

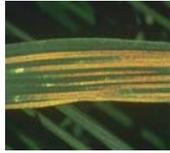
Contexte et objectifs

La rouille jaune du blé est l'une des maladies du blé les plus répandues et les plus dévastatrices. La sélection de variétés résistantes apporte à l'agriculture des solutions efficaces permettant de réduire l'emploi de produits phytosanitaires. Pour éviter le contournement des résistances, il paraît indispensable d'introduire dans les programmes d'amélioration variétale des gènes de résistance adulte, qui présentent des résistances partielles considérées comme plus durables que les résistances totales exprimées dès le stade jeune plante. Le présent projet a étudié l'efficacité dans différents environnements, de QTL/composantes de résistance adulte du blé tendre à la rouille jaune issus des variétés Renan, Camp Rémy et Apache dont la résistance s'est montrée durable après plus de dix années de culture en France.



Phénotypage

Tests de résistance : analyse de 154 lignées
 - au stade jeune plante, postulation de 5 gènes Yr: résistants à 12 pathotypes 30 %; Yr6 12 %; Yr7 10 %; Yr17 26 %; Yr32 8 %; sensibles ou Yr2 9 %; indéterminé 4 %.
 - au stade adulte au champ :
 4 pathotypes inoculés, 1 pathotype par essai : impératif pour la détection de QTL et gènes Yr
 4 essais INRA et 4 essais GIE par an



Génotypage

analyse de 132 lignées
 présence/absence des 3-4 marqueurs des gènes et QTL de
Renan : 2AS (Yr17), 2BS, 3Bcentro, 6BL
Camp Rémy : 2BS (Yr7+ YrRsp), 2BL2, 2BL1, 2D (Yr16), 5BL2
Apache : 2AS (Yr17), 2BL (Yr7)

Toutes les lignées qui possèdent des allèles de Renan, de Camp Rémy ou d'Apache, ont ces variétés dans leur généalogie, lorsque celle-ci est connue. Le marquage moléculaire permet donc de suivre des gènes majeurs spécifiques et des QTL dans des lignées en cours de sélection.

Le marquage montre que 74 lignées possèdent le gène Yr17 et 18 lignées ont Yr7.

Analyse combinée du phénotypage et génotypage

Lignées avec une résistance totale au champ aux 4 pathotypes

généiteurs connus	lignées	Grignon test JP hypothèses gènes Yr	marqueurs de CR	marqueurs Yr17	hypothèses Yr marquage	marqueurs de CR	marqueurs de Renan
			nb maxi = 4 marqueurs Yr2BL2	nb maxi = 5 marqueurs Yr17	Yr marquage	nb maxi = 2 QTL 2D CR	nb maxi = 12 QTL Renan (sauf Yr17)
Ap	FD-06012	Résistant	4	4	Yr2BL2+Yr17	0	1
Ap	FD-07072	Résistant	1	3	Yr17	0	2 (2B)
Ap	FD07170	Yr 7+	3	3	Yr2BL2+Yr17	1	2
Ap	FD08121	Yr 7+	4	4	Yr2BL2+Yr17	0	2 (6B)
-	Allequin	Yr 7+	2+7	0	?	0	2 (3B cent)
-	O1015-137	Yr 7+	4	5	Yr2BL2+Yr17	2 (2D)	2
-	S-E-3401	Résistant	3	0	Yr2BL2	0	0
-	S-E-2153	Yr 7+	1+7	0	?	0	3 (2B)
Ap	O1015-92	Yr 7+	3	5	Yr2BL2+Yr17	0	0
Ap	H09499	Résistant	0	5	Yr17	1	1
VPM	CF00402	Résistant	4	5	Yr2BL2+Yr17	1	2
VPM	CF04119=Flamenko	Résistant	4	0	Yr2BL2	1	6 (2B et 6B)
Renan	CF05162	Yr 7+	4	5	Yr2BL2+Yr17	0	5 (6B)
Renan	D108013=Muzik	Yr 7+	3	5	Yr2BL2+Yr17	0	5 (3B cent et 6B)
CR	CR-2178R-2BL2	Yr 7+	2	0	Yr2BL2	1	0
CR	Camp Rémy (CR)	Yr 7+	4	0	Yr2BL2	2 (2D)	0
Ap	AT-2622 : Yr7+4B	Yr 7	3	0	Yr2BL2	0	2
Ap	Apache	Yr 7+ Yr17	3	5	Yr2BL2+Yr17	0	2

Les 18 lignées ayant une résistance totale aux 4 pathotypes possèdent des gènes majeurs : Yr7 ou Yrsp (16 lignées) et Yr7+ Yr17 (9 lignées).

3 lignées particulièrement intéressantes : Flamenko, CF05162 et Muzik combinent gènes majeurs et des QTL issus de Renan.

Lignées ayant des allèles marqueurs de QTL du 2B, 3Bc et 6B de Renan et/ou du 2D de Camp Rémy (à l'exception des lignées résistantes totalement aux 4 pathotypes)

lignées	classes de notations / pathotype				Grignon test JP hypothèses gènes Yr	hypothèses Yr marquage	nb de marqueurs CR		nb de marqueurs Renan
	237E141V17	233E169V17	106E139	237E173V17			nb maxi = 2 QTL 2D CR	nb maxi = 12 QTL Renan (sauf Yr17)	
RER22	R	R	R	MS	Sensible ou Yr 2	Yr17	1	8 (2B, 6B)	
RER32	MS	MR	R	MS	Yr 17	0	0	6 (2B, 3B cent)	
RER64	MR	MR	R	MS?	Yr 2, 3 ou SD	0	0	6 (2B)	
RER110	MS	MS	MR	MS	Sensible ou Yr 2	0	0	8 (3B, 3B cent, 6B)	
FD-08090	R	R	R	-	Résistant	Yr2BL2+Yr17	2 (2D)	3 (2B)	
FD08154	R	R	R	-	Yr 7+	1	0	4 (6B)	
NAVW12	R	R	R	-	Résistant	2 (2D)	2	3	
NSA06-2122	R	R	R	MR	Résistant	2 (2D)	2	3	
NSA05-0078	R	R	R	MR	Yr 32	1	0	4 (2B)	
NSA04-7113	R	R	R	MR	Résistant	2 (2D)	2	1	
NSA05-5997	MR	MR	R	MR	Yr 17 ?	Yr17	2 (2D)	1	
NSA06-8483	R	R	R	MR	Yr 32	1	0	4 (2B, 3B cent)	
G-3099-A	MR	MR	R	MS	Yr 17	Yr17	0	5 (3B cent)	
Azzerti	MR	MR	R	MR	Yr 17	Yr17	0	6 (2B et 6B)	
G-3044	R	R	R	MR	Résistant	2	0	1	
S1-K24	MS	MS	R	MS	Yr 17 ?	Yr17	0	5 (2B et 6B)	
H06158	R	R	R	-	Yr 6 ou 6+17	Yr17	2	2	
CCB07H004	MR	MR	R	MR	Yr 17	Yr17	0	4 (2B, 3Bcentro)	
H06195	MR	R	R	-	Yr 6+17	Yr17	3 (2D)	1	
H07193	MS	MS	R	-	Yr 17 (impur)	0	0	5 (2B et 3Bcent)	
INSTINCT	MS	MR	R	-	Yr 6+ (+9?)	0	0	2	
H09476	R	R	R	MR	Résistant	Yr17	1	4 (2B et 6B)	
Barok	MR	MR	R	MS	Yr 17	Yr17	2 (2D)	5 (2B et 3B cent)	
Koreli	MR	MR	R	MS	Yr 17	Yr17	1	8 (2B et 3B cent)	
RE04073	R	MR	R	MR	Yr 17	Yr2BL2+Yr17	0	4 (6B)	
RE05043	R	R	R	MR	Résistant	Yr17	0	6 (3B cent et 6B)	

Les 26 lignées qui portent des allèles marqueurs de QTL du 2B, 3Bc et 6B de Renan et/ou du QTL 2D de Camp et qui ne sont pas totalement résistantes, présentent un bon niveau de résistance partielle (sauf 4 lignées Moyennement Sensibles).

Les QTL de Renan et Camp Rémy sont le plus souvent efficaces dans des fonds génétiques différents.

Conclusion-Discussion

Le marquage moléculaire permet de faire l'état des lieux des gènes/QTL les plus utilisés en sélection pour éviter d'introduire trop fréquemment les mêmes combinaisons de gènes/QTL dans différentes lignées. La combinaison Yr7-Yr17 trouvée chez Apache protégeait bien les lignées durant la période d'étude.

Le nombre de gènes Yr marqués étant limité, les tests pathologiques réalisés au stade jeune plante permettent de repérer des gènes majeurs spécifiques. 30 % des lignées résistantes à tous les pathotypes possèdent une combinaison de gènes de résistance spécifique déjà décrits ou de nouveaux gènes qui auraient été introduits par la sélection.

Nous avons identifié dans les lignées issues de la sélection des combinaisons efficaces de gènes majeurs et de QTL qui pourraient être plus durables. L'exploitation de ces résultats doit conduire à la création de futurs généiteurs et / ou de variétés cumulant différents QTL de résistance par une approche de SAM à gérer en fonction de l'évolution des pathotypes, qui est étudiée par un nouveau contrat FSOV.

Publications

- Dedryver F., Paillard S., Mallard S., Robert O., Trottet M., Nègre S., Verplancke G., Jahier J., 2009. Characterization of genetic components involved in durable resistance to stripe rust in the bread wheat 'Renan'. *Phytopathology* 99:968-973.
- de Vallavieille-Pope C., Ali S., Leconte M., Enjalbert J., Delos M., Rouzet J., 2012. Virulence dynamics and regional structuring of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in France between 1984 and 2009. *Plant Disease* 96:131-140.
- Mallard S., Gaudel D., Aldeia A., Abelard C., Besnard A.L., Sourdil S., Dedryver F., 2005. Genetic analysis of durable resistance to yellow rust in bread wheat. *Theor Appl Genet* 110:1401-1409.
- Paillard S., Verplancke S., Perretat M.-R., Mohamadi F., Leconte M., Coedel S., de Vallavieille-Pope C., Dedryver F., 2012. Durable resistance to stripe rust is due to three specific resistance genes in French bread wheat cultivar Apache. *Theor Appl Genet* 125: 955-965.