

Étude et identification de facteurs de résistance à la cécidomyie chez le blé tendre

Introduction

La cécidomyie orange, *Sitodiplosis mosellana*, est un parasite commun du blé qui est responsable de pertes sévères de rendement (6% en 2004, au Royaume Uni). Cet insecte a une distribution spatiale très inégale et les infestations varient d'année en année en fonction des conditions climatiques, ce qui rend difficile toute prédiction des risques et complique la tâche des sélectionneurs pour obtenir des variétés résistantes. Une étude canadienne a démontré que la résistance à la cécidomyie orange des variétés canadiennes est conditionnée par la présence d'un gène majeur unique, appelé *Sm1*, présent sur le chromosome 2BS du blé tendre. Un marqueur moléculaire PCR (Wm1) lié au gène *Sm1* a été développé (Thomas et al. 2005). Ce marqueur aurait pu être utilisé en sélection si celui-ci ne s'était pas révélé insuffisamment prédictif dans de nombreux cas. Afin de répondre à ce problème, nous avons eu pour objectifs, d'identifier plusieurs marqueurs SNP étroitement liés au gène *Sm1* mais également, de révéler l'existence possible de nouvelles sources de résistance à la cécidomyie.

Matériel et Méthodes

Tests de résistance

- **Matériel végétal**
 - 98 lignées ou variétés
 - 40 lignées NILs (BC₄) issues du rétrocroisement de Robigus (*Sm1*) par Shamrock
- **Tests au champ**
 - Au moins 3 sites avec 3 répétitions durant les 3 années : Orgerus (Syngenta), Allemagne (Limagrain) et Rothwell, Lincolnshire (JIC, UK), Cobrieux (F. Desprez) et Louville la Chenard (R2n).
 - Les deux sites les mieux infestés sont phénotypés par Arvalis (comptage de larves de 30 épis / lignée)



Identification de marqueurs moléculaires

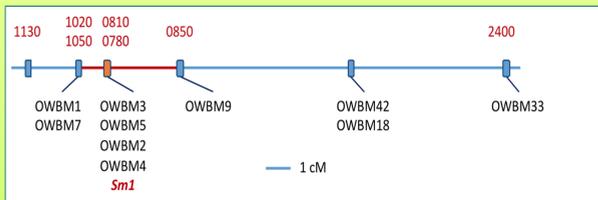
- Test du marqueur Wm1 publié et de 89 marqueurs SNP identifiés sur les contigs IWGSC du chromosome 2BS (potentiellement liés à *Sm1*)
- Séquençage Hi-Seq2000 des lignées BC₄ NILs
- Alignement des séquences sur les contigs IWGSC
- Recherche d'homologie avec les gènes de *Brachypodium*
- Cartographie fine en utilisant les NILs
- Validation des marqueurs SNP sur les 96 lignées



Photo Y. Fardige 2010

Résultats

9 nouveaux marqueurs étroitement liés à *Sm1*



Cartographie fine des marqueurs SNP et des gènes de *Brachypodium* dans la région du gène *Sm1*. Les marqueurs OWBM sont des marqueurs SNP de type KASPar. En rouge : Le nom du gène de *Brachypodium* (exemple : 0810 → *Bradi5g00810*). Environ 20 gènes de *Brachypodium* sont compris dans l'intervalle délimité par les marqueurs OWBM7 ↔ OWBM9. Deux marqueurs (OWBM6 et OWBM8) liés à *Sm1* ne sont pas représentés sur la carte car ils ont été identifiés dans une étude préalable (n'utilisant pas les NILs).

3 marqueurs prédictifs du phénotype

	Marqueurs SNP KASPar			2011-Louville		2011-Ouzouer		2012-UK		Moyenne	
	Associé	flanquant	flanquant	LvSp	% inf	LvSp	% inf	LvSp	% inf	LvSp	% inf
Robigus-Haplotype (48 lignées)	G:G	T:C	C:T	0.01	0.5	0.02	2	0.0	0.0	0.0	1.1
G 2424	G:G	T:C	C:T	0.00	0.0	0	0	1.6	30.0	0.5	10.0
SY EPSON	G:G	T:C	C:T	0.27	23.3	0.07	7	-	-	0.2	15.0
K 3909	G:G	T:C	C:T	0.40	20.0	0.70	40	5.2	56.7	2.1	38.9
VISAGE (inversion avec Viscount)	G:G	T:C	C:T	0.93	53.3	1.17	67	-	-	1.1	60.0
18 lignées	T:T	T:T	T:T	2.50	53.24	1.49	52.34	4.25	75.00	2.75	60.19
5 lignées	T:T	T:C	T:T	0.90	31.33	0.69	35.33	4.09	77.33	1.89	48.00
8 lignées	T:T	T:T	C:C	4.46	82.50	2.94	78.28	4.31	80.98	3.90	80.59
OXEBO	T:T	T:T	C:T	0.00	0.0	0	0	0.0	0.0	0.0	0.0
LG OBM 11-05	T:T	T:T	C:T	0.00	0.0	0.03	3	0.0	0.0	0.0	1.1
LG OBM 11-06	T:T	T:T	C:T	0.00	0.0	0.03	3	0.0	0.0	0.0	1.1
Nogal	T:T	T:T	C:T	3.83	96.7	-	-	0.4	10.0	2.1	53.3

LvSp : Nombre de larves par épis
% inf : Pourcentage d'épis infectés

- 48 lignées résistantes avec *Sm1* ont été identifiées avec les 3 marqueurs (OWBM6, OWBM7 et OWBM9)
- 31 lignées sensibles sans *Sm1* ont été identifiées avec au moins un (OWBM6) des trois marqueurs
- 5 faux positifs (mais erreur d'étiquetage probable pour 2 d'entre eux)
- 3 lignées ayant une autre source de résistance que *Sm1* (Oxebo, LG OBM 11-05 et 11-06)

Conclusion

Les principaux résultats de ce programme sont :

- Une région chromosomique d'environ 5.68 cM qui porte le gène *Sm1*
- Cette région correspond à environ 20 gènes chez *Brachypodium*
- 9 marqueurs SNP KASPar sont étroitement ou totalement liés au gène *Sm1*
- Parmi les 9 marqueurs, 3 marqueurs permettent de prédire, dans la majorité des cas (90%), la résistance ou la sensibilité des lignées ou variétés testées. Seulement 3.5% des lignées avec l'allèle *Sm1* du marqueur OWBM6 sont sensibles (contre 38% avec Wm1)
- Quelques faux positifs ont encore été détectés : Il sera probablement nécessaire de cloner le gène *Sm1* pour obtenir des marqueurs 100% fiables
- Les lignées Oxebo, LG OBM 11-05 et LG OBM 11-06 sont résistantes sans avoir le gène *Sm1* et n'ont pas de généalogie commune avec Robigus : ces trois lignées possèdent très probablement un ou plusieurs autres gènes de résistance à la cécidomyie

En conclusion, ce programme a permis d'obtenir trois marqueurs liés à *Sm1* qui sont utilisables en sélection (ce qui n'était pas le cas du marqueur Wm1). Un nouveau programme FSOV 2014 a été lancé pour permettre d'obtenir des marqueurs de *Sm1* totalement fiables

Olivier ROBERT^{1*}, Cristobal UAUY², Pierre TAUPIN³, Laure DUCHALAIS⁴, Patrice SENELLART⁵, Jayne STRAGLIATI⁶

1 - BIOPLANTE - FLORIMOND DESPREZ - 3 rue Florimond Desprez, 59242 Cappelle en Pévèle
2 - JOHN INNES CENTRE - Colney Lane, NR4 7UH, Norwich, UK
3 - ARVALIS - ARVALIS Institut du Végétal, Service Génétique et Protection des Plantes, Station Expérimentale, 91720 Boigneville
4 - R2n - Route d'Épincy, 28150 Louville La Chenard
5 - SYNGENTA - Ferme de Moyencourt, 78910 Orgerus
6 - LIMAGRAIN EUROPE - 5 rue de l'égalité, 28130 Chartainvilliers
* Coordinateur : Olivier ROBERT, olivier.robert@florimond-desprez.fr

Thomas J., Fineberg N., Penner G. et al. (2005) Chromosome location and markers of *Sm1*: a gene of wheat that conditions antibiotic resistance to orange wheat blossom midge. *Molecular Breeding* 15 : 183-192.



Partenaires

