Transfert des gènes de résistance à la cécidomyie dérivant d'Aegilops tauschii (DD) du blé tendre au blé dur

Ferrahi M.

UR Amélioration des Plantes et Conservation des Ressources Phytogénétiques, INRA Meknès, Maroc

Email : mferrahi@hotmail.com

Résumé

Les dégâts causés annuellement par la cécidomyie (Mayetiola destructor, (Say)) sont importants sur blé dur plus particulièrement en zones du semi aride et en cas de semis tardifs en zones du bour favorable. Le transfert des gènes de résistance (H22, H23, H24, et H26) dérivant de l'espèce donatrice du génome D au blé, Aegilops tauschii, a fait l'objet de ce travail. Ces gènes ont été transférés du blé tendre au blé dur par le biais de croisements directs entre ces deux espèces. Il s'agit d'une tentative du transfert des gènes de résistance du génome D du blé tendre aux génomes A ou B du blé dur. Les lignées Langdon disomiques de substitution 5D(5B) on été utilisées lors des croisements en retour (backcross) pour promouvoir l'induction de l'appariement entre les chromosomes du génome D et les chromosomes des génomes A ou B. Les croisements ont été réalisés de telle manière qu'un chromosome du génome A et un chromosome du génome D soit libre pour qu'ils puissent se recombiner et par conséquent réussir le transfert. Lors du transfert des gènes de résistance à la cécidomyie du génome D au génome A, les graines F1 sont échaudées et ont eu un taux de germination très faible. Le problème de chlorose des feuilles a été atténué par la culture de ces plantes F1 dans des conditions plus fraîches. L'évaluation des descendances des plantes F1 (BC1F1) pour leur résistance à la cécidomyie a montré que des transferts ont été réussis. Sur un total de 2053 plantes BC1F1 en ségrégation testées 1132 plantes résistantes ont été sélectionnées. Ce résultat doit être confirmé d'avantage par d'autres techniques de cytogénétique ou de marquage moléculaire (surtout les microsatellites ou SSRs).

Mots clé : Blé dur (Triticum turgidum L.), mouche de Hesse, introgression, résistance génétique

ملخص

إن الخسائر التي تحدثها سنويا ذبابة هيس بالنسبة للقمح الصلب كبيرة جدا، خاصة في المناطق شبه الجافة، والأخص لما يكون الحرث متأخرا. وللحد من هذه الخسائر فقد أخذت هذه الدراسة على عاتقها أن تنقل جينات مقاومة من القمح الطري إلى القمح الصلب، وذلك بواسطة إزواجها. ولما كان الإزواج يؤدي في هذه الحالة إلى «احتراق» البذور وبالتالي إلى إنبات ضعيف، فقد أجريت التجربة في شروط باردة ومن مجموع 2053 نبتة فقد انتقيت 1321 نبتة مقاومة لذبابة هيس. ومن اللازم أن نؤكد هذه النتيجة باستعمال تقنيات أخرى كتقنية SSR.

الكلمات المفتاحية: قمح صلب، ذبابة هيس، مقاومة جينية، إزواج.

Abstract

This study was initiated in order to transfer the Aegilops tauschii-derived Hessian fly, Mayetiola destructor (Say), resistance genes from bread wheat (Triticum aestivum L.) to durum wheat (Triticum turgidum L.). The Aegilops tauschii Hessian fly resistance genes (H22, H23, H24, and H26) were transferred from Triticum aestivum to Triticum durum by direct hybridization, followed by backcrosses with the Langdon disomic substitution lines 5D(5B) in order to induce homoeologous pairing between chromosomes of D genome and chromosomes from A or B genomes of durum wheat. The crosses were carried out in the way to allow pairing between D and A genomes, as it was shown previously that they pair more preferentially as compared to D and B genomes. The results showed that during the transfer of Aegilops tauschii genes, the F1 seeds were very shrivelled and did not germinate easily. This problem was resolved by cultivating the plants in cool conditions in the greenhouse. The F1 progenies (BC1F1) were evaluated for their resistance to Hessian fly, and the results showed that successful transfers were obtained. A total of 2053 BC1F1 plants were evaluated and 1132 plants were resistant. However, this result should be confirmed by using other molecular markers such as microsatellites (SSRs) and advanced cytogenetic techniques. This germplasm, once it is characterized, will offer an expanded genetic base to improve Hessian fly resistance in durum wheat.

Key words: Durum wheat (Triticum turgidum L.), Hessian fly, introgression, genetic resistance

Introduction

Les attaques de la cécidomyie, Mayetiola destructor, engendrent chaque année des pertes de rendement considérables aussi bien sur le blé tendre, Triticum aestivum, que sur le blé dur, T. turgidum, au Maroc comme dans plusieurs parties du monde. La résistance génétique offre le moyen le plus efficace et économique pour contrôler la cécidomyie (Ratcliffe et Hatchett, 1997). Vingt neuf gènes (H1 à H29) ont été identifiés chez les espèces de Triticum/Aegilops, et le seigle (McIntosh et al., 1998), et sont utilisés dans les programmes d'amélioration du blé tendre.

Le mécanisme de résistance est sous forme d'antibiosis dans lequel les larves de l'insecte de première génération meurent juste après qu'elles commencent à se nourrir des plantes possédant le gène de résistance. La relation de gène-pour-gène existe entre la résistance chez le blé et la virulence chez l'insecte. La virulence est conditionnée par des gènes récessifs alors que la résistance chez le blé est conditionnée par des gènes dominants (Hatchett et Gallun, 1970). Comme conséquence de cette relation spécialisée, 16 biotypes de l'insecte (désignés GP (Great Plains) et de A jusqu'à O) ont été isolés à partir du champ. Ils se distinguent par leur habilité à infester des blés avec des gènes spécifiques de résistance.

L'obtention d'une résistance aux maladies et insectes à large spectre et durable est une préoccupation majeure de la plupart des améliorateurs. La pression de sélection qu'exerce la résistance génétique dans les différents systèmes modernes d'agriculture, a forcé les populations d'insectes et pathogènes à muter pour assurer leur survie et surpasser la résistance qui devient ineffective dans quelques années juste après le déploiement de ces gènes (Porter et al., 1997). Dans ces systèmes d'agriculture, la variabilité génétique est drastiquement réduite, ce qui rend les espèces cultivées, comme le blé, plus vulnérable aux stress biotiques. Heureusement, les espèces sauvages et relatives au blé offrent une large diversité qui reste non exploitée (Friebe et al., 1996). L'introduction des gènes d'intérêt économiques de ces espèces avoisinantes au blé cultivé était le but de plusieurs recherches au monde. Ainsi, plusieurs approches ont été proposées pour la production des translocations entre les chromosomes du blé et ceux des espèces relatives. L'obtention des translocations spontanées peuvent apparaître suite à une division des univalents au niveau du centromère, et puis une fusion des différents bras des chromosomes du blé et ceux des espèces relatives issues de cette division. Le transfert des petits segments de chromosome des espèces relatives au blé nécessite souvent des techniques de cytogénétique plus avancées, comme l'induction de l'appariement entre homoeologues ou le traitement par irradiation. Ces techniques sont à l'origine des transferts de plusieurs gènes de résistance aux maladies et insectes des espèces relatives au blé (Friebe et al., 1996).

Un grand nombre de transfert entre chromosomes homoeologues ont été réussis chez le blé tendre (Friebe et al., 1996 ; Sears, 1993), alors que peu de progrès est réalisé chez le blé dur (Ceoloni et al., 1996 ; Luo et al., 1996). Cet handicap est expliqué par la faible capacité de tampon que possède le blé dur par rapport au blé tendre (Ceoloni et al., 1996 ; Joppa, 1993). Les transferts des génomes A et B du blé tendre, Triticum aestivum, peuvent être accomplis par le biais de la recombinaison entre les chromosomes homologues, alors que les transferts du génome D du blé tendre au blé dur nécessite l'utilisation des mutants du gène Ph, respon-

sable de l'inhibition de l'appariement entre homoeologues, pour induire l'appariement entre les chromosomes distants. Luo et al. (1996) ont utilisé deux cycles de recombinaison entre homoeologues pour transférer le gène Kna1 conditionnant la tolérance à la salinité (ratio K+/Na+) du chromosome 4D du blé tendre au chromosome 4B du blé dur. Après le premier cycle de recombinaison, une seule translocation terminale a été obtenue alors que des translocations intercalaires ont été obtenues après le deuxième cycle. Ceoloni et al. (1996) ont transféré le gène de résistance à l'oïdium Pm13 d' Aegilops longissima du blé tendre au blé dur. Les mêmes auteurs ont transféré le gène de résistance à la rouille brune Lr19 de Agropyron elongatum au chromosome 7A du blé dur.

Plus récemment une attention particulière a été donnée au donneur du génome D au blé, Aegilops tauschii Coss. (2n=2x=14, DD), comme source de résistance à plusieurs maladies et insectes du blé (Cox, 1991 ; Gill et Raupp, 1987 ; Hatchett et Gill, 1981). Actuellement cinq gènes de résistance à la cécidomyie (H13, H22, H23, H24, et H26) ont été transférés de Ae. tauschii au blé tendre dans les germplasmes KH81H1640HF, WGRC01, WGRC03, WGRC06, et WGRC26 respectivement. Ces différents gènes offrent une bonne résistance à un large spectre de biotypes de la mouche de Hesse, et peuvent augmenter la durabilité de la résistance s'ils sont déployés d'une manière raisonnable. Dans cette étude on va reporter une tentative de transfert de quatre gènes H22, H23, H24, et H26 du blé tendre au blé dur.

Matériel et méthodes

Matériel végétal

Les différents germplasmes du blé tendre WGRC01 (H22), WGRC03 (H23), WGRC06 (H24) et WGRC26 (H26), et les lignées disomiques de substitution Langdon (LND) pour les chromosomes 1D(1A), LND 6D(6A), LND 3D(3A), LND 4D(4A), et LND 5D(5B) (Joppa, 1993), utilisés dans cette étude sont maintenus par le Centre des Ressources Génétiques du Blé (Wheat Genetics Ressource Center, WGRC) à l'Université d'Etat du Kansas, Manhattan, Kansas, USA. Les gènes H22, H23, H24, et H26 ont été cartographiés sur les chromosomes 1D, 6DS, 3DL, et 4D respectivement (Cox et Hatchett, 1994 ; Raupp et al., 1993). Les parents résistants (WGRC01, WGRC03, WGRC06, et WGRC26) ont été croisés avec les lignées disomiques de substitution LND 1D(1A), LND 6D(6A), LND 3D(3A), et LND 4D(4A), respectivement (Figure 1). Quatre vingt huit croisements ont été réalisés entre les germplasmes résistants et les lignées disomiques de substitution LND pour essayer de transférer ces gènes de résistance à la cécidomyie du génome D du blé tendre au génome A du blé dur. Les plantes de première génération F1 sont disomiques pour un chromosome du génome D (1D pour LND 1D(1A), 3D pour LND 3D(3A), 4D pour LND 4D(4A), et 6D pour LND 6D(6A)), monosomiques pour un chromosome du génome A (1A pour WGRC01, 6A pour WGRC03, 3A pour WGRC06, et 4A pour WGRC26), et finalement monosomiques pour 6 chromosomes du génome D. Ces plantes ont été croisées

en retour avec la lignée LND 5D(5B) qui ne possède pas le gène Ph, pour promouvoir l'appariement entre les chromosomes des génomes A et D.

Les plantes issues de ces croisements ont été plantées dans de petits pots et traitées au froid (10°C pendant 7 semaines) pour satisfaire le besoin en vernalisation. Ces plantes sont ensuite transplantées en serre dans des pots contenant un mélange de sable, sol, et vermiculite. Les températures de la serre ont été maintenues entre 15°C et 25°C le long de l'expérimentation, avec un éclairage supplémentaire pour offrir 16 heures de luminosité. Les plantes F1 ont été croisées en retour comme femelle avec les lignées de substitution LND 5D(5B) pour promouvoir la recombinaison entre les chromosomes homoeologues. 2053 familles ségrégantes BC1F1 ont été testées pour leur résistance à la cécidomyie, et les plantes résistantes sont soit croisées en retour avec les lignées de substitution LND 5D(5B) pour produire la descendance BC2F1 ou autofécondées pour produire la génération BC1F2.

Les analyses cytogénétiques

Les cellules du pollen mère (CPM) ont été collectées dans la première génération F1, et pendant toutes les générations successives pour étudier l'appariement entre les chromosomes des hybrides. Les anthères ont été collectés et fixés dans une solution fixatrice (Ethanol pur et l'acide acétique glacial, 3 :1) pour une semaine à 4°C. Les anthères fixés ont été écrasés dans une solution d'acétocarmine 1%, et l'appariement des chromosomes de métaphase I ont été enregistrés pour au moins 150 CPM de chaque croisement. Le nombre des chromosomes a été noté après coloration à la carmine en utilisant la méthode décrite par Endo et Gill (1984).

Evaluation de la résistance à la cécidomyie

L'évaluation de la résistance à la cécidomyie a été faite selon la méthode de Hatchett et al. (1981) et Friebe et al. (1990). Les plantules ont été évaluées pour leur résistance au biotype L (plus virulent au champ) dans la serre à une température maintenue entre 18 et 24°C le long du test. Les insectes adultes ont été libérés pour pondre les œufs sur des plantes au stade une à deux feuilles pendant 8 heures. Ces plantes ont été examinées après ponte pour évaluer le degré d'infestation par les œufs sur la première feuille. L'évaluation de la résistance a été faite 15 jours après ponte des œufs. Les plantes sensibles se distinguent par leur courte taille et avec une couleur verte foncée, alors que les plantes résistantes ont une couleur normale. Ces plantes résistantes sont examinées pour l'existence de larves mortes au niveau de leur base.

Résultats

Le nombre des chromosomes et l'appariement en métaphase I

Toutes les plantes de première génération F1 ont 35 chromosomes, avec un appariement de 28 bivalents et 7 univalents, ce qui correspond à 6 chromosomes du génome D et un chromosome du génome A (Figure 2). Les graines F1 sont échaudées et ont un pouvoir germinatif faible (moins de 25%). Dans les générations suivantes de croisements en retour, le nombre des chromosomes a varié entre 28 et 40 chromosomes par plante, et la fertilité a été améliorée et plusieurs graines ont été générées après le premier croisement en retour.

Dans la génération BC1F1, 24 familles avaient une ségrégation présentant un excès des plantes résistantes plus que prévu (en principe un ratio de 1 :1 de plantes résistantes aux plantes sensibles est attendu), suggérant que peut être ces familles étaient de bons transferts. Dans le cas où ces plantes ont retenues le chromosome D en entier (chromosome confiant la résistance à la cécidomyie), la transmission ne doit pas dépasser 25%, transmission des univalents pendant la méiose, et par conséquent le ratio des plantes résistantes par rapport aux plantes sensibles ne doit pas dépasser 1 :3.

Transfert de H22 au blé dur

Le croisement entre le parent résistant WGRC01 et le parent sensible LND 1D (1A) a produit environ 90 graines (Tableau 1). Un nombre 16 F1 graines ont été germées et vérifiées cytologiquement avant d'être croisées en retour avec le parent LND 5D (5B). Huit cent BC1F1 ont été produits et ils ont été testés pour leur résistance à la cécidomyie en deux dates de semis (Novembre 1998 et Janvier 1999). Dans la première date de semis, 291 plantes ont été évaluées pour leur résistance à la cécidomyie, et 16 plantes se sont avérées résistantes. Pendant la deuxième date de semis, 385 plantes ont été évaluées pour leur résistance à la mouche de Hesse, et 248 plantes ont été résistantes. Cent douze plantes BC1F1 résistantes ont été retenues pour la génération suivante. Les graines issues de ces croisements en retour sont pleines, et de couleur rougeâtre. Les plantes sélectionnées ont été croisées une deuxième fois avec LND 5D (5B) pour produire BC2F1 et autofécondées pour produire BC1F2. Toutes les graines BC2F1 et BC1F2 sont pleines et de couleur blanchâtre (Tableau 1).

Tableau 1 : Répartition des croisements entre le blé tendre et le blé dur selon la résistance à la cécidomyie de leurs descendances

	N°	F1 Croisement	F1 germées	N° BC1F1	BC1F1 Testées	BC1F1 Résistantes	BC1F1 Sélect.	BC2F1 et B1F2
				Gène				
H22	18	90	16	800	676	264	112	3118
H23	33	165	52	2600	1025	707	387	12680
H24	17	80	10	500	324	154	39	1080
H26	20	10	02	40	28	25	06	19
Total	**88**	**345**	**80**	**3940**	**2053**	**1132**	**544**	**16897**

Cinq familles ont dévié du ratio 1 :1 des plantes résistantes aux plantes sensibles et ceci en faveur des plantes résistantes (voir Tableau 2). La ségrégation a varié de 14 :1 pour la famille 0232 à 5 :1 pour la famille 0231. Deux familles avec des taux de ségrégation élevés ont été choisies pour les analyses cytologiques et pour plus de croisements en retour en vue d'améliorer la fertilité.

Tableau 2 : Répartition des familles BC1F1 en plantes résistantes et plantes sensibles pour le gène H22.

	Nombre de plantes	Ratio R :S
Famille	Résistantes et sensibles	
0226	34 :3	11 :1
0229	28 :5	6 :1
0230	35 :4	9 :1
0231	26 :5	5 :1
0232	27 :2	14 :1
Total	**150 :19**	**8 :1**

Transfert de H23 au blé dur

Trente trois croisements ont été réalisés entre le parent résistant WGRC03 et le parent sensible LND 6D (6A). Ceci a produit 165 graines (Tableau 1). Cinquante deux plantes ont été germées et croisées en retour avec le parent Langdon 5D (5B), où le gène Ph1 est absent pour promouvoir la recombinaison entre homoeologues. 2600 graines BC1F1 ont été produites à partir de ce premier rétrocroisement. Deux dates de semis ont été utilisées pour tester la résistance de ces plantes

BC1F1 à la cécidomyie. Pendant la première date de semis, 494 plantes ont été évaluées pour leur résistance, et 221 plantes se sont avérées très résistantes. Durant la deuxième date de semis, 486 plantes sur 531 plantes testées ont une réaction positive vis-à-vis de la mouche de Hesse.

Trois cent quatre vingt sept (387) plantes résistantes BC1F1 ont été sélectionnées pour la génération suivante. Ces dernières plantes ont été croisées en retour avec LND 5D(5B) pour produire BC2F1 et autofécondées pour produire BC1F2 plantes. Toutes les graines BC2F1 et BC1F2 sont pleines et de couleur blanchâtre.

Deux familles de la première date de semis et 15 de la deuxième ont un excès de plantes résistantes par rapport aux plantes sensibles (Tableau 3). Les taux de ségrégation ont varié de 40 :1 pour les familles 0272 et 0279, et 5 :1 pour la famille 0252. Cinq familles présentant des taux plus élevés de plantes résistantes ont été choisies pour les analyses cytologiques et pour plus de croisement en retour en vue d'améliorer la fertilité.

Tableau 3 : Répartition des familles BC1F1 en plantes srésistantes et plantes sensibles pour le gène H23.

0249	27 :1	27:1
0252	20:4	5:1
0253	25:0	25:0
0254	40:0	40:0
0256	30:1	30:1
0257	34:0	34:0
0259	24:0	24:0
0261	26:0	26:0
0267	16:2	8:1
0271	20:1	20:1
0272	40:1	40:1
0279	40:1	40:1
0284	17:0	17:0
0286	13:0	13:1
0288	10:1	10:0

Transfert de H24 au blé dur

Dix sept croisements ont été réalisés entre le parent résistant WGRC06 et le parent sensible LND 3D (3A). Ces croisements ont produit 80 plantes F1 (Tableau 1). Dix graines ont été germées et croisées en retour avec la parent Langdon 5D(5B), où le gène Ph1 est absent pour promouvoir la recombinaison entre homoeologues, ce qui a produit 500 plantes BC1F1. Deux dates de semis ont été choisies pour évaluer la résistance de ces plantes vis-à-vis de la cécidomyie.

Pendant la première date de semis, 6 plantes sur 157 plantes testées ont montré une bonne résistance à la cécidomyie, alors que durant la deuxième date de semis 148 plantes sur 167 plantes testées a montré une réaction positive vis-à-vis de la cécidomyie. Trente neuf plantes BC1F1 ont été avancées pour la génération suivante. Elles ont été croisées une deuxième fois avec le parent LND 5D (5B) pour produire les plantes BC2F1 et autofécondées pour produire les plantes BC1F2. Toutes les graines BC2F1 et BC1F2 sont pleines et de couleur blanchâtre.

Sept familles BC1F1 dérivant de la deuxième date de semis ont montré un excès de plantes résistantes par rapport aux plantes sensibles (Tableau 4). Les taux de ségrégation ont varié de 17 :1 pour les familles 0237 et 0241, et 7 :1 pour les familles 0238 et 0243. Cinq familles présentant des taux élevés de plantes résistantes par rapport aux plantes sensibles ont été choisies pour les analyses cytologiques et pour plus de croisement en retour en vue d'améliorer la fertilité.

Tableau 4 : Répartition des familles BC1F1 en plantes résistantes et plantes sensibles pour le gène H24.

	Nombre de plantes	Ratio R :S
Famille	Résistantes et sensibles	
0235	17 :2	8,5 :1
0236	26 :1	26 :1
0237	17 :1	17 :1
0238	21 :3	7 :1
0239	12 :1	12 :1
0241	34 :2	17 :1
0243	21 :3	7 :1
Total	**148 :13**	**11 :1**

Transfert de H26 au blé dur

Le parent résistant WGRC26 a été croisé avec le parent sensible LND 4D (4A) en vue de produire la première génération F1. Environ 20 croisements ont été réalisés, et plusieurs plantes F1 sont stériles (Tableau 1). Uniquement 2 plantes F1 ont été croisées en retour avec le parent LND 5D (5B) pour l'induction de l'appariement entre les génomes A et D. Durant la première date de semis, toutes les plantes testées étaient sensibles, alors que pendant la deuxième génération 25 plantes des 28 plantes testées ont été classées résistantes et ont des larves mortes sur les feuilles. Six plantes BC1F1 ont été sélectionnées pour la génération suivante. Ces dernières ont été croisées une deuxième fois avec le parent LND 5D(5B) pour produire la génération BC2F1 et autofécondées pour produire les plantes BC1F2 . Toutes les graines BC2F1 et BC1F2 sont pleines et de couleur blanchâtre.

Uniquement une seule famille (0244, Tableau 5), a été choisie à partir des familles BC1F1 pour l'évaluation cytogénétique et l'avancement dans le programme de croisement pour améliorer la fertilité de l'épi.

Tableau 5 : Répartition des familles BC1F1 en plantes résistantes et plantes sensibles pour le gène H26.

	Nombre de plantes	Ratio R :S
Famille	Résistantes et sennsibles	
0244	25 :3	8 :1
Total	**25 :3**	**8 :1**

Les familles issues des transferts des gènes H22 et H23 ont été évaluées par le biais des marqueurs moléculaires (microsatellites, SSR) dans le cadre d'un autre travail. Ce travail a montré que des translocations ont été générées.

Discussion

Les espèces sauvages et relatives du blé représentent des sources importantes pour le transfert de gènes d'intérêts économiques, comme la résistance aux maladies et insectes. Plusieurs transferts ont été accomplis par le biais des techniques d'irradiation et/ou la technique d'induction de l'appariement entre les chromosomes homoeologues. Cependant, peu de ces transferts ont vraiment contribué au développement des nouvelles variétés, car la majorité d'entre eux sont non compensatoires (Friebe et al., 1996).

Les transferts réalisés chez le blé dur sont faibles si on le compare au blé tendre (Dvorak and Gorham, 1992 ; Dvorak et al., 1994 ; Rao, 1978) . La contrainte majeure reste la faible tolérance du blé dur aux changements dans la balance génétique. L'espèce est plus sensible à l'addition ou la suppression des segments de chromosomes des génomes A ou B.

Les transferts accomplis dans cette étude représentent le deuxième du genre du génome D au génome A. Auparavant, Okamoto et Sears (1962) ont observé un certain degré de préférence d'appariement entre les génomes A et D, et plus récemment Jauhar et al. (1991) ont confirmé qu'il y'a vraiment un très grand degré de préférence d'appariement entre les génomes A et D en l'absence du gène Ph1. L'appariement est détecté entre ces deux génomes dans environ 80% des cas.

La stratégie de transfert consiste à avoir des lignées qui sont doubles monosomiques pour un chromosome du génome A et un autre du génome D, de telle manière à ce que l'induction de l'appariement entre les deux chromosomes homoeologues soit préférentielle. Les mêmes résultats sont attendus dans notre cas, où les plantes F1, issues des croisements entre les parents résistants WGRC (01, 03, 06 et 26) et les parents sensibles Langdon 1D(1A), 3D(3A), 4D(4A), et 6D(6A), ont été croisées avec le parent Langdon 5D(5B), où le chromosome comprenant le

gène Ph1 est absent et par conséquent améliorer la recombinaison entre les chromosomes homoeologues.

Le problème de chlorose qui a surgi pendant le transfert de gènes de résistance à la cécidomyie du blé tendre au blé dur a été atténué par la culture de plantes de première génération F1 dans des conditions fraîches sous serre.

L'appariement des chromosomes en métaphase I de la méiose a été analysé pour les plantes de la génération F1. Les résultats ont montré un appariement de 14 bivalents, faisant intervenir les chromosomes des génomes en commun A et B, plus 7 univalents représentant les chromosomes du génome D, et par conséquent ce résultat atteste l'authenticité des hybrides F1 entre le blé tendre et le blé dur.

Dans cette étude, des transferts ont été réalisés et ont montré des résistances à la mouche de Hesse, mais ils restent à confirmer par d'autres moyens de cytogénétiques (C-banding et hybridation in situ génomique) et par des techniques de marquage moléculaire (RFLP, RAPD, SSR). Ces germplasmes, une fois caractérisés, peuvent offrir une protection au blé dur contre la cécidomyie et élargir la variabilité génétique de cette espèce.

L'utilisation de la technique d'hybridation in situ génomique (GISH) peut être utilisée pour identifier l'existence des translocations entre les chromosomes du génome D d'une part et les chromosomes du génome A d'autre part. L'ADN totale génomique de l'espèce donatrice Aegilops tauschii sera utilisé comme sonde libellée par la fluorescence, et l'ADN du blé dur sera utilisé comme compétiteur. Cette technique permettra de visualiser la chromatide du génome D du blé tendre transférée au génome A du blé dur.

Références bibliographiques

Ceoloni, C., M. Biagetti, M. Ciaffi, P. Forte, and M. Pasquiri. 1996. Wheat chromosome engineering at the 4x level: the potential of different alien gene transfers into durum wheat. Euphytica 89: 87-97.

Cox, T.S., and J.H. Hatchett. 1994. Hessian fly-resistance gene H26 transferred from Triticum tauschii to common wheat. Crop Sci. 34: 958-960.

Cox, T.S. 1991. The contribution of introduced germplasm to the development of U.S. wheat cultivars. In: Use of plant introductions in cultivar development, Part 1 (Spec Publ no. 17). Madison, Wisconsin: Crop Science Society of America; 24-47.

Dvorak, J., M.M. Noaman, S. Goyal, and J. Gorham. 1994. Enhancement of the salt tolerance of Triticum turgidum L. by the Kna1 locus transferred from Triticum aestivum L. chromosome 4D by homoeologous recombination. Theor Appl Genet 87: 872-877

Dvorak, J., and J. Gorham. 1992. Methodology of gene transfer by homoeologous recombination into Triticum turgidum: transfer of K+/Na+ discrimination from Triticum aestivum. Genome 35: 639-646.

Endo, T.R., and B.S. Gill. 1984. Somatic karyotype, heterochromatin distribution, and nature of chromosome differentiation in common wheat, Triticum aestivum L. em Thell. Chromosoma 89: 361-369.

Friebe, B., J.H. Hatchett, R.G. Sears, and B.S. Gill. 1990. Transfer of Hessian fly resistance from 'Chaupon' rye to hexaploid wheat via a T2BS·2RL wheat-rye chromosome translocation. Theor Appl Genet 79: 385-389.

Friebe, B., J. Jiang, W.J. Raupp, R.A. McIntosh, and B.S. Gill. 1996. Characterization of wheat-alien translocations conferring resistance to diseases and pests: current status. Euphytica 91 : 59-87.

Gill, B.S., B. Friebe, and T.R. Endo. 1991. Standard Karyotype and nomenclature system for description of chromosome bands and structural aberrations in wheat (Triticum aestivum). Genome 34: 830-839.

Gill, B.S., and W.J. Raupp. 1987. Direct genetic transfers from Aegilops squarrosa L. to hexaploid wheat. Crop Sci 27: 444-450.

Hatchett, J.H., and R.L. Gallun. 1970. Genetics of the ability of the Hessian fly, Mayetiola destructor, to survive on wheats having different genes for resistance. Ann Entomol Soc Am 63 : 1400-1407.

Hatchett, J.H., and B.S. Gill. 1981. D-genome sources of resistance in Triticum tauschii to Hessian fly. J Hered 72 : 126-127.

Hatchett, J.H., T.J. Martin, and R.W. Livers. 1981. Expression and inheritance of resistance to Hessian fly in synthetic hexaploid wheats derived from Triticum tauschii (Coss) Schmal. Crop Sci 21 : 731-734.

Jauhar, P.P., O. Riera-Lizarazu, W.G. Dewey, B.S. Gill, C.F. Crane, and J.H. Bennett. 1991. Chromosome pairing relationships among the A, B, and D genomes of bread wheat. Theor Appl Genet 82: 441-449.

Joppa, L.R. 1993. Chromosome engineering in tetraploid wheat. Crop Sci 33(5) : 908-913.

Luo, M-C, Dubcovsky, S. Goyal, and J. Dvorak. 1996b. Engineering of interstitial foreign chromosome segments containing the K+/Na+ selectivity gene Kna1 by sequential homoeologous recombination in durum wheat. Theor Appl Genet 93 : 1180-1184.

McIntosh, R.A., G.E. Hart, K.M. Devos, M.D. Gale, and W.J. Rogers. 1998. Catalogue of gene symbols for wheat. In A.E. Slinkard (ed.) Proc 9th Intl Wheat Genet Symp. SK. University Extension Press, University of Saskatchewan, Saskatoon, SK.

Okamoto, M., E.R. Sears. 1962. Chromosomes involved in translocations obtained from haploids of common wheat. Can J Genet Cytol 4 : 24-30.

Porter, D.R., J.D. Burd, K.A. Shufran, J.A. Webster, and G.L. Teetes. 1997. Greenbug (Homoptera: Aphididae) biotypes : selected by resistant cultivars or preadapted opportunists ? J. Econ. Entomol. 90(5): 1055-1065.

Ratcliffe, R.H., and J.H. Hatchett. 1997. Biology and genetics of the Hessian fly and resistance in wheat. New developments in Entomology, pp : 47-55.

Rao, P.M.V. 1978. The transfer of alien genes for stem rust resistance to durum wheat. P. 338-341. In Proc. Intl. Wheat Genet. Symp, 5Th, New Delhi, India.

Raupp, W.J., A. Amri, J.H. Hatchett, B.S. Gill, D.L. Wilson, and T.S. Cox. 1993. Chromosomal location of Hessian fly-resistance genes H22, H23, and H24 derived from Triticum tauschii in the D genome of wheat. J Hered 84(2) : 142-145.

Sears, E.R. 1993. Use of radiation to transfer alien segments to wheat. Crop Sci 32 : 897-901.