



Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre



Cartographie et développement de marqueurs liés au gène de résistance à la septoriose *Stb16q* en vue de son clonage



Cyrille Saintenac¹, Florence Cambon¹, Justin Faris², Steven Xu², Olivier Soudière¹, Pauline Lasserre-Zuber¹, Marc-Henri Lebrun³, Laure Duchalais⁴, Williams Marande⁵, Helene Berges⁶, Delphine Hourcade⁶, Mahmud Tabib Ghaffary⁷, Lamia Aouini⁸, Gert H.J. Kema⁹, Thierry Langin¹ et Olivier Robert⁹

¹INRA/UBP UMR 1095 GDEC (Genetics, Diversity and Ecophysiology of Cereals), 5 chemin de Beaulieu, Clermont Ferrand, 63100, France, ²USDA-ARS, Cereal Crops Research Unit, 1307 18th Street North, Fargo, ND 58102, USA, ³INRA UR BIOGER-CPP (Biologie et Gestion des Risques en Agriculture - Champignons Pathogènes des Plantes), BP01, 78850 Thiverval Grignon, ⁴RAGT 2n SAS, Route d'Epincy, 28150 Louville la Chenard, ⁵Centre National des Ressources Génétiques Végétales, INRA UPR 1258, Castanet-Tolosan, France, ⁶ARVALIS - Institut du végétal, 6 chemin de la Côte Vieille 31450 Baziege, ⁷Seed and Plant Improvement Institute, P.O. Box 4119, Karaj 31585, Iran, ⁸Wageningen University and Research, Wageningen Plant Research, Laboratory of Phytopathology, P.O. Box 16, 6700 AA Wageningen, The Netherlands, ⁹Florimond Desprez, BP41, 59242, Cappelle-en-Pévèle, France

Introduction

La septoriose est une maladie foliaire du blé, causée par le champignon *Zymoseptoria tritici*, parmi les plus dommageables en France et en Europe. L'apparition et la distribution sur le territoire de populations du champignon résistantes aux fongicides nécessitent le développement de variétés de blé résistantes à cette maladie. A ce jour, seulement 21 gènes majeurs de résistance, appelés gènes *Stb*, ont été identifiés chez le blé. D'après les résultats de GWAS obtenus lors de précédents projets FSOV ainsi que d'après les données issues de la littérature, peu de ces gènes majeurs sont présents dans le matériel européen et aucun marqueur diagnostic n'est encore disponible. De plus, l'ensemble des accessions portant ces gènes sont déjà contournés par le pathogène exceptés le blé synthétique M3 et TA4152-19 portant le gène *Stb16q*. Ce gène représente potentiellement un nouveau mécanisme de résistance à fort potentiel pour la sélection. Au cours de ce projet, nous proposons de réaliser la cartographie fine du gène de résistance *Stb16q* et l'identification de marqueurs diagnostics pour le suivi de ce gène en sélection.

Matériel et Méthodes

Tests de résistance

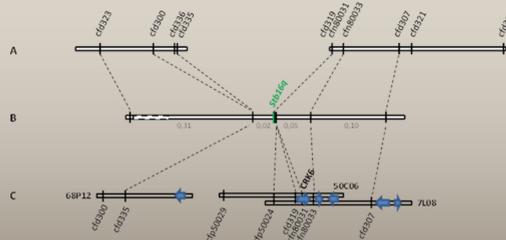
- **Matériel végétal**
 - 170 lignées HD et 9100 F2 issues du croisement entre le blé synthétique TA4152-19 (*Stb16q*) et l'accession sensible ND495
 - Multiplication des F2 d'intérêt pour réaliser des tests de ségrégation sur les familles F3
- **Tests au stade plantule en conditions contrôlées**
 - Inoculation de la première feuille des plantules soit par spray soit au pinceau avec la souche IPO88018

Identification de marqueurs moléculaires

- Cartographie des marqueurs publics *Xbarc323* et *Xcfd9*, encadrant *Stb16q*, sur les populations de cartographie à haute densité en marqueurs (CsxRe et ITMI)
- Utilisation des séquences contextes des marqueurs SNP de la carte ITMI situés entre *Xbarc323* et *Xcfd9* pour identifier les régions physiques du génome D associées à *Stb16q*
- Développement de marqueurs SSR (cfd) et SNP (cfn) à partir des séquences de la carte physique du génome D identifiées
- Cartographie fine des marqueurs développés en utilisant les F2
- Développement d'une banque BAC à partir de l'accession TA4152-19 et criblage de cette banque avec les marqueurs flanquant *Stb16q*

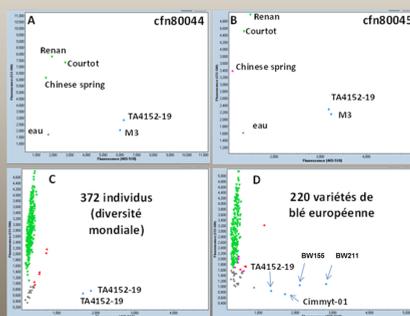
Résultats

Identification du gène *Stb16q*



Cartographie fine du gène *Stb16q*. A/ Carte physique du génome D où sont placés les différents marqueurs développés. B/ Carte génétique développée au cours du projet (distance en cM). C/ Carte physique issue de l'accession TA4152-19. Les trois BAC identifiés ont été séquencés et annotés par le pipeline TriAnnot. Les flèches bleues représentent les différents gènes identifiés. Le gène candidat *Crk6* a été validé fonctionnellement et correspond à *Stb16q*.

Deux marqueurs diagnostics de *Stb16q*



Après re-séquençage de 184 accessions de blé, nous avons identifié deux marqueurs SNP diagnostics (cfn80044 et cfn80045) permettant de distinguer les accessions portant *Stb16q* (TA4152-19 et M3) des accessions dépourvues de ce gène (Renan, Chinese spring et Courtot). Ce dernier a été retrouvé uniquement chez trois variétés de blé parmi un panel de 592 accessions testées avec ces deux marqueurs.

Conclusion

Les principaux résultats de ce programme sont :

- Le développement d'une carte génétique fine autour du locus *Stb16q* (intervalle de 0,07 cM).
- L'identification d'un cluster de gènes de type récepteur à activité kinase (RLK) grâce au développement d'une banque BAC à partir de l'accession TA4152-19
- L'identification du gène *Stb16q* parmi le cluster de RLK
- La validation fonctionnelle du gène *Stb16q*
- L'identification de deux marqueurs diagnostics (cfn80044 et cfn80045) du gène *Stb16q* grâce au re-séquençage de 184 accessions
- L'identification de ce gène dans une très faible minorité de variétés cultivées parmi les 592 étudiées

En conclusion, ce programme a permis d'obtenir deux marqueurs diagnostics du gène *Stb16q* qui sont utilisables en sélection.

