

Stabilité de QTL et de composantes de résistance adulte du blé tendre à la rouille jaune



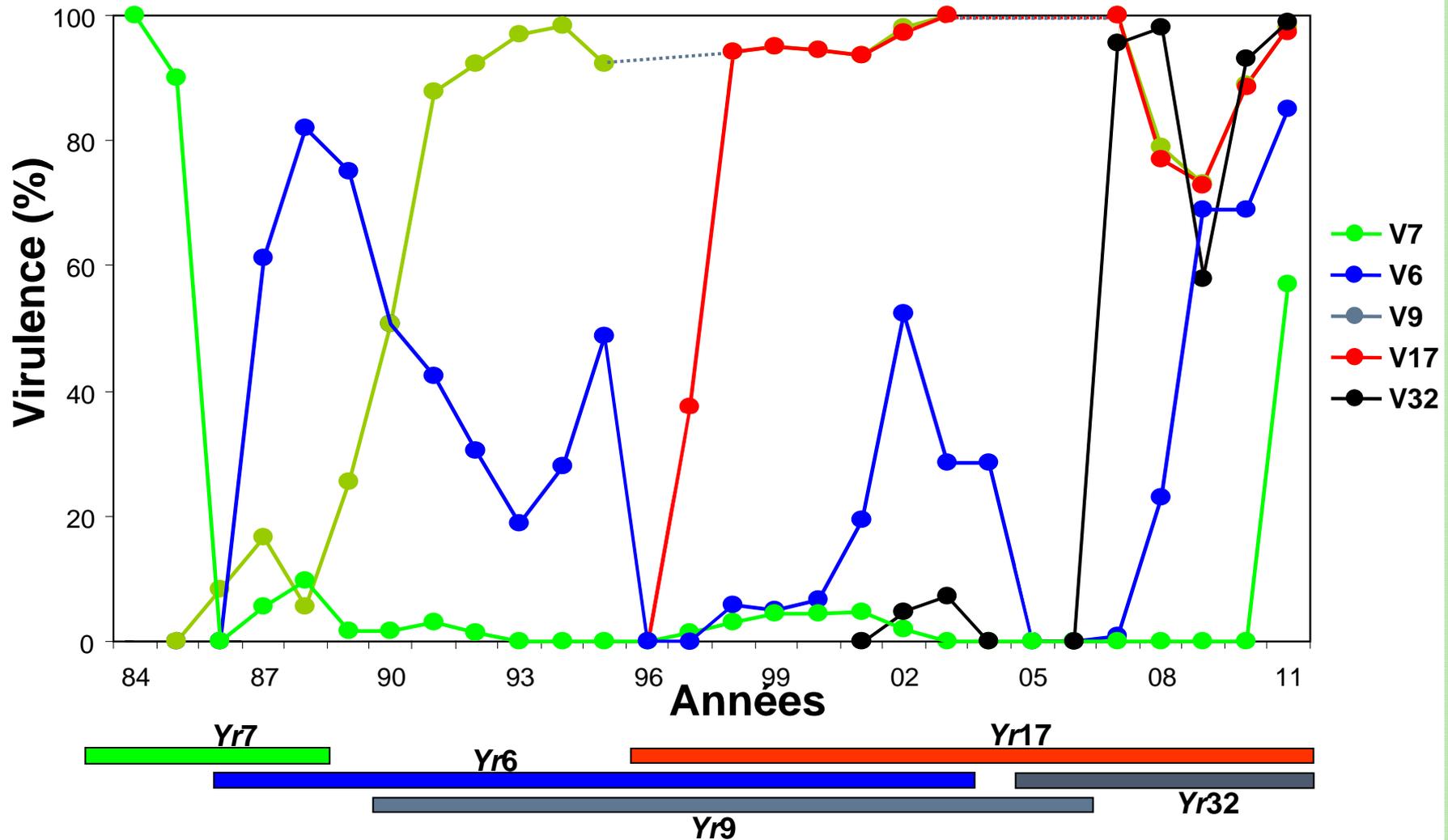
Claude POPE



A. Olivier, P Rigolle, *GIE Club 5, Paris*
F. Dedryver, G. Verplancke, B. Rolland, S. Paillard, *INRA UMR APBV, Le Rheu*
C. Pope, M. Leconte, *INRA BIOGER-CPP, Grignon*
J.B. Beaufumé, J. Stragliati, *Limagrain, Verneuil l'Etang*
D. Béghin, P. Lonnet, *Florimond Desprez, Cappelle en Pévèle*
S. Cuvelier, E. Margalé, *R2N, La Chapelle d'Armentières*
P. Senellart, S. Caiveau, D. Guiard, *Syngenta Seed SAS, Orgerus*

Cycle succès-échec

Evolution des fréquences de virulence de Pst en France

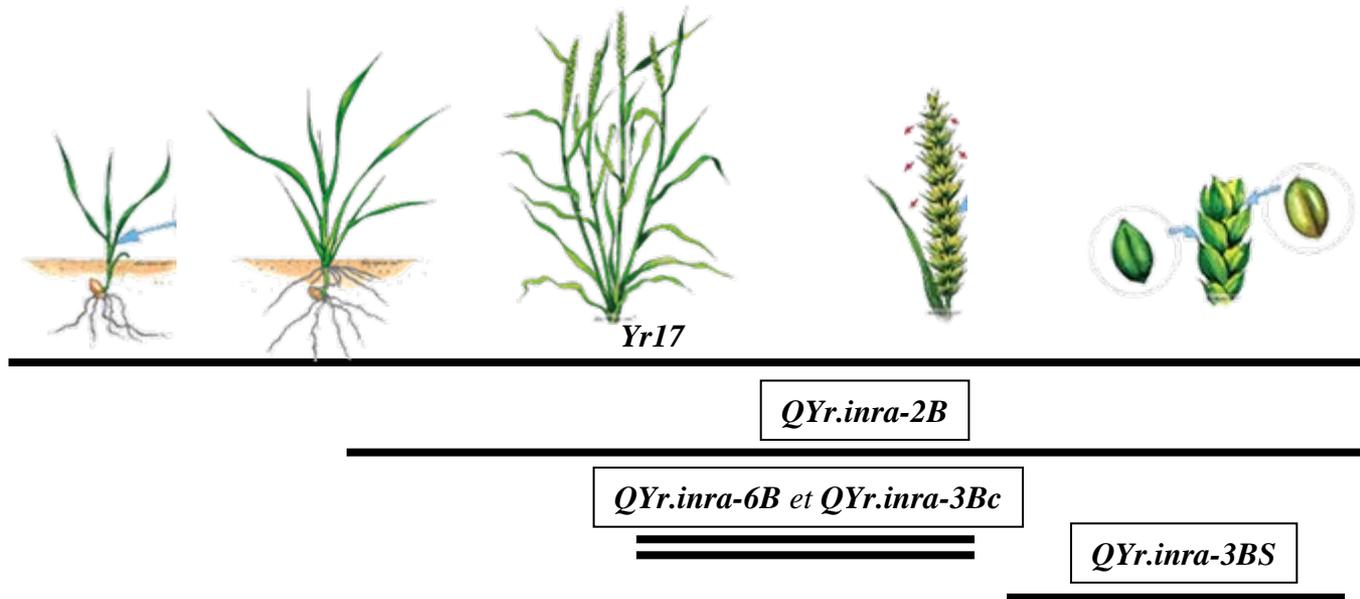


Cas de résistance durable dans les variétés de blé tendre françaises durant 25 ans vis-à-vis de *Puccinia striiformis* gènes de résistance majeurs + QTLs

- **Résistance efficace dès le stade jeune plante**
 - cv-Camp Rémy (**Yr7**, **Yrsp**, **7 QTL**), 1980- (Mallard *et al.*, 2005)
 - QTLs 2AL1, 2AL2, 2BS, 2BL1, 2DS, 5BL1, 5BL2
 - cv-Apache (**Yr7**, **Yr17**, **1 QTL**), 1998- (Paillard *et al.*, 2012)
 - × QTL 4B
- **Résistance efficace au stade adulte**
 - cv-Renan (**Yr17**, **4 QTL**), 1989- (Dedryver *et al.*, 2009)
 - QTLs 2BS, 3BS, 3Bc, 6BS

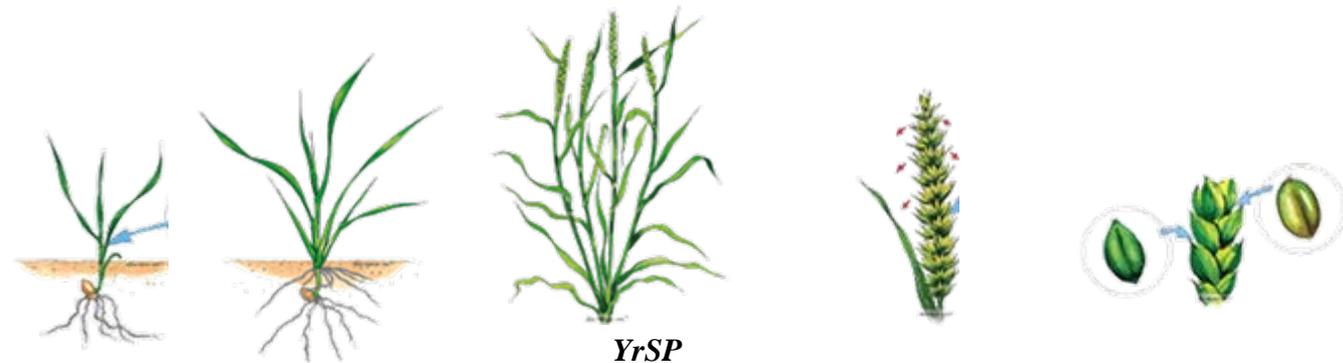
Quels QTL dans les variétés cultivées issues de ces 3 géniteurs ?
Quelle efficacité de ces QTL dans différents fonds génétiques ?

Gène et QTL de résistance de Renan



Dedryver et al 2009, Phytopathology 99: 968-973

Gènes et QTL de résistance de Camp Rémy



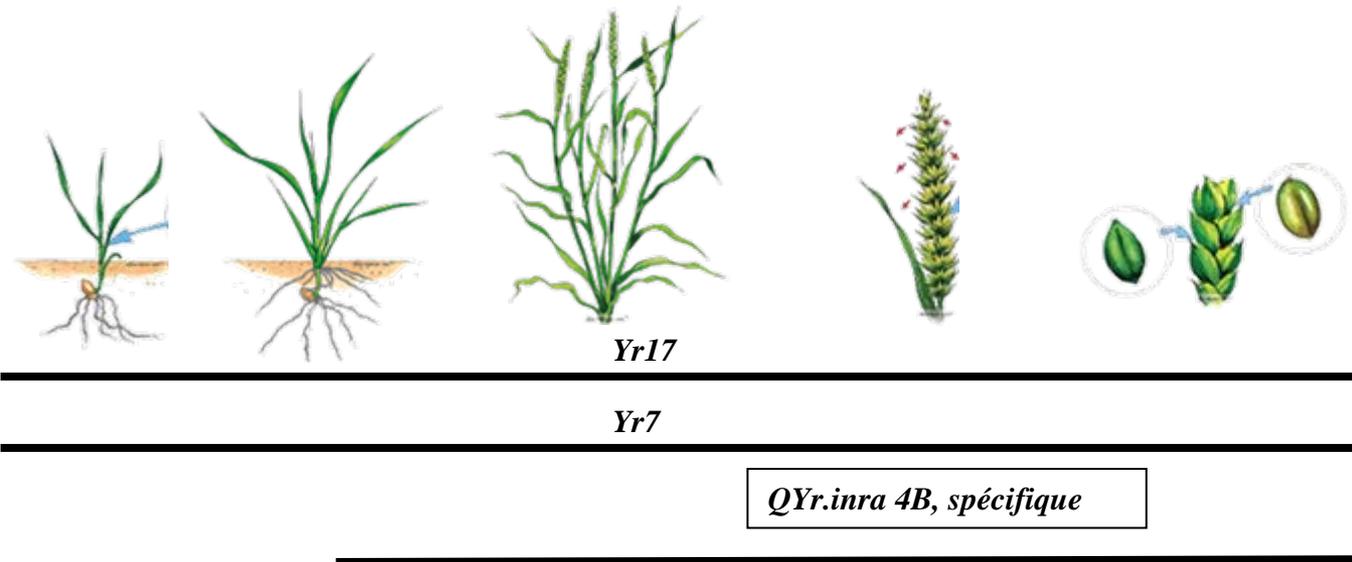
YrSP

Yr7

QYr.inra : *2BS* + *2BL1* + *2AL1* + *2AL2* + *2DS* + *5BL2* (lignée CRR 2020)

QYr.inra-2DS (lignée CRR 2019)

Gènes et QTL de résistance d'Apache



Lignées témoins

Renan x Récital

Renan

ReR 22 : *QTL2B*, *QTL6B*

ReR 138 : *Yr17*, *QTL6B*

ReR 32 : *Yr17*, *QTL2B*

ReR 64 : *QTL2B*

ReR 110 : *QTL6B*

ReR 15 : *Yr17*

ReR 104 : *Yr6*

Récital : *Yr6*

ReR 33 : sensible

Camp Rémy x Récital

Camp Rémy

CRR 2020 : tous QTL CR sauf gène(s) 2BL2

CRR 2088 : tous QTL CR sauf gène(s) 2BL2

CRR 2178R : gène(s) 2BL2

CRR 2019 : *QTL2DS*

Récital : *Yr6*

Apache x Taldor

Apache

AT 2622 : *Yr7* + *YrRad 4B*

AT 2630 : *YrRad 4B*

AT 2655 : *YrRad 4B*

AT 2772 : *Yr17* + *YrRad 4B*

Postulation des gènes *Yr* stade jeune plante

154 lignées inoculées par 12 pathotypes de *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*

gènes de résistance	pourcentage
résistants à 12 pathotypes	30
<i>Yr6</i>	12
<i>Yr7</i>	10
<i>Yr17</i>	26
<i>Yr32</i>	8
sensibles ou <i>Yr2</i>	9
indéterminé	4

Tests de résistance au stade adulte au champ

virulences des pathotypes inoculés

1 pathotype par essai

4 essais INRA, 4 essais GIE

Race	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	15	17	24	25	27	32	Sd	Sp
237E141V17	1	2	3	4	-	6	-	-	9	-	-	17	-	25	-	-	Sd	-
233E169V17	1	2	3	4	-	-	-	-	9	-	-	17	-	25	-	32	Sd	-
106E139	-	2	3	4	-	-	7	-	-	-	-	-	-	25	-	-	Sd	-
237E173V17	1	2	3	4	-	6	-	-	9	-	-	17	-	25	-	32	Sd	-

Tests de résistance au stade adulte au champ

Echelles de notation de sévérité de rouille jaune

INRA

Surface sporulante (%)	0	0,3 1 strie	0,7 2 stries	2	8	12	16	24	33	50	66	82	100
échelle	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12

Notation plante à plante



les membres du GIE 'Club 5'

Surface sporulante (%)	0	15	25	35	50	65	75	85	100
échelle	1	2	3	4	5	6	7	8	9

Notation par lignée



Tests de résistance au stade adulte au champ

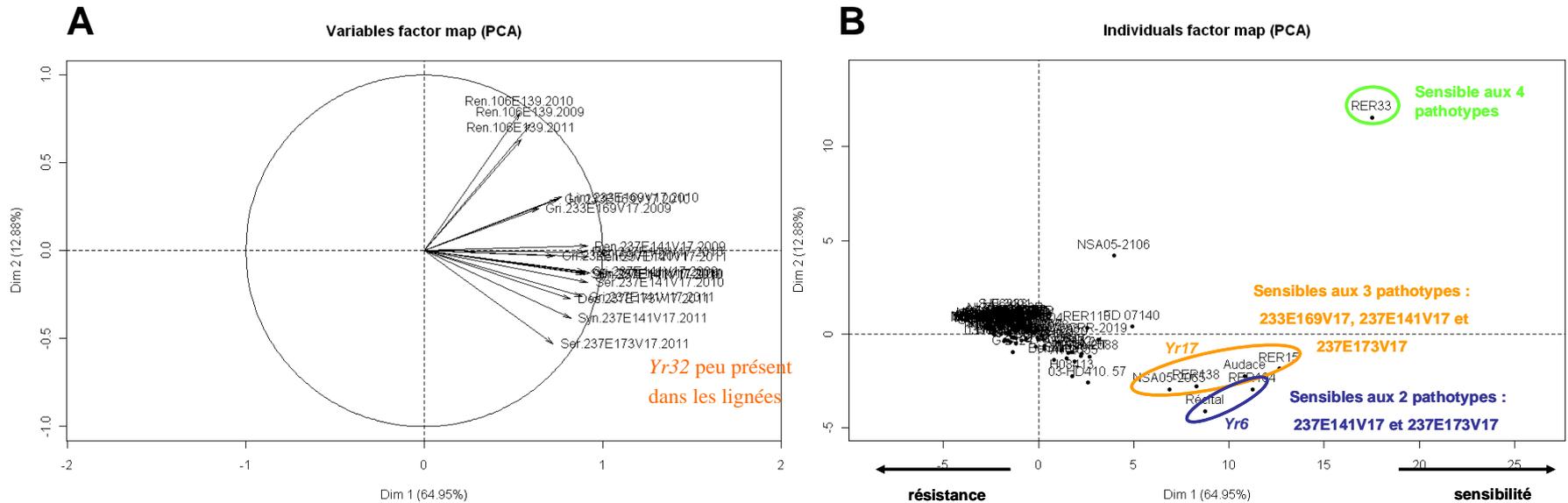
lignées issues de la sélection en 3 catégories de niveau de résistance

catégories de plantes

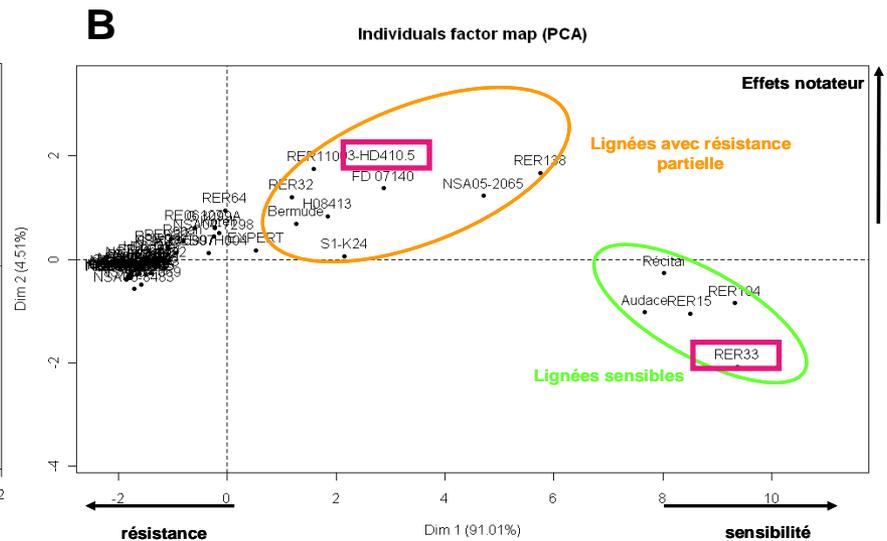
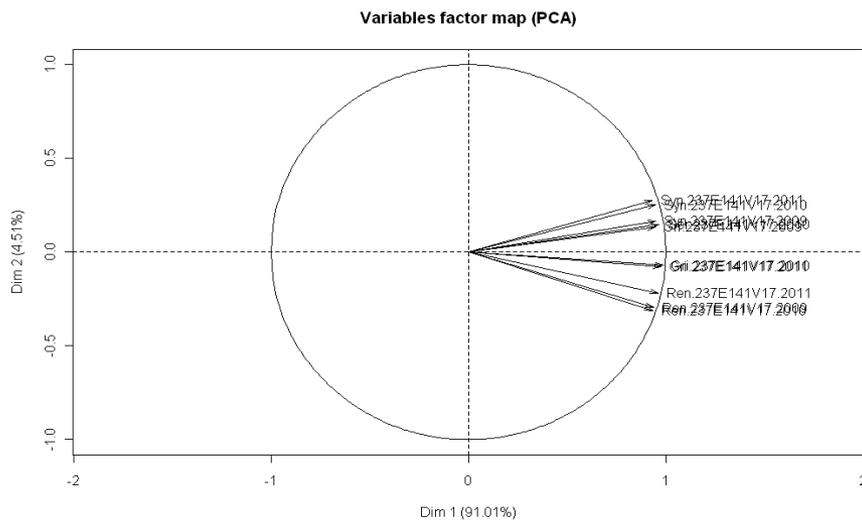
année	pathotype	sensibilité	r résistance partielle	r résistance totale
2009	237 E 141V17	12	54	22
	233 E 169 V17	14	67	7
	106 E 139	1	8	79
2010	237 E 141 V17	16	45	27
	233 E 169 V17	6	61	21
	106 E 139	1	5	82
2011	237 E 141 V17	8	41	40
	237 E 173 V17	12	60	17
	233 E 169 V17	4	23	62
	106 E 139	0	5	84

ACP phénotypage : résistance adulte au champ AUDPC pour 154 lignées, 4 pathotypes, 2009-2010-2011

à l'exception des données 2009 pour le pathotype 233E169V17 sur 2 lieux
(contamination par un autre pathotype)



ACP phénotypage résistance adulte au champ des 64 lignées testées les 3 années, vis-à-vis du pathotype 237E141V17



AUDPC sur 6 lignées témoins et une lignée issue de la sélection avec le pathotype 237E141V17

lignées

année	lieu	Apache	CR	Renan	Récital	ReR 33	ReR138	03-HD410.5
2009	Rennes	0	0	66	1452	2013	355	139
	Grignon	0	0	33	990	1200	720	675
	Syngenta	0	0	183	1483	1508	1432	701
2010	Rennes	0	0	108	1395	1765	780	139
	Grignon	0	0	3	770	910	647	357
	Syngenta	0	0	532	1836	1988	1725	1281
	Serasem	0	0	740	3050	3190	2742	1722
2011	Rennes	0	0	9.4	1386	2596	1376	515
	Grignon	0	0	1	937	825	450	431
	Syngenta	0	0	345	1638	1092	1725	1294

Génotypage

Bilan 2009-2010-2011

analyse de 132 lignées

- présence/absence des marqueurs des gènes et QTL de :

Renan :

2AS (*Yr17*), 2BS, 3Bcentro, 6BL

Camp Rémy :

2BS (*Yr7+YrRsp*), 2BL2, 2BL1, 2D (*Yr16*), 5BL1, 5BL2

Apache :

2AS (*Yr17*), 2BL (*Yr7*)

Choix des marqueurs microsatellites ou STS

QTL de Renan

2AS (Yr17) : gwm 210, gpw 4108, gwm 636, SCAR-Y15

2BS : gwm 210, barc 35, L14, Fbb 67 BC

3BS : gwm 389, gwm 583

3Bcent : gwm131, gwm 383, wmc 291

6B : gwm 193, gwm 608, gwm 626

non gardé pour l'étude ACM car trop faible présence de l'allèle de Renan dans les lignées



QTL avec petit R^2 , non sélectionné

Choix des marqueurs microsatellites

gènes et QTL de Camp Rémy

2BS : wmc154

2BL2 (YrRsp et Yr7) : cfd 73, barc 101, gwm 120, cfd 50c

2BL1 : cfd50b, gwm148

2D (Yr16) : gwm 102, gwm 484, gpw 8041

5BL1 : gwm408

5BL2 : gwm234

gènes d'Apache

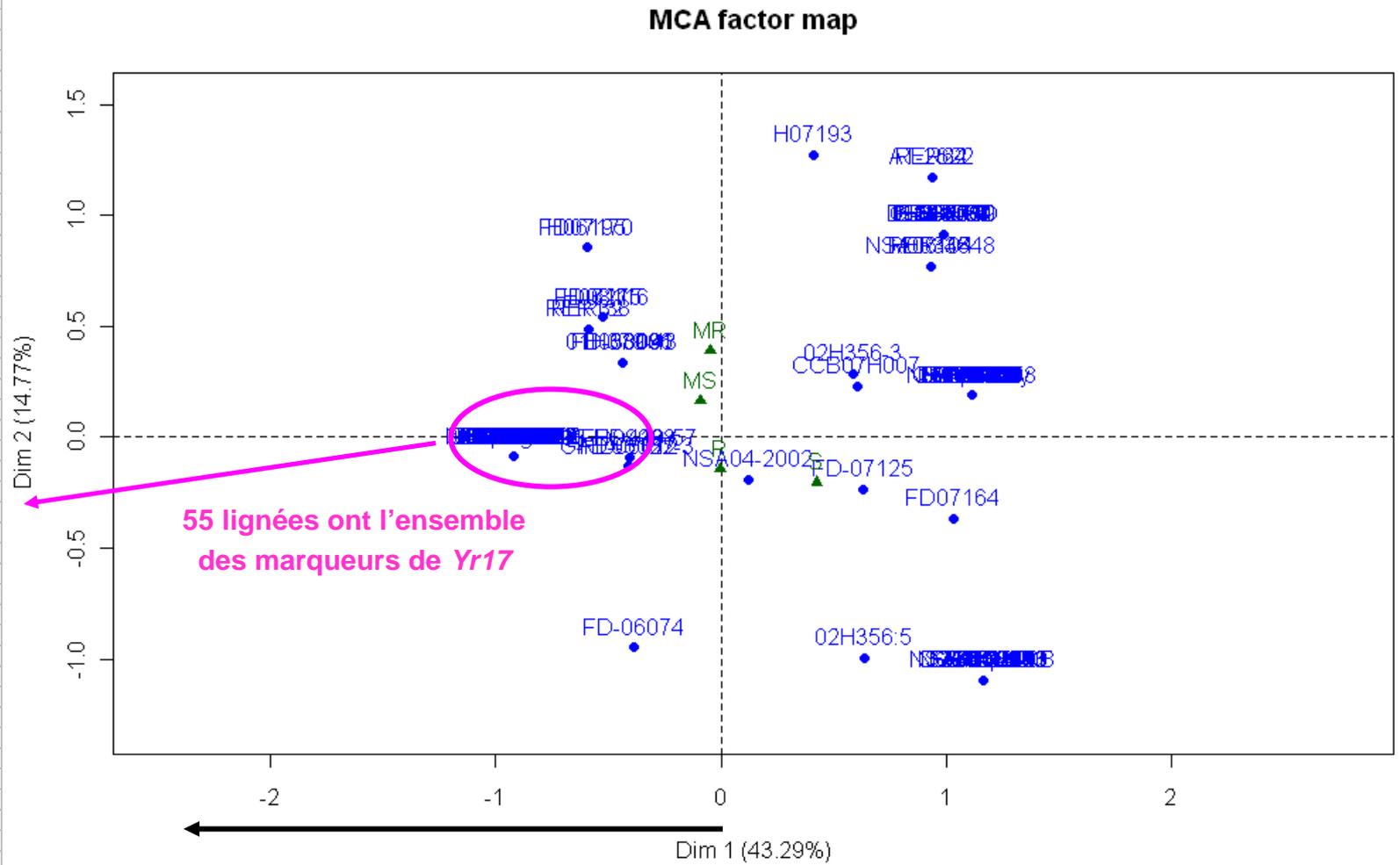
2AS : cf Renan Yr17

2BL : cf Camp Rémy (2BL2 : Yr7 et YrSP)

Marqueurs non étudiés car
difficiles à lire ou non
exploitables

Analyse des correspondances multiples (ACM) sur les données de génotypage correspondant aux 4 allèles marqueurs du gène *Yr17*

RER15
Renan
FD-05152
FD-07036
FD-07140
FD-08037
FD-08089
FD-08093
Bermude
FD08121
FD08154
FD08158
FD09083
NSA02-1422
NIC04-4106B
NSA05-2065
NSA06-2150
NSA05-5997
NSA06-7068
NSA06-7069
03-HD132-19
E-2267
G-3099-A
H-3280
S1-R078
Azzerti
S1-R114
S1-R329
O1015-137
S-E-2266
S1-K24
S1-K56
Boregar
51159.1
O1015-92
H05580A
H06158
CCB07H004
CCB08H012
H07110
INTERET
O1H379:2
H09476
H09499
Audace
Barok
CF99102
CF05162
DI08013
Koreli
RE04073
RE05043
AT-2630
AT-2772
Apache



Présence de *Yr17* dans 74 des 132 lignées testées

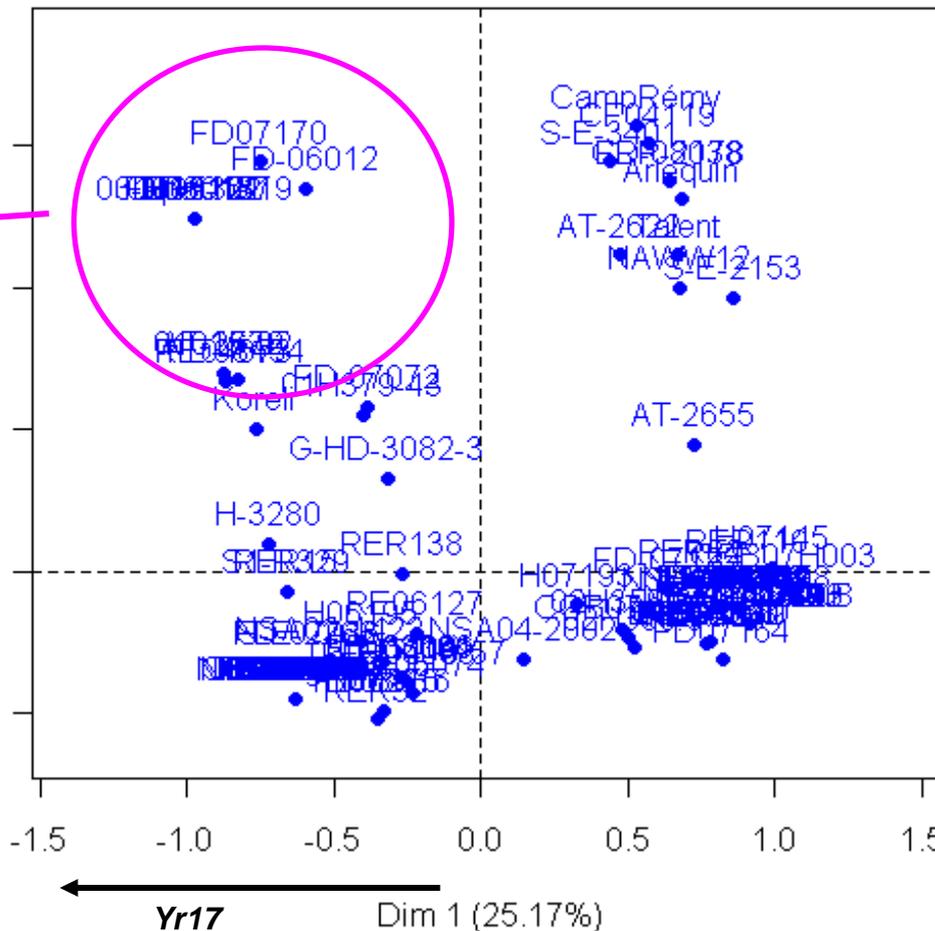
ACM sur les données de génotypage correspondant aux allèles marqueurs des gènes *Yr7* et *Yr17*

MCA factor map

FD-06012
FD07170
FD08121
FD08154
03-HD132-19
01015-137
01015-92
CF99102
CF05162
DI08013
RE04073
AT-2630
AT-2772
Apache

Yr7 ↑

Dim 2 (17.52%)



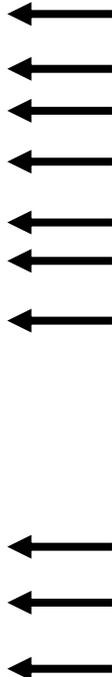
← Yr17

Dim 1 (25.17%)

14 lignées sont proches d'Apache et possèdent les allèles marqueurs de *Yr7* et *Yr17* ainsi que certains des allèles marqueurs des QTL de Camp Rémy (CR) : **2BL1**, **2BS**, **2D**

Étude généalogique des 14 lignées proches d'Apache (Yr7, Yr17)

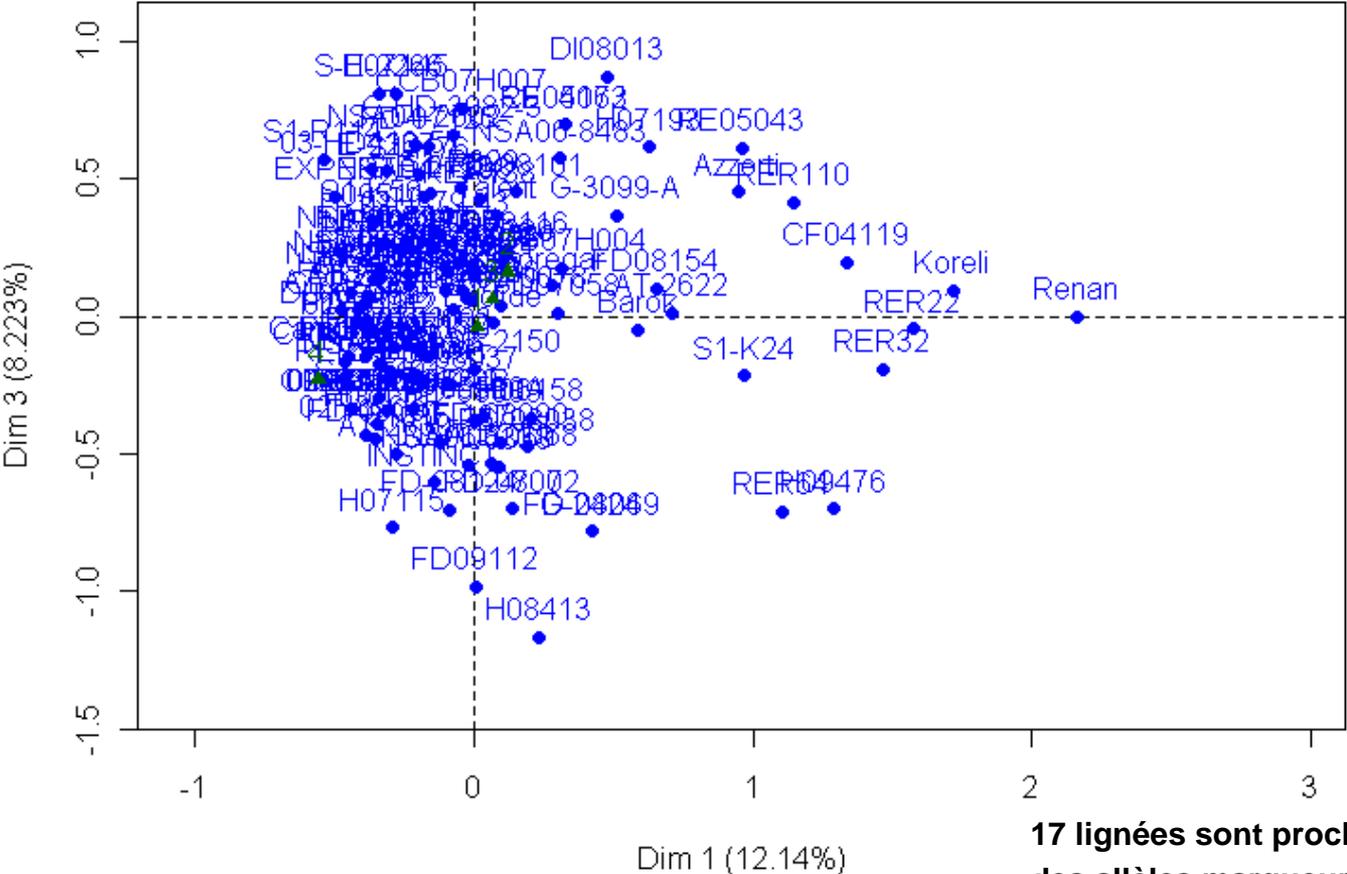
FD-06012
FD07170
FD08121
FD08154
03-HD132-19
01015-137
01015-92
CF99102
CF05162
DI08013
RE04073
AT-2630
AT-2772
Apache



← Apache connu comme étant géniteur

ACM sur les données de génotypage correspondant aux allèles marqueurs des QTL de Renan du 2BS, 3B centro et 6B

MCA factor map



RER22
RER32*
RER64
RER110
Renan*
NSA06-8483
G-3099-A*
Azzerti*
S1-K24*
CCB07H004*
H07193
H09476*
Barok*
CF04119
DI08013*
Koreli*
RE05043*

17 lignées sont proches de Renan et possèdent des allèles marqueurs de ses QTL (2BS, 3Bc et 6B) mais seules 10 ont Yr17*

Étude généalogique des 17 lignées proches de Renan

RER22
RER32*
RER64
RER110
Renan*
NSA06-8483
G-3099-A*
Azzerti*
S1-K24*
CCB07H004*
H07193
H09476*
Barok*
CF04119
DI08013*
Koreli*
RE05043*

Géniteurs connus :

Renan

VPM

Mironovskaia

Bilan 2009-2011
phénotypage-génotypage

Lignées avec résistance totale au champ aux 4 pathotypes

généiteurs connus	lignées	Grignon test JP hypothèses gènes Yr	marqueurs de CR	marqueurs Yr17	hypothèses	marqueurs de CR	marqueurs de Renan
			nb maxi = 4 marqueurs Yr2BL2	nb maxi = 5 marqueurs Yr17	Yr marquage	nb maxi = 2 QTL 2D CR	nb maxi = 12 QTL Renan (sauf Yr17)
Ap	FD-06012	Résistant	4	4	Yr2BL2+Yr17	0	1
Ap	FD-07072	Résistant	1	3	Yr17	0	2 (2B)
Ap	FD07170	Yr 7+	3	3	Yr2BL2+Yr17	1	2
Ap	FD08121	Yr 7+	4	4	Yr2BL2+Yr17	0	2 (6B)
-	Arlequin	Yr 7+	2 +?	0	?	0	2 (3B cent)
Ap	01015-137	Yr 7 +	4	5	Yr2BL2+Yr17	2 (2D)	2
-	S-E-3401	Résistant	3	0	Yr2BL2	0	0
-	S-E-2153	Yr 7+	1+?	0	?	0	3 (2B)
Ap	01015-92	Yr 7+	3	5	Yr2BL2+Yr17	0	0
-	H09499	Résistant	0	5	Yr17	1	1
VPM	CF99102	Résistant	4	5	Yr2BL2+Yr17	1	2
VPM	CF04119=Flamenko	Résistant	4	0	Yr2BL2	1	6 (2B et 6B)
Renan	CF05162	Yr 7+	4	5	Yr2BL2+Yr17	0	5 (6B)
Renan	DI08013=Muzik	Yr 7+	3	5	Yr2BL2+Yr17	0	5 (3B cent et 6B)
CR	CRR-2178R 2BL2	Yr 7+	2	0	Yr2BL2	1	0
CR	Camp Rémy (CR)	Yr 7+	4	0	Yr2BL2	2 (2D)	0
Ap	AT-2622 : Yr7+ 4B ;	Yr 7	3	0	Yr2BL2	0	2
Ap	Apache	Yr 7+ Yr17	3	5	Yr2BL2+Yr17	0	2

AP=Apache

CR=Camp Rémy

JP=jeune plante

Yr2BL2 = 1) dans CR YrRsp non contourné + Yr7

2) dans Apache Yr7

Yr2D = Yr16 (hérité de Cappelle Desprez)

Lignées présentant des allèles marqueurs de QTL du 2B, 3B centro et 6B de Renan et/ou du QTL 2D de Camp Rémy

qui ne sont pas totalement résistantes aux 4 pathotypes

lignées	classes de notations / pathotype				Grignon test JP hypothèses gènes Yr	hypothèses Yr marquage	nb de marqueurs CR	nb de marqueurs Renan
	237E141V17	233E169V17	106E139	237E173V17			nb maxi = 2 QTL 2D CR	nb maxi = 12 4 QTL Renan (sauf Yr17)
RER22	R	R	R	MS	Sensible ou Yr 2		1	8 (2B, 6B)
RER32	MS	MR	R	MS	Yr17	Yr17	0	6 (2B, 3B cent)
RER64	MR	MR	R	MS?	Yr 2, 3 ou SD		0	6 (2B)
RER110	MS	MS	MR	MS	Sensible ou Yr 2		0	8 (3BS, 3B cent, 6B)
FD-08090	R	R	R	-	Résistant		2 (2D)	3 (2B)
FD08154	R	R	R	-	Yr 7+	Yr2BL2+Yr17	1	4 (6B)
NAWW12	R	R	R	-	Résistant		2 (2D)	3
NSA06-2122	R	R	R	MR	Résistant		2 (2D)	1
NSA05-0078	R	R	R	MR	Yr 32		1	4 (2B)
NSA04-7113	R	R	R	MR	Résistant		2 (2D)	1
NSA05-5997	MR	MR	R	MR	Yr 17 ?	Yr17	2 (2D)	1
NSA06-8483	R	R	R	MR	Yr 32		1	4 (2B, 3B cent)
G-3099-A	MR	MR	R	MS	Yr 17	Yr17	0	5 (3B cent)
Azzerti	MR	MR	R	MR	Yr 17	Yr17	0	6 (2B et 6B)
G-3044	R	R	R	MR	Résistant		2	1
S1-K24	MS	MS	R	MS	Yr 17 ?	Yr17	0	5 (2B et 6B)
H06158	R	R	R	-	Yr 6 ou 6+17	Yr17	2	2
CCB07H004	MR	MR	R	MR	Yr 17	Yr17	0	4 (2B, 3Bcentro)
H06195	MR	R	R	-	Yr 6 +17	Yr17	3 (2D)	1
H07193	MS	MS	R	-	Yr 17 (impur)		0	5 (2B et 3Bcent)
INSTINCT	MS	MR	R	-	Yr 6+ (+9?)		2	2
H09476	R	R	R	MR	Résistant	Yr17	1	4 (2B et 6B)
Barok	MR	MR	R	MS	Yr 17	Yr17	2 (2D)	5 (2B et 3B cen)
Koreli	MR	MR	R	MS	Yr 17	Yr17	1	8 (2B et 3B cent)
RE04073	R	MR	R	MR	Yr 17	Yr2BL2+Yr17	0	4 (6B)
RE05043	R	R	R	MR	Résistant	Yr17	0	6 (3B cent et 6B)

R = résistant

MR = moyennement résistant

MS = moyennement sensible

Conclusions : intérêts et limites du génotypage dans la détection de gène / QTL

- Marquage de gènes et QTL possible si on a au moins 3 ou 4 marqueurs par gène/QTL
- Marquage dans des régions chromosomiques portant plusieurs gènes/QTL : difficile si on ne connaît pas la généalogie du géniteur de résistance
 - a) Ex : cluster de gènes dans la région du 2BL : *Yr7*, *Yr5*, *YrSpalding*, *Yr43*, *Yr44*,
 - b) Ex : dans les mêmes régions chromosomiques que les QTL 2B et 6B issus de Renan, d'autres QTL sont décrits chez d'autres variétés
- L'étude de la recherche de QTL/gènes par marqueurs dans différents fonds génétiques a été limitée, car peu de lignées présentaient Renan, Apache et Camp Rémy comme géniteurs

Conclusions : vers la construction de génotypes présentant des combinaisons de gènes / QTL de résistance efficaces et durables

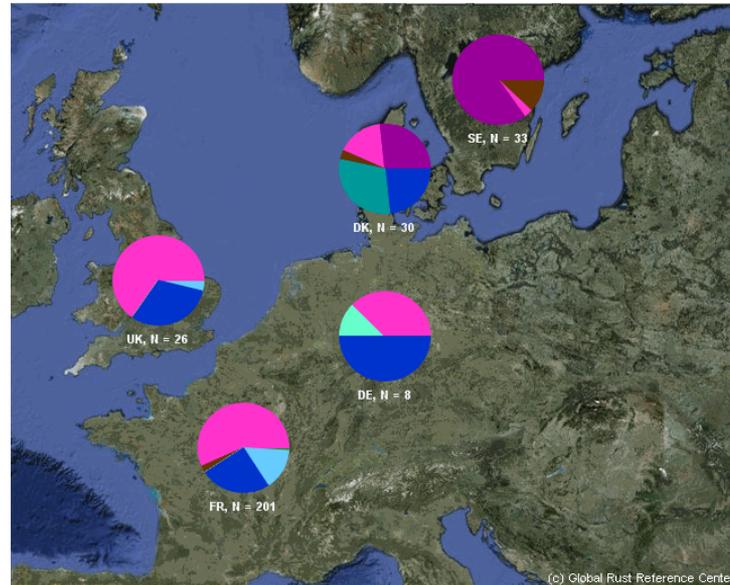
- possibilité de suivre en SAM des gènes / QTL à partir d'un géniteur défini, mais pour ne pas perdre de gènes / QTL d'un cluster (cf *Yr7* et *YrRsp* de Camp Rémy). faire également des tests pathologiques
- Le marquage permet de faire l'état des lieux des gènes/QTL présents dans le matériel végétal et doit permettre d'éviter l'utilisation trop fréquente de certaines combinaisons de gènes (exemple *Yr7* et *Yr17*)
- De nombreux gènes *Yr* pas encore marqués, phénotypage indispensable
- Le marquage permet la sélection de lignées associant des QTL et des gènes majeurs, les deux étant complémentaires et devant être à l'origine de résistance efficace et plus durable

Livrables et utilisation des résultats

- caractérisation phénotypique et génétique du matériel végétal issu de la sélection
avec identification :
 - de gènes majeurs (stade jeune plante)
 - de composantes de résistance partielle (stade adulte)
 - de gènes et QTL par marquage
 - confirmation de l'intérêt de l'emploi de marqueurs moléculaires déjà publiés pour la détection dans différents fonds génétiques de QTL / gènes de résistance
 - identification dans le matériel végétal issu de la sélection de combinaisons de gènes majeurs / QTL efficaces, dont certaines exercent moins de pression de sélection sur l'agent pathogène
- L'exploitation de ces résultats doit conduire à la création de futurs géniteurs et / ou de variétés cumulant différents QTL de résistance par une approche de SAM en fonction de l'évolution des pathotypes

Invasion récente d'un pathotype de *Puccinia striiformis* en Europe

- depuis 2011: 'nouvelle race'



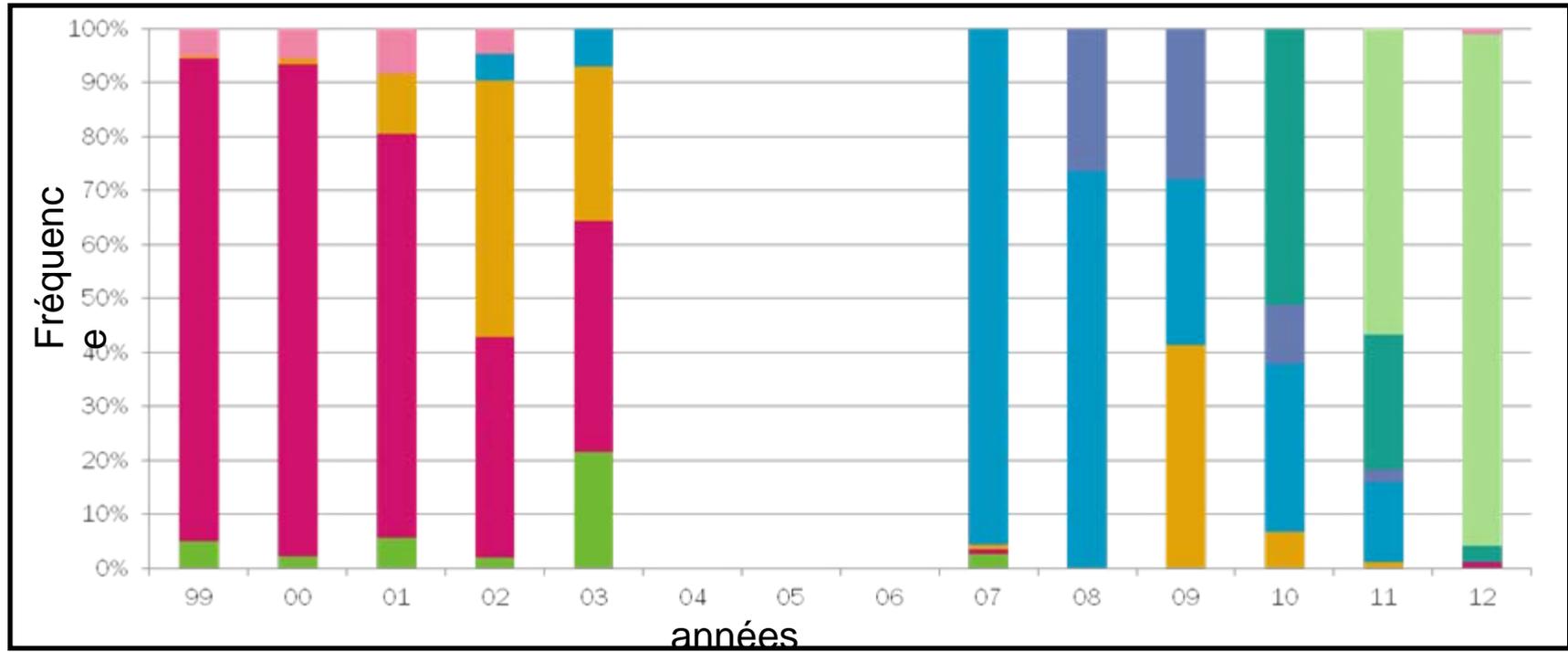
www.eurowheat.org



Race	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	15	17	24	25	27	32	Sd	Sp	Telia
PstS2	-	2	-	-	-	6	7	8	9	-	-	-	-	-	27	-	-	-	+
ancienne	1	2	3	4	-	6	-	-	9	-	-	17	-	25	-	32	Sd	-	+
Nouvelle	1	2	3	4	-	6	7	-	9	-	-	17	-	25	-	32	Sd (Sp)		++++

Fréquences des pathotypes de *P. striiformis* f.sp. *tritici* en France

Invasion d'un pathotype exotique en NW Europe en 2011



	Race 1	1	2	3	-	-	-	9	17	25	-	SD	-	-
	Race 2	1	2	3	4	-	-	9	17	25	-	SD	-	Su
	Race Ornica	1	2	3	4	6	-	9	17	25	-	SD	-	Su
	Race Robigus	1	2	3	4	-	-	9	17	25	32	SD	-	Su
	Race Toison dor	-	-	3	4	6	-	-	-	25	32	SD	-	Su
	Race Oakley	1	2	3	4	6	-	9	17	25	32	SD	-	Su
	Race 2011	1	2	3	4	6	7	9	17	25	32	SD	[SP]	Su
	Other													

Races
anciennes

Nouvelle race

La résistance des variétés diffère pour les anciennes races et la nouvelle race invasive.

Merci !