

# Introduction dans le blé de variabilité génétique à partir d'*Aegilops tauschii*

GIE Club5, 83, avenue de la Grande Armée, 75782 Paris cedex 16

INRA UMR Amélioration des Plantes & Biotechnologies Végétales 35650 Le Rheu

INRA UMR BIOGER – BP01, 78850 Thiverval – Grignon

INRA UMR UBP – 234 av. du Brezet, 63000 Clermont Ferrand

## Introduction

L'amélioration génétique ne peut être envisagée que si les sélectionneurs disposent d'un réservoir de variabilité suffisant. Dans le cas du blé tendre qui est allohexaploïde ( $2n=42$ , AABBDD), l'exploitation d'un de ses progéniteurs *Aegilops tauschii* ( $2n=14$ , DD) présente le plus d'intérêt.

## *Aegilops tauschii*

*Ae. tauschii* a une **distribution** géographique très vaste qui s'étend de la Turquie à l'ouest de la Chine. Cette zone est très diversifiée d'un point de vue climatique et pédologique, le corollaire est que l'espèce présente une très grande variabilité quant à sa morphologie. L'espèce comprend deux sous-espèces : ssp. *tauschii* et ssp. *stragulata*. Cette dernière bien que minoritaire (présente seulement en Transcaucasie et au Sud-Est de la Mer Caspienne) est à l'origine du blé tendre.



## Hybridation avec les blés

Différentes méthodologies ont été proposées pour exploiter *Ae. tauschii* dans l'amélioration du blé tendre. La plus connue consiste à croiser *Ae. tauschii* avec le blé dur pour créer des blés synthétiques qui sont par la suite croiser avec des blés Elite.

Blé dur × *Ae. tauschii*

$2n=28$ , AABB

$2n=14$ , DD

Embryons hybrides

Hybrides F1

Autofécondation

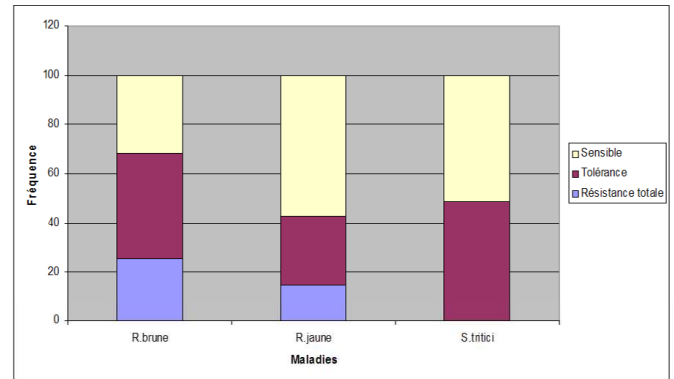
Blé synthétique

$2n=42$ , AABBDD

## Evaluation

42 blés synthétiques produits par l'INRA et 40 lignées sélectionnées par le CIMMYT dans la descendance de croisements de blés synthétiques ont été évaluées sur les 2 premières années sur 5 lieux vis-à-vis des 4 maladies : septoriose, fusariose, rouille jaune et rouille brune. Les évaluations montrent un niveau faible pour la fusariose seul un génotype semble avoir une tolérance. Les donneurs des génomes A et B étant sensible il est difficile de mettre en évidence un gène mineur venant du génome D. Pour les maladies du feuillage plusieurs génotypes montrent une résistance à 1,2 et même 3 maladies. Pour la rouille brune 26 % des lignées sont résistantes et ceci ce confirme par l'analyse pathologique au stade plantule. Sur plusieurs lignées la réaction par rapport à l'infection semble vérifier la présence de gènes venant d'*Ae. tauschii*.

## Répartition par classe de résistance

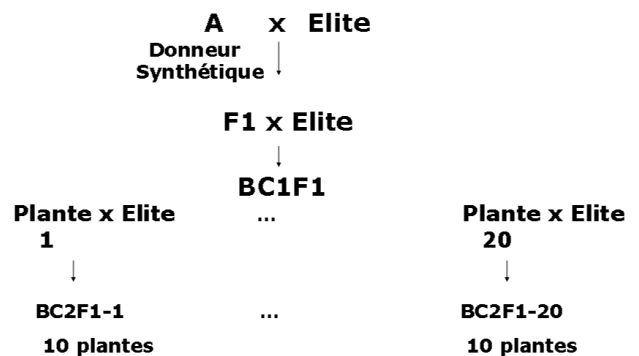


Pour la rouille jaune 15 % des lignées sont résistantes et 28% ont une tolérance intermédiaire.

Pour la septoriose *Mycosphaerella graminicola* 50% ont une tolérance. Les donneurs du génome A et B étant sensible, la résistance doit venir d'*Ae. Tauschii*.

## Création des populations AB-Qtl

Au moins deux rétrocroisements sont effectués par chaque participant. Le dernier rétrocroisement est réalisé sur 20 plantes différentes de la génération BC1, ceci afin de conserver le maximum de variabilité du donneur issue d'*Ae. Tauschii*. Les blés élites utilisés sont choisis avec une ou plusieurs sensibilités afin de pouvoir mettre en évidence la résistance du donneur.



Population AB QTL de 200 lignes issue des 200 plantes BC2F1

## Conclusion

L'aboutissement de ce projet a été la création de 17 populations AB-QTL qui seront exploitées après fixation des lignées. En effet ces populations permettront de mettre en évidence des liaisons entre marqueur et QTL de résistance. Ceci afin de pouvoir cumuler plusieurs gènes de résistance dans le même génotype.

Notre projet était focalisé sur la résistance aux maladies. Mais il ne faut pas perdre de vue que *Ae. tauschii* renferme aussi une variabilité pour la plupart des caractères qui pourront être pris en compte dans les évaluations futures.