



CRIBLAGE DE GÈNES/QTL DE RÉSISTANCE À LA SEPTORIOSE ET À LA FUSARIOSE DU BLÉ TENDRE

❖ Partenariat

Ce projet de recherche est mené par Florimond Desprez (coordinateur), l'INRA, ARVALIS - Institut du végétal, RAGT 2n SAS, DLO (Plant Research International) et IFA-Tulln (Interuniversitäre Forschungsinstitutes für Agrarbiotechnologie).

❖ Fonds engagés

Les fonds engagés pour ce programme de 3 ans sont de 449 233 € dont 314 463 € d'aide FSOV.

❖ Contexte

La septoriose (*Mycosphaerella graminicola*) et la fusariose (*Fusarium graminearum*) sont deux maladies du blé tendre pouvant causer des pertes considérables de rendement (jusqu'à 70%), ainsi qu'une diminution de la qualité des grains.

A l'heure actuelle, seulement 18 gènes majeurs de résistance à *M. graminicola* ont été découverts et sur une centaine de QTL recensés de résistance à la fusariose. Trois gènes/QTL (*Fhb1*, *Qfhs-ifa-5A*, *Fhb2*) seraient principalement utilisables dans des programmes de sélection. Le manque de variabilité disponible est un frein à la production de variétés durablement résistantes. Très récemment, 3 nouveaux gènes de résistance à la septoriose (*Stb16q*, *Stb17* et *Stb18*) ont été découverts grâce au projet FSOV 2008 B, ainsi que deux nouveaux gènes de résistance à la fusariose (*Fhb4* et *Fhb5*). Ces avancées récentes démontrent bien les possibilités de progrès.

❖ Objectifs

Ce projet permettra d'identifier de nouvelles sources de résistance à la septoriose et à la fusariose ainsi que leurs marqueurs associés pour utilisation en sélection assistée par marqueurs.

❖ Mise en place

Ce projet a pour but d'étudier le déterminisme génétique de la résistance à la fusariose et à la septoriose de lignées précédemment sélectionnées (programme FSOV 2004) pour leur excellent comportement vis à vis de ces maladies. Ces lignées ont été utilisées comme géniteurs pour l'obtention de 5 populations HD connectées qui ont été produites spécialement pour en étudier la résistance à la septoriose et à la fusariose.

Les 5 populations seront phénotypées pendant 2 années afin d'analyser les résistances à la fusariose et à la septoriose au stade adulte. Parallèlement, des tests de résistance à la septoriose au stade juvénile seront également effectués afin d'identifier d'éventuelles résistances majeures.

Le génotypage des lignées sera effectué au cours de la première année du projet grâce à plusieurs milliers de SNP et permettra la création d'une carte consensus.

Dans un premier temps, la mise en relation des données de génotypage et de phénotypage, pour chaque population prise indépendamment, permettra la détection de QTL de résistance à la septoriose et à la fusariose (spécifiques de chaque population).



Dans le but de combiner les résultats des analyses de liaison, des approches de méta-analyse et d'analyses en populations connectées seront entreprises. Celles-ci permettront la validation des études individuelles, ainsi que la cartographie plus fine des QTL. Il sera alors possible de déterminer si un QTL détecté dans une population correspond à un QTL détecté dans une autre population.

❖ Résultats obtenus ou escomptés

- La validation d'un test de résistance au champ permettant de combiner à la fois l'analyse de la septoriose et de la fusariose sur une même parcelle et analyse d'une éventuelle interaction entre les deux pathogènes.
- L'obtention d'une carte consensus basée sur de nouveaux marqueurs SNP.
- L'analyse du déterminisme génétique (gènes/QTL) des sources de résistance identifiées.
- L'identification de marqueurs moléculaires, liés à ces gènes ou QTL de résistance à la septoriose et à la fusariose, utilisables pour :
 - Cumuler des gènes de résistance et ainsi permettre l'obtention de génotypes avec un niveau et une durabilité de la résistance accrus à la septoriose et à la fusariose.
 - Pour caractériser des variétés inscrites ou à l'inscription et ainsi expliquer, en partie, leur niveau de résistance.
- Comparaison des résultats obtenus avec les différentes approches méthodologiques (analyse de liaison sur populations biparentales, sur populations connectées et méta-analyse).

❖ Pistes de recherche pour le futur

Dans le cas de la découverte d'un ou plusieurs gènes/QTL de résistance, ce projet permettra d'amorcer une approche de type gène candidat pouvant aboutir au clonage du gène.

❖ Impact et bénéfices du programme de recherche

• Pour les sélectionneurs :

Développer de nouveaux outils d'aide à la sélection permettant d'identifier efficacement les sources de résistance à ces deux importantes maladies, et de cumuler facilement ces résistances efficaces et durables dans de nouvelles variétés.

• Pour les agriculteurs :

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

■ Coordinateur du projet ■

Ellen GOUDEMAND – Florimond Desprez

■ Partenaires ■

Brigitte MANGIN – INRA BIAT

Delphine HOURCADE – ARVALIS - Institut du Végétal

Laure DUCHALAIS – RAGT 2n

Gert KEMA – DLO Plant Research International

Marc LEMMENS – Interuniversitären Forschungsinstitutes für Agrarbiotechnologie