

MaBrune

Marqueurs diagnostiques des résistances à la rouille brune dans le blé tendre.



Blé tendre



FSOV

FSOV 2016 W

Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
15 octobre 2016	36 mois (3 ans)	407 412 €	200 000 € (49 %)

► **Mots clefs** : Blé tendre / Rouille brune / QTL et gènes majeurs de résistance / Cartographie fine / Marqueurs KASP-SNP

► Résumé du programme :

La recherche de résistance durable aux maladies est un enjeu majeur en agriculture, qui motive une collaboration étroite entre sélectionneurs et pathologistes. Les précédents projets FSOV conduits sur la résistance durable à la rouille brune du blé ont permis de cartographier 15 QTLs de résistance à cette maladie, à partir de 6 parents donneurs. L'objectif du présent projet est de fournir des marqueurs, utilisables en sélection génomique et en sélection assistée par marqueurs, d'une sélection de QTLs et de gènes majeurs Lr de résistance à la rouille brune du blé. Les acquis des programmes précédents et les collaborations réunies nous permettent maintenant de proposer un projet dont les étapes sont :

1. Actualisation des méthodologies de phénotypage et de génotypage :

- la pertinence du phénotypage repose sur la mise à jour permanente d'une collection d'isolats adaptés au contexte épidémiologique (résistances des variétés dans le paysage cultivé), réalisée grâce à un suivi annuel des populations pathogènes.
- les marqueurs SNP recouvrant les intervalles de confiance des QTL cartographiés dans le précédent projet seront convertis en marqueurs KASP utilisables en cartographie fine.

2. Cartographie fine et production de marqueurs diagnostiques des QTLs de résistance partielle : réalisation de rétrocroisements entre lignées porteuses des QTLs d'intérêt (identifiés dans les populations phénotypées et génotypées dans le FSOV 2012) et parent sensible, suivie de l'identification de recombinants dans les générations BC1S2 à l'aide de marqueurs KASP.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

Les marqueurs identifiés pourront être utilisés directement en SAM et en sélection génomique par les sélectionneurs, pour identifier des génotypes porteurs de combinaisons diversifiées de QTLs et de gènes majeurs Lr de résistance à la rouille brune.

Par ailleurs chaque année les sélectionneurs disposeront de l'information précise sur l'évolution des combinaisons de virulences dans les populations de rouille brune, ainsi que des gènes de résistance postulés dans les variétés cultivées. Ce travail est indispensable pour pouvoir fournir au GEVES les isolats pertinents pour conduire les essais inoculés CTPS de pré-inscription : en effet vu l'évolution des populations pathogènes, nous sommes amenés à modifier régulièrement les isolats proposés au GEVES pour ces essais.

► Comité de pilotage

- **Henriette GOYEAU** (Coordinatrice) - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Philippe LEREBOUR** - GIE RECHERCHES GÉNÉTIQUES CÉRÉALES
- **Stephen SUNDERWIRTH** - CETAC
- **Philippe du CHEYRON** - ARVALIS - Institut du Végétal
- **Bernard ROLLAND** - INRA (UMR IGEPP Le Rheu)
- **Pierre SOURDILLE** - INRA (GDEC Clermont-Ferrand)
- **Olivier PINAY** - FSOV

ARVALIS
Institut du végétal

INRA
SCIENCE & IMPACT

GIE RGC
Recherches
Génétiques Céréales

C.E.T.A.C.
Centre d'Etudes Techniques pour
l'Amélioration des Céréales