



DÉVELOPPEMENT D'UNE NOUVELLE STRATÉGIE DE SÉLECTION POUR L'OBTENTION DE LIGNÉES ÉLITES CUMULANT DES RÉSISTANCES AUX PRINCIPALES MALADIES FONGIQUES

❖ Partenariat

Les partenaires du programme de recherche sont Florimond Desprez (coordinateur) et l'INRA.

❖ Fonds engagés

Les fonds engagés pour ce programme de 3 ans sont de 367 702 € dont 257 390 € d'aide FSOV.

❖ Contexte

L'hypothèse central du projet est que le cumul dans un même génotype de plusieurs sources (gènes ou QTL) de résistance, de préférences ayant des modes d'action complémentaires (par exemple stade jeune/stade adulte, résistance vertical/résistance partielle) permet d'obtenir une résistance efficace et durable, c'est-à-dire ayant moins de risque d'être contournée par de nouvelles races du pathogène. Généralement, les gènes de résistance, identifiés dans des lignées ou variétés exotiques, peu adaptées aux conditions de culture françaises, voire dans des espèces sauvages apparentées au blé, sont transférés dans un fonds génétique adapté par une série de rétrocroisements. Dans ces méthodes, le parent récurrent est considéré comme possédant le fonds génétique optimal. Toutefois, la durée de vie commerciale d'une variété de blé tendre est relativement courte, comparée au temps nécessaire pour achever une construction par rétrocroisements récurrents. Autrement dit, une fois le cumul de résistances réalisé dans une variété élite, cette variété n'est déjà plus compétitive pour d'autres caractères comme le rendement.

❖ Objectifs

Ce projet a pour objectif de cumuler, par sélection assistée par marqueurs, des gènes et QTL de résistance/tolérance aux principales maladies fongiques (rouilles et fusariose) préalablement identifiés dans des ressources génétiques différentes, dans un fonds génétique présentant une valeur génétique améliorée pour les caractères quantitatifs comme le rendement et la tolérance aux stress climatiques.

❖ Mise en place

Au cours de la première année, une analyse bibliographique expertisée par les partenaires permettra de choisir des parents donneurs de gènes/QTL de résistance totale ou partielle pour les 3 maladies cibles : la fusariose de l'épi (*Fusarium graminearum*), la rouille jaune (*Puccinia striiformis*) et la rouille brune (*Puccinia triticina*).

Pour obtenir les géniteurs cumulant à la fois les gènes/QTLs de résistance aux maladies fongiques et un fonds génétique présentant une valeur génétique améliorée, on utilisera une sélection "forward" pour le transfert assisté des gènes et QTL cibles, et une sélection du fonds génétique utilisant les prédictions génomiques de la valeur génétique (Breeding Value). Les prédictions utilisées auront été développées préalablement dans le cadre du projet BREEDWHEAT dont les porteurs du



présent projet sont partenaires. Cette sélection du fonds génétique portera sur les caractères généraux d'adaptation, en particulier le rendement, mais aussi les composantes quantitatives de la résistance.

Les choix effectués grâce à la sélection assistée par marqueurs et la sélection génomique seront validés au champ dans un dispositif multi-local, l'année suivant la fin du projet. Cette validation permettra de porter un œil critique sur la démarche utilisée et sur son intérêt pour les programmes de sélection.

❖ Résultats obtenus ou escomptés

- L'amélioration des connaissances en sélection génomique et validation de l'intérêt de l'approche.
- La définition d'un nouveau schéma de sélection susceptible de remplacer la sélection assistée par marqueurs.
- L'obtention de géniteurs cumulant plusieurs gènes ou QTL de résistance pour chacune des trois maladies fongiques du blé impactant significativement le rendement et la qualité en France.
- L'inscription de variétés puisque les lignées obtenues auront un fonds génétique optimisé pour les caractères quantitatifs grâce à la sélection génomique.

❖ Pistes de recherche pour le futur

L'efficacité de la méthode utilisée dans ce projet pourra être comparée à une méthode basée uniquement sur la sélection génomique, prenant en compte l'ensemble des caractères d'intérêts (héritables et peu héritables).

❖ Impact et bénéfices du programme de recherche

• Pour les sélectionneurs :

Développer un nouvel outil d'aide à la sélection (sélection forward et sélection genomewide).

• Pour les agriculteurs :

Disposer de variétés productives offrant une résistance durable aux rouilles et à la fusariose, limiter les applications phytosanitaires (gain environnemental et économique).

■ Coordinateur du projet ■

Ellen GOUDEMAND – Florimond Desprez

■ Partenaire ■

Gilles CHARMET – INRA GDEC