



Orge

FSOV 2020 N

Identification des pathogènes fongiques, du risque maladie et des facteurs génétiques de résistance pour une gestion intégrée et durable de l'helminthosporiose de l'orge

- **Date de Début :** 1^{er} Novembre 2020
- **Durée du Programme :** 42 mois (3,5 ans)
- **Budget proposé :** 602 492,00 €
- **Aides FSOV :** 418 910,60 € (70%)

- **MOTS CLEFS :** adaptation au milieu / ecophysiologie / phénotypage / stress abiotiques / plasticité / fertilité épi / tallage / variabilité génétique

● RÉSUMÉ DU PROGRAMME

L'orge est la seconde céréale à paille cultivée en France avec une surface d'environ 1.9 millions d'hectares et une production moyenne de 12 millions de tonnes. Cette céréale, aux nombreux débouchés et économiquement importante pour l'agriculture française, est soumise à différents stress abiotiques et biotiques qui limitent la production. Les maladies cryptogamiques sont nombreuses, souvent spécifiques à l'orge et difficiles à phénotyper du fait de nombreux symptômes confondants. En France, la maladie fongique la plus fréquente et nuisible est l'helminthosporiose, notamment sur orge d'hiver. Les principaux moyens de lutte contre cette maladie sont la lutte chimique et la lutte génétique malgré l'observation d'une érosion de la résistance de certaines variétés très cultivées.

Cette maladie est causée par un complexe d'espèces du genre *Pyrenophora* et *Cochliobolus*. Au sein du genre *Pyrenophora*, trois taxa sont responsables de l'helminthosporiose (*au sens large du terme*) : *P. teres f. teres* responsable de la forme « réseaux » (*Net form of Net Blotch : NFNB*), *P. teres f. maculata* responsable de la forme « taches » (*Spot form of Net Blotch : SFNB*), *P. graminea* responsable des « stries de l'orge ». Une quatrième espèce, *Cochliobolus sativus*, est également décrite comme agent causal de l'helminthosporiose (« *spot blotch* »). Hormis *P. graminea* qui est un agent pathogène transmis par la semence et causant des symptômes typiques, les trois autres taxa causent des symptômes assez proches et facilement confondus au champ. Même si *P. teres f. teres* est supposée être la forme prédominante en France, aucune étude n'a été conduite ni pour caractériser précisément le complexe d'espèces ni les ressources génétiques disponibles vis-à-vis de ces différentes espèces. Ces connaissances sont pourtant fondamentales pour identifier et développer des résistances durables contre l'helminthosporiose de l'orge afin de disposer d'un levier génétique efficace pour sa gestion intégrée.

Le projet HELMO, regroupera les compétences d'ARVALIS - Institut du végétal, de l'UMR BGPI et de l'ensemble des sélectionneurs d'orge français autour de 3 actions complémentaires et structurantes. La première action consistera à caractériser finement le complexe d'espèces et les populations pathogènes (fréquence, structure des populations, diversité pathotypique), étape primordiale pour l'analyse du risque et le développement de résistance variétale efficace. La seconde action aura pour objectif d'évaluer, en conditions contrôlées et au champ, la

résistance variétale d'un panel d'orge d'hiver comprenant 89 variétés inscrites au catalogue officiel et 200 accessions représentatives de la diversité génétique de la collection nationale (*CASDAR COLNATOR*) et préalablement génotypées (*CASDAR RHYNO*) afin d'identifier des sources de résistance et de bâtir des modèles de prédiction basés sur des marqueurs génétiques. La dernière action consistera à développer un indicateur de risque lié à l'helminthosporiose prenant en compte des facteurs climatiques et agronomiques dont la sensibilité variétale. Il servira d'outil d'aide à la décision afin d'éviter des traitements fongicides systématiques en raisonnant la lutte chimique selon le risque réel.

Ainsi, ce projet a pour objectif de fournir un ensemble de connaissances permettant de combiner des moyens de lutte pour une gestion intégrée de l'helminthosporiose.

● PERSPECTIVES DE RÉSULTATS OU DE VALORISATION

- Génomes de référence et données de polymorphisme dans des bases de données publiques. Nouvelles connaissances taxonomiques sur les mycètes causant l'helminthosporiose.
- Outils moléculaire (*qPCR*) d'identification des quatre taxons causant l'helminthosporiose. Cartographie des taxons présents en France, de leur structure génétique et typologie des symptômes.
- Méthode de phénotypage en conditions contrôlées et inventaire de la diversité pathotypique des différentes espèces.
- Caractérisation de la résistance à l'helminthosporiose lato sensu d'un large panel d'accessions d'orge d'hiver.
- Article scientifique de méta-analyse de QTL, de génétique d'association et de modélisation basée sur des marqueurs génétiques de la résistance à *Pyrenophora sp.*
- Marqueurs KASPAR à disposition de l'ensemble des partenaires pour cribler le matériel de sélection.
- Intégration des meilleurs modèles de prévision de risque helminthosporiose à DFE (*modèle 1 ou 2*) dans la plateforme d'intégration des modèles ARVALIS en vue d'une valorisation ultérieure dans des outils d'aide à la décision.
- Prototypage d'outil d'aide à l'intervention sur helminthosporiose (*modèle 3*).

● COMITÉ DE PILOTAGE

- Monsieur Romain VALADE (*ARVALIS - Institut du végétal*)
- Madame Steffi ROUX (*ARVALIS - Institut du végétal*)
- Monsieur Pierre GLADIEUX (*INRAE - UMR BGPI*)
- Monsieur Thierry BOUTHILLIER (*ASUR Plant Breeding*)
- Madame Ellen GOUEMAND-DUGUE (*Florimond-Desprez Veuve et Fils*)
- Monsieur Jean-François HERBOMMEZ (*KWS MOMONT*)
- Monsieur Éric GILLARD (*LEMAIRE DEFFONTAINES*)
- Madame Sophie CAPON (*Limagrain Europe*)
- Monsieur Mathieu TISON (*RAGT 2n*)
- Madame Amélie GENTY (*SECOBRA Recherches*)
- Monsieur Édouard TATARA (*Syngenta France SAS*)
- Monsieur Guillaume ROULLET (*Unisigma*)
- Monsieur Julien CONSTANT (*SEMAE*)