



Fonds de soutien à l'Obtention Végétale

MaBrune : Marqueurs diagnostiques des résistances à la rouille brune dans le blé tendre

Thierry C MARCEL¹, Roula SHAMSI¹, Sabine CADOUX^{1,2}, Faharidine MOHAMADI³, Pierre SOURDILLE⁴, Rémi PERRONNE⁵, Bernard ROLLAND⁵, Philippe DU CHEYRON⁶, GIE RGC⁷, CETAC², Anne-Lise BOIXEL¹, Henriette GOYEAU^{1*}

1 - Université Paris Saclay, INRAE, UR BIOGER, 78850 Thiverval-Grignon, France ; 2 - Centre Technique pour l'Amélioration des Céréales, 7 Rue Coq-Héron, 75030 Paris CEDEX -01, France ; 3 - ARVALIS Institut du Végétal, 91720 Boigneville, France ; 4 - Université Clermont-Auvergne, INRAE, UMR GDEC, 63000 Clermont-Ferrand, France ; 5 - IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ Rennes, 35653, Le Rheu, France ; 6 - ARVALIS Institut du Végétal, 91190 Villiers-le-Bâcle, France ; 7 - GIE Recherches Génétiques Céréales, 7 Rue Coq-Héron, 75030 Paris CEDEX-01, France ; *Coordinateur : Henriette GOYEAU, henriette.goyeau@inrae.fr

Le champignon basidiomycète *Puccinia triticina* Erikss est responsable de la rouille brune sur le blé tendre, le blé dur et le triticale. L'objectif du projet MaBrune est d'identifier des marqueurs moléculaires diagnostiques de la présence de gènes *Lr* et de QTL de résistance à cette maladie. A ce jour, 80 gènes *Lr* ont été identifiés dans le blé, dont la plupart sont impliqués dans des interactions gène-pour-gène avec les isolats de rouille brune; mais seulement certains de ces gènes *Lr* ont été postulés dans les variétés de blé tendre françaises. Dans un projet FSOV précédent, 15 QTL de résistance ont été identifiés pour expliquer la résistance partielle de 6 variétés de blé tendre (Apache, Tremie, Sideral, LD0017003, PBI04006, Renan; Figure 1).



Figure 1. Feuilles des variétés sensible ECRIN et partiellement résistance LD0017003 après inoculation avec la souche de *P. triticina* BT06M140 (photo de TC Marcel)

« Bulked Segregant Analysis » de 8 gènes *Lr*

Nous avons croisé 8 lignées quasi-isogéniques, portant les gènes de résistance *Lr1*, *Lr3*, *Lr9*, *Lr13*, *Lr14a*, *Lr24*, *Lr28* et *Lr37*, avec la variété récurrente sensible Thatcher. Pour chaque gène, 30 BC₁S₁ sensibles et 30 BC₁S₁ résistantes ont été génotypés en « bulk » sur une puce Affymetrix Axiom 410K .

✓ Identification de marqueurs diagnostiques pour 5 gènes *Lr* (Tableau 1)

Tableau 1. Marqueurs diagnostiques pour 5 gènes *Lr*

Gène	Chr.	Probe	VD ¹	FN ²	FP ³
<i>Lr1</i>	5DL	AX-89495847	99.2 %	5.9 %	5.9 %
		AX-89713092	99.5 %	0 %	5.9 %
<i>Lr3a</i>	6BL	AX-89705828	99.7 %	0 %	3.1 %
		AX-89542260	99.7 %	0 %	3.0 %
		AX-89454213	99.7 %	0 %	2.9 %
<i>Lr9</i>	6BL	AX-89672751	100 %	0 %	0.0 %
		AX-89563490	100 %	0 %	0.0 %
<i>Lr24</i>	3DL	AX-89471973	99.3 %	0 %	8.3 %
		AX-89505010	98.1 %	0 %	26.6 %
<i>Lr28</i>	4AL	AX-89351673	100 %	0 %	0.0 %

¹ Valeur diagnostique du SNP ; ² Pourcentage de faux négatifs ; ³ Pourcentage de faux positifs.

Cartographie fine de 5 QTL de résistance

Nous avons croisé des descendants ne portant l'allèle résistant que pour le QTL ciblé avec le parent sensible (ECRIN ou CHINESE SPRING; Figure 1). Le développement de marqueurs KASP encadrant les QTL a permis d'identifier des individus recombinants (entre 64 et 145 par QTL) que nous avons fixé en BC₁S₂. Ces individus recombinants fixés ont été phénotypés au champ et génotypés par une approche de SNP-seq.

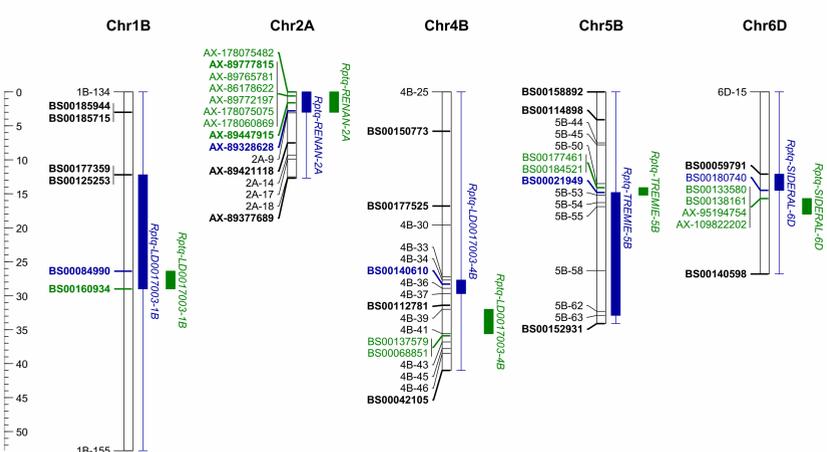


Figure 2. Intervalles de confiance des 5 QTL de résistance avant (bleu) et après (vert) cartographie de précision

✓ Les intervalles de 4 QTL sont réduits à des régions comprises entre 1,23 et 11,19 Mb (Figure 2)

✓ *Rptq-2A* pourrait correspondre à *Lr37*, introduit dans Renan via une petite translocation d'environ 27,28 Mb provenant de *Aegilops ventricosa* (Figure 2)

FSOV 2016 W



Centre d'Etudes Technique pour l'Amélioration des Céréales
C. E. T. A. C.

