

Joseph JAHIER¹, Olivier CORITON¹, Denise DEFFAINS¹, Gérard BRANLARD², Annie FAYE², François Xavier OURY², Stephen SUNDERWIRTH³, Pascal GIRAudeau³, Volker LEIN³, Sylvie DUTRIEZ³, Philippe LEREBOUR³, Jean-Michel DELHAYE³, Laure DUCHALAIS³,

1 – INRA, UMR IGEPP, BP 35327, 35653 Le Rheu

2 – INRA, UMR GDEC, 5 chemin de Beaulieu, 63039 Clermont-Ferrand Cedex 2

3 - C.E.T.A.C [Centre d'Etudes Techniques pour l'Amélioration des Céréales], 7 rue Coq-Heron 75030 PARIS cedex 01

1. Introduction

Les blés appartiennent à la tribu des triticiées qui renferme plus de 300 espèces appartenant à 19 genres. La plupart d'entre elles peuvent être hybridées par le blé dans l'objectif d'introduire de nouveaux gènes et donc d'accroître la variabilité disponible pour le sélectionneur. L'objectif dans les tentatives d'introgessions est d'introduire dans le blé les gènes recherchés en évitant d'incorporer ceux ayant un effet délétère. C'est pour cette raison que tous les transferts réussis et effectivement exploités correspondent à des segments de chromosomes très courts. Des revues bibliographiques ont été faites (dont Jiang *et al* 1993, Schneider *et al* 2008). A notre connaissance, le seul exemple d'introgession qui déroge à la règle ci-dessus concerne l'exploitation du chromosome 1R. Ce dernier a été d'abord utilisé dans des variétés, sous forme de substitution 1R(1B). Cette dernière a rapidement été supplantée par la translocation 1BL.1RS et à moins grande échelle par la translocation 1AL.1RS.

Translocation 1BL-1RS

La translocation 1BL.1RS était présente dans près de 60% des blés cultivés en Chine dans les années 80- 90 (Jia G., com. pers.). Lukaszewski (1990) montre qu'en 1990, 38% du matériel testé dans 'International Winter Wheat Performance Nursery' (IWWPN) possède la translocation. En 2003, environ 50% du germplasm blé du CIMMYT est transloqué 1BL.1RS. En Europe, on ne dispose pas de statistiques précises pour l'ex-RFA : par exemple en 1983, sur 48 variétés commerciales de ce pays, 18 étaient des transloquées 1BL.1RS. Il apparaît donc que la translocation 1BL.1RS a été très exploitée. De toutes les introgessions dans le blé, elle est indiscutablement celle qui a eu le plus grand succès.

En France, quelques variétés transloquées ont été inscrites au catalogue jusqu'en 1995 comme Clément (1974), Promentin (1983), Foison (1985), Damier

(1995), Cyrano (1994). Comme des blés BPS sont recherchés en priorité, la translocation 1BL.1RS a disparu du paysage variétal français.

Les effets de la translocation sont les suivants :

① Résistance aux maladies

1RS porte les gènes de résistance *Sr31*, *Lr26*, *Yr9*, *Pm8*. Ces derniers ont été rapidement contournés.

② Rendement et composantes du rendement

La plupart des études dont Carver et Rayburn (1994), Moreno-Sevilla *et al* (1995a) et Villareal *et al* (1998) montrent un effet positif sur le rendement qui s'explique par une biomasse aérienne, une fertilité par épillet et un poids de 1000 grains supérieurs, et aussi une période de remplissage plus longue.

③ Valeur technologique et boulangère

Les effets de la translocation 1BL.1RS sur la composition du grain et sa qualité technologique ont été bien décrits. D'une manière générale on observe une légère augmentation de la teneur en protéines (Carver et Rayburn 1995, Moreno-Sevilla *et al* 1995b, McKendry *et al* 1996). La dureté de l'albumen est parfois sensiblement diminuée et plusieurs auteurs ont rapporté une légère décroissance du rendement en mouture. L'élimination du bras court du chromosome 1B portant les locus *Glu-B3* (codant pour les sous-unités gluténines de faible poids moléculaire) et *Gli-B1* (codant pour des oméga-gliadines) au profit d'un fragment 1RS portant le locus *Gli-R1* codant des sécalines) n'apportant aucune liaison intermoléculaire a pour résultat un affaiblissement des propriétés rhéologiques de la pâte. On constate alors une moins bonne stabilité au pétrissage et une diminution de la force du gluten. Les oméga-sécalines très hydrophiles, améliorent l'aptitude de la farine à retenir l'eau. Le bras court du chromosome 1R a aussi été associé à un accroissement du pouvoir collant de la pâte d'une part en raison de la présence des oméga-sécalines mais aussi d'un accroissement de la quantité de pentosanes (constituants également très hydrophiles). Mais une sélection rigoureuse peut atténuer ces effets négatifs

sur la qualité boulangère des blés (Carver et Rayburn 1995, Lee *et al* 1995). Des travaux récents (Gobaa *et al.* 2007, 2008) ont montré que des lignées possédant cette translocation pouvaient être d'excellente qualité technologique.

Translocation 1AL-1RS

La seule translocation 1AL.1RS a été obtenue aux USA dans la descendance d'un croisement du triticale 'Gaücho' et un blé. La première lignée porteuse de la translocation obtenue en 1976 a été nommée 'Amigo' en 1995 (Sebesta *et al* 1995). L'utilisation d'Amigo en sélection aux USA a abouti aux variétés comme 'TAM 107', 'TAM 200', 'Century' et 'Nekota'.

Les effets de la translocation 1AL.1RS présentent des différences avec ceux de 1BL.1RS :

① Résistance aux maladies

Amigo est résistante à *Eriophyes tulipae* ('greenbug') et porte les gènes de résistance *Pm17* et un gène de résistance à la rouille noire qui ne peut être distingué de *Sr31*.

② Rendement et composantes du rendement

Villareal *et al* (1996) montrent que, quelque soit l'environnement, la translocation a un effet positif très marqué sur le rendement en grain, la biomasse aérienne, le poids de 1000 grains ainsi que sur la période de remplissage. Ehdai *et al* (2003) évaluent les performances agronomiques et le système racinaire de 'Pavon' (Cimmyt), Pavon 1AL.1RS et Pavon 1BL.1RS. Une corrélation positive est trouvée entre la biomasse racinaire et le rendement en grains. Les biomasses racinaires des génotypes sont : Pavon 1AL.1RS > Pavon 1BL.1RS > Pavon. Le rendement élevé des variétés possédant 1RS pourrait être dû à des déterminants génétiques portés par le 1RS et conférant une biomasse racinaire supérieure qui améliore l'absorption d'eau et d'éléments minéraux du sol.

③ Valeur technologique et boulangère

La translocation 1AL.1RS offre moins d'effets négatifs sur les caractéristiques technologiques de la pâte que la translocation 1BL.1RS (Graybosch *et al* 1991, Espitia-Rangel *et al* 1999). Ceci serait dû au fait que le bras court du chromosome 1A (absent chez les lignées transloquées) porte au locus *Glu-A3* des gènes codant pour des sous-unités gluténines de faible poids moléculaires qui sont souvent peu influents sur les caractéristiques rhéologiques de la pâte. Leur remplacement par les gènes du locus *Gli-R1* a donc un impact moins visible que dans le cas de la translocation 1BL.1RS. La translocation 1AL.1RS a une

incidence sur la teneur et la composition en pentosanes (Saulnier *et al.* 2007). La substitution 1R(1A) avait montré que la pâte pouvait être non collante et donner un volume du pain significativement supérieur à celui obtenu avec la substitution 1R(1B) (Amiour *et al.*, 2002.). La translocation 1AL.1RS a donc une incidence sur les caractéristiques technologiques qu'il convient de mieux connaître et exploiter.

Objectifs de l'étude

En 1976, Bernard a créé des lignées d'addition blé-seigle. L'une d'elles (addition F) a le chromosome ajouté 1R (Bernard 1976). A partir de cette dernière, nous avons produit des substitutions 1R(1A), 1R(1B) et 1R(1D) dans différents fonds génétiques. L'évaluation de leurs valeurs technologiques a été réalisée et publiée (Amiour *et al.*, 2002.). Le résultat principal est que les lignées 1R(1A) ont une valeur boulangère, notamment au niveau du volume du pain, très supérieure à celles des lignées 1R(1B).

Suite à ce résultat, nous avons essayé de produire dans le fonds génétique Courtot les quatre lignées de translocation 1AS.1RL, 1AL.1RS, 1BL.1RS et 1BS.1RL. Comme 1AS.1RL n'a pu être produite avant le début de la présente étude, son obtention est un des objectifs du projet.

Nous n'avons pas essayé de produire les translocations 1DL.1RS et 1DS.1RL pour les deux raisons suivantes : 1) faute de temps et de moyens et 2) les données bibliographiques indiqueraient que ces deux translocations ne puissent avoir un futur prometteur dans l'amélioration du blé.

Les objectifs de l'étude sont les suivants :

- 1- Décrire la variabilité agronomique et technologique des lignées isogéniques de Courtot ayant soit
 - le chromosome 1A ou 1B ou 1D substitué par le chromosome 1R du seigle
 - la translocation 1AL-1RS, 1BL-1RS ou 1BS-1RL

- 2- Décrire l'influence de ces translocations au sein de descendances avec 4 cultivars récents, sur les caractéristiques agronomiques et de valeur d'utilisation. Plus particulièrement, étant donné que le bras court 1RS est le même dans les deux chromosomes transloqués 1AL.1RS et 1BL.1RS, nous serons en mesure, pour la première fois, de comparer ces deux translocations.

2. Matériel et méthode

a- Matériel végétal

- Les substitutions disomiques 1R(1A), 1R(1B) and 1R(1D) dans Courtot : Courtot 1R(1A), Courtot 1R(1B) et Courtot 1R(1D)
- Les lignées de translocation dans Courtot : Courtot 1AL-1RS ; Courtot 1BL-1RS ; Courtot 1BS-1RL. La lignée Courtot 1AS-1RL a été développée au cours du projet et n'a pu être évaluée comme les trois premières.
- Des lignées transloquées BC1F2 issues du rétrocroisement des trois premières translocations par 4 lignées/variétés : Caphorn, Koréli, CF 03287 et Skerzzo. Leur sélection a été terminée en année 2 du projet.
- Des lignées/variétés transloquées 1AL.1RS ou 1BL.1RS issues de la sélection

b- Méthodes

- Techniques de cytogénétique : le dénombrement des chromosomes et l'analyse des méioses en métaphase I ont été faites suivant des techniques standard (Jahier et Tanguy 1992)
L'identification et le suivi des chromosomes transloqués ont été réalisés à l'aide de l'électrophorèse des protéines de réserve (Singh *et al* 1991) et de la technique d'hybridation in situ GISH/FISH (Dumur *et al* 2009)
- Evaluation au champ (rendement et caractères phénotypiques) : les génotypes ci-dessus ont été expérimentés selon deux types d'essais (fertilisation raisonnée et faibles intrants) en quatre lieux.
- La valeur technologique et la valeur boulangère. Les tests suivants ont été mis en œuvre à l'INRA de Clermont Fd : PMG, PS, teneur en protéines et dureté de l'albumen par NIRS, temps de Chute d'Hagberg, Viscosité des pentosanes (Grosjean *et al* 1999). Le laboratoire LIVRAC (44115 HAUTE GOULAIN, France) réalisa la mesure des caractéristiques rhéologiques avec l'alvéographe Chopin et la panification.

3. Résultats

1- Développement du matériel d'étude

a- Extraction de la translocation 1AS.1RL dans le fonds génétique Courtot

La F1 entre la lignée de substitution 1R (1A) et Courtot est double monosomique : les chromosomes 1R et 1A sont univalents à la métaphase 1 de la méiose. Dans une partie des cellules l'un et/ou l'autre subissent une cassure au niveau du centromère pour donner naissance à deux chromosomes télocentriques. Lors de la deuxième division, ces derniers peuvent fusionner (fusion centrique) (Friebe *et al* 2005). C'est ainsi que des chromosomes transloqués 1AS.1RL et/ou 1AL.1RS peuvent être générés.

En F2, plusieurs génotypes sont obtenus. Ils ont un nombre de chromosomes allant de 40 à 43 dont un ou deux peuvent être télocentriques.

Le tri des plantes F2 se fait d'abord à l'aide de la technique d'électrophorèse SDS-PAGE. Les profils observés renseignent sur la présence/absence des bras des chromosomes 1A et 1R.

Les chromosomes des plantes retenues sont ensuite analysés à l'aide de l'hybridation in situ. D'abord une sonde d'ADN de seigle permet de visualiser la chromatine de seigle et donc de voir si un chromosome transloqué blé-seigle est présent. Puis deux sondes ciblant les ADN ribosomiques présents sur les bras 1AS, 1BS et 1RS sont appliquées. Elles permettent de savoir si le chromosome transloqué est bien le 1AS.1RL.

Enfin, le comportement méiotique en métaphase est analysé chez les plantes possédant 1AS.1RL afin de vérifier que les autres chromosomes ne présentent pas d'anomalie.

282 grains F2 Courtot x Cour 1R(1A) ont été analysés par électrophorèse. Quinze d'entre eux ont été retenus.

L'analyse des plantes par hybridation in situ et l'examen des méioses a permis de retenir 3 plantes avec le chromosome 1AS.1RL et possédant les caractéristiques suivantes :

- Plante 59 : 1AS.1RL + 1R, pas de 1A, 2n = 42 (figure 1)
- Plante 223 : 1AS.1RL + 1R, pas de 1A, 2n = 42

- Plante 261 : 1AS.1RL, pas de 1A, 2n = 41

Puis la sélection dans la descendance des plantes 59 et 261 a permis, en utilisant les mêmes techniques qu'en F2, d'identifier 8 plantes disomiques pour 1AS.1RL, à 2n=42 et avec une méiose régulière (21 bivalents)

La lignée Courtot 1AS.1RL n'a été obtenue qu'en année 3 et de ce fait n'a pu être évaluée.

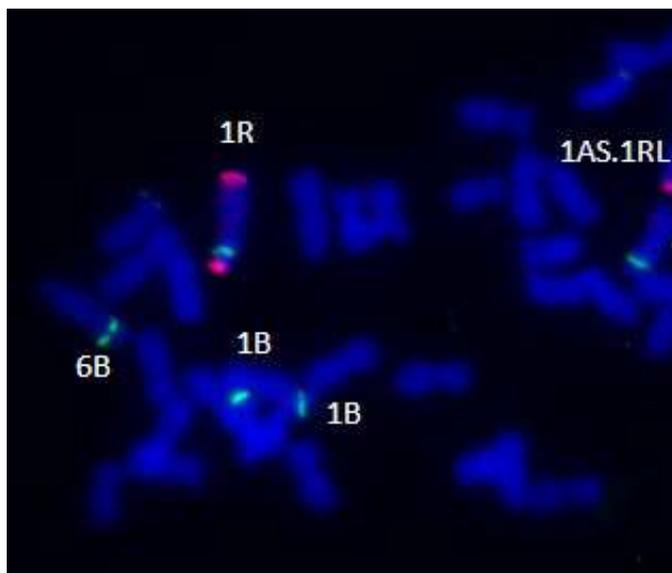


Figure 1 : Cellule de la plante 59 hybridée avec la sonde d'ADN de seigle (rouge) et la sonde 45s rDNA (vert). Cette plante possède le chromosome transloqué 1AS.1RL ainsi que le chromosome 1R.

b- Production de lignées transloquées BC1F2 dans les 4 fonds génétiques

En 2008, les 3 lignées de translocations disponibles dans Courtot (1AL.1RS, 1BL.1RS et 1BS.1RL) ont été croisées par Caphorn, Koréli, CF03287 et Skerzzo. Des 12 croisements possibles, seul Koréli x Courtot 1AL.1RS n'a pas été obtenu.

Les 11 F1 ont été rétrocroisées en 2009.

En 2009-2010, des plantes hétérozygotes pour les translocations ont été sélectionnées dans les descendance BC1F1 à l'aide d'électrophorèse des protéines de réserve.

En 2010-2011 (année 1 du FSOV), les protéines de 800 demi-grains ont été analysées en SDS-Page. 56 d'entre eux sont apparus homozygotes pour une des translocations. De plus la majorité d'entre eux possèdent toutes ou la majeure partie des protéines de réserve des parents récurrents.

Pour différentes raisons (absence de germination, aneuploïdie, peu de grains récoltés), seules 48 plantes ont produit assez de grains pour envisager une multiplication de semences en 2011-2012.

La multiplication des semences a été médiocre pour certaines lignées si bien que 42 lignées ont été retenues pour une évaluation en année 3.

Nous avons projeté de sélectionner en année 1, pour chaque combinaison 'translocation x parent récurrent' en moyenne 10 plantes BC1F2 homozygotes pour la translocation concernée. Nous avons aussi prévu, à l'aide de marqueurs DArT, de ne retenir au sein des 10 plantes que les 5 plantes présentant le plus d'isogénicité avec le parent récurrent. Pour réaliser l'objectif il aurait fallu analyser en année 1 les protéines d'environ 2000 grains, ce qui était au-delà de nos possibilités.

Malgré tout, l'analyse DArT a été réalisée avec l'objectif moins ambitieux de vérifier que tout le matériel retenu correspondait effectivement à des BC1F2 et mettre en évidence des marqueurs spécifiques des bras 1RS et 1RL.

La moyenne des 51 pourcentages d'identité est égale à 75.08. Dans une population de plantes BC1, la proportion théorique du génome du parent récurrent est 75%. On peut donc considérer que le pourcentage d'identité calculé est une estimation tout à fait acceptable de la part du parent récurrent dans les lignées BC1F2.

La majorité des pourcentages d'identité sont compris entre 70 et 80% (écart-type = 4.65). Seuls six d'entre eux sont supérieurs à 80%, et trois sont inférieurs à 70%.

La même analyse a été faite pour le chromosome transloqué de chaque lignée BC1F2. On s'attend à obtenir des pourcentages d'identité nettement inférieur à 75%. C'est effectivement le cas sauf pour les deux lignées Skerzzo 1BS1RL n° 470 et 479 avec respectivement un pourcentage d'identité respectivement égal à 97.3 et 79.5%. Nous avons fait l'hypothèse que la translocation dans ces deux lignées concernerait le chromosome 1A.

Recherche de marqueurs DArT du chromosome 1R
Des 1865 sondes ADN, 385 peuvent s'hybrider sur les chromosomes du groupe d'homéologie 1. Au sein de ce groupe, 36 ont pour origine le seigle (code = rPt+chiffre) ou le triticales (code = tPt+chiffre). Ce sont des marqueurs potentiels de la chromatine seigle dans notre matériel. Au sein des lignées 1AL.1RS, 17 sont marqueurs du 1RS. Dans le cas des lignées 1BL.1RS, ce nombre est de 14 dont 12 sont

communs aux deux séries de lignées. Il apparaît donc qu'on dispose de 12 marqueurs spécifiques du bras chromosomique 1RS (tableau 1).

La même analyse sur les lignées 1BS.1RL met en évidence 8 marqueurs spécifiques du bras chromosomique 1RL. Quatre d'entre eux sont déjà marqueurs du 1RS. L'hypothèse la plus plausible est que ces 4 marqueurs concernent le centromère. Les deux derniers marqueurs viennent du blé (code wPt). Ce résultat est surprenant mais peut être expliqué par le fait que les sondes d'ADN génomique blé viennent de lignées très différentes des parents récurrents de nos lignées transloquées.

Tableau 1 : Marqueurs des bras chromosomiques 1RS et RL dans les lignées BC1F2.

Marqueurs du 1RS		Marqueurs du 1RL
dans les lignées 1AL.1RS	dans les lignées 1BL.1RS	dans les lignées 1BS.1RL
tPt-1051 *	tPt-1051 *	tPt-1051 **
rPt-3642 *	rPt-3642 *	rPt-3642 **
rPt-2869 *	rPt-2869 *	rPt-2869 **
tPt-0136 *	tPt-0136 *	tPt-0136 **
tPt-2326 *	tPt-2326 *	tPt-
tPt-2240 *	tPt-2240 *	7918
rPt-6965 *	rPt-6965 *	rPt-
tPt-3696 *	tPt-3696 *	4523
tPt-8754 *	tPt-8754 *	wPt-
tPt-1586 *	tPt-1586 *	0441
tPt-2550 *	tPt-2550 *	wPt-
tPt-0734 *	tPt-0734 *	1726
rPt-6561	tPt-7918	
rPt-4523	rPt-0018	
rPt-0079		
tPt-4566		
tPt-2326		
tPt-3696		

* : communs aux lignées 1AL.1RS et 1BL.1RS

** : marqueurs communs au 1RS et au 1RL

Marqueurs du 1RS dans les lignées issues de sélection
Des 36 sondes de seigle données (par Triticarte) comme spécifiques du groupe d'homéologie 1, 20 s'hybrident avec les ADN des 10 lignées 1AL.1RS ou

1BL.1RS issues de sélection. Parmi elles, on retrouve les 12 marqueurs du 1RS des lignées de translocation précédentes. Il est donc raisonnable de penser que ces 12 marqueurs seront efficaces dans les cas où le 1RS aurait une origine différente.

2- Stabilité des lignées de Courtot transloquées 1AL.1RS, 1BL.1RS et 1BS.1RL

50 plantes de chacune des trois lignées transloquées et de Courtot ont été cultivées au champ en année 1. En mai des prélèvements d'anthères sur 10 plantes par lignée ont été réalisés. A l'issue de l'observation des comportements méiotiques, 5 plantes par lignée dont la régularité de la méiose était incontestable (21 bivalents dans la majorité des cellules-mères du pollen, majorité de bivalents anneaux, pas de multivalent) ont été sélectionnées et récoltées.

En année 2, les grains des différentes plantes-mères ont été mis à germer en boîtes de pétri. Les méristèmes racinaires d'au moins 120 grains gemés ont été prélevés soit $120 \times 5 = 600$ prélèvements minimum par lignée. Les grains prélevés ont ensuite été plantés dans des terrines qui ont été, environ 10 jours plus tard, transférés dans une chambre de vernalisation.

Les dénombrements chromosomiques ont été faits au cours des deux mois de vernalisation des jeunes plantes. Toutes les plantes n'ont pu être dénombrées en raison d'un index mitotique insuffisant pour certaines. Néanmoins le nombre de plantes dénombrées par ligne a été proche de 500 (nombre qu'il était prévu de réaliser) (tableau 2).

Les jeunes plantes aneuploïdes ont été repiquées après vernalisation dans un tunnel. Après quelques jours de croissance, des méristèmes foliaires ont été prélevés. Plus tard, au stade de la méiose des anthères ont été prélevées.

L'examen des méioses a été réalisé en premier. Elle a permis de confirmer et d'identifier sans ambiguïté les types d'aneuploïdies. Deux plantes qui avaient des nombres de chromosomes aberrants (entre 60 et 66 pour l'une et, 42 ou 84 pour l'autre) ont présenté une méiose d'euploïde. Elles présentaient donc de la mixoploïdie au niveau racinaire et il est vraisemblable que le compartiment diploïde est à l'origine des épis.

Tableau 2 : Résultats des dénombrements chromosomiques chez les lignées de translocation 1AL.1RS, 1BL.1RS et 1BS.1RL dans le fonds génétique Courtot.

	Plantes dénombrées	Plantes euploïdes	Plantes aneuploïdes
1AL.1RS	461	448	13
1BL.1RS	502	492	10
1BS.1RL	507	496	11
Courtot	475	463	12

Les fréquences d'aneuploïdes observées, essentiellement des monosomiques (2n=41) et des trisomiques (2n=43) chez les trois lignées de translocation sont comprises entre 2% et 2.8%. Chez Courtot elle est de 2.5%. L'analyse statistique n'apas montré de différence significative entre les génotypes. En conséquence, il apparaît que l'introduction dans Courtot des chromosomes transloqués n'induit pas une instabilité du nombre de chromosomes.

Comme la présence dans Courtot des chromosomes transloqués n'affecte pas la stabilité du nombre de chromosomes, il est raisonnable de penser que l'aneuploïdie ne concerne ni plus ni moins les chromosomes transloqués que les 20 paires de chromosomes du blé. Nous avons, par la technique GISH (utilisation d'une sonde marquée d'ADN de seigle), pu analyser les chromosomes des méristèmes foliaires de 26 des 34 plantes aneuploïdes détectées dans les trois lignées de translocation. Toutes sauf une présentaient une paire de chromosomes transloqués.

En définitive, il apparaît que les translocations 1AL.1RS, 1BL.1RS et 1BS.1RL ne sont pas un facteur d'instabilité. C'est un résultat encourageant dans la mesure où l'une d'elles ou les trois devaient à l'avenir être exploitées en création variétale.

3- Evaluation agronomique Les lignées de substitution et de translocation dans Courtot

A : résistance aux maladies

Courtot est assésensible à très sensible aux rouilles aneuploïdes dans le fonds génétique Courtot. Les lignées de substitution ou translocation présentent toutes un niveau de sensibilité à ces quatre maladies comparable à Courtot. Donc ni le bras long 1RL ni le bras court 1RS ne portent des gènes de résistance efficaces dans le fonds génétique Courtot.

B : Rendement (Tableau 3)

Elles ont été évaluées en années 1 et 2 respectivement sur 2 et 5 lieux en mode conventionnel (Fi) et en mode Faibles intrants (Fi). Dans les deux situations, le dispositif était de types blocs randomisés à 2 répétitions.

En année 1, le matériel a été évalué à Rennes (35) (C et Fi) et Clermont (63). En année 2, l'expérimentation a été conduite à : Rennes (35), Clermont (63), Allones (28), Louville (28) et Froissy (60) en conventionnel et en faibles intrants

Tableau 3 : Productivité des lignées de substitution et de translocation dans Courtot

	Année 1		Année 2	
	Conventionnel	Faibles intrants	Conventionnel	Faibles intrants
Courtot 1R(1A)	62.3	57.6	73.6	94.9
Courtot 1R(1B)	89.5	86.7	76.1	65.0
Courtot 1R(1D)	58.5	58.2	73.5	80.4
Courtot 1AL.1RS	96.5	92.7	104.9	122.7
Courtot 1BS.1RL	67.9	70.5	76.9	63.4
Courtot 1BL.1RS	100.2	102.1	110.5	127.0
Courtot	100	100	100	100
Courtot (qx / ha)	79.8	53.3	70.3	49.4

En conventionnel

- Les lignées de substitution : Courtot 1R(1A) et de Courtot 1R(1D) ont un rendement inférieur d'au moins 25% par rapport à Courtot. Le

rendement de Courtot 1R(1B) est proche de celui de Courtot en année 1 mais il s'effondre en année 2 pour redevenir au niveau des deux autres substitutions.

- Les lignées de translocation : Courtot 1BS.1RLa, comme les lignées de substitution un rendement très inférieur à celui de Courtot. Courtot 1AL.1RS et Courtot 1BL.1RS ne se différencient pas de Courtot en année 1. Par contre elles sont plus productives que Courtot en année 2 mais seule Cour 1BL.1RS est significativement supérieure.

En faibles intrants

- Les rendements en Faibles intrants sont très faibles. Comme en conventionnel, les 3 lignées de substitution et Courtot 1BS.1RL sont très inférieures à Courtot. De nouveau, Courtot 1AL.1RS et Courtot 1BL.1RS sont proches (année 1) ou supérieures à Courtot (année 2). Comme les notations maladies n'ont pas montré d'effet positif des translocations, ce dernier résultat indiquerait que le bras court 1RS du seigle permettrait de contrecarrer une diminution des intrants azotés.

Conclusion : dans le fonds génétique Courtot, le chromosome 1R n'a un intérêt quant à la productivité que s'il est exploité sous forme de translocation 1BL.1RS.

Les lignées de translocation issues de la sélection

- 8 d'entre elles ont la translocation 1BL.1RS : Pamier (*Lantmannen SW Seed Hadmersleben, 2008*), LP1794-4-05, Humber (*KWS UK Limited 2005*), Célestin (*Serasem, 2010*), Nord.05090-46, Sollario (*Caussade Semences, 2007*), Chevron (*Saaten Union Recherches 2008*), Rialto (Plant Breeding Institute, 1993)

- 2 ont la translocation 1AL.1RS : SC1 et SC2 (Secobra).

Leurs rendements ont été évalués dans le même essai que les lignées de substitution et de translocation dans Courtot. Les 3 témoins ont été : Apache, Prémio et Bermude. Les rendements moyens sont donnés au tableau 4.

En conventionnel, les rendements des 10 lignées vont de 83.9 à 103.8 qx pour Chevron. Six d'entre elles ont un rendement supérieur à la moyenne (95.2

qx) des trois témoins. Seule Chevron est significativement supérieur à cette dernière.

Il est important de noter que parmi les 4 lignées ayant un rendement supérieur à 100qx, figurent les deux lignées SC1 et SC2 ayant la translocation 1AL.1RS issue de Amigo.

En Faibles intrants, le rendement moyen de l'essai est 71.7 contre 96.1 qx en conventionnel soit une baisse de rendement de 25.2%. Cette baisse de rendement va de 20.9% pour Premio à 32% chez Sollario. Tous les géotypes y compris les témoins sont affectés à un niveau équivalent malgré des sensibilités aux maladies différentes. Ceci est confirmé par un coefficient de corrélation de 0.92 entre les rendements en conventionnel et ceux en faibles intrants.

En conclusion, aucune des 10 lignées de translocation ne semble avoir d'aptitude particulière pour une culture Faibles intrants. De plus il est possible de produire des lignées transloquées 1BL.1RS (e.g. Chevron) ou 1AL.1RS (e.g. SC1) au moins aussi productives que les meilleures variétés non-transloquées actuelles. Notons que la lignée SC1 a été inscrite au catalogue en 2013 sous le nom de Memory.

Tableau 4: rendements moyens (5 essais) des lignées transloquées issues de la sélection

	Conventionnel		Faibles intrants	
	Rendement moyen/5 essais	% de T1+ T2+T3	Rendement moyen/5 essais	% de T1+ T2+T3
Pamier	92.2	96.8	65.5	89.2
LP1794-4-05	95.8	100.6	73.7	100.4
Humber	91.8	96.4	68.6	93.5
Célestin	98.8	103.7	73.6	100.3
Nord.05090-46	101.0	106.0	77.2	105.2
SC1	101.9	107.0	78.3	106.7
SC2	101.2	106.2	74.0	100.8
Sollario	83.9	88.1	57	77.7
Chevron	103.8	108.9	74.7	101.8
Rialto	93.4	98.1	69.7	95.0
Apache (T1)	91.7	96.3	69.6	94.8
Premio (T2)	102.3	107.5	80.9	110.2
Bermude (T3)	91.6	96.2	69.7	95.0

Les lignées transloquées BC1F4 dans 4 fonds génétiques

A- Résistance aux maladies

La plupart des lignées sont aussi ou plus sensibles que le parent récurrent vis-à-vis de la rouille jaune, la rouille brune, la fusariose et la septoriose. Seules les lignées de Caphorn transloquées apparaissent moins sensibles que Caphorn à la fusariose. Il apparaît évident que l'information génétique seigle, que ce soit le 1RS ou le 1RL, ne confère pas de la résistance.

B- Rendements (tableau 5)

B1- La translocation 1AL.1RS

L'élément le plus important d'appréciation d'une lignée est la comparaison de son rendement avec celui du blé récurrent. L'impact de la translocation 1AL.1RS dépend du fonds génétique. Il apparaît clairement que les 4 lignées issues de Caphorn ont des rendements proches de Caphorn (91.8 à 98.7% de Caphorn). Par contre celles issues de CF03287 et Skerzzo sont très inférieures à leur parent récurrent. En effet les 7 lignées dans CF03287 font en moyenne 79.4% de CF03287 et les 3 lignées dans Skerzzo 79.39% de Skerzzo.

B2- La translocation 1BL.1RS

L'ensemble des lignées 1BL.1RS présente des rendements faibles. La meilleure, Koréli 1BL-1RS n° 534 a un rendement de 89.15 qx soit 88.7% de Koréli. On a suffisamment de lignées dans les fonds Koréli, CF03287 et CF99102 pour conclure que la translocation a un impact négatif dans ces trois fonds génétiques. Par contre, on ne peut conclure sur le fonds Caphorn dans la mesure où une seule lignée BC1F2 a été évaluée.

B3- La translocation 1BS.1RL

Le rendement moyen des lignées transloquées est de 67.7 qx alors que celle des blés récurrents est de 98.6 qx. La meilleure atteint 83.6 qx. Il est indiscutable que la translocation 1BS.1RL a un effet délétère sur le rendement. Le bras 1RL ne compense pas la perte de 1BL. Les résultats confirment la faiblesse du rendement de Courtot 1BS.1RL constatée plus haut. Le tableau 5 est une synthèse des performances des trois types de translocations dans 4 fonds génétiques. Chaque lignée transloquée est inférieure à son parent récurrent et la moyenne des lignées dans chaque combinaison ne dépasse pas 85% sauf dans le cas des 4 lignées Caphorn 1AL.1RS.

En effet ces dernières font 94.7% du rendement de Caphorn et la meilleure lignée 98.7% de Caphorn. Les lignées de translocation possèdent en moyenne 75% du fonds génétique du parent récurrent (ceci a été confirmé plus haut par les marqueurs DART). Les 25% restant viennent de Courtot. L'influence moyenne de ces 25% sur le rendement n'a pu être appréciée. Ceci aurait nécessité qu'un nombre important de lignées non-transloquées identifiées lors de la recherche des lignées transloquées soient incorporées dans l'essai.

La combinaison 'Translocation × Fonds génétique' pour laquelle on a le plus de lignées évaluées est CF03287 1BL.1RS. Le rendement des 7 lignées va de 57.5 à 84.8% de celui de CF03287. L'écart très important entre ces extrêmes indiquerait que les 25% de part génétique de Courtot pourraient avoir un effet délétère sur le rendement significatif. C'est pour cette raison que nous allons récroiser certaines lignées et isoler en BC2F2 des lignées transloquées et des lignées non transloquées qui seront ensuite évaluées au champ.

Tableau 5: Productivité en mode conventionnel des différentes combinaisons 'Translocations × Fonds génétiques' exprimée en pourcentage de rendement du parent récurrent (%Rdt /récurrent)

		Fonds génétiques des translocations			
		Caphorn	Koréli	CF03287	CF99102
1AL.1RS	Nbre lignées	4		7	3
	%Rdt /récurrent	94.7		85.5	79.4
	max	98.7		92.2	82.4
	mini	91.7		77.9	74.9
1BL.1RS	lignées	1	3	7	4
	%Rdt /récurrent	82.1	78.8	73.4	85.2
	max		88.7	84.8	88.1
	mini		71	57.5	83.3
1BS.1RL	lignées	2	3	2	6
	%Rdt /récurrent	53.3	65.1	68.9	75.7
	max	55.2	77.6	71.8	83.6
	mini	51.5	55.1	66	60

Dans la modalité *Faibles intrants*, la fertilisation azotée a été réduite de 30%. La réduction de la fumure azotée n'a pas entraîné une réduction significative du rendement.

Le coefficient de corrélation entre les rendements (moyens sur les 4 lieux) des lignées transloquées dans les deux modalités est de 0,975. En conséquence, nous ne détaillons pas les rendements de la modalité 'Faibles intrants'

4- Qualité technologique des lignées transloquées Rappels préliminaires

Les participants au programme ont décidé de n'analyser les propriétés technologiques et la qualité boulangère que pour les essais conduits en faible intrant (sans troisième apport azoté). Ce choix avait notamment pour objectif de faire ressortir les lignées éventuellement aptes à exprimer une qualité technologique satisfaisante en condition d'apport azoté moindre.

Les échantillons prélevés sur les quatre parents et les deux témoins ont fait l'objet des mesures de teneur en protéines de dureté de PS et PMG. La comparaison des effets lieux sur ces 6 cultivars ainsi que les données de rendement et les observations en cours de végétation ont permis de retenir les lieux Clermont-Ferrand (63), Rennes (35), Maule (78) comme offrant une grande diversité environnementale de composition du grain et potentiellement de qualité. Nous donnons ci-dessous les principales caractéristiques de qualités technologiques et de valeur boulangère observées sur ces lignées expérimentées dans ces trois lieux.

a - La plupart des caractéristiques technologiques ont révélé une forte influence génétique

L'analyse de variance révèle que seules les mesures de PS et de Note de mie ne répondent pas à une influence génétique significative. Les 17 autres caractéristiques technologiques ont montré un effet très hautement significatif apporté par les différences entre les 41 lignées transloquées et leur parent récurrent. Cette influence génétique sera plus amplement développée ci-dessous. Notons enfin que le lieu d'expérimentation n'eut pas d'influence significative sur 5 caractéristiques : la dureté du grain (ce qui est attendu), le P et le P/L, le volume du pain et la note de pâte en panification. C'est dans l'expérimentation de Maule (78) où l'on relève les valeurs moyennes les plus élevées pour le PS, la

teneur en Protéines, le temps de chute d'Hagberg, l'Aspect du Pain la note de mie et la note finale. Les valeurs de viscosité des pentosanes et de la force sont les plus élevées à Clermont Fd.

b - Les translocations testées ont des influences très différentes sur les caractéristiques technologiques

Les translocations n'ont pas eu le même effet selon qu'elles portent sur le bras court du chromosome 1A ou 1B ou encore sur le bras long du 1B. Les valeurs moyennes de chacune des 12 principales caractéristiques technologiques, mesurées sur les 14, 15 et 12 lignées portant respectivement les translocations 1AL.1RS, 1BL.1RS et 1BS.1RL et des 6 lignées normales (non transloquées notée NT) cultivées en trois lieux, ont été comparées (Figure 2 ci-dessous). Les points suivants peuvent être soulignés :

1- Les 12 lignées 1BS.1RL et particulièrement celles avec Caphorn ont, (confirmant ce qui fut noté ci-dessus pour le rendement) un PMG et un PS nettement diminué. Ce déficit dans le remplissage du grain eut pour conséquence d'augmenter la teneur en protéines des lignées 1BS.1RL (15,3%MS) contre 12,4 %MS pour les variétés NT. Leur plus grande teneur en protéines eut aussi pour conséquence d'accroître leur force, leur extensibilité et de réduire leur P/L (Figure 1A, B, C, G, I et J). Le volume du pain des lignées 1BS.1RL n'est cependant pas supérieur à celui des variétés NT et la note finale en panification reste significativement inférieure à celle des variétés NT (Figure 1 K et L).

2- La moyenne des 15 lignées 1BL.1RS est non significativement différente de celle des variétés NT pour plusieurs caractéristiques : PMG, PS, temps de chute d'Hagberg, Viscosité des pentosanes et la force W (Figure 1A, B, D, E et G). Elles sont plus riches en protéines (14.4%MS vs 12.4%MS) ce qui leur confère une extensibilité L sensiblement supérieure (94.3 mm) contre 80.6 mm pour les variétés NT entraînant également une diminution de leur P/L (Figure 1 I et J). Ces lignées 1BL.1RS sont donc dépourvues des gliadines et surtout des sous-unités gluténines de faible poids moléculaires codées respectivement par les loci *Gli-B1* et *Glu-B3*. Ces protéines ont un rôle majeur sur la valeur boulangère et l'on confirme, une fois encore, que leur disparition impacte négativement le potentiel de rétention gazeuse de la pâte: en moyenne le volume du pain est réduit de 16% se situant à 1333 cm³ contre 1586 cm³ pour les variétés NT. La note

finale en panification est donc significativement diminuée (196 contre 244), (Figure 2 K et L).

3- **Les 14 lignées 1AL.1RS**, bien que présentes dans 3 des 4 variétés utilisées, montrent un comportement intéressant sur les caractéristiques de qualité qu'il convient d'examiner. Les valeurs moyennes du PMG et PS de ces lignées ne sont pas significativement différentes de celles des NT. La moyenne des teneurs en protéines est légèrement supérieure 13.2 %MS contre 12.4 pour les NT, (Figure 2A, B et C). Mais la translocation 1AL.1RS eut aussi pour effet d'augmenter sensiblement la dureté (76,2 contre 67,8) et surtout la viscosité relative des pentosanes (2,04 contre 1,81). Cette augmentation attendue de la viscosité des pentosanes (Saulnier *et al* 2007) et dans une moindre mesure de la dureté eut pour effet d'accroître la capacité d'hydratation de la farine. Le test d'alvéographe Chopin étant conduit à hydratation constante, il en résulta une sous hydratation de la pâte et du gluten et par conséquent une plus forte ténacité et une moindre extensibilité ; le P/L est donc très augmenté. (Figure 2 E, F, H, I et J) L'augmentation des arabinoxylanes solubles dans l'eau (mesurée par la viscosité des pentosanes) est vraisemblablement aussi responsable du retard du temps de chute d'Hagberg, (Figure 2D).

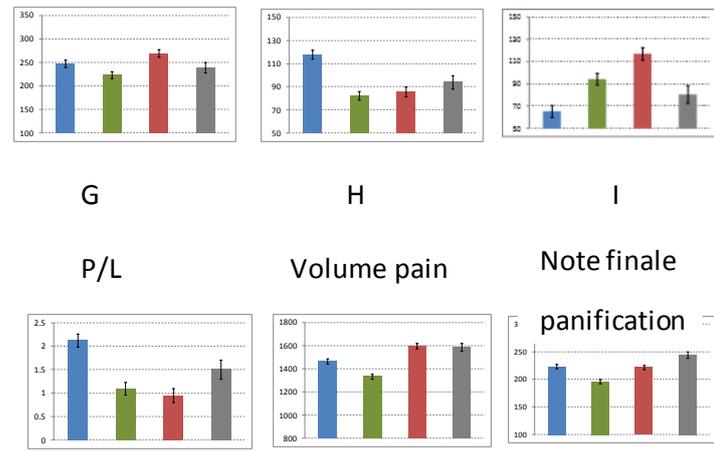
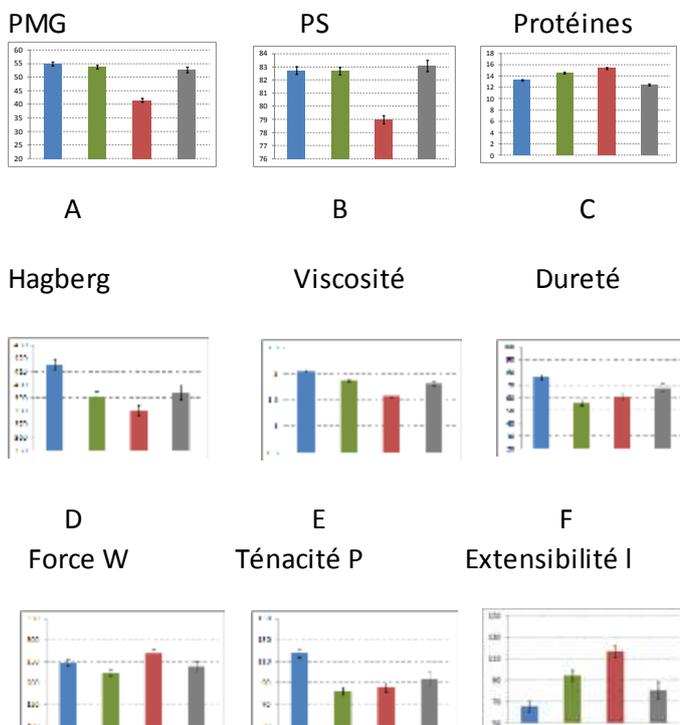


Figure 2 : Comparaison des valeurs moyennes (\pm E.Type) des caractéristiques technologiques des lignées 1AL.1RS (bleu), 1BL.1RS (vert), 1BS.1RL (rouge) et non transloquées (gris) expérimentées en trois lieux en 2013.

Les lignées transloquées 1AL.1RS sont dépourvues de quelques oméga-gliadines codées par *Gli-A1* et de quelques sous-unités des gluténines FPM codées par *Glu-A3*. Les variations quantitatives causées par l'élimination de *Gli-A1* et *Glu-A3* ne sont pas aussi importantes que celles résultant de la disparition de *Gli-B1* et *Glu-B3* sur le bras court du Chr 1B. De plus les effets des allèles des sous-unités codées par *Glu-A3* sont généralement moins importants que ceux attribués à *Glu-B3*. La force peut ne pas en être affectée et c'est précisément ce qui est observé sur les valeurs moyennes de ces lignées (247×10^{-4} J pour 1AL.1RS contre 239×10^{-4} J pour NT, Figure 1G). Le volume moyen des pains est cependant sensiblement inférieur (de 8%) à celui des variétés NT (1485 cm^3 contre 1586 cm^3) ce qui diminue un peu la note totale en panification (223 contre 244), Figure 1L.

4 Des lignées peuvent être avantageusement sélectionnées dans certaines descendance

Les comparaisons réalisées ci-dessus ont été poursuivies entre type de translocations au sein des descendance issues de chacune des quatre variétés parentales. Le tableau 6 ci-dessous présente pour 15 caractéristiques technologiques, la comparaison des moyennes entre les valeurs obtenues par chacune des parents et celles des lignées transloquées. Quelques observations peuvent être réalisées :

1-Si l'on retient le volume du pain et la note finale en panification, les lignées 1BS.1RL sont généralement non significativement différentes du parent récurrent (sauf pour CF03287) en raison de leurs

teneurs en protéines plus élevées, comme nous l'avons noté ci-dessus.

2- Les lignées possédant la translocation 1AL.1RS montrent des aptitudes boulangères spécifiques du parent récurrent. Ainsi les 4 lignées issues de Caphorn ne sont pas significativement différentes de cette variété pour 14 des 15 caractéristiques technologiques. Les trois lignées réalisées avec Skerzzo ne sont pas significativement différentes de ce parent pour 11 des 15 caractéristiques technologiques alors que les 7 lignées 1AL.1RS issues de CF03287 semblent davantage se distinguer de ce parent avec 6 variables dont les valeurs sont significativement supérieures à celles de CF03287 (PMG, Protéines, dureté, viscosité des pentosanes, Hagberg et Ténacité de la pâte). La viscosité des pentosanes est supérieure à celle de la variété parentale pour les lignées 1AL.1RS de Caphorn et de CF03287

3- Sur les trois notes attribuées en panification, les notes de pâte et de mie sont en général assez proches de celles du parent récurrent. Par contre la note d'aspect du pain semble avoir pénalisé ces descendances. Il est possible que le pain obtenu avec les translocations montre un aspect extérieur qui fut pénalisé car différent de celui couramment révélé.

Tableau 6 : Comparaison des valeurs moyennes de 15 caractéristiques technologiques des lignées transloquées et des variétés parentales expérimentées sur les trois lieux en 2013.

Variété	Pâte						Alvéographes			
	PMG	PS	Protéine	Dureté	Viscosité	Hagberg	W	P	L	P/L
APACHE	46.9 abc	82.4 abc	11.9 abc	48.6 abc	1.87 abc	394 abc	388 abc	69.3 abc	101.8 abc	0.64 abc
PREMIO	56.6 abc	81.9 abc	11.9 abc	77.9 abc	1.54 abc	387 abc	302 abc	100.0 abc	51.8 abc	2.14 abc
CAPHORN	52.5 abc	82.7 abc	12.3 abc	68.1 abc	1.90 abc	359 abc	335 abc	104.3 abc	66.3 abc	1.30 abc
CAPHORN 1AL1RS	52.4 abc	82.7 abc	12.3 abc	87.0 abc	2.15 abc	414 abc	230 abc	118.5 abc	38.0 abc	2.44 abc
CAPHORN 1BL1RS	55.7 abc	82.8 abc	14.3 abc	47.5 abc	1.62 abc	372 abc	229 abc	66.0 abc	111.0 abc	0.60 abc
CAPHORN 1BS1RL	37.2 abc	71.9 abc	17.1 abc	58.4 abc	1.56 abc	360 abc	354 abc	109.8 abc	98.6 abc	1.17 abc
CF03287	51.3 abc	83.0 abc	12.6 abc	84.3 abc	1.74 abc	386 abc	294 abc	105.6 abc	80.0 abc	1.54 abc
CF03287 1AL1RS	57.4 abc	82.4 abc	13.8 abc	79.3 abc	1.94 abc	414 abc	271 abc	128.7 abc	81.8 abc	2.32 abc
CF03287 1BL1RS	52.0 abc	82.9 abc	13.9 abc	59.2 abc	1.79 abc	382 abc	342 abc	83.0 abc	85.7 abc	0.95 abc
CF03287 1BS1RL	46.7 abc	81.5 abc	13.9 abc	70.4 abc	1.82 abc	401 abc	297 abc	80.6 abc	107.5 abc	1.01 abc
KORELI	51.7 abc	84.5 abc	12.3 abc	81.5 abc	1.86 abc	382.0 abc	340 abc	114.3 abc	98.6 abc	1.29 abc
KORELI 1BL1RS	56.6 abc	83.3 abc	14.3 abc	65.6 abc	2.07 abc	379 abc	312 abc	107.3 abc	58.4 abc	2.17 abc
KORELI 1BS1RL	42.5 abc	78.7 abc	14.6 abc	83.9 abc	1.63 abc	379 abc	288 abc	104.7 abc	70.5 abc	1.40 abc
SKERZZO	53.9 abc	81.8 abc	13.2 abc	82.3 abc	2.02 abc	424 abc	253 abc	75.0 abc	125.8 abc	0.85 abc
SKERZZO 1AL1RS	46.9 abc	81.3 abc	13.7 abc	82.8 abc	2.11 abc	419 abc	270 abc	98.0 abc	92.6 abc	0.99 abc
SKERZZO 1BL1RS	51.1 abc	82.8 abc	13.9 abc	43.9 abc	1.92 abc	403 abc	303 abc	86.5 abc	118.0 abc	0.59 abc
SKERZZO 1BS1RL	40.1 abc	80.4 abc	13.6 abc	57.8 abc	1.57 abc	379 abc	223 abc	67.9 abc	142.5 abc	0.64 abc

	Panification				
	Volume	N. pâte	Aspect	N. mie	N. finale
APACHE	1511 defg	94 f	50 defg	100 abc	244 fgh
PREMIO	1474 cde	89 def	42 cdef	99 abc	230 defg
CAPHORN	1664 fgh	82 bcdef	67 gh	100 abc	249 fgh
CAPHORN 1AL1RS	1554 ef	93 f	49 fg	100 c	242 gh
CAPHORN 1BL1RS	1317 abc	71 abc	12.4 a	98 abc	181 ab
CAPHORN 1BS1RL	1726 h	88 def	47 defg	97 ab	233 efg
CF03287	1712 h	89 def	76 h	99 abc	265 h
CF03287 1AL1RS	1475 cdef	93 f	33 cd	99 bc	226 ef
CF03287 1BL1RS	1363 bc	80 bcd	18 ab	100 c	199 bc
CF03287 1BS1RL	1687 h	89 ef	35 cde	99 abc	224 defg
KORELI	1588 efgh	88 def	55 efgh	100 abc	244 fgh
KORELI 1BL1RS	1370 bcd	90 f	24 abc	97 a	212 cde
KORELI 1BS1RL	1671 gh	93 f	50 efg	98 abc	242 fgh
SKERZZO	1567 efgh	86 bcdef	45 defg	99 abc	230 defg
SKERZZO 1AL1RS	1281 ab	71 abc	12.6 a	97 ab	182 ab
SKERZZO 1BL1RS	1264 a	65 a	18 ab	97 a	181 a
SKERZZO 1BS1RL	1488 e	81 bcde	26 bc	99 c	208 cd

NB : pour une caractéristique donnée, les valeurs suivies d'une même lettre ne sont pas significativement différentes (au seuil $\alpha < 0.05$)

La qualité des blés transloqués n'a été analysée que sur les essais produits sans le troisième apport azoté. Les résultats de rendement, en condition conventionnelle, ont montré qu'avec ce troisième apport les lignées transloquées étaient proches du parent récurrent. On peut donc raisonnablement escompter qu'en condition conventionnelle les données de qualité, observées ici en faible intrant, soient améliorées. L'étude réalisée nous montre que la translocation 1BS.1RL a fortement impacté le rendement et surtout la qualité technologique des 12 lignées ne possédant plus le bras long du chromosome 1B

porteur du locus *Glu-B1*. Les translocations sur les bras courts des chromosomes 1B et surtout 1A ont eu beaucoup moins d'incidences négatives sur les caractéristiques de remplissage du grain et de qualité. On note même un avantage associé à la translocation 1AL.1RS sur plusieurs caractéristiques notamment la force et la viscosité relative des pentosanes (les pentosanes solubles sont des fibres hypocholestérolémiantes). Enfin la présence de la translocation sur le bras long du 1A dans les descendance 1AS.1RL, devrait apporter une complémentarité due au glutélines de haut poids moléculaires du seigle. Cette complémentarité ne fut pas mise en évidence dans le cas des lignées 1BS.1RL en raison de la trop grande influence du locus *Glu-B1* sur les propriétés technologiques.

5 - Conclusions

L'évaluation des trois translocations 1AL.1RS, 1BL.1RS et 1BS.1RL aboutit aux conclusions suivantes :

- Le chromosome 1R ne porte pas de gènes/QTL de résistance aux rouilles, à la fusariose et à la septoriose,
- Les rendements des lignées transloquées sont variables. Le remplacement du bras 1BL par 1RL dans la translocation 1BS.1RL aboutit à une baisse de rendement significative.

Les deux autres translocations sont plus performantes. D'abord dans le fonds génétique Courtot, 1BL.1RS apporte un gain de productivité et 1AL.1RS ne modifie pas le rendement.

Les translocations ont été introduites dans quatre fonds génétiques récents. Le matériel évalué était en BC1F4. De grosses différences ont été observées entre lignées d'une même descendance. Nous avons

conclu qu'un rétrocroisement supplémentaire permettra de mieux préciser l'intérêt des translocations (travail en cours). Néanmoins nous avons montré qu'il y a une interaction significative 'fonds génétique x translocation' et que la translocation 1AL.1RS dans Caphorn est très prometteuse.

- Concernant la valeur technologique et la qualité boulangère, la translocation 1BL.1RS a un effet délétère. Par contre 1AL.1RS apparaît prometteuse, les lignées portant cette translocation étant très proches de leurs parents récurrents.

Le résultat principal que nous mettons en avant est que la translocation 1AL.1RS qui jusqu'à présent a été peu utilisée en France et en Europe présente un intérêt certain. Son évaluation doit être poursuivie, particulièrement par l'étude des lignées BC2 qui seront issues du croisement des lignées transloquées évaluées en BC1 et leurs parents récurrent.

Références bibliographiques

- Amiour N, Jahier J, Tanguy AM, Chiron H, Branlard G. Effect of 1R(1A), 1R(1B) and 1R(1D) substitution on technological value of bread wheat. *Journal of Cereal Science*, 2002; 35: 149-160.
- Bernard M. 1976. Etude des caractéristiques cytologiques, morphologiques et agronomiques de six lignées d'addition blé x seigle. *Ann. Amélior. Plantes* 26 : 67-91.
- Carver B.F., Rayburn A.L. 1994. Comparison of related wheat stocks possessing 1B or 1RS.1BL chromosomes: agronomic performances. *Crop Science* 34: 1505-1510.
- Carver B.F., Rayburn A.L. 1995. Comparison of related wheat stocks possessing 1B or T1BL.1RS chromosomes: grain and flour quality. *Crop Sci.* 35:1316-1321.
- Dumur J., Branlard G., Tanguy A.M., Dardevet M., Coriton O., Huteau V., Lemoine J., Jahier J. 2009. Development of isohomoeoallelic lines within the bread wheat cv. Courtot for high molecular weight glutenin subunit: transfer of the *Glu-D1* locus to chromosome 1A. *Theor. Appl. Genet.* 119: 471-481.
- Ehdaie B., Whitkus R.W., Waines J.G. 2003. Root biomass, water-use efficiency, and performance of wheat-rye translocations of chromosomes 1 and 2 in Spring Bread Wheat 'Pavon'. *Crop Science* 43: 710-717.
- Espitia-Rangel E., Baezinger P.S., Shelton D.R., Graybosch R.A., Moreno-Sevilla B., Peterson C.J. 1999. End-use quality performance and stability of 1A vs. 1AL.1RS genotypes derived from winter wheat 'Nekota'. *Crop Science*: 39: 649-654.

- Fedak G (1985) Alien species as sources of physiological traits for wheat improvement. *Euphytica* 34:673-680
- Friebe B., Zhang P., Linc G., Gill B.S. 2005. Robertsonian translocations in wheat arise by centric misdivision of univalents at anaphase I and rejoining of broken centromeres during interkinesis of meiosis II. *Cytogenet. Genome Res.* 109: 293-297.
- Gale MD, Miller TE (1987) The introduction of alien genetic variation in wheat. In: Lupton FGH (ed) *Wheat breeding: its scientific basis*. Chapman and Hall, London, pp 173-210.
- Gobaa S., Bancel E., Kleijer G., Stamp P., Branlard G. 2007. Effect of the 1BL.1RS translocation on the wheat endosperm, as revealed by proteomic analysis. *Proteomics* 7:4349-4357.
- Gobaa S., Bancel E., Branlard G., Kleijer G., Stamp P. 2008. Proteomic analysis of wheat recombinant inbred lines: variations in prolamin and dough rheology. *J. Cereal Sci.*, 2008, 47, 610-619.
- Graybosch R.A., Peterson C.J., Worrall D., Shelton D., Lukaszewski A. 1991. Comparative quality characteristics of 1BL/1RS and 1AL/1RS wheat-rye translocation lines. *Agro. Abstr.*, American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin. P.96.
- Grosjean F., Saulnier L., Maupetit P., Beaux M.F., Flatres M.C., Magnin M., La Pavec P., Victoire C., 1999. Variability of wheat and other cereal water extract viscosity. 1-Improvements of measuring viscosity. *Journal of the science of Food and Agriculture*. 79: 116-122.
- Jahier J., Tanguy A.M. 1992. Observation des chromosomes. In *Techniques de cytogénétique végétale*, Jahier J. (Ed.), 7-9 et 46-47.
- Jiang J., Friebe B., Gill B.S. 1993. Recent advances in alien gene transfer in wheat. *Euphytica* 73: 199-212.
- Lee J.H., Graybosch R.A., Peterson C.J. 1995. Quality and biochemical effects of a 1BL/1RS wheat-rye translocation in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 90: 105-112.
- Lukaszewski A.J. 1990. Frequency of 1RS.1AL and 1RS.1BL translocations in United States wheats. *Crop Science* 30: 1151-1153..
- McKendry A.L., Tague D.N., Finney P.L., Miskin K.E. 1996. Effect of 1BL.1RS on milling and baking quality of soft red winter wheat. *Crop Science* 36: 848-851.
- Monneveux P., Reynolds M.P., Zaharieva M., Mujeeb-Kazi A. 2003. Effect of T1BL.1RS chromosome translocation on bread wheat grain yield and physiological related traits in a warm environment. *Cereal Res. Com.* 31: 371-378.
- Moreno-Sevilla B., Baezinger P.S., Peterson C.J., Graybosch R.A., McVey D.V. 1995a. The 1BL/1RS translocation: agronomic performance of F3-derived lines from a winter wheat cross. *Crop Science* 35: 1051-1055.
- Moreno-Sevilla B., Baezinger P.S., Shelton D.R., Graybosch R.A., Peterson C.J., 1995b. Agronomic performance and end-use quality of 1B vs. 1BL/1RS genotypes derived from winter wheat 'Rawhide'. *Crop Science* 35: 1607-1612.
- Saulnier, L., Sado, P.-E., Branlard, G., Charmet, G., Guillon, F., 2007. Wheat arabinoxylans: Exploiting variation in amount and composition to develop enhanced varieties. *J Cereal Sci, The Contribution of Cereals to a Healthy Diet*, 46, 261-281.
- Sebesta E.E., Wood E.A., Porter D.R., Webster J.A., Smith E.L. 1995. Registration of Amigo wheat germplasm resistant to greenbug. *Crop Science* 35: 293.
- Schneider A., Molnar I., Molnar-Lang M 2008. Utilisation of *Aegilops* (goatgrass) species to widen the genetic diversity of cultivated wheat. *Euphytica* 163: 1-19.
- Sharma HC, Gill BS (1983) Current status of wide hybridization in wheat. *Euphytica* 32:17-31
- Singh N.K., Shepherd K.W., Cornish G.B. 1991 A simplified SDS-PAGE procedure for separating LMW subunits of glutenin *Journal of Cereal Science* 14, 203-208.
- Villareal R.L., del Toro E., Rajaram S., Mujeeb-Kazi A. 1996. The effect of chromosome 1AL/1RS translocation on agronomic performance of 85 F₂-derived F₆ lines from three *Triticum aestivum* L. crosses. *Euphytica* 89: 363-369.
- Villareal R.L., Banuelos O., Mujeeb-Kazi A., Rajaram S. 1998. Agronomic performance of chromosomes 1B and T1BL.1RS near-isolines in the spring wheat Seri M82. *Euphytica* 103:195-202.

Zeller F.J. 1973. 1B/1R wheat-rye substitutions and translocations. P. 209-221. *In* Sears E.R and Sears L.M.S. (ed.) Proc. 4th Int. Wheat Genet. Symp., *Eds* : Columbia, Missouri, 6-11 August 1973. Missouri Agric. Exp. Stn., Columbia.

Zeller F.J., Hsam S.L.K. 1984. Broadening the genetic variability of cultivated wheat by utilizing rye chromatin. P. 161-173. *In* S. Sakamoto (ed.), Proc. 6th Int. Wheat Genet. Symp., Kyoto, Japan, 28 nov.-3 Dec. 1983. Plant Germplasm Int., Kyoto University, Kyoto, Japan