

# Introduction dans le blé de gènes de résistance à la jaunisse nanisante de l'orge

GIE Club5, 83, avenue de la Grande Armée, 75782 Paris cedex 16

INRA, UMR Amélioration des Plantes & Biotechnologies Végétales 35650 Le Rheu cedex

## Introduction

La jaunisse nanisante de l'orge (JNO) est une maladie induite par des virus du groupe des lutéovirus. Ces derniers ont été trouvés sur une centaine d'espèces de poacées, et sont transmis par plus de 20 espèces de pucerons.



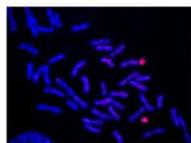
Chez le blé tendre, un seul gène de résistance partielle (*Bdv2*) a été introduit dans le blé tendre à partir de *Thinopyrum intermedium*. L'élargissement de la variabilité pour la résistance est un impératif. Pour ceci, nous avons l'objectif d'introduire deux nouveaux gènes de résistance à partir de *Th. intermedium* ( $2n=6x=42$ , JJJ<sup>3</sup>S<sup>5</sup>S<sup>t</sup>) et de *Lophopyrum ponticum* ( $2n=10x=70$ , (JJ)<sub>5</sub>)

Enfin, nous allons recombiner l'introgression portant *Bdv2*, le seul gène de résistance à JNO actuellement disponible, avec celle portant le gène majeur de résistance au piétin-verse *Pch1* mais qui est chevauchante avec la précédente. La réussite de cette opération permettra d'exploiter simultanément *Pch1* et *Bdv2* dans les programmes de sélection.

## Transfert de deux gènes de résistance

### • Transfert à partir de *Thinopyrum intermedium*

Le géniteur de résistance partielle est une lignée d'addition ditélosomique (ZH) ( $2n=42+2t$ ) dans laquelle un des bras du chromosome 2Ai de *Th. intermedium* est ajouté

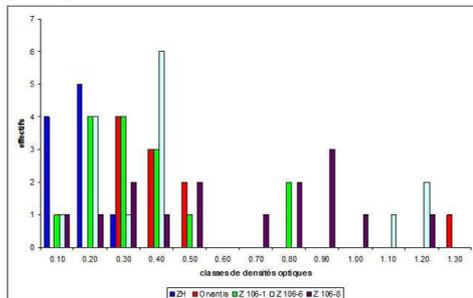


Chromosomes télocentriques 2Ai porteurs de la résistance visualisés à l'aide de la technique GISH



L'introduction dans le génome du blé du gène de résistance porté par 2Ai ne peut se faire que si 2Ai s'apparie et se recombine avec un chromosome du blé lors de la méiose. Afin de provoquer cet appariement chromosomique 'illégitime', la lignée ZH a été croisée par un blé délété pour le gène inhibiteur d'appariement homéologue *Ph1* (mutation *ph1*).

Dans la descendance en rétrocroisement, la sélection a fait appel à un test Elisa qui mesure la multiplication virale. Le matériel le plus avancé a été évalué en 2010. Il était constitué de deux familles de 4 lignées. Aucune des 8 lignées n'était aussi résistante que ZH. Dans la figure ci-dessous, nous présentons les distributions au sein des témoins ZH et Orvantis et des trois lignées de la famille 120-106 qui pourraient être en disjonction. Plus particulièrement, la lignée OR x Z - 120-106-1 apparaît la plus prometteuse.



Distribution des densités optiques au sein des lignées BC1F3 OR x Z - 120-106-1, 6 et 8 et des témoins ZH et Orvantis.

Nous n'avons pas sélectionné de lignée fixée plus résistante qu'Orvantis. En 2011, elles seront recherchées au sein des descendance de OR x Z - 120-106-1. A ce stade, nous n'avons aucune certitude que le(s) gène(s) de résistance partielle présent chez la lignée ZH n'y soit présent. En effet, on ne peut exclure que des gènes de résistance mineurs présents dans les blés entrant dans la généalogie et ayant des effets additifs ont été sélectionnés.

### • Transfert à partir de *Lophopyrum ponticum*

Une méthodologie similaire est utilisée pour introduire dans le blé une résistance de *L. ponticum* conférant de l'immunité à JNO. Le matériel de départ était un amphiploïde partiel (OK 7211542) à 56 chromosomes issu du croisement entre le blé et *L. ponticum*.

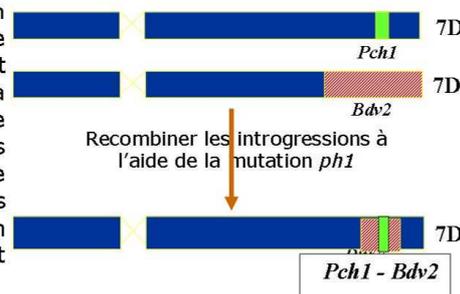
Dans une première phase, nous avons produit une lignée d'addition disomique aussi résistante que l'amphiploïde Malheureusement, nous n'avons pas réussi à sélectionner une lignée de recombinaison

## Recombinaison des deux introgressions chevauchantes portant les gènes *Pch1* et *Bdv2*

La sélection pour l'amélioration de l'état sanitaire du blé tendre a pour objectif l'introduction dans un même génotype d'un maximum de gènes de résistance aux différentes maladies. Des obstacles au cumul des gènes peuvent survenir. L'un d'eux dans le cas du blé est dû au fait que certains gènes d'origine interspécifique différente sont portés par des introgressions chevauchantes.

*Bdv2*, le premier gène de résistance à JNO est situé en position distale sur le chromosome 7D. C'est le cas aussi du gène majeur *Pch1* de résistance au piétin-verse issu d'*Aegilops ventricosa*.

Nous avons créé un génotype hétérozygote pour *Bdv2* et *Pch1*, et homozygote pour la mutation *ph1*. Notre objectif est d'induire des recombinaisons entre les deux introgressions et de sélectionner un linkat possédant *Pch1* et *Bdv2* (fig. ci-dessous).



En 2010, nous avons sélectionné une lignée homozygote *Pch1/Pch1*. Son niveau de résistance à JNO est proche de celui de la lignée TC14 portant *Bdv2*. Il nous reste à confirmer que *Bdv2* est effectivement présent. Néanmoins nous n'excluons pas la possibilité que des gènes mineurs de résistance n'aient été sélectionnés et cumulés dans ce génotype.

Si le linkat *Pch1-Bdv2* a effectivement été produit, les sélectionneurs seront donc en mesure de créer des variétés qui auront un haut niveau de résistance au piétin-verse et une résistance intermédiaire à la jaunisse. Pour faciliter la sélection, il sera indispensable d'avoir un marqueur du nouveau linkat.