

Nefer, 10 Mai 2007,
Castelnaudary
Photo Françoise Sibra, Groupe
Coopératif Occitan

Caractérisation de sources de résistance à la rouille brune chez le blé dur



GOYEAU H. ¹, BERDER J. ¹, LACOUDRE F. ², AMMAR K. ³, LOLADZE A. ³,
DUCHALAIS L. ⁴, GOUDEMANT E. ⁶, DESMOUCEAUX N. ⁵, ANDRÉ C. ⁵,
BLANC P. ⁶, GERVAIS L. ⁵, LONNET P. ⁶, LEFÈVRE T. ⁴, ARGILLIER O. ⁵,
ROBERT O. ⁶, LEZIE A. ⁷, POUPARD B. ², OLIVIER A. ⁸



Contexte

- rouille brune sur blé dur en France : écart rendement T-NT = **19%** (16 essais pré-com) 2007 : **80%** dans le Sud Est
- Variétés résistantes :
 - peu nombreuses => **nouvelles sources**
 - déterminisme génétique?
- Contournement des résistances (Nefer en 2000)
- International : peu de données sur la génétique BD

Projet antérieur :

- 2006-2008 Intérêt de l'utilisation d'espèces apparentées au blé dur dans le cadre d'une agriculture durable



Début des études de populations *Puccinia triticina* blé dur
(objectif mise au point outils de phénotypage)

Objectifs

- Introduire de **nouvelles** sources de **résistance** à cette maladie, à caractériser, dans le matériel génétique français
- Mettre en œuvre des **stratégies** permettant d'obtenir une résistance **durable** face à l'évolution des populations de l'agent pathogène
 - Diversification de gènes majeurs
 - Cumul de gènes mineurs

Méthodes

Pathogène

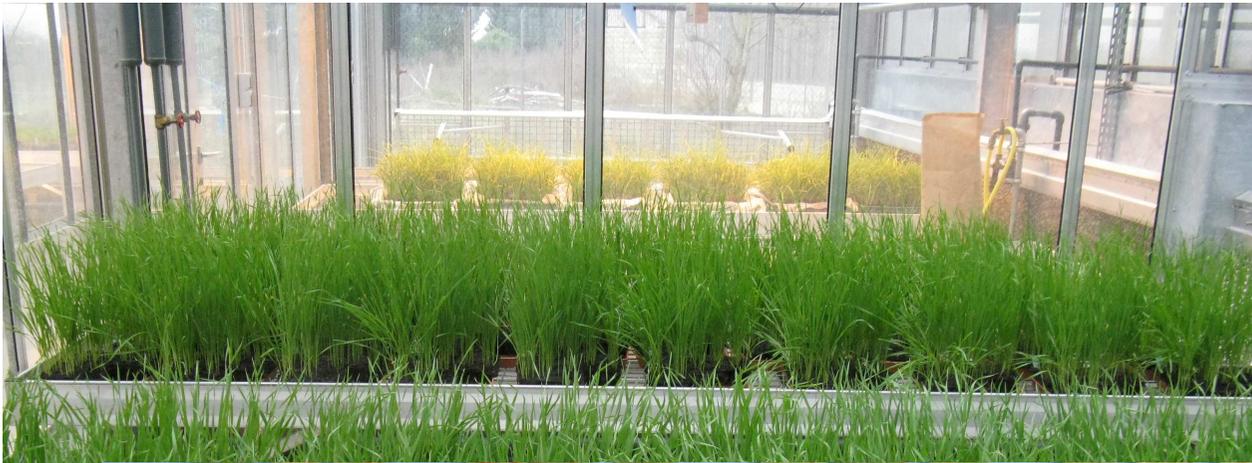
- Mise au point
gamme différentielle
- Suivi des populations

 Outils de phénotypage

Hôte

- Phénotypage germplasm
France + CIMMYT
 - Stade plantule
 - Stade adulte
- Génétique d'association

Phénotypage d'isolats de rouille brune en serre



5 pathotypes

Goyeau, H., Berder, J., Czerepak, C., Gautier, A., Lanen, C., Lannou, C., 2012. Low diversity and fast evolution in the population of *Puccinia triticina* causing durum wheat leaf rust in France from 1999 to 2009, as revealed by an adapted differential set. *Plant Pathology* 61, 761-772.

PHENOTYPAGE

Variétés et lignées françaises
Variétés Européennes et Nord Africaines
Lignées CIMMYT/ICARDA avec gènes majeurs et/ou gènes mineurs

= 184 lignées



Tests plantule en serre
Inoculation avec

Champ, 2009 et 2010

5 pathotypes

4 pathotypes

4 lieux/2 années

2 lieux/4 cycles

 France (INRA)
↓
5 variables

 Mexico (CIMMYT)
↓
4 variables

 France (INRA)
↓
17 variables

 Mexico (CIMMYT)
↓
8 variables

5 variables

4 variables

17 variables

8 variables

Types d'infection

Sévérité Maximum de Maladie
(plusieurs notations indépendantes)

(Sévérité maximum, AUDPC)



34 variables



GENETIQUE D'ASSOCIATION

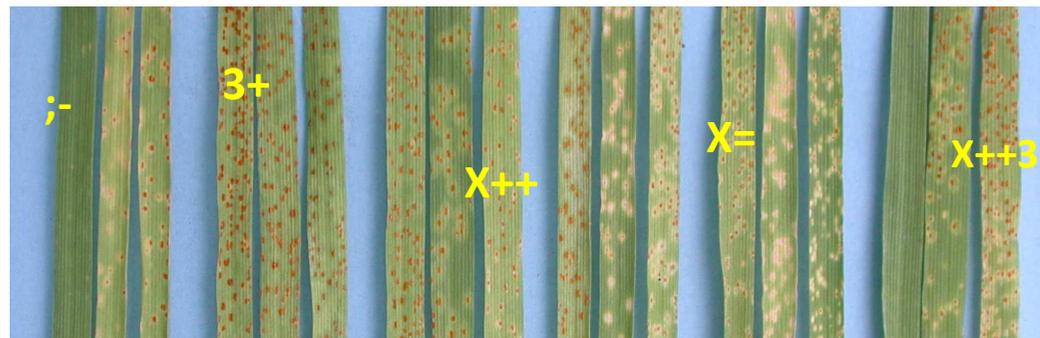
PROFIL DE RESISTANCE DES LIGNEES ET VARIETES

- Types d'infection plantules en serre
- Gènes Lr ou gènes mineurs (info CIMMYT)
- Marqueurs pour Lr14a (*Xgwm 344* and *Xgwm 146*)

GROUPE DE RESISTANCE	PATHOTYPE					number of lines/Cvs
	A	B	C	D	E	
Aucun gène majeur	3+	3+	3+	3+	3+	40
<i>Lr14a</i>	X++	X	3+	3+	X++	38
<i>Lr23</i>	;12	3+	X-	X++3	3+	4
<i>Lr72</i>	;1	3+	;	X++3	3+	19
<i>Lr14a + Lr72</i>	0;	X-	;-	X++3	X++	28
<i>Lr3/Lr19/Lr47</i> ou gène majeur inconnu	;-	;	;-	;	;-	10
Gène majeur inconnu	X+	Y+	X++	X+	X+	7
Lignées CIMMYT avec gènes mineurs	Y++	3+	Y++	X++3	3+	13

Type d'Infection

3+	Sensible
X++3	Mésothétique élevé
X++	Mésothétique Intermédiaire
X--	Mésothétique faible
;	Résistant



Synthèse de l'information du phénotypage serre + champ

Haut niveau de résistance (gènes majeurs)

- 18 lignées avec *Lr3*, *Lr19*, *Lr47*, *Lr61*, *Lr27+31*, *Lr_{Camayo}*
- Cultivars Byblos, Saragolla, Gaza (gènes majeurs non identifiés)

Resistance Quantitative (gènes mineurs)

Sévérité finale au champ 35-60%
39 lignées

Cultivars Acalou, Altar, Arnacoris, Brennur, Lemur, Liberdur, Nautilur, Sachem, Virgilio

Faible résistance quantitative

Sévérité finale au champ 60-70%
15 lines
Cultivar Poulit

Goyeau H, Ammar K, Berder J, 2010. Virulence in *Puccinia triticina* for durum wheat cultivar Creso and other durum wheat cultivars carrying resistance gene *Lr14a* in France. *Plant Disease* 94, 1068.

34 variables



GENETIQUE D'ASSOCIATION

1300 DArT markers

Linear Mixed Model (MLM K+Q)

Analyses indépendantes pour chacune des 34 variables

Analyses indépendantes par 4 partenaires

Cartographie des sources de résistance : 37 DArT markers correspondant à 3 sites

2B

wPt-1064, wPt-6477, wPt-0408

Effet faible

Significatif pour 4 variables seulement

6B

wPt-8059, wPt-7065

Effet faible

Significatif pour 9 variables seulement

7B

wPt-0465, wPt-3700, wPt-9515

Effet fort, significatif dans la plupart des environnements

= **major gene *Lr14a***

contourné en France, efficace au Mexique

Associé à une plus grande sensibilité en France

Sans les lignées *Lr14a*, pour les 80 autres lignées: 23 DArT markers

associés à un effet significatif sur la rouille brune, dont 12 associés à plusieurs variables.

Conclusion - Perspectives

- Mise au point des outils de phénotypage
- Base génétique (gènes *Lr*) dans les principales variétés cultivées en France

- Suivi des populations pathogènes (dynamique)
- Génotyper des sources de R dans le germplasm français
- Collaboration avec le CIMMYT

Remerciements

- **Financement Contrat de Branche Ministère de l'Agriculture 2006–2008 and 2009–2011**