

## Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épautre

# PYRAMIDE: Développement d'une nouvelle stratégie de sélection pour l'obtention de lignées élites cumulant des résistances aux principales maladies fongiques

Ellen GOUEMAND<sup>1</sup>, Marie-Reine PERRETANT<sup>2</sup>, Denis BEGHIN<sup>1</sup>, Pierre DEVAUX<sup>1</sup>, Brigitte DEVAUX<sup>1</sup>, Gilles CHARMET<sup>2</sup>

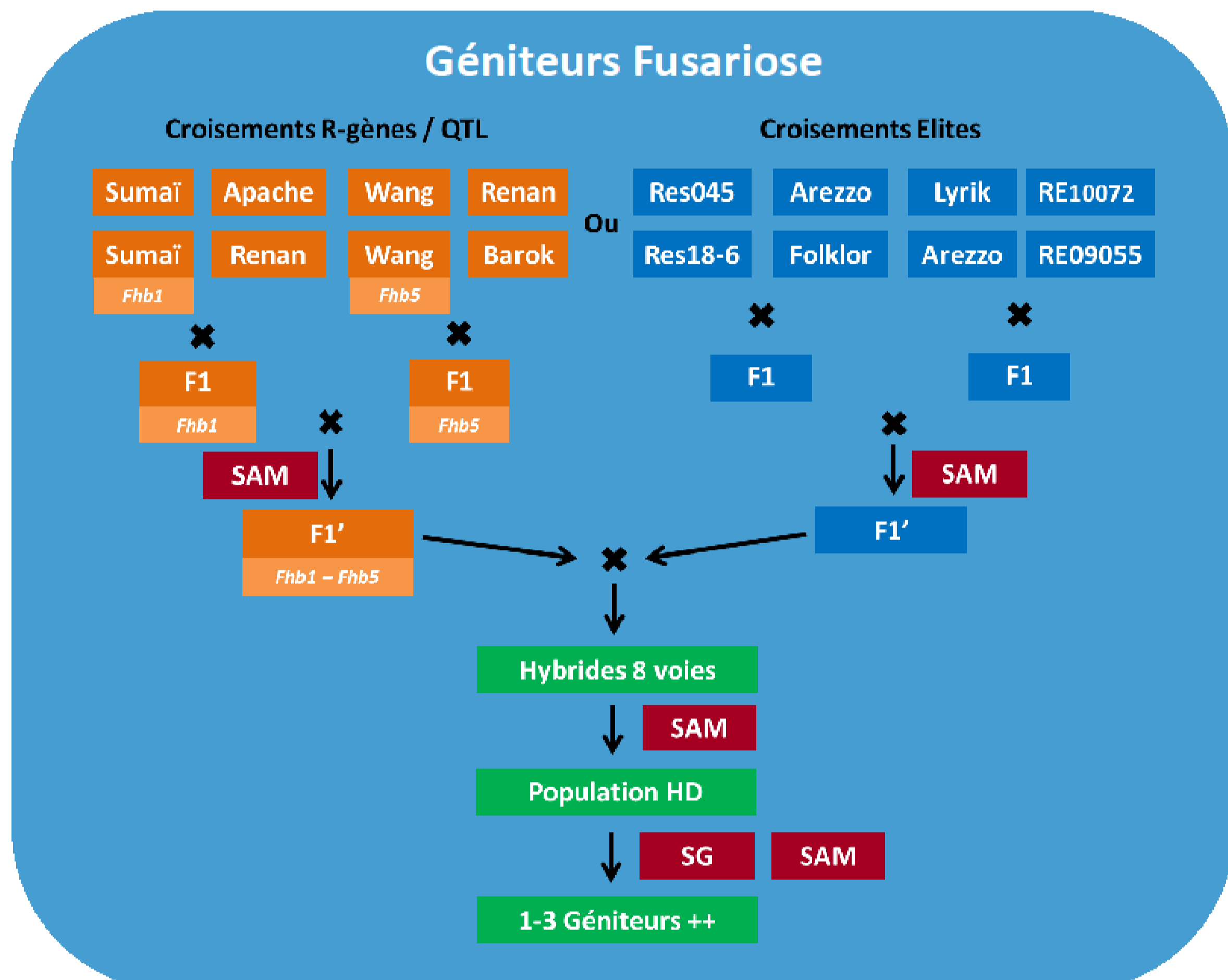
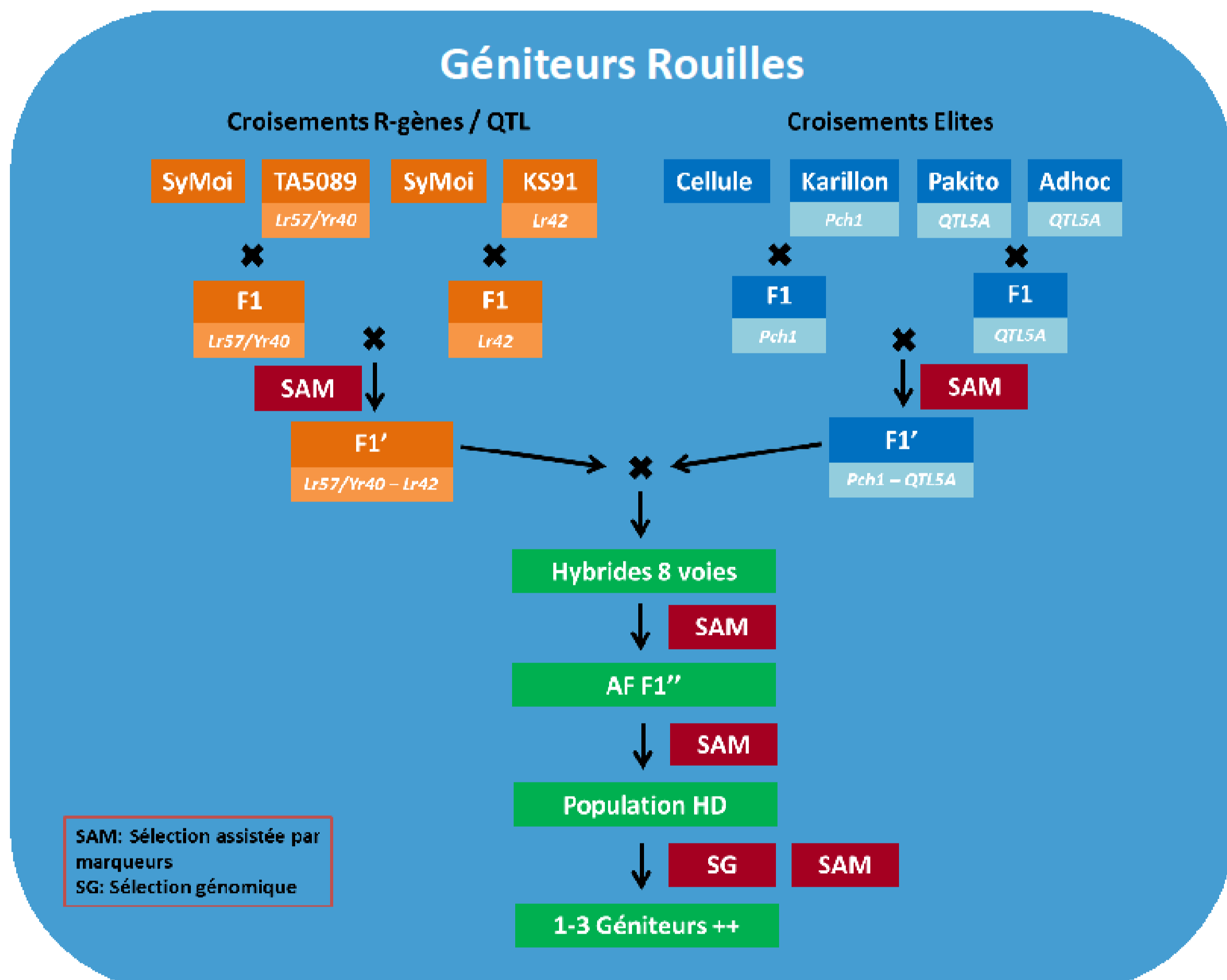
<sup>1</sup> Florimond Desprez Veuve & Fils, 59242 Cappelle-en-Pévèle

<sup>2</sup> INRA GDEC, 63039 Clermont-Ferrand



**Résumé:** Les résistances génétiques aux maladies sont un élément clef dans le contexte de systèmes culturaux écologiquement intensifs. Ce projet vise à construire des géniteurs cumulant des gènes/QTLs de résistance à trois maladies fongiques les plus préjudiciables pour le rendement et la qualité du blé tendre (fusariose de l'épi, rouilles jaune et brune), tout en sélectionnant un fond génétique élite amélioré. Les lignées ainsi produites constitueront un matériel de choix pour la diversification de la base génétique dans le cadre des programmes d'amélioration variétale.

**Introduction:** L'originalité de ce programme provient de la stratégie utilisée qui consiste, d'une part à utiliser des marqueurs liés à des gènes/QTLs identifiés pour piloter leur cumul, et d'autre part à utiliser des marqueurs densément répartis sur l'ensemble du génome dans le but d'améliorer le fonds génétique dans lequel le QTL de résistance sera cumulé. Deux schémas de pyramidage ont été établis, l'un pour le cumul de résistances à la rouille jaune (*Puccinia striiformis*) et brune (*Puccinia triticina*), l'autre pour le cumul de résistances à la fusariose de l'épi (*Fusarium graminearum*).



### Choix des parents

Lignées	Gènes / QTLs	Marqueurs	Réf
KS91WGRC11	Lr42	Xwmc432 et Xgdm33	Matin et al., 2003
TA5089	Lr57/Yr40	XLr57/Yr40-MAS-CAPS16	Kuraparthy et al., 2009

Variétés	Inscription	Obtenteurs	Caractéristiques
CELLULE	2012	FD	BPS, septo +
KARILLON	2010	AO	BPS, Pch1
PAKITO	2011	RAGT	BPS, QTL5A
ADHOC	2011	Momont	BP, QTL5A, froid +
SY MOISSON	2011	Syngenta	BPS, oidium -

### Choix des parents

Lignées	Gènes / QTLs	Marqueurs	Réf
SUMAÏ 3	Fhb1	8 SNPs dans Umn10	Bernardo et al., 2012
WANGSHUIBAÏ	Fhb1*/Fhb5	Xwmc96 et Xgwm304	Lin et al., 2006

Variétés	Inscription	Obtenteurs	Caractéristiques
AREZZO	2007	RAGT	BPS
BAROK	2009	AO	BARI, Fus +
FOLKLOR	2011	AO	BPS, RJ +
LYRIK	2012	AO	BPS
RESV18-6	-	INRA	Septo +
RESY045	-	INRA	Septo +
APACHE	1998	LG	BPS, Fus +
RENAN	1990	AO	BA7, Fus +

Deux gènes majeurs de résistance aux rouilles ont été suivis (*Lr57/Yr40*, *Lr42*), ainsi qu'un gène de résistance au piétin verse (*Pch1*) et un QTL de résistance à la fusariose (*QTL5A*). Le fonds génétique a été sélectionné grâce à la puce 35k Axiom® en dernière étape.

Deux schémas d'introgession de résistances à la fusariose ont été menés en parallèle. Les variétés donneuses de résistances étaient Sumaï3 (*Fhb1*) et Wangshuibai (*Fhb1/Fhb5*), qui ont été suivis par SAM mais aussi Apache, Barok et Renan, porteuses de QTL mineurs. Le fonds génétique a également été sélectionné grâce à la puce 35k Axiom® en dernière étape.

### Résultats / Discussion

Ces différents schémas de pyramidage ont permis, d'une part la production de 695 lignées haploïdes doublées (HD) cumulant 2 gènes de résistance aux rouilles (*Lr57/Yr40*, *Lr42*) et 2 gènes/QTLs de résistance à d'autres maladies d'intérêt (*Pch1*, *QTL5A*), et d'autre part la sélection de 236 lignées HD dont on espère qu'elles cumulent les QTL *Fhb1* et *Fhb5* avec des QTL mineurs issus de Renan et Apache, dans un fonds génétique amélioré pour la productivité, la qualité et peut-être la résistance à la septoriose (grâce à des géniteurs issus de blés synthétiques). Ces lignées vont être sélectionnées au début de l'année 2017, dès réception des données de génotypage haute-densité, en utilisant des prédictions génomiques de la valeur génétique (breeding value). Les géniteurs ainsi sélectionnés seront ensuite échangés entre les partenaires du programme PYRAMIDE afin d'élargir la base génétique de leurs programmes de création variétale.

