

Introduction

Ce projet avait pour objectif de valoriser les résultats du projet précédent (FSOV 2004 : Détection et exploitation de résistances durables aux septorioses et fusarioses du blé tendre). Ainsi, nous avons identifié des lignées avec un très bon niveau de résistance à la fusariose et à la septoriose. Nous avons alors développé des populations haploïdes doublées (HD) nous permettant d'étudier la génétique de la résistance des lignées résistantes. Dans ce projet, il était prévu qu'une population HD issue de la lignée Chine 94.4 soit étudiée pour la résistance à la fusariose et que trois autres le soit pour la résistance à la septoriose. Malheureusement la population retenue pour la fusariose n'a pas pu être exploitée à cause de sa trop grande sensibilité au froid et il a été alors décidé de recentrer les efforts de ce programme sur la septoriose en étudiant sept populations Bioplante et une population USDA-ARS au lieu des trois initialement prévues

Matériel et Méthodes

Populations

Les 7 populations Bioplante sont constituées de 63 à 97 lignées haploïdes doublées (HD). La population de 96 lignées SSD RIL F_{8,7} Kulm/M3 a été produite par J. Faris de USDA-ARS (Fargo).

Tests de résistance à la septoriose

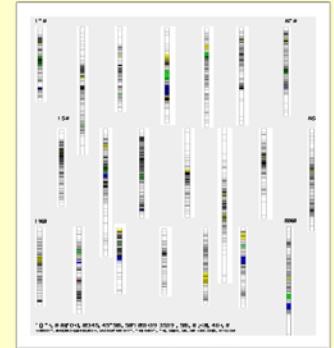
Les tests de résistance ont été effectués au champ au stade adulte et en serre au stade juvénile selon les conditions décrites par Tabib Ghaffary et al. (2011 et 2012)

Des marqueurs SSR ont été utilisés pour les populations Apache/Balance, FD3/Robigus et Nogal/Bio110.

Plusieurs puces DAiT (Triticarte Lty) ayant de 2500 à 7000 marqueurs ont été utilisées sur toutes les populations Bioplante.

Analyse statistique

La Méta-analyse a été effectuée avec le logiciel MetaQTL. Les matrices de kinship ont été produites à partir des logiciels CoCoa 1.0 grâce à un estimateur AIS (Alikeeness In State) et TASSEL 2.1.

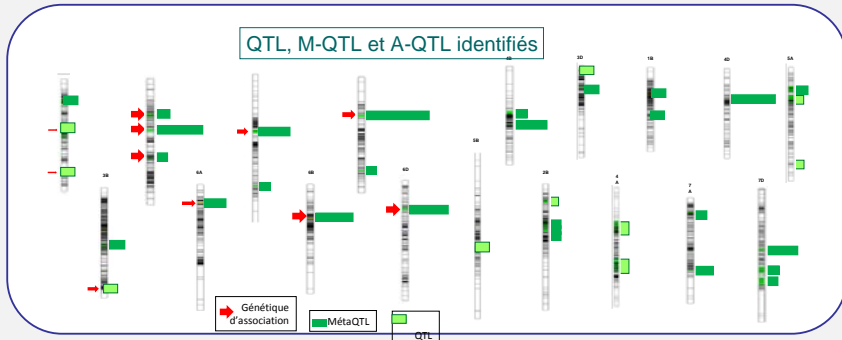
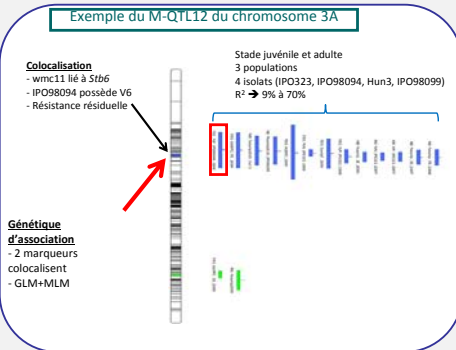


Carte Consensus (en collaboration avec INRA - GDEC)

La carte consensus, construite à partir des 42 cartes initiales, comprend 8856 marqueurs distribués sur 21 groupes de liaison et couvre 3345 cM Kosambi. Le nombre de marqueurs par chromosome varie de 170 (4D) à 1322 (3B). La densité de marqueurs est en moyenne de 2,65 marqueurs par cM

QTL, Méta-QTL et Génétique d'Association

L'analyse Méta-QTL de l'ensemble de ces QTL a permis de regrouper les QTL identiques en M-QTL. Ainsi, les 181 QTL détectés ont été regroupés en 27 M-QTL et seulement 10 QTL n'ont pas pu être associés à un M-QTL. Parmi ces 27 M-QTL, 14 colocalisent avec des QTL de hauteur ou de précocité.



Résistance	Analyses	Nom	Chromosome	Colocalisation	Parent donneur de la résistance	R ²
Stricte	Association + Méta-analyse	MQTL24	6D	<i>Stb18</i>	Balance	10 à 64%
		MQTL11	2D	-	Timber	12%
		MQTL12	3A	<i>Stb6</i>	Balance, Nogal, Robigus	9 à 77%
		MQTL22	6A	<i>Stb15</i>	FD3, Nogal	10 à 15%
		MQTL9	2D	<i>Snn2</i>	Robigus, Balance	11 à 24%
	MQTL23	6B	<i>QStb.risp-6B.2</i>	Nuage, FD3, Robigus	6 à 20%	
	Méta-analyse	MQTL16	3D	<i>Stb16q</i>	M3	28 à 31%
		MQTL29	7D	<i>Stb4</i>	Apache	6 à 33%
		MQTL6	2B	<i>Stb9</i>	Balance, Robigus	11 à 22%
		MQTL1	1A	-	Robigus	12 à 18%
		MQTL21	5A	<i>Stb17</i>	M3	12 à 32%
		MQTL27	7A	-	FD12, Balance	11 à 32%
		MQTL13	3A	-	Soissons, FD3	15 à 18%
		MQTL15	3B	-	Bio110, Apache, Nuage	6 à 15%
	Association + QTL individuel	MQTL31	7D	-	Balance, Soissons	8 à 15%
QTL2		1A	-	Balance	10%	
Morpho	Association + Méta-analyse	QTL4	3B	-	Bermude	15%
		MQTL10	2D	<i>Rht8</i>	Balance, Robigus	16 à 25%
		MQTL18-19	4B	<i>Rht1</i>	Balance, FD3, Robigus	9 à 18%
		MQTL20	4D	<i>Rht2</i>	Apache, Robigus, Cordiale	10 à 30%

Les nouveaux gènes majeurs *Stb16q*, *Stb17* et *Stb18*

Le gène *Stb16q* a été identifié sur le chromosome 3DL (*Xwmc494 - Xbarc125*) de lignée de blé synthétique M3. Ce locus explique jusqu'à 31% et 71% de la variance phénotypique de la résistance aux stades adulte et juvénile.

Le gène *Stb17* a été détecté sur le chromosome 5AL (*Xgwm617 - Whbg247*) de lignée de blé synthétique M3. Il explique jusqu'à 32% de la variation phénotypique au stade adulte.

Le gène *Stb18* a été identifié sur le chromosome 6DS (*Xgpw3087 - Xgpw5176*) de la variété Balance. Il explique de 10 à 64% de la variance phénotypique de la résistance adulte.

Conclusions Générales

Ce programme a permis d'identifier 3 nouveaux gènes (*Stb16q*, *Stb17* et *Stb18*) de résistance spécifique à la septoriose. Ces 3 nouveaux gènes portent ainsi à 18 le nombre total de gènes *Stb* connus à ce jour. De nouveaux M-QTL et A-QTL de résistance à la septoriose ont également été identifiés grâce à ce programme. Certains d'entre-eux correspondent à des gènes connus mais d'autres n'avaient pas encore été identifiés. Grâce à l'ensemble de ces résultats, le sélectionneur a la possibilité d'utiliser et de combiner plusieurs sources de résistances (3 gènes *Stb*, 10 QTL, 27 M-QTL dont 11 sont confirmés en A-QTL) efficaces aux stades juvénile et adulte. Par un cumul approprié de ces différentes sources de résistance, il sera en mesure d'obtenir de nouvelles variétés présentant une résistance efficace et durable vis à vis de la septoriose.

Publications et mémoires produits grâce au programme FSOV 2008B

- 1.L. Duchalais (2009). « Etude génétique de la résistance à la septoriose d'une population de blé tendre FD3/SE3 ». Diplôme d'Ingénieur d'Agrocampus Ouest, Spécialité Sciences des Productions Végétales, Option Amélioration des plantes, Agrocampus Ouest, Rennes
- 2.E. Goudemand (2010). « Comparaison de différentes approches de recherche de résistance à la septoriose à partir de plusieurs populations de blé tendre ». Diplôme d'Ingénieur d'Agrocampus Ouest, Spécialité Sciences des Productions Végétales, Option Amélioration des plantes, Agrocampus Ouest, Rennes,
- 3.E. Goudemand, V. Laurent, et al. « Association mapping and meta-analysis: two complementary approaches for the detection of reliable Septoria tritici blotch quantitative resistance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) ». *Theor Appl Genet* (Submitted)
- 4.S. Mahmood Tabib Ghaffary (2011). « Efficacy and mapping of resistance to *Mycosphaerella graminicola* in Wheat ». Doctorat de l'Université de Wageningen, PRI, Wageningen.
- 5.Ghaffary, S. M. T., O. Robert, et al. (2011). « Genetic analysis of resistance to septoria tritici blotch in the French winter wheat cultivars Balance and Apache ». *Theoretical and Applied Genetics* 123(5): 741-754.
- 6.Tabib Ghaffary, S., J. Faris, et al. (2012). « New broad-spectrum resistance to septoria tritici blotch derived from synthetic hexaploid wheat. » *Theoretical and Applied Genetics* 124(1): 125-142.