

Thierry C MARCEL^{1*}, Laura PAIRE², Faharidine MOHAMADI³, Roula SHAMS¹, Rafika BENBERNOU¹, Ulysse GUILLOTEAU¹, Corentin PICARD¹, Karim AMMAR⁴, Delphine AUDIGEOS³, Cyrille SAINTENAC², GIE Blé Dur⁵

1 - Université Paris Saclay, INRAE, UR BIOGER, Palaiseau, France

2 - Université Clermont Auvergne, INRAE, UMR GDEC, Clermont-Ferrand, France

3 - ARVALIS Institut du Végétal, Station Expérimentale, Boigneville, France

4 - International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), Mexico, D.F., Mexico

5 - G.I.E. Blé Dur, 7 Rue du Coq Héron, Paris, France

*Coordinateur du projet : Thierry C MARCEL, thierry.marcel@inrae.fr

ABSTRACT

La résistance variétale constitue l'un des leviers les plus efficaces et durables pour contrôler les maladies du blé. Parmi les maladies fongiques majeures, la septoriose causée par *Zymoseptoria tritici* et les rouilles causées par *Puccinia triticina* (rouille brune) et *P. striiformis f. sp. tritici* (rouille jaune) sont à la fois les plus fréquentes et les plus dommageables, et nécessitent de nombreux traitements phytosanitaires (Fig. 1). Alors que les gènes de résistance présents dans les variétés de blé tendre (*Triticum aestivum*) ont été largement caractérisés ces dernières années, ceux du blé dur (*T. turgidum*) restent encore peu connus ce qui limite le développement de nouvelles variétés résistantes. Le projet DURABLE vise à cartographier les gènes de résistance présents dans le blé dur, identifier des marqueurs moléculaires facilitant l'introgession de ces résistances dans les programmes de sélection, et comparer les pools génétiques du blé dur et du blé tendre afin d'identifier les QTL les plus pertinents pour l'amélioration variétale.



Figure 1 : Symptômes causés par *Zymoseptoria tritici*, *Puccinia triticina* et *P. striiformis f.sp. tritici*, respectivement, sur feuilles de blé.

IDENTIFICATION DES RÉSISTANCES À LA SEPTORIOSE ET AUX ROUILLES DANS LE BLÉ DUR

Cartographie de QTL dans deux populations recombinantes

Deux anciennes variétés de blé dur italiennes, **Ceedur** et **Trinakria**, ont précédemment été identifiées pour leur résistance à la septoriose et aux rouilles lors d'évaluations au champ. Ces deux variétés ont été croisées avec des variétés sensibles afin de développer des populations recombinantes qui ont été évaluées dans des essais sur plantules en conditions contrôlées et/ou sur plantes adultes au champ entre 2022 et 2025. Six QTL de résistance à la septoriose et trois QTL de résistance à la rouille brune ont été identifiés (Fig. 2).

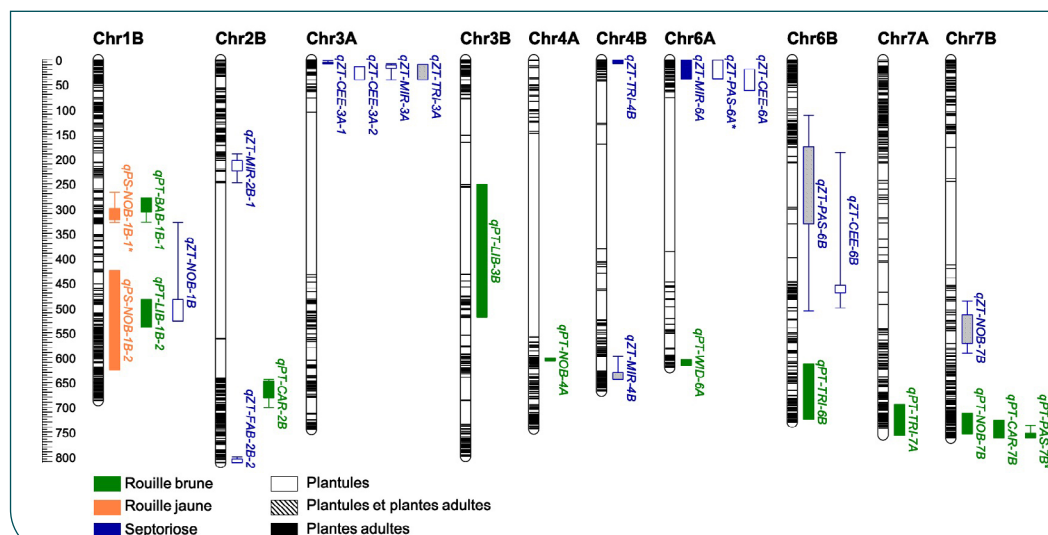


Figure 2 : Carte physique (Chinese Spring Refseq_2.1) de la position des QTL de résistance identifiés dans le blé dur vis-à-vis de trois champignons phytopathogènes dans des essais sur plantules en conditions contrôlées et/ou sur plantes adultes au champ.

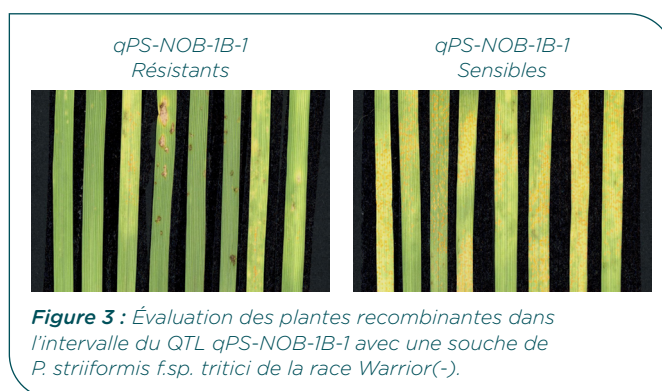
Carte génétique intégrée des QTL de résistance

Les QTL de résistance identifiés dans les deux populations de variétés italiennes (FSOV DURABLE), et dans cinq populations de variétés françaises au cours de projets précédents (CASDAR DUROMAL, FSOV ROUILLE BD-T), ont été projetés sur la carte physique de référence de la variété Chinese Spring :

Au total, **28 QTL de résistance à la rouille jaune (2), à la rouille brune (11) et à la septoriose (15)**, identifiés dans le blé dur, ont été projetés sur le génome de référence Refseq_v2.1 (Fig. 2). Ces QTL sont présents sur 10 des 14 chromosomes du blé dur.

Cartographie de précision de trois QTL de résistance

Trois QTL de résistance précédemment identifiés ont été choisis pour en réaliser leur cartographie génétique de précision : *qZT-PAS-6A* (septoriose), *qPT-PAS-7B* (rouille brune), et *qPS-NOB-1B-1* (rouille jaune). Des marqueurs moléculaires PACE® bordant ces QTL ont permis de cribler des populations BC₁S₂ afin d'identifier des recombinaisons dans l'intervalle de ces QTL : respectivement, 93, 65 et 54 plantes recombinautes ont été identifiées. Ces plantes ont été évaluées pour leur niveau de résistance (Fig. 3), et sont en cours de génotypage sur la puce SNPs Axiom TaBW35K.



MÉTA-ANALYSE DES RÉSISTANCES DU BLÉ À LA SEPTORIOSE

- Dans la littérature scientifique, 454 QTL de résistance à la septoriose ont été répertoriés dans le blé tendre, dont 286 QTL que nous avons projeté sur une carte génétique de référence.
- À partir de ces données, une méta-analyse a permis de définir **35 méta-QTL de haute confiance**, répartis sur 15 des 21 chromosomes du blé tendre (intervalle moyen de 15,6 Mbp).
- Une méta-analyse des QTL identifiés dans le blé dur permettra de comparer les méta-QTLs identifiés entre les deux espèces, et d'aider au développement de marqueurs diagnostics et au choix des QTL de résistance les plus pertinents.

