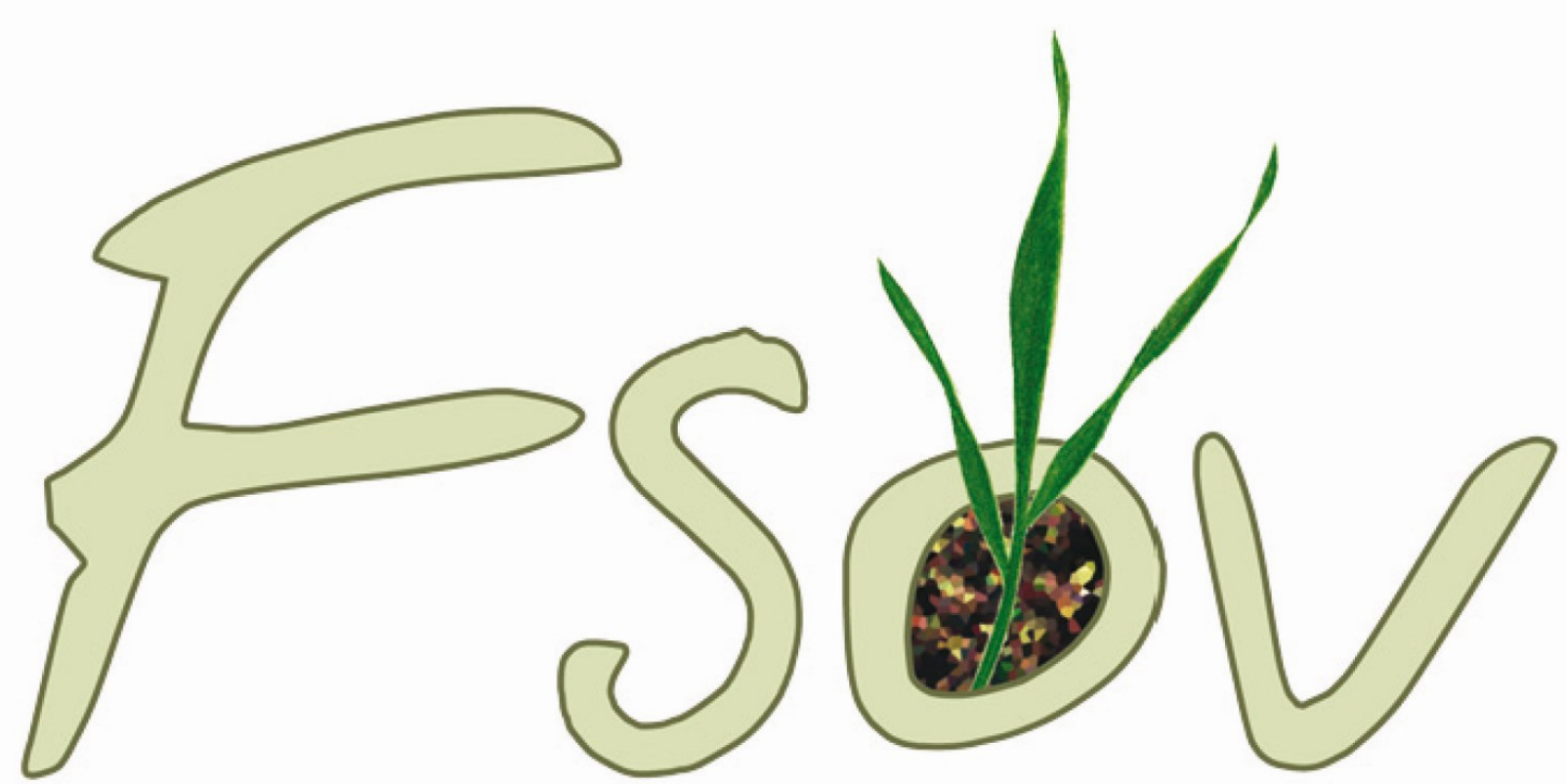




Fonds de soutien à l'Obtention Végétale



Blé tendre



Blé dur



Orge



Seigle



Avoine



Triticale



Riz



Épeautre

Identification et validation de nouveaux marqueurs étroitement liés au gène *Sm1* de résistance à la cécidomyie orange du blé tendre

Valérie LAURENT¹, Cristobal UAUY², Delphine HOURCADE³, Agnès TEGUIER³, Raphaël DUCERF³, Laure DUCHALAIS⁴, Patrice SENELLART⁵, Sébastien CAIVEAU⁵

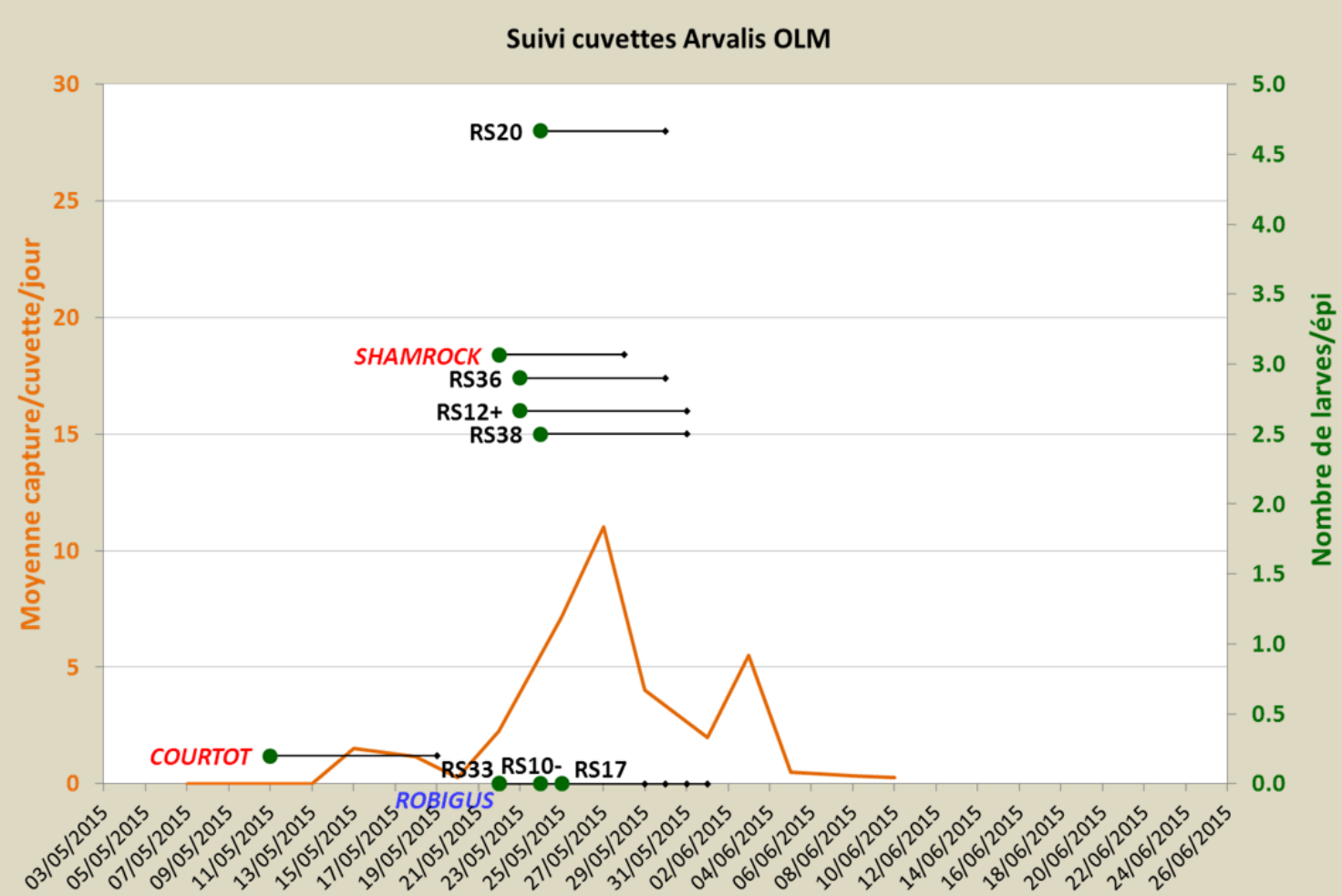
1. Florimond DESPREZ - BP41, 59242 Cappelle en Pévèle
2. JOHN INNES CENTRE - NR4 7UH, Colney, Norwich, United Kingdom
3. ARVALIS-Institut du végétal – Chemin de la côte vieille, 31450 Baziège
4. R2N – Route d'Epincy, 28150 Louville La Chenard
5. SYNGENTA – 2 avenue Gustave Eiffel, 28000 Chartres

La cécidomyie orange, *Sitodiplosis mosellana*, est un parasite commun du blé responsable de pertes sévères de rendement chaque année dans l'hémisphère nord. Le phénotypage au champ est très compliqué car l'infestation nécessite la co-occurrence de plusieurs facteurs météorologiques pour survenir. Ce projet visait à obtenir des marqueurs totalement fiables du gène de résistance, *Sm1*, qui permettront aux sélectionneurs de s'affranchir du phénotypage au champ.

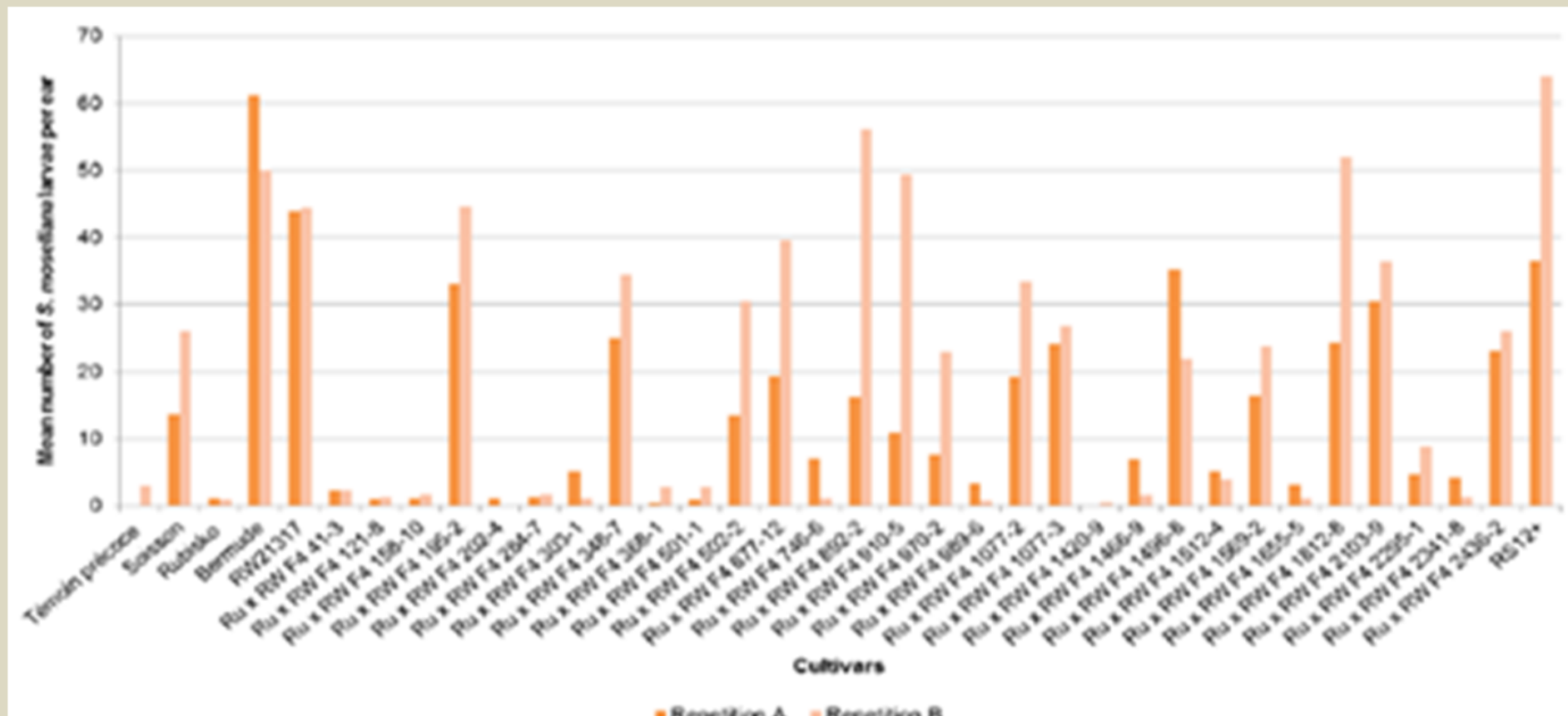
Matériel: 43 NILs de la population Robigus x Shamrock et 2796 F2 de la population Rubisko x RW21233 ont été utilisés pour affiner la cartographie du gène *Sm1*.

Phénotypage: En champ, en 3 lieux (Ickleton en Angleterre, à Orgerus dans les Yvelines et à Ouzouer-le-Marché dans le Loir et Cher) en 3 répétitions ainsi qu'en conditions contrôlées par le Centre Wallon de Recherches Agronomiques de Gembloux en 2 répétitions. Les larves de 20 épis/génotype ont été comptées.

Infestation naturelle: difficulté d'obtention d'un phénotypage systématique et reproductible en 2015 => le témoin de précocité Courtot épie avant la période d'infestation



Infestation artificielle pendant toute la période d'épiaison: Mise en évidence du polymorphisme Résistant/sensible des RIL => variabilité inter-répétition résiduelle



Cartographie fine du gène *Sm1* dans une zone de 1.1 cM de la carte Robigus x Shamrock



48 recombinants de la population Rubisko x RW21233 entourent le gène *Sm1*

Génotypage des 48 RILs Rubisko x RW21233 : 2 marqueurs coségrègent parfaitement => **Validation sur un panel de 72 individus**

	lie					Proximal						
SNP	128838	181603	16856919	CRAW-2017	164086	133621	176043	23831	5158921-1	182447	184137	
Ru (A)	A:A	A:A	A:A	R	A:A	A:A	A:A	A:A	A:A	A:A	A:A	
RW (B)	B:B	B:B	B:B	S	B:B	B:B	B:B	B:B	B:B	B:B	B:B	
5 RIL	B:B	B:B	x	A:A	R	A:A	A:A	A:A	A:A	A:A	A:A	
14 RIL	B:B	B:B	B:B	S	B:B	x	A:A	A:A	A:A	A:A	A:A	
3 RIL	B:B	B:B	B:B		B:B	B:B	A:A	A:A	A:A	A:A	A:A	
2 RIL	B:B	B:B	B:B		B:B	B:B	B:B	A:A	A:A	A:A	A:A	
8 RIL	B:B	B:B	B:B		B:B	B:B	B:B	B:B	B:B	A:A	A:A	
1 RIL	B:B	B:B	B:B		B:B	B:B	B:B	B:B	B:B	B:B	A:A	
1 RIL	A:A	A:A	x	B:B	S			B:B	B:B	B:B	B:B	
11 RIL	A:A	A:A	A:A	R	A:A	x	B:B	B:B	B:B	B:B	B:B	
1 RIL	A:A	A:A			A:A	A:A	A:A	B:B	B:B	B:B	B:B	

BS00164086	Marqueur R	Marqueur S	total
R phénotype	37	0	37
S phénotype	19	16	35

BS16856919	Marqueur R	Marqueur S	total
R phénotype	37	0	37
S phénotype	0	35	35

Discussion/Conclusion: l'utilisation de ces 2 marqueurs sur plusieurs panels met en évidence que le marqueur BS164086 révèle des faux positifs sur les 72 individus du panel FSOV. Le marqueur BS16856919 coségrège parfaitement avec la résistance sur le panel de 72 individus du FSOV et la liste de recommandation anglaise de 2015. Ce marqueur sera très utile aux sélectionneurs pour identifier et suivre la résistance des lignées au sein des pépinières de sélection sans être tributaire d'une infestation naturelle aléatoire.

