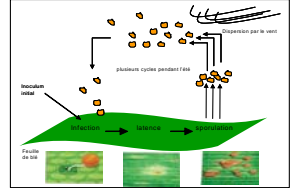


Cycle infectieux de *Puccinia triticina* parasite obligatoire agent de la Rouille brune du Blé



Contexte

La résistance reposant sur des gènes dits spécifiques est très utilisée en raison de son déterminisme génétique simple (un seul gène), et du haut niveau de résistance conféré (résistance totale). Toutefois le contournement cette résistance par une souche virulente du pathogène est extrêmement fréquent et parfois rapide. La résistance dite partielle, ou quantitative, est réputée plus durable. Son déterminisme génétique repose sur plusieurs gènes dispersés dans différentes zones du génome (nommées QTLs pour quantitative trait loci), qui diminuent les performances du pathogène sur les différentes phases de son cycle infectieux. La combinaison de quelques QTLs permet d'obtenir une résistance de haut niveau. De tels QTLs sont courants chez le blé, toutefois, jusqu'à présent peu de gènes de résistance partielle pour la rouille brune ont été caractérisés. Une diversification des combinaisons de QTLs utilisées devrait permettre de conforter leur durabilité.

Objectifs

Caractériser la diversité de la résistance partielle dans le matériel de sélection français à trois échelles :

- 1) Au niveau épidémique au champ
- 2) Au niveau des composantes du cycle infectieux
- 3) Au niveau génétique

Stratégie

Trois pathotypes, virulents et représentatifs de différents niveaux d'agressivité (P3, P4 et P5), ont été utilisés pour représenter le pathogène. A partir d'un ensemble de 86 lignées et variétés analysées pour leur résistance quantitative au champ (Fig. 1), 7 variétés et lignées représentant une gamme de résistance quantitative ont été sélectionnées pour une étude des composantes de la résistance en serre (Fig. 2). Deux de ces variétés, Apache et Balance, ont été croisées pour cartographier les QTL associés à la résistance au champ, et aux différentes composantes du cycle infectieux mesurées en serre.

Résultats

1) Grande variabilité dans le niveau de résistance dans le matériel de sélection français (Fig. 1).

2) Grande diversité, ainsi qu'une variabilité élevée, dans les valeurs des composantes, selon les différentes combinaisons (génotype-hôte x pathotype) (Fig. 2).

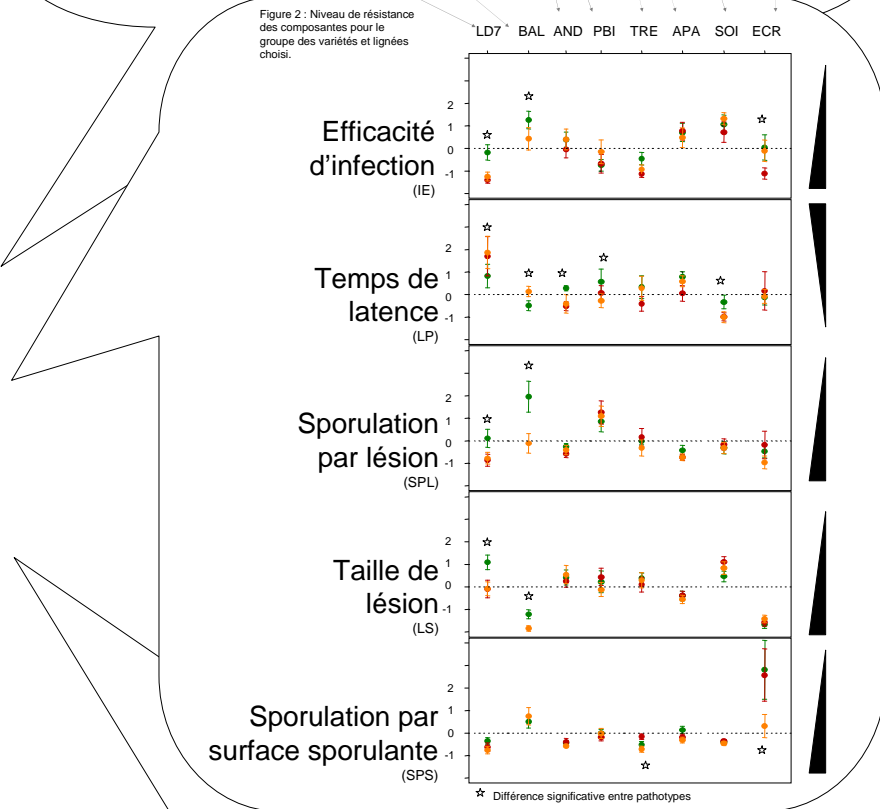
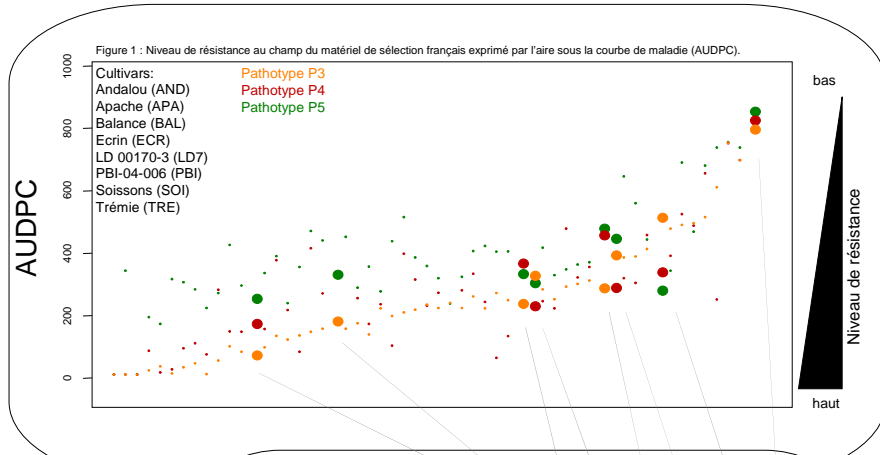
3) Treize QTLs cartographiés dans la population de cartographie Apache x Balance. QTLs associés à une ou plusieurs composantes de résistance, et à la résistance au champ à différents stades de l'épidémie.

Conclusion

Le matériel proposé par les sélectionneurs français contient une grande diversité phénotypique pour la résistance quantitative à la rouille brune, donc de bonnes ressources pour sélectionner des résistances plus durables.

Perspectives

Des populations de cartographie ont été produites à partir des 4 parents porteurs de résistance partielle diversifiée étudiés ci-dessus (Apa, LD7, PBI, et Tre). Des marqueurs des QTLs de résistance associés seront identifiés, ce qui permettra la sélection assistée par marqueur d'un ensemble de QTLs diversifiés de résistance à la rouille brune.



Nom QTL	Stade épidémique	Composante(s)	Spécificité	Source
<i>Qlr.inra</i> - 1Aa	Précoce	-	oui	Apa
<i>Qlr.inra</i> - 2Ab	Tardif	SPL, LS	non	Apa
<i>Qlr.inra</i> - 2B	Tardif	LP	oui	Bal
<i>Qlr.inra</i> - 2D	Tous	SPS	Quantitative	Bal
<i>Qlr.inra</i> - 3Bb.1	Tardif	SPS	oui	Apa
<i>Qlr.inra</i> - 3Bb.2	Précoce	Ail	oui	Bal
<i>Qlr.inra</i> - 3Db	Intermédiaire	LP, LS	Quantitative	Apa
<i>Qlr.inra</i> - 4B	Intermédiaire	SPS	oui	Apa
<i>Qlr.inra</i> - 4Da	Précoce	SPL, LS	oui	Bal
<i>Qlr.inra</i> - 5Bb/7Bb	Tous	-	non	Bal
<i>Qlr.inra</i> - 6Aa	Tardif	LP	Quantitative	Bal
<i>Qlr.inra</i> - 6B	Tous	-	Quantitative	Bal
<i>Qlr.inra</i> - 7Aa	Tous	SPL	non	Bal

Référence

Azzimonti, G., Lannou, C., Sache, I. and Goyeau, H. 2013. Components of quantitative resistance to leaf rust in wheatcultivars: diversity, variability and specificity. Plant Pathology, sous presse.