



Inheritance studies of apple scab resistance and identification of Rvi14, a new major gene that acts together with other broad-spectrum QTL

Submitted by Vanessa Souffle... on Wed, 03/25/2015 - 12:00

Titre	Inheritance studies of apple scab resistance and identification of Rvi14, a new major gene that acts together with other broad-spectrum QTL
Type de publication	Article de revue
Auteur	Soufflet-Freslon, Vanessa [1], Gianfranceschi, L. [2], Patocchi, Andrea [3], Durel, Charles-Eric [4]
Editeur scientifique	Francki, Michael [5]
Editeur	NRC Research Press
Type	Article scientifique dans une revue à comité de lecture
Année	2008
Langue	Anglais
Date	18 July 2008
Numéro	8
Pagination	657-667
Volume	51
Titre de la revue	Genome
ISSN	0831-2796
Mots-clés	genetic mapping [6], Major gene [7], <i>Malus x domestica</i> [8], Quantitative resistance [9], <i>Venturia inaequalis</i> [10]
Résumé en anglais	<p>Scab, caused by the fungal pathogen <i>Venturia inaequalis</i>, is the most common disease of cultivated apple (<i>Malus domestica</i>). The fungal races 6 and 7 have now overcome the major resistance gene Vf, which is widely used in apple breeding programmes. New breeding strategies to achieve durable resistance are thus necessary. The aim of this study was to determine the genetic basis of quantitative resistance of the apple cultivar 'Du"lmener Rosenapfel', known to be scab resistant under different environmental conditions. An F1 progeny derived from the cross between the susceptible cultivar 'Gala' and 'Du"lmener Rosenapfel' was tested in a greenhouse with a multi-isolate inoculum of <i>V. inaequalis</i>.</p> <p>Rvi14, a new major gene that conditions a chlorotic-type reaction, was mapped on linkage group (LG) 6 in a genomic region not known to be involved in disease resistance. A further three quantitative trait loci (QTL) for resistance were identified. One co-localized with Rvi14 on LG6, whereas the remaining two were detected on LG11 and LG17, in genomic regions already reported to carry broad-spectrum QTL in other genetic backgrounds. Since a selective genotyping approach was used to detect QTL, an expectation-maximization (EM) computation was used to estimate the corrected QTL contributions to phenotypic variation and was validated by entire progeny genotyping.</p>

Résumé en français

La tavelure, causée par le champignon pathogène *Venturia inaequalis*, est la maladie du pommier cultivé (*Malus domestica*) la plus répandue. Les races 6 et 7 du champignon ont maintenant contourné le gène majeur de résistance Vf, largement utilisé dans les programmes d'amélioration du pommier. De nouvelles stratégies d'amélioration sont alors nécessaires en vue d'une résistance durable. Le but de cette étude était d'étudier le déterminisme génétique de la résistance quantitative de la variété de pommier 'Dülmener Rosenapfel', connue pour être résistante à la tavelure dans différentes conditions environnementales. Une descendance F1 issue du croisement entre la variété sensible 'Gala' et 'Dülmener Rosenapfel' a été testée en serre avec un inoculum multi-souches de *V. inaequalis*. Un nouveau gène majeur, Rvi14, déterminant une réaction de type chlorotique, a été localisé sur le groupe de liaison (GL) 6 dans une région génomique pas encore connue pour être impliquée dans la résistance aux maladies. Trois QTL (« quantitative trait loci ») de résistance ont été identifiés. Un a co-localisé avec Rvi14 sur le GL6 alors que les deux autres ont été détectés sur le GL11 et le GL17, dans des régions génomiques déjà connues pour porter des QTL à large spectre dans d'autres fonds génétiques. Les QTL ayant été détectés par génotypage sélectif, leur contribution à la variation phénotypique a été corrigée par maximum de vraisemblance; cette méthode corrective a ensuite été validée par le génotypage de la population entière.

URL de la notice

<http://okina.univ-angers.fr/publications/ua9144> [11]

DOI

10.1139/G08-046 [12]

Titre abrégé

Genome

Liens

- [1] <http://okina.univ-angers.fr/v.soufflet/publications>
- [2] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[author\]=11935](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[author]=11935)
- [3] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[author\]=12077](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[author]=12077)
- [4] <http://okina.univ-angers.fr/c.durel/publications>
- [5] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[author\]=16146](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[author]=16146)
- [6] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=14730](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=14730)
- [7] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=12060](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=12060)
- [8] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=12279](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=12279)
- [9] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=12062](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=12062)
- [10] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=12058](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=12058)
- [11] <http://okina.univ-angers.fr/publications/ua9144>
- [12] <http://dx.doi.org/10.1139/G08-046>

Publié sur *Okina* (<http://okina.univ-angers.fr>)