats



HCPC (Hierarchical Clustering on Principal Components) conduite sur les données de génotypage en tenant compte de (a) l'ensemble des échantillons puis (b) uniquement avec ceux ayant un pathotype de type triticale



Minimum spanning network sur les données de génotypage en tenant compte des populations phénotypées sur (a) la gamme blé tendre et (b) la gamme triticale mise au point dans ce projet

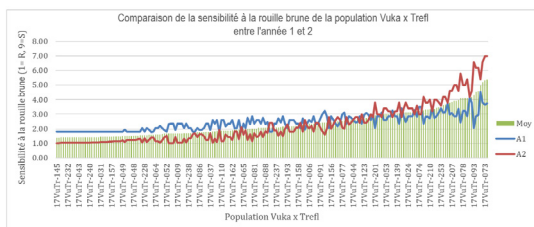
Recherche de sources de résistance Phénotypage

Ségrégation de résistance quantitative au champ :

- 2 populations de triticale (obtenues par Single Seed Descent (SSD)) : **Vuka x Trefl** et **Kaulos x Vuka**
- 200 et 253 descendants en contamination naturelle et artificielle sur **4 lieux** et **2 années** de phénotypage.



Localisation des sites de phénotypage



Comparaison du niveau de sensibilité à la rouille brune observée entre les années 2019 et 2020 sur la population Vuka x Trefl.

Génotypage

Détections de QTL majeurs :

- 1) Un QTL majeur de résistance a été mis en évidence dans la population biparentale **Vuka x Trefl**. Le QTL localisé sur le **chromosome 4R** explique à lui seul plus de **40%** de la variance phénotypique totale avec l'allèle favorable provenant du parent **Trefl**.
- 2) Un QTL à faible effet (5.34% d'explication) a également été mis en évidence sur le chromosome 4B de la population **Vuka x Trefl**.
- 3) Pour la population **Kaulos x Vuka**, des QTL de résistance ont été mis en évidence pour l'année 2 à **Etoile** sur Rhône sur les chromosomes 4R, 5R et 6A. Ils expliquent entre 6.52 et 7.29%.

Conclusion-Discussion

Des lignées résistantes de triticale et de triticale primaire ont été repérées malgré la difficulté de phénotyper la rouille brune au champ pendant le projet. Des outils de phénotypage (gamme de 12 hôtes différentiels) et de génotypage (jeu de 17 marqueurs SSR) des populations de *P. triticina* spécifiques triticale ont été développés. Ces outils ont permis une caractérisation fine des profils de virulence (8 pathotypes majoritaires et 3 groupes phénotypiques) et de la diversité génétique des populations (40 Multi-Locus Genotypes).

Un QTL majeur de résistance a été mis en évidence dans la population biparentale **Vuka x Trefl** sur le chromosome 4R. Le QTL explique à lui seul plus de 40% de la variance phénotypique totale avec l'allèle favorable provenant du parent **Trefl**. A ce stade, la zone délimitant le QTL mesure entre 2,4 et 3,5 cM selon l'environnement dans lequel il avait été mis en évidence. Afin de faciliter l'utilisation de ce QTL de résistance, une cartographie fine de la région sera réalisée (projet FSOV RUSTRIT 2023-2027).