

Identification et exploitation de sources de résistance à la rouille jaune chez le Triticale

Valérie LAURENT¹, Annaig BOUGUENNEC², Pierre SOURDILLE², Frédéric CHOULET², Éric DELALEAU³, Frédéric FANTIN⁴, Anthony ROULLIER⁵, Philippe du CHEYRON⁶, Faharidine MOHAMADI⁶, Pierre PIN⁷, Pauline ROBERT⁷, Pascal GIRAUDAU⁷, Karim AMMAR⁸, Christophe JEUDI^{1*}

1 – Florimond Desprez Veuve et Fils, BP 41, 59242 Cappelle en Pévèle

2 – INRAE, UCA, UMR1095 GDEC, 63000, 5 chemin de Beaulieu Clermont-Ferrand, FRANCE

3 – Lemaire-Deffontaines, 180 rue du Rossignol, 59310 Auchy les Orchies

4 – Agri-obtentions URD78, Ferme de Gauvilliers, 78660 Orsonville

5 – RAGT 2n, rue Emile Singla, site de Bourran, 12000 Rodez

6 – Arvalis-Institut du Végétal, 3 rue Joseph et Marie Hackin, 75016 Paris

7 – SECobra, Le Bois Henry, 78580 Maule

8 – CIMMYT INT., carretera Mexico-Veracruz KM45 El Batán, 56237, Texcoco MEXIQUE

*Coordinateur du projet : GIE Triticale

OBJECTIFS

Dans le projet FSOV RJ 2016F, un méta QTL majeur de résistance à la rouille jaune de triticale a été mis en évidence sur le chromosome 6R de 4 populations biparentales. Ce QTL explique à lui seul plus de 52% de la variance phénotypique totale avec l'allèle favorable provenant du parent Vuka. Ce projet FSOV TritiRJ visait à affiner la localisation du QTL de façon à pouvoir l'utiliser plus facilement en sélection. En parallèle, une recherche de nouvelles sources de résistance a été entreprise à partir d'un panel de triticales franco-mexicains évalué en France et au Mexique. Une recherche de GWAS a été menée afin de définir des marqueurs des résistances.

CARTOGRAPHIE FINE DU QTL 6R DE RÉSISTANCE À LA ROUILLE JAUNE DE LA POPULATION KAULOS X VUKA

A. Trois jeux de 96 marqueurs AXIOM du chromosome 6R de Seigle ont été testés par LC 480 et KASPAR sur un set de 8 triticales (Trefl, Vuka, Kaulos, RT10013, SW Talentro, Maximal, 13HT18-13, 16DS11-6-1), 1 seigle (Dankowskie Nowe) et 1 blé (Chinese Spring).

> 67 marqueurs polymorphes sur Kaulos x Vuka ont été obtenus dont 17 au QTL de Kaulos x Vuka.

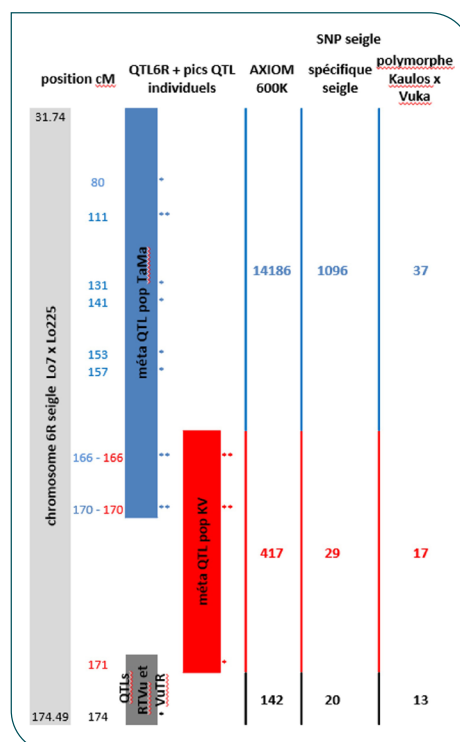
B. Génotypage de 2000 individus G_0 dérivés de l'individu F5 KV934177 hétérozygote au QTL à l'aide de 5 marqueurs : 4 marqueurs du QTL de la population SW Talentro x Maximal (SNP68, SNP132, SNP163 et SNP181) et d'un du QTL de la population Kaulos x Vuka (SNP90).

> Pas de réduction de la taille de l'intervalle du QTL6R.

C. Génération d'une nouvelle population (2500 individus G_1) à partir des 31 individus hétérozygotes aux SNP distaux et génotypage de 320 individus G_2 à l'aide de 25 marqueurs couvrant la partie distale du chromosome 6R.

Les individus recombinants sont très majoritairement de type Vuka, toutefois 3 marqueurs (surlignés en jaune) semblent plus discriminants pour suivre le QTL : SNP273, SNP277, SNP282.

La colocalisation avec le gène de résistance Yr83 laisse supposer que le QTL6R correspond à ce gène.

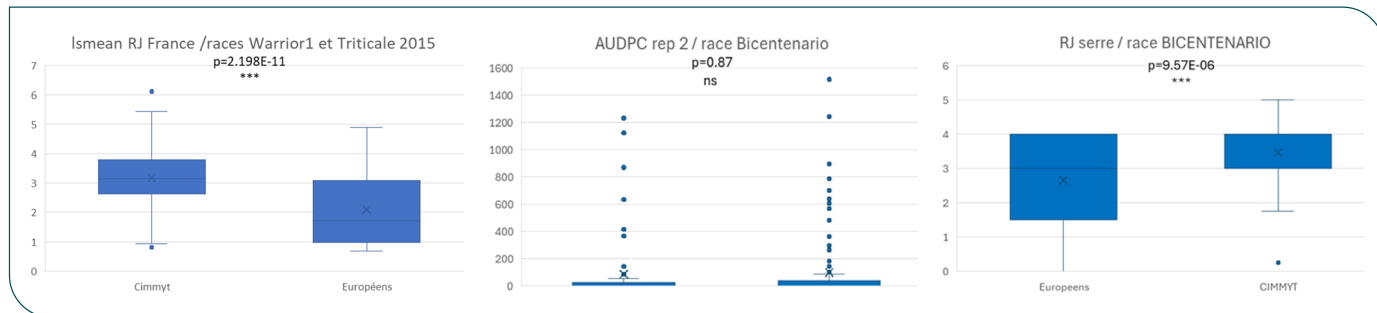


SNP_ID	position cM	chr6R	position Lo7	
SNP33	52.02	Chr6R	470 070 900	
SNP68	91.48	Chr6R	679 616 866	
SNP70	103.88	Chr6R	697 182 834	
SNP72	109.5	Chr6R	712 996 176	
SNP75	117.04	Chr6R	737 517 931	
SNP78	127.76	Chr6R	754 432 240	
			806 Mb	
SNP87	153.27	Chr6R	819 674 428	
SNP248	166.09	Chr6R	864 726 604	
SNP242	166.09	Chr6R	864 731 143	
SNP252	166.09	Chr6R	864 058 335	
SNP257	166.09	Chr6R	864 071 190	
SNP256	166.09	Chr6R	865 155 730	
pics KV et TaMa	166.09	Chr6R	865 173 293	
SNP258	167.31	Chr6R	867 771 520	
SNP260	167.31	Chr6R	867 902 818	
SNP261	168.10	Chr6R	868 228 185	
SNP262	168.50	Chr6R	868 821 200	
SNP267	168.90	Chr6R	869 190 070	
SNP266	168.90	Chr6R	869 519 349	
SNP268	168.90	Chr6R	870 368 182	
pic KV et TaMa	169.70	Chr6R	871 747 182	
SNP273	170.09	chrUn		
SNP275	170.09	chrUn		
SNP276	170.09	chrUn		
SNP90	170.48	chrUn		
SNP277	170.48	chrUn		
SNP278	170.48	chrUn		
SNP279	170.48	chrUn		
SNP280	170.48	chrUn		
SNP281	170.88	Chr6R	872 978 703	
SNP282	170.88	chrUn		
pic KV	171.27			
SNP292	171.67	Chr6R	873 965 702	
SNP294	171.67	Chr6R	874 059 103	
SNP296	174.49	Chr6R	875 379 766	
			881Mb	

RECHERCHE DE NOUVELLES SOURCES DE RÉSISTANCE À PARTIR D'UN PANEL FRANCO - MEXICAIN

141 triticales Européens et 100 génotypes du CIMMYT, type printemps ont été phénotypés au champ dans 6 lieux en France et 1 au Mexique pendant 2 ans. En France les inoculations ont été réalisées avec les races de Pst Warrior 1 et Triticale-2015 ou naturelle et au Mexique avec la race Bicentenario.

Le panel a également été phénotypé au stade juvénile au Mexique avec la race Bicentenario.



Le génotypage a été réalisé avec la puce 30K de TraitGenetics (25K de marqueurs blé et 5K de marqueurs seigle). La GWAS a été réalisée avec le package R GAPIT.

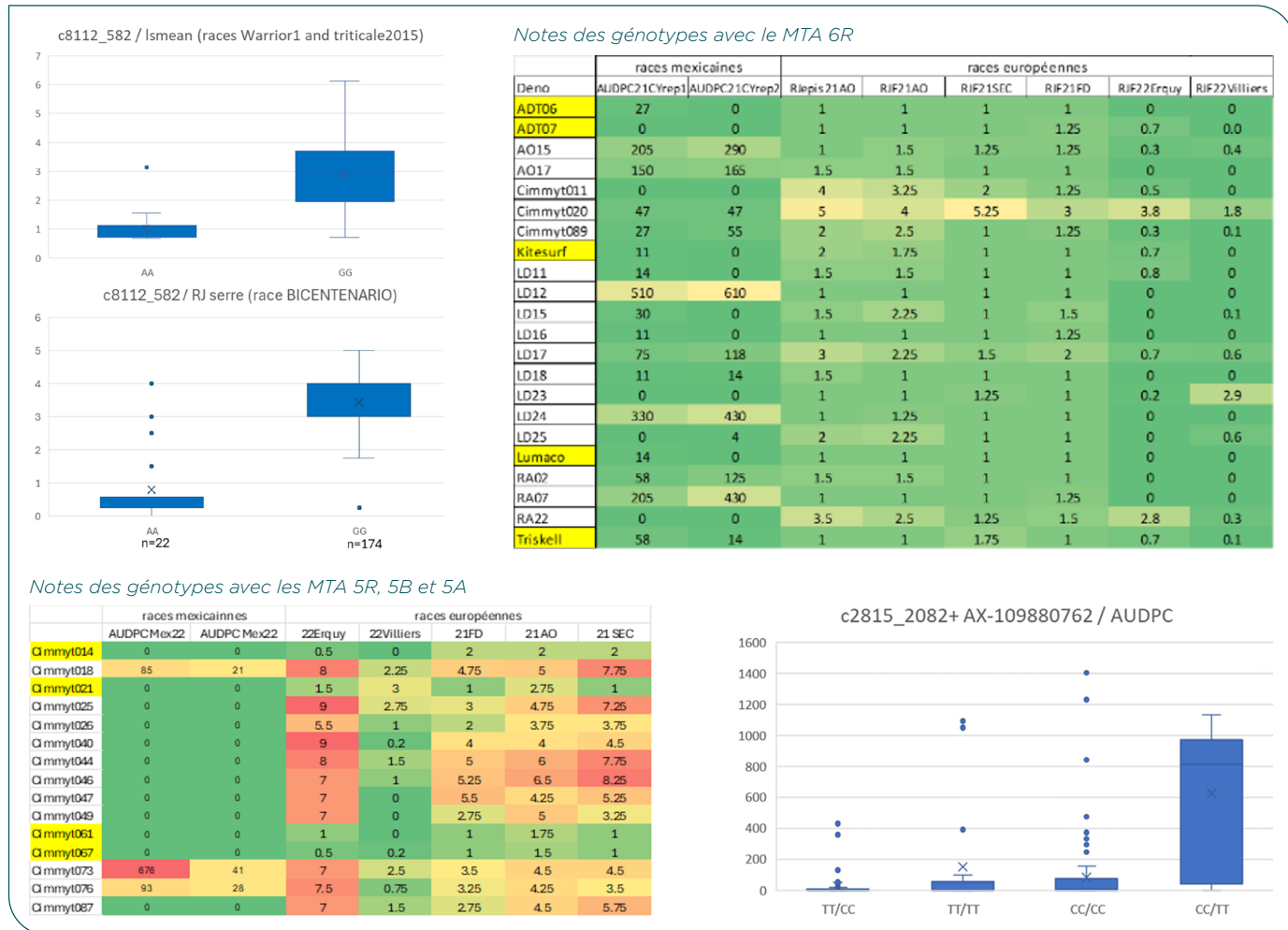
Champs  **France** 1 association majeure correspond au QTL6R. Le marqueur c8112_582 expliquant jusqu'à 30% de la variation phénotypique dans 4 lieux

Mexique en 2022 > 3 MTA : 1 MTA à effet majeur sur le chromosome 5A explique jusqu'à 20.26% de la résistance

> 1 MTA à effet majeur sur le chromosome 5R. Le marqueur c285_2082 explique jusqu'à 23.72% de la résistance.

> 1 MTA à effet moindre sur le chromosome 5B. Le marqueur AX109880762 explique jusqu'à 9.55% de la résistance

Serre  **Mexique** 1 MTA à effet majeur correspond au QTL6R. Il explique jusqu'à 48.44% de la résistance au stade juvénile



CONCLUSION

De nouvelles sources de résistance à la rouille jaune pour le triticale ont été identifiées sur les chromosomes 5A, 5B et 5R. Le QTL6R, qui semble correspondre au gène de résistance *Yr83*, résiste aux races Européennes de *Puccinia striiformis f. sp. tritici* (Pst) aux stades adulte et juvénile. Des SNP de suivi de ces différentes sources de résistance ont été identifiés. Les 2 sources de résistances françaises pour le QTL6R et mexicaines pour les MTA 5A, 5B et 5R ont été pyramidées par croisement et les descendants répartis entre les partenaires du projet.

