

# Validation de gènes de résistance à la fusariose et évaluation de leur impact sur le rendement

Olivier ROBERT\*<sup>1</sup>, Laurent GUERREIRO<sup>3</sup>, Valérie LAURENT<sup>1,2</sup>, Katia BEAUCHENE<sup>3</sup>, Eric MARGALE<sup>2</sup>, Philippe LONNET<sup>1</sup>

\* **Coordinateur** : Olivier ROBERT<sup>1</sup>, olivier.robert@florimond-desprez.fr, Tél. : 03 20 84 94 90

1 - BIOPLANTE - Florimond Desprez - 3 rue Florimond Desprez, BP 41, 59242 Cappelle en Pévèle

2 - BIOPLANTE - Serasem - 60 rue Léon Beauchamp, BP 45, 59933 La Chapelle d'Armentières

3 - ARVALIS - Institut du végétal - 3 rue Joseph & Marie Hackin, 75116 Paris

## 1. Introduction

La fusariose de l'épi est une maladie du blé provoquée par plus de 17 espèces de champignons du genre *Fusarium* dont la plus fréquente en France est *F. graminearum*. Cette maladie peut provoquer des diminutions de 30 à 70% du rendement, une diminution de la qualité des grains produits, de la faculté germinative des semences et peut entraîner une contamination de la récolte par des mycotoxines comme les trichothécènes (déoxynivalénol (DON), nivalénol (NIV) et leurs dérivés) et la zéaralénone (ZON). Ces mycotoxines nocives pour la santé de l'homme et des animaux font l'objet de dépôts de normes de teneur maximales dans différents pays. Ainsi, la nouvelle norme déposée pour l'alimentation humaine par la communauté européenne fixe une teneur maximale autorisée en DON allant de 1250 ppb dans les grains du blé tendre jusqu'à 200 ppb pour l'alimentation du nourrisson. Bien que le blé tendre ne soit pas la plus sensible des céréales à paille, on observe sur cette espèce des attaques pouvant conduire à des teneurs, en mycotoxines dans les grains, supérieures à la norme.

Pour cette maladie, utiliser des traitements fongicides et gérer les résidus de culture (pour éviter un enrichissement du milieu en inoculum) sont des techniques de lutte possibles. Cependant, la solution la plus économique, non polluante et qui s'inscrit dans le cadre d'une agriculture durable, est l'utilisation de variétés ayant un haut niveau de résistance durable.

Pour obtenir rapidement de nouvelles variétés résistantes à la fusariose, les sélectionneurs peuvent utiliser de nouvelles sources de résistance ou bien des sources de résistances déjà connues. La démarche d'identification de nouvelles sources de résistance et de marqueurs qui leurs sont liés est en cours d'application, grâce à un financement du Fonds de Soutien à l'Obtention Végétale qui a offert la possibilité à Bioplante, Arvalis et le PRI de collaborer sur ce sujet. Avant d'engager des sources de résistance déjà connues dans d'importants cycles de sélection assistée par marqueurs, il faut valider l'intérêt des QTL de résistance à la fusariose en observant leurs effets dans d'autres fonds génétiques et en vérifiant que le transfert de ces QTL n'est pas accompagné d'effet négatif sur d'autres caractères comme le rendement. C'est cette deuxième approche que nous avons appliquée dans ce programme.

Actuellement, il existe quelques variétés "exotiques" dont le niveau de résistance est intéressant et pour lesquelles des marqueurs moléculaires liés aux gènes (QTL) de résistance ont été identifiés. Ainsi plusieurs QTL de résistance ont été identifiés dans la variété Sumai3 (Ban et Suenaga (2000) ; Anderson *et al.* (2001)). Le niveau de résistance de cette variété est un des meilleurs et sa résistance peut être qualifiée de

durable. En effet, cette variété est toujours cultivée sur de très grandes surfaces en Chine, dans des régions où la fusariose est très présente (Prof. Dazhao YU, communication personnelle) et sa résistance n'est toujours pas contournée. D'autres variétés (Fundulea F201R, Frontana, Renan...) sont également reconnues pour leur bon niveau de résistance à la fusariose (Gervais *et al.* (2003) ; Shen *et al.* (2003) ; Steiner *et al.* (2004)).

L'utilisation de QTL de résistance identifiés dans ces variétés semble être une stratégie intéressante pour obtenir des variétés résistantes à la fusariose, puisque les variétés utilisées présentent une résistance efficace et durable contre la fusariose. Cependant, le transfert, par rétrocroisements assistés par marqueurs, des QTL de résistance dans des variétés actuelles, ne s'accompagne pas toujours d'une augmentation de leur niveau de résistance à la fusariose. De plus, le transfert, par croisements, de ces QTL de résistance, est souvent accompagné d'autres gènes qui peuvent avoir un effet positif ou négatif sur d'autres caractères comme le rendement. Il est donc important d'évaluer l'intérêt du transfert de ces QTL par une étude de l'effet de ces QTL sur le niveau de résistance en fonction du fonds génétique dans lequel ils ont été introgressés et par l'observation de l'incidence de l'introgression de ces QTL de résistance sur le rendement du matériel étudié.

Ainsi, les objectifs de ce programme étaient quadruples :

- **Valider l'intérêt des QTL de résistance à la fusariose** en vérifiant que les QTL transférés dans différents fonds génétiques ont encore un effet positif sur la résistance à la fusariose (lignées avec un ou plusieurs QTL) et en mesurant l'impact de chaque QTL (ou en cumul) sur le niveau de résistance
- **Mesurer l'impact du transfert de ces QTL sur le rendement et le poids spécifique** en vérifiant que le transfert des QTL de résistance par rétrocroisements assistés par marqueurs n'est pas accompagné de gènes néfastes pour le rendement. Ces résultats ainsi que ceux obtenus sur le niveau de résistance devaient permettre de définir le ou les QTL de résistance à utiliser préférentiellement pour obtenir de nouvelles variétés résistantes à la fusariose
- **Améliorer l'efficacité de la méthode de rétrocroisements grâce aux marqueurs moléculaires** : En théorie, il faut 4 croisements (BC<sub>3</sub>) pour retrouver 93,7% du fond génétique de la lignée récurrente. Quels sont les effets sur le rendement, la résistance et le phénotype selon le nombre de rétrocroisements ? Est-ce que le suivi du fond génétique avec des marqueurs moléculaires apporte un plus quantifiable ? (sur des BC<sub>1</sub>, BC<sub>2</sub> et BC<sub>3</sub>)
- **Obtenir du matériel végétal résistant à la fusariose** ayant des caractéristiques proches des variétés françaises

actuelles tout ayant intégré des sources de résistance à la fusariose "exotiques". Le matériel obtenu sera ainsi plus facilement utilisable en sélection et les résultats de ce programme amélioreront l'efficacité de la sélection pour l'obtention de nouvelles variétés résistantes à la fusariose.

## 2. Matériel et méthodes

### ► Matériel végétal

Les sources de résistance à la fusariose sont la variété roumaine Fundulea 201R et deux descendants de Sumai3 (CM82036 et ND2710). Les géniteurs avec de bonnes caractéristiques agronomiques sont les variétés Roysac et Apache ainsi que la lignée de Florimond Desprez FD02130. La variété Apache est une variété qui présente un bon niveau de résistance à la fusariose.

Quatre types de croisement ont été réalisés pour cette étude :

- Fundulea 201R rétrocroisé par Roysac
- CM82036 rétrocroisé par FD02130.3.1
- Fundulea 201R rétrocroisé par FD02130.3.1
- ND2710 rétrocroisé par Apache (Un problème de stérilité n'a pas permis d'obtenir des grains BC<sub>1</sub> à contre-saisons et ce sont les grains F<sub>2</sub> qui ont été utilisés pour débiter le programme).

Le matériel végétal était au stade BC<sub>1</sub> ou F<sub>2</sub> lors de la première année du programme. Le transfert a été effectué par rétrocroisements assistés par marqueurs avec obtention de 2 générations par an. A la fin du programme, le matériel le plus avancé était constitué de plantes BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub> (sauf pour le croisement avec Apache : BC<sub>2</sub>S<sub>3</sub>). Les plantes testées au champ par Bioplante étaient soit des BC<sub>1</sub>S<sub>1</sub> (2<sup>nd</sup> année), soit des BC<sub>3</sub>S<sub>1</sub> (3<sup>ème</sup> année). Arvalis a utilisé les générations suivantes (BC<sub>1</sub>S<sub>2</sub> et BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub>) sous forme de bulks pour les tests de résistance, rendement et poids spécifique.

### ► Marquage moléculaire

Les marqueurs utilisés pour sélectionner les plantes avec les QTL sont Barc8 (QTL1B de F201R), STS3B66 et Barc133 (*Fhb1* Sumai3 (QTL3BS)) et gwm304 (QTL5A Sumai3).

Pour le suivi du fonds génétique, 150 SRR sélectionnés en fonction de leur position chromosomique ont été testés sur les parents des croisements pour identifier les marqueurs polymorphes. Les marqueurs SSR polymorphes ont été testés sur les différentes générations obtenues avec les croisements ND2710/Apache (16 SSR en BC<sub>1</sub>, 19 SSR + 5 SSR sur le chromosome 3BS en BC<sub>2</sub>) et CM82036/FD02130 (16 SSR + 5 SSR sur le chromosome 3BS + 3 SSR sur le chromosome 5A en BC<sub>1</sub>, BC<sub>2</sub> et BC<sub>3</sub>).

### Génotypage des plantes pour la constitution des bulks

Les ADN des 360 plantes BC<sub>1</sub>S<sub>1</sub> ont été génotypés avec les marqueurs liés aux QTL de résistance. Les épis récoltés ont été regroupés en fonction de leur typage moléculaire en 4 groupes : 0 QTL, 1 QTL (3B ou 5A) ou 2 QTL (3B et 5A) pour les descendants de Sumai3 et en 2 groupes pour les descendants de F201R (0 ou QTL1B) pour chaque parent receveur.

Les bulks utilisés pour la dernière année de test au champ étaient constitués de plantes BC<sub>1</sub>S<sub>3</sub> et BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub>. Dix bulks constitués de la descendance de 360 plantes BC<sub>1</sub>S<sub>1</sub> et 10 bulks constitués de la descendance de 212 plantes BC<sub>3</sub>S<sub>1</sub> ont été analysés au champ.

### ► Tests au champ

#### Test de résistance

Les tests de résistance à la fusariose ont été effectués sur les lignées BC<sub>1</sub>S<sub>1</sub> à Cappelle en Pévèle et sur les bulks BC<sub>1</sub>S<sub>3</sub> et BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub> à La Minière.

Pour les tests de résistance effectués à Cappelle en Pévèle, une suspension de spores de *F. graminearum* a été pulvérisée sur les épis à floraison. Deux contaminations ont été effectuées à une semaine d'intervalle afin de contaminer des lignées qui auraient eu une floraison un peu plus tardive. Un système d'irrigation a été utilisé pour favoriser le développement de la maladie en maintenant une humidité importante dans le champ.

La contamination des bulks BC<sub>1</sub>S<sub>3</sub> et BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub> à La Minière a été naturelle.

La notation des symptômes sur les épis a été effectuée à Cappelle en Pévèle à 450°J avec une échelle de 1 à 9 (1: résistant - 9 : sensible) tandis qu'à La Minière, le nombre d'épillets infectés par épi a été compté.

#### Évaluation du rendement et du poids spécifique

L'évaluation du rendement et du PS des bulks a été effectuée chez Arvalis en parcelle d'essais à La Minière. Des répétitions ont été mises en place lorsque la quantité de semence le permettait et les parents ont également été testés comme témoins (sauf ND2710).

## 3. Résultats et discussion

### ► Évaluation de l'impact du transfert de QTL sur le niveau de résistance à la fusariose

L'effet des QTL3BS (*Fhb1*) et QTL5A a été évalué avec une contamination naturelle sur les bulks des croisements ND2710/Apache et CM82036/FD02130 (Figure 1 a et b). La variété Apache montre un excellent niveau de résistance.

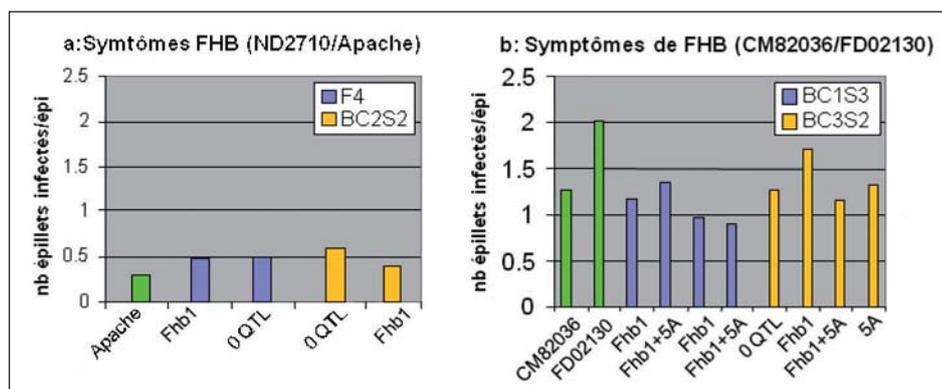


Figure 1 : Évolution du nombre d'épillets infectés par épis dans les bulks des croisements ND2710/Apache et CM82036/FD02130 en contamination naturelle.

Les lignées issues du croisement ND2710/Apache ont un niveau de résistance équivalent ou légèrement moindre (Figure 1a). Comme les deux parents du croisement ont un excellent niveau de résistance, il est difficile d'évaluer l'impact du transfert de *Fhb1* dans Apache : l'apport de *Fhb1* pour la résistance ne semble toutefois pas apporter de résistance supplémentaire dans une variété résistante comme Apache.

CM82036 a un niveau de résistance supérieur à FD02130 (Figure 1b). Ce niveau de résistance est un peu décevant, sachant que cette lignée est considérée comme une des plus résistantes et qu'elle possède les 2 QTL de Sumai3. Les bulks du croisement CM82036/FD02130 montrent moins de symptômes que la lignée FD02130 voire CM82036 (pour les BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub>). Il est probable que les 2 QTL ont un petit effet sur la résistance lorsqu'ils sont transférés dans une lignée sensible comme FD02130 au contraire du transfert dans une variété résistante.

La faible pression de maladie obtenue sur les bulks ne permet pas de conclure avec certitude sur l'effet du gène *Fhb1* ou du QTL5A sur la résistance à la fusariose des variétés sensibles. De plus la pression naturelle de fusariose n'a peut être pas été homogène, ce qui permettrait d'expliquer que le bulk BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub> sans les 2 QTL (0 QTL) présente un niveau de résistance meilleur que celui du bulk avec *Fhb1*.

L'effet du QTL1B a été évalué avec une contamination naturelle sur les bulks des croisements F201R/Roysac et F201R/FD02130 (Figure 2 a et b).

La variété F201R montre un niveau de résistance nettement plus élevé que la lignée FD02130 mais équivalent à Roysac qui est une variété sensible. Comme les parents et les bulks du croisement avec Roysac n'ont pratiquement pas de

symptômes (Figure 2b), ce résultat prouve que la pression de fusariose n'a pas été suffisante pour permettre d'évaluer correctement les niveaux de résistance.

Tous les bulks du croisement avec FD02130 ont niveau de résistance moyen ou supérieur au parent sensible (Figure 2a). Le niveau de résistance des bulks BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub> est identique avec ou sans le QTL1B, ce qui laisse supposer que le QTL1B n'est pas efficace pour améliorer le niveau de résistance au contraire d'autres facteurs présents dans F201R (Shen *et al.* 2003).

Le QTL1B ne semble donc pas apporter un niveau de résistance intéressant, même si nous avons confirmé que l'utilisation de F201R en croisement permet d'améliorer sensiblement le niveau de résistance de la descendance. Trois autres QTL de F201R ont été publiés, mais l'absence de polymorphisme des marqueurs associés n'a pas permis de les utiliser dans les croisements étudiés. Une autre hypothèse sur l'absence de différence de résistance entre les bulks BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub> avec et sans QTL 1B est que le marqueur Barc8 n'est pas assez lié au QTL 1B et ne présente pas d'intérêt en SAM.

Des résultats obtenus en parallèle de ce programme FSOV sur des plantes BC<sub>1</sub>S<sub>1</sub> issues d'une vingtaine de croisements et contaminées artificiellement (Figure 3) ont permis de compléter les notations précédentes et de révéler plus clairement les effets des QTL qu'avec les bulks en condition d'inoculation naturelle. L'analyse de ces 304 lignées a révélé que le QTL 5A et le QTL1B n'ont pas (ou peu) d'effet pour améliorer le niveau de résistance des lignées dans lesquelles ils ont été transférés. Le QTL3B (*Fhb1*) permet d'améliorer plus efficacement le niveau de résistance que les deux autres QTL et cet effet est accentué par la présence du QTL5A (même si le niveau de résistance atteint, n'est pas celui des parents donneurs Sumai3, ND2710 ou CM82036).

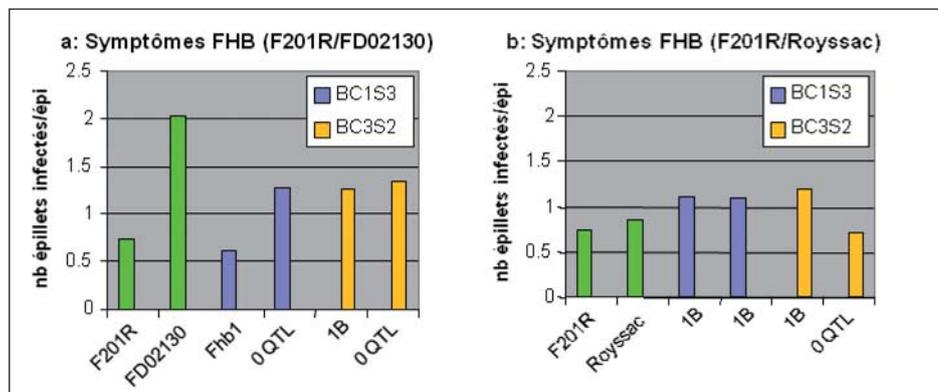


Figure 2 : Évolution du nombre d'épillet infectés par épis dans les bulks des croisements F201R/FD02130 et F201R/Roysac en contamination naturelle.

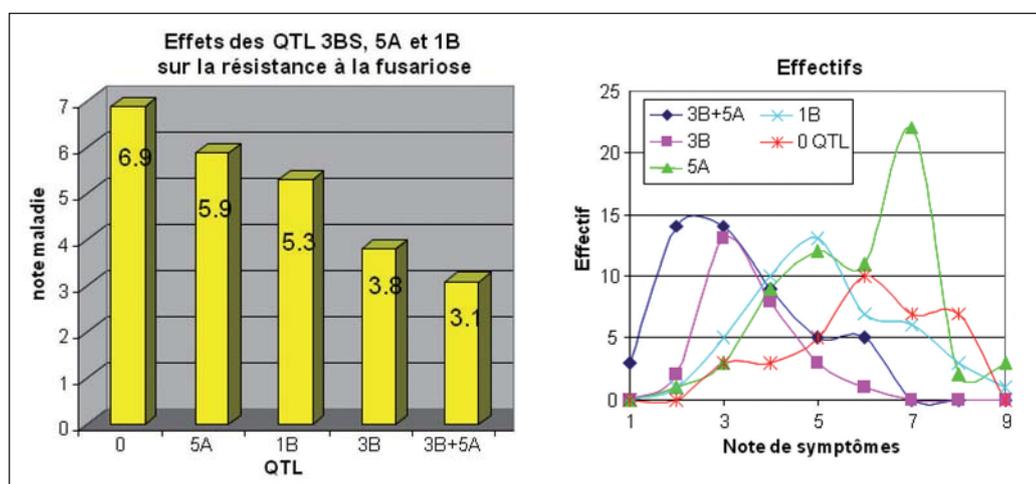


Figure 3 : Effet des QTL 3BS (*Fhb1*), A et 1B sur la résistance à la fusariose des descendants de 24 croisements et effectif des individus dans chacune des classes.

## ► Évaluation de l'impact du transfert de QTL sur le poids spécifique (PS)

Dans les 2 croisements, ND2710/Apache et CM82036/FD02130, les parents exotiques ont un meilleur PS que les variétés françaises Apache et FD02130 (Figure 4).

Jusqu'en BC<sub>1</sub>, le fonds génétique des parents donneurs ND2710 ou CM82036 (25% du fonds génétique du parent donneur) semble suffisant pour maintenir le PS du parent donneur. Mais, une diminution du PS est observée à mesure que le nombre de rétrocroisements augmente : en BC<sub>2</sub> (12,5% du fonds génétique du parent donneur) ou en BC<sub>3</sub>, le PS des lignées est au niveau de celui du parent receveur (Apache ou FD02130). D'autre part, il n'y a pas d'effet des QTL3BS (*Fhb1*) et 5A sur le PS, les bulks avec et sans QTL ayant le même PS.

La lignée F201R a un PS supérieur de 4 points à celui de FD02130 et de 6 points à celui de Roysac (Figure 5). Comme précédemment, dans les 2 croisements, le fonds génétique du parent donneur améliore le PS dans la descendance. Les bulks BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub> avec le QTL1B ont un PS supérieur à celui sans QTL. Ce QTL1B a peut être un effet positif, mais il est plus probable qu'un facteur favorable au PS soit situé sur le même bras chromosomique que le QTL1B (voir lié à ce QTL) et que nous ayons maintenu ce facteur favorable de F201R dans la

descendance en sélectionnant les plantes avec le QTL. En effet le PS dépend de la compacité de l'épi qui elle-même joue un rôle dans la résistance à la fusariose (Shen, Ittu *et al.* 2003).

D'autre part, la différence importante entre les bulks BC<sub>1</sub>S<sub>3</sub> et BC<sub>2</sub>S<sub>3</sub> du croisement F201R/FD02130 montre que d'autres facteurs favorables au PS sont présents à d'autres endroits du génome de F201R et que ceux-ci ont été perdus à mesure que le fonds génétique de F201R a été éliminé par rétrocroisements.

## ► Évaluation de l'impact du transfert de QTL sur le rendement

Ni le gène *Fhb1*, ni le QTL5A ne semblent avoir d'effet négatif sur le rendement lorsqu'ils sont transférés par rétrocroisements dans la lignée FD02130 alors qu'un effet négatif est observé pour le transfert de *Fhb1* dans Apache (Figure 6). Il est possible que la variété Apache (au contraire de FD02130) ait un facteur favorable pour le rendement sur le chromosome 3BS, que nous éliminons lorsque *Fhb1* est transféré (lié en répulsion).

Pour les 2 croisements, les bulks des lignées avancées (BC<sub>2</sub>S<sub>2</sub> ou BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub>) ont un meilleur rendement que les bulks des générations précédentes (F<sub>4</sub> ou BC<sub>1</sub>S<sub>3</sub>) alors que le fonds génétique de ces dernières est plus proche du parent récurrent à haut rendement (Apache ou FD02130).

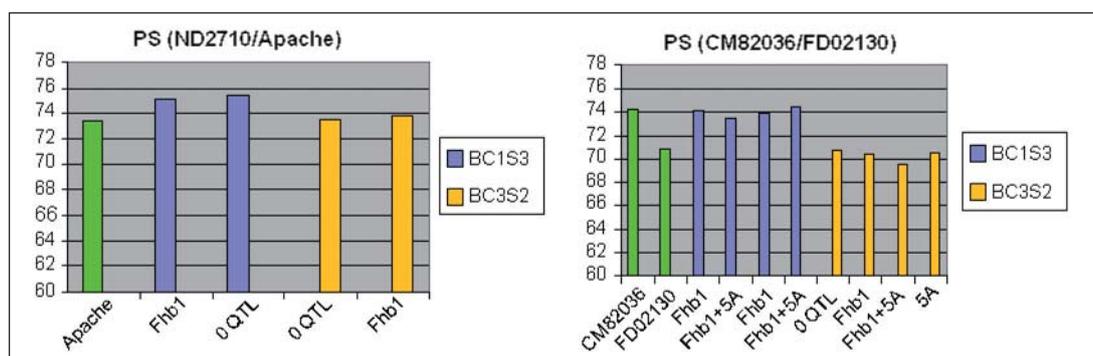


Figure 4 : Évolution du ps en fonction de la présence des QTL 3BS et 5A.

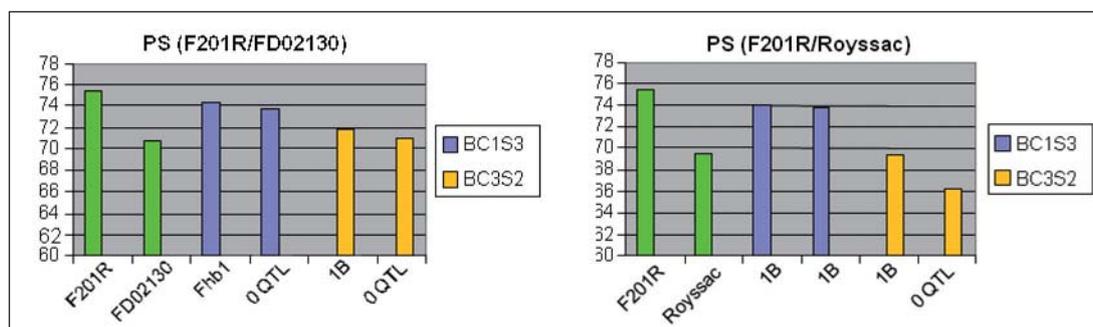


Figure 5 : Évolution du ps en fonction de la présence du QTL 1B.

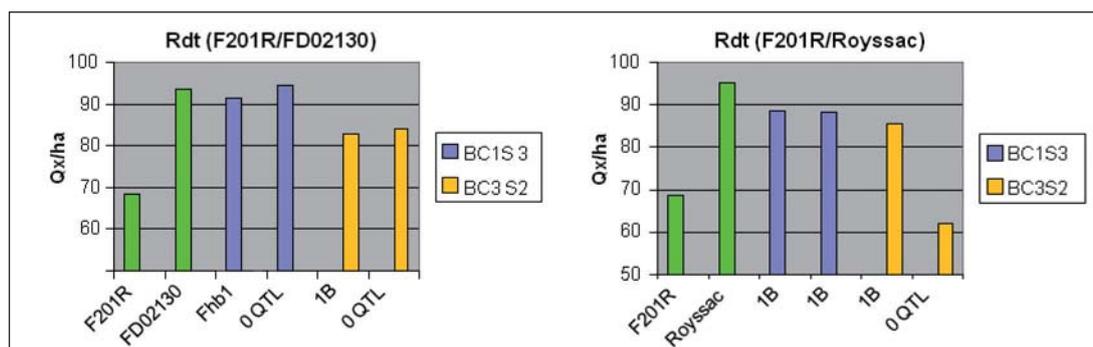


Figure 6 : Évolution du rendement en fonction de la présence du gène *Fhb1* et du QTL 5A.

Le rendement des variétés françaises est nettement supérieur à celui des variétés exotiques (+ 25Qx/ha) F201R (Figure 7) et CM82036 (Figure 6). Le transfert du QTL1B ne semble pas avoir d'effet négatif, ni dans la lignée FD02130, ni dans Roysnac. Il est à noter que tout comme avec le croisement ND2710/Apache, le rendement diminue avec le nombre de rétrocroisements effectués avec le parent à haut rendement. Le bulk BC<sub>3</sub>S<sub>2</sub> du croisement F201R/Roysnac sans le QTL1B (0 QTL) a un rendement très faible qui est probablement dû à un accident environnemental.

### ► Évolution du fonds génétique lors des rétrocroisements

**ND2710/Apache** : Il est intéressant de constater que les pourcentages observés (Figure 8) correspondent en moyenne à la théorie (75% en BC<sub>1</sub> et 87,5% en BC<sub>2</sub>), mais que ce pourcentage varie considérablement d'un individu à l'autre tant en BC<sub>1</sub> (69 à 93%) qu'en BC<sub>2</sub> (83 à 95%). Ainsi, grâce aux

marqueurs, il est possible de retenir une plante avec 93% du fonds génétique du parent récurrent dès la BC<sub>1</sub> (Figure 9) : c'est-à-dire avec presque deux générations d'avance (BC<sub>3</sub> = 93,7% attendu) ! Il est à noter que la plante BC<sub>1</sub> qui a donné les descendance BC<sub>2</sub> avait 75% des marqueurs d'Apache. L'observation des marqueurs du chromosome 3B, porteur de *Fhb1* par rapport aux marqueurs des autres chromosomes, montre clairement que le chromosome 3B a un pourcentage de marqueurs d'Apache plus faible que le reste des chromosomes. Ainsi en BC<sub>1</sub>, le pourcentage moyen de marqueurs d'Apache pour le chromosome 3B n'est que de 56% (variant de 50 à 75%) alors que celui des autres chromosomes est de 67% (70% à 100%). En BC<sub>2</sub>, le pourcentage moyen de marqueurs d'Apache pour le chromosome 3B n'est que de 58% (variant de 50 à 80%), alors que celui des autres chromosomes est de 100%. Les 100% observés indiquent que le nombre de marqueurs utilisés n'est pas assez élevé pour rester discriminant en BC<sub>2</sub>. Ces résultats prouvent que la sélection du gène *Fhb1* de ND2710 entraîne une forte contre sélection du chromosome 3B d'Apache.

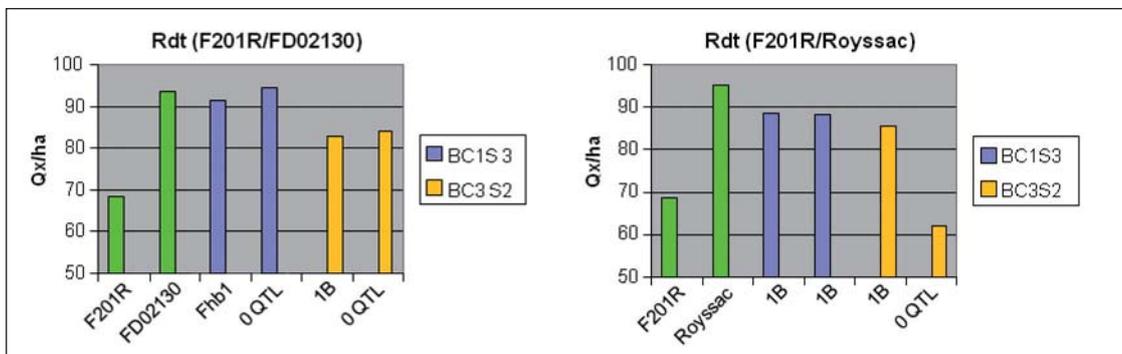


Figure 7 : Évolution du rendement en fonction de la présence du QTL 1B.

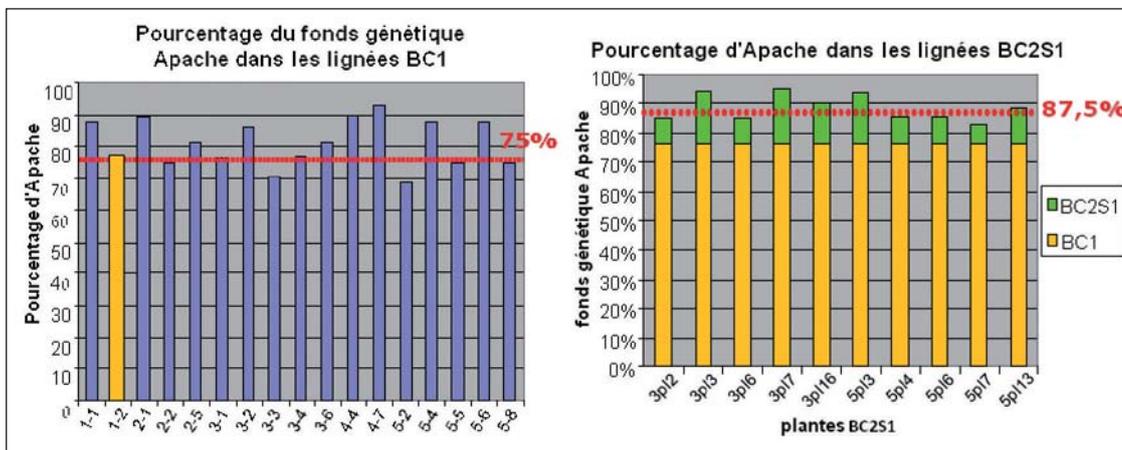


Figure 8 : Représentation graphique du pourcentage d'Apache dans le fonds génétique des lignées BC<sub>1</sub> et BC<sub>2</sub>S<sub>1</sub>.

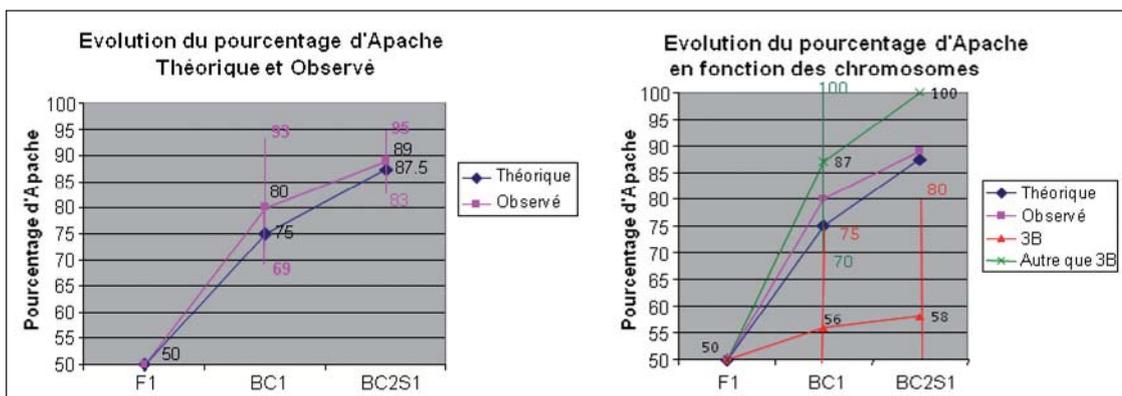


Figure 9 : Représentation graphique du pourcentage d'Apache dans le fonds génétique en fonction du niveau de rétrocroisements.

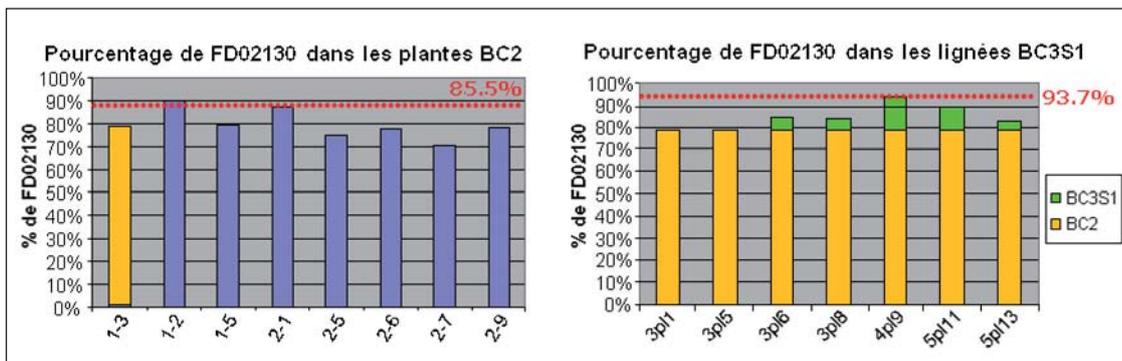


Figure 10 : Représentation graphique du pourcentage de FD02130 dans le fonds génétique des lignées BC<sub>1</sub> et BC<sub>2</sub>S<sub>1</sub>.

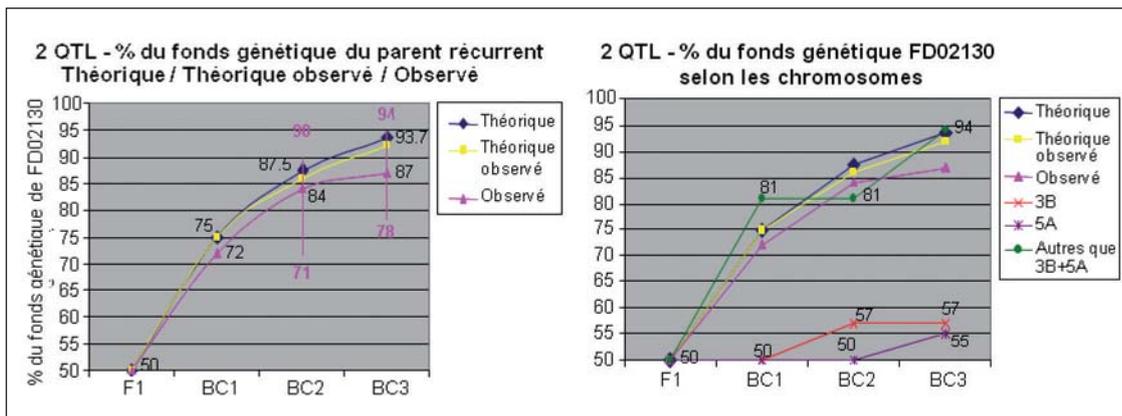


Figure 11 : Représentation graphique du pourcentage de FD02130 dans le fonds génétique en fonction du niveau de rétrocroisements.

Pour CM82036/FD02130, en BC<sub>2</sub> (Figure 10), le pourcentage moyen de FD02130 observé parmi les plantes avec *Fhb1* et QTL5A est de 84% (théorie = 87,5%) avec une variation importante entre les individus (71 à 90%). En BC<sub>3</sub>, le pourcentage moyen est de 87% (théorie = 93,75%) avec une variation importante entre les individus (78 à 94%).

Ce pourcentage moyen est plus faible qu'avec ND2710/Apache, puisqu'il est quasi identique à celui observé une génération plus tôt avec ND2710/Apache. Ceci s'explique par le fait que dans ce croisement, 2 chromosomes (3B et 5A) sont contre sélectionnés : ils ont en BC<sub>3</sub> des pourcentages de marqueurs de FD02130 inférieurs à 60% contre en moyenne 94% pour les autres chromosomes. Sans l'aide des marqueurs du fonds génétique, il est probable que les plantes avec les 2 gènes n'atteindront sans doute jamais plus de 90% du fonds génétique FD02130 même si elles sont issues de nombreux rétrocroisements (Figure 11).

## 4. Conclusions

### Validation de l'intérêt du transfert des QTL *Fhb1*, QTL5A et QTL1B dans des lignées ou variétés pour augmenter leur niveau de résistance à la fusariose.

La faible pression de la maladie en inoculation naturelle n'a pas permis pas de confirmer les résultats obtenus en inoculation artificielle. De plus, le fait de travailler avec des bulks composés d'un mélange d'individus, dont 50% ne possèdent pas le QTL, a rendu l'observation et l'interprétation du niveau de résistance encore plus délicates. Cependant, il ressort de cette étude que le QTL1B a peu d'effet sur la résistance, même si le parent donneur (F201R) est un bon géniteur. Il est probable que les autres QTL de résistance présents dans cette variété présentent plus d'intérêt mais, dans notre cas, ils n'étaient

pas transférables, car les marqueurs liés ne sont pas polymorphes pour les croisements étudiés. Le gène *Fhb1* (ou QTL3BS) semble améliorer la résistance d'une lignée sensible comme FD02130, mais pas d'une variété résistante comme Apache. L'effet de ce gène dépendrait donc du fonds génétique dans lequel il a été introduit. Le QTL5A semble renforcer l'effet du *Fhb1*, mais n'a pas d'effet seul.

### Incidence de l'introgession des QTL *Fhb1*, QTL5A et QTL1B sur le rendement et le poids spécifique des grains.

Il apparaît clairement que le QTL1B n'a pas d'effet négatif sur rendement et semble améliorer le poids spécifique des grains d'une variété avec un faible PS (Roysac). Nous pouvons supposer que le facteur qui permet l'augmentation du PS est étroitement lié au QTL1B de résistance à la fusariose, car l'augmentation du PS est liée à la diminution de la compacité de l'épi qui explique, elle-même, une part de la résistance à la fusariose. Le gène *Fhb1* pourrait avoir un effet négatif sur le rendement en fonction du fonds génétique dans lequel il a été transféré. Il est possible que ce gène *Fhb1* entre en compétition avec un facteur favorable au rendement (qui serait présent dans la variété Apache) qui se situerait dans la même zone sur le chromosome 3BS.

### Amélioration de l'efficacité du transfert des QTL *Fhb1*, QTL5A et QTL1B.

L'observation à posteriori du fonds génétique des plantes rétrocroisées, et en particulier du chromosome porteur du gène, a permis de montrer que l'utilisation des marqueurs du fonds génétique permet de gagner du temps (probablement jusqu'à 2 générations) en améliorant l'efficacité des rétrocroisements malgré le nombre restreint de marqueurs utilisés. En fonction de l'objectif recherché, il faudra donner plus d'importance au suivi du chromosome porteur du QTL transféré ou à celui des

autres chromosomes. Pour obtenir des lignées quasi isogéniques, il faut sélectionner préférentiellement les chromosomes porteurs des gènes ou QTL qui portent les plus grandes recombinaisons du parent récurrent alors que pour une utilisation en sélection, il faut garder de la diversité. L'introgression de gènes exotiques dans une variété élite doit se terminer en BC<sub>2</sub> (sans suivi du fonds génétique) ou en BC<sub>1</sub> (avec suivi du fonds génétique) si l'objectif est d'utiliser le gène dans des croisements.

### **Obtention de matériel végétal intéressant vis-à-vis de la fusariose.**

Le matériel obtenu a besoin d'être testé de nouveau pour confirmer les niveaux de résistance. Cependant, plusieurs lignées semblent être très prometteuses comme géniteurs pour des croisements. Elles permettront au sélectionneur, d'utiliser ces facteurs de résistance à fusariose plus facilement qu'en utilisant les lignées exotiques.

## **Références bibliographiques**

**Anderson J.,** Stack R., Liu S., Waldron B., Fjeld A., Coyne C., Moreno-Sevilla B., Mitchell Fetch J., Song Q., Cregan P. and Froberg R. (2001). "DNA markers for fusarium head blight resistance QTLs in two wheat populations." *Theor Appl Genet* 102: 1164-1168.

**Ban T. and Suenaga K.** (2000). "Genetic analysis of resistance to Fusarium head blight caused by Fusarium graminearum in Chinese wheat cultivar Sumai 3 and the Japanese cultivar Saikai 165." *Euphytica* 113: 87-99.

**Gervais L.,** FDedryver F., Morlais J.Y., Boduseau V., Negre S., Bilous M., Groos C. and Trottet M. (2003). "Mapping of quantitative trait loci for field resistance to Fusarium head blight in an European winter wheat." *Theor Appl Genet* 106: 961-970.

**Shen X. R.,** Ittu M. and Ohm H.W. (2003). "Quantitative trait loci conditioning resistance to Fusarium head blight in wheat line F201R." *Crop Sci* 43: 850-857.

**Steiner B.,** Griesser M., Lemmens M., Scholz U. and Buerstmayr H. (2004). "Molecular mapping of resistance to Fusarium head blight in the spring wheat cultivar Frontana." *Theor Appl Genet* 109: 215-224.