

Constitution d’une mycothèque des champignons pathogènes du blé tendre et mise au point d’outils permettant la caractérisation et la quantification de ces espèces

Quand l’ADN du champignon permet de suivre sa trace

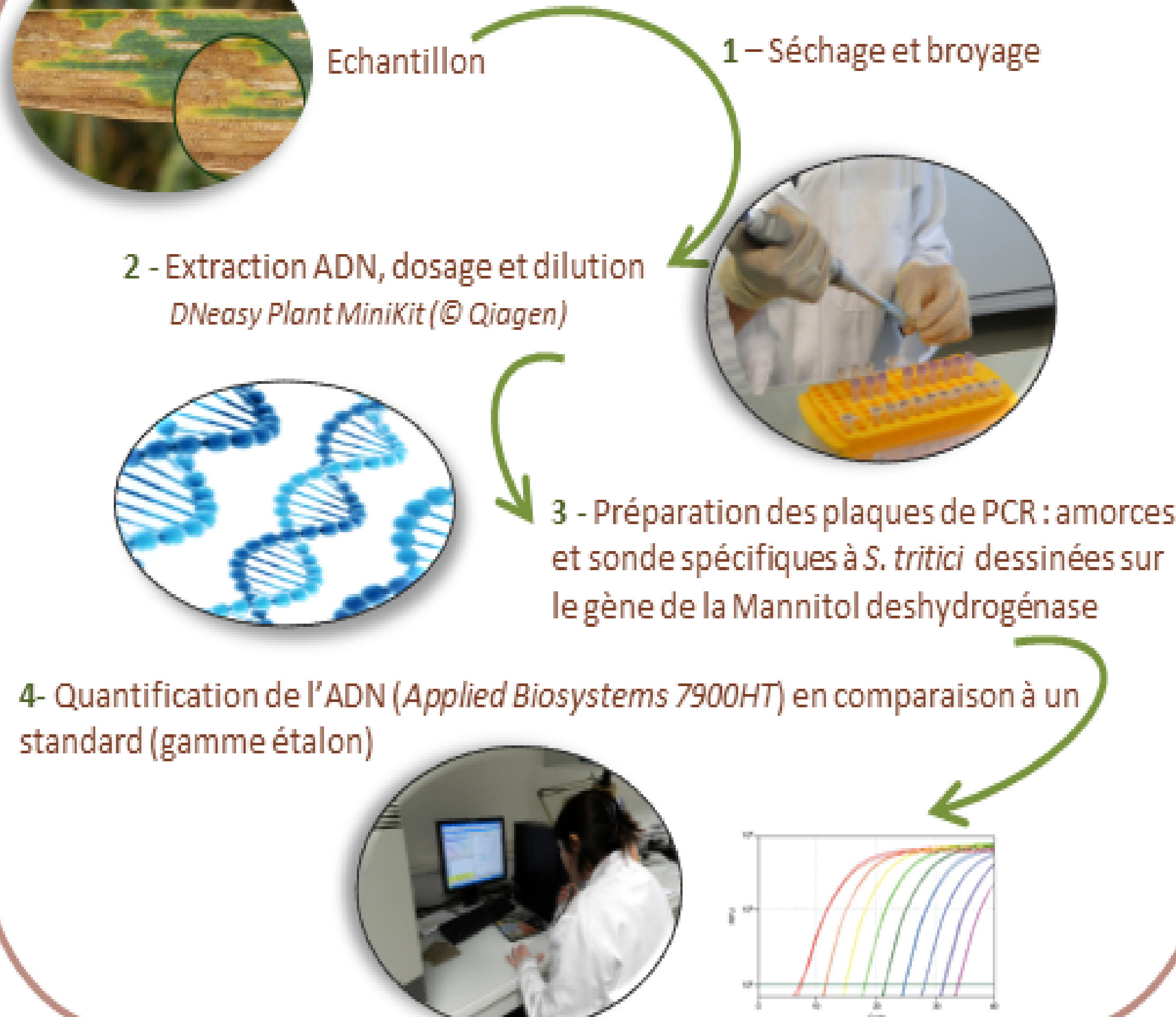
La septoriose causée par *Septoria tritici* est une des principales maladies foliaires du blé tendre, pouvant générer des pertes de rendement allant jusqu’à 50%. Avec l’apparition de résistances aux produits fongicides et dans un contexte de réduction des intrants (plan EcoPhyto 2018), le levier variétal est aujourd’hui essentiel dans la maîtrise de cette maladie. Afin de fournir aux obtenteurs des outils de phénotypage fin de la septoriose au champ, phénotypage rendu parfois difficile visuellement par la cohabitation de plusieurs maladies, une méthode de quantification moléculaire (par PCR quantitative) a été mise au point dans cette étude et corrélée aux notations dans un essai en plein champ sous contamination naturelle.

Evaluation de la résistance à la septoriose au champ

- 10 variétés de blé tendre (couvrant la gamme de sensibilité à la septoriose)
- Lieu : Allonnes (28, station Momont)
- 2 stades de notation :
 - 23 Mai 2012
 - 14 Juin 2012
- Notation des symptômes :
 - en pourcentage de la surface foliaire nécrosée par étage
 - de manière globale
- Constitution de 2 types d’échantillons :



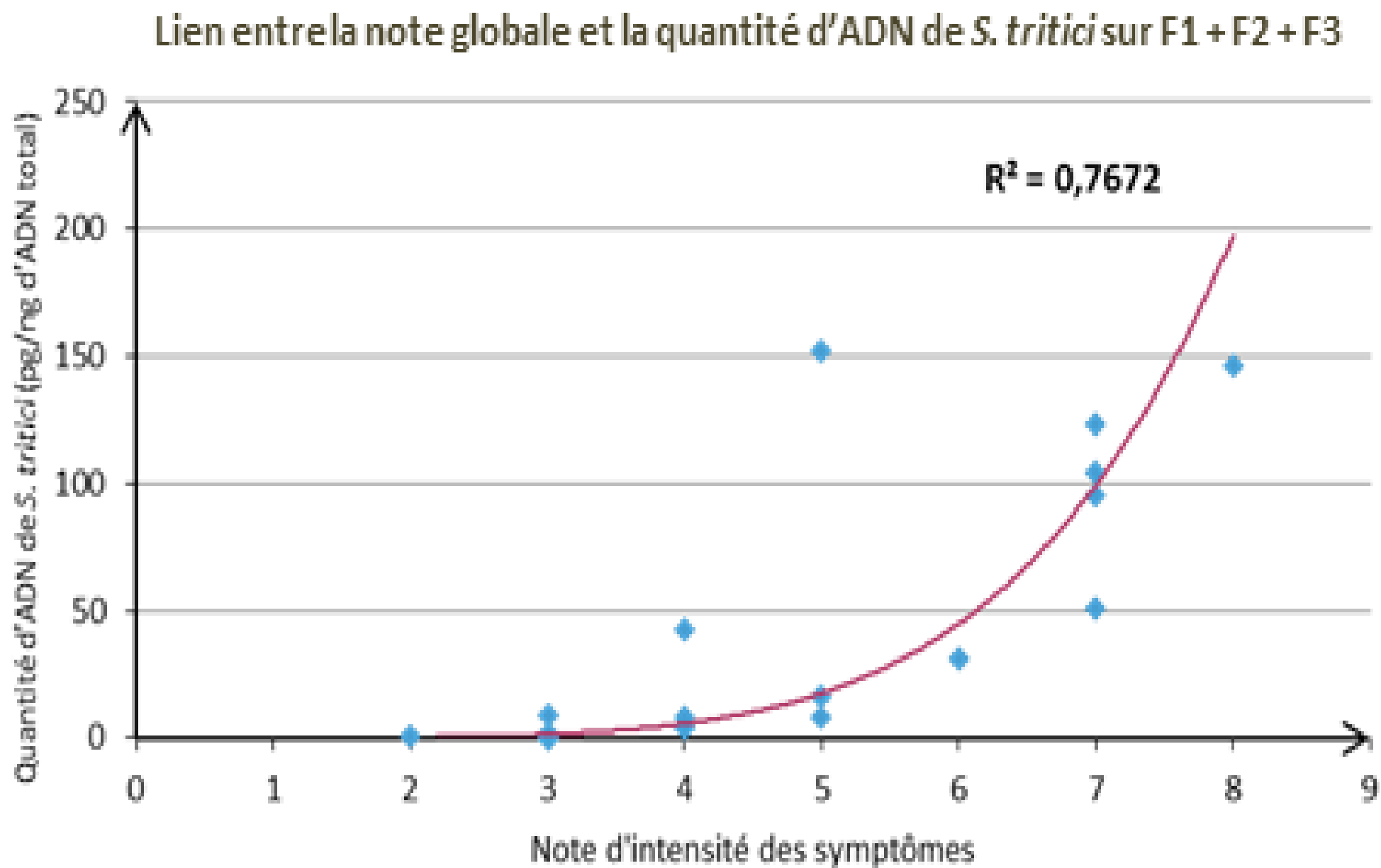
Analyse par PCR quantitative



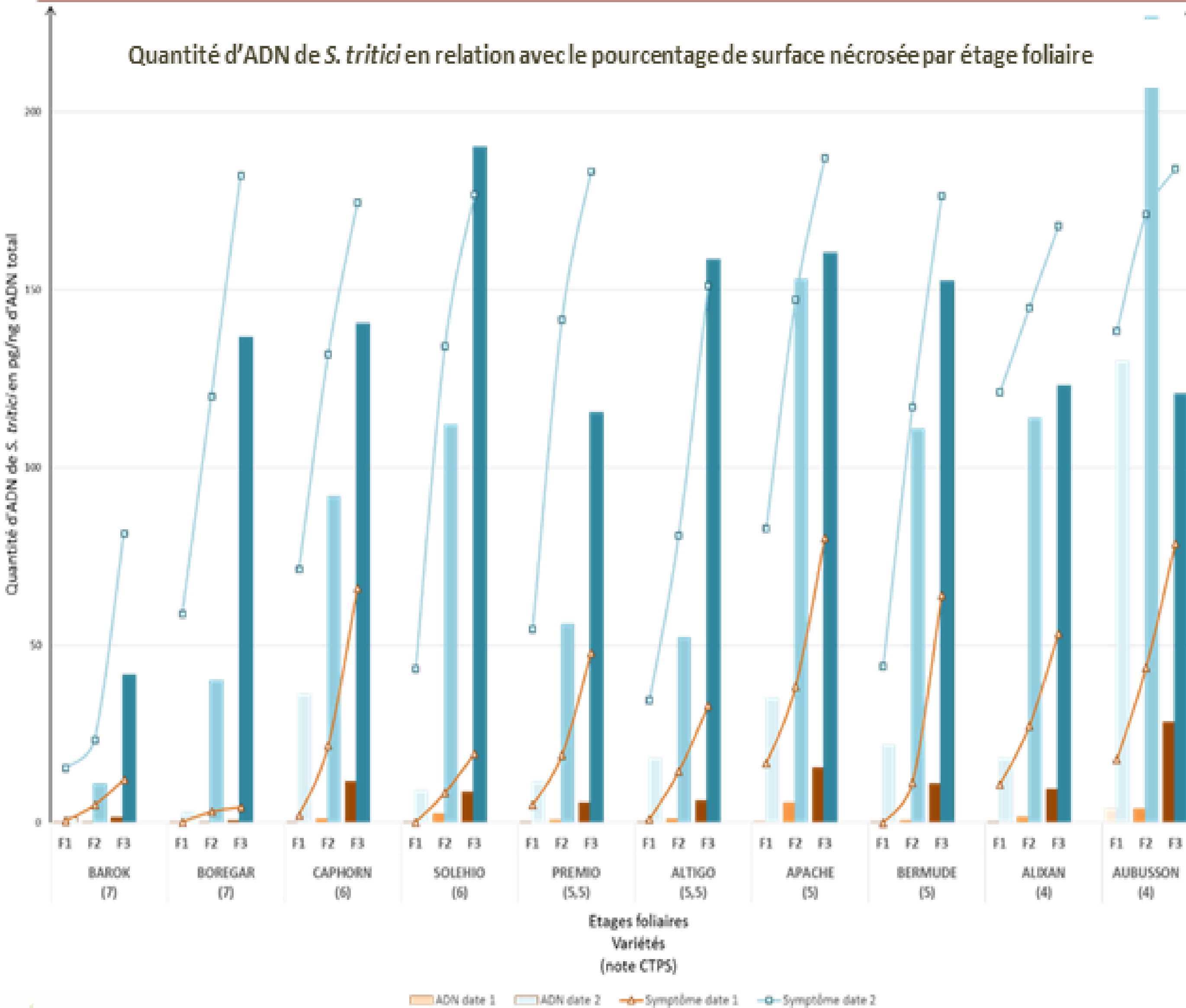
ÉTUDE GLOBALE : L’EXPRESSION DES SYMPTÔMES DE SEPTORIOSE EST LIÉE À LA QUANTITÉ D’ADN DU CHAMPIGNON

Globalité (F1+F2+F3)	Symptômes 1 ^{ère} notation	Symptômes 2 ^{ème} notation	Quantité d'ADN 1 ^{ère} notation	Quantité d'ADN 2 ^{ème} notation
Symptômes 1 ^{ère} notation	1	0,87	0,70	0,83
Symptômes 2 ^{ème} notation		1	0,67	0,78
Quantité d'ADN 1 ^{ère} notation			1	0,74
Quantité d'ADN 2 ^{ème} notation				1

Les notations visuelles des symptômes de Septoriose sont corrélées à la quantité d’ADN du champignon dans la plante, quel que soit le stade de notation. On observe également une **cohérence entre le comportement des plantes à la première et la deuxième notation**, autant pour l’expression des symptômes que pour le développement de *S. tritici*, mis en évidence par son ADN.



ÉTUDE PAR ÉTAGES FOLIAIRES : LA PROGRESSION PAR PALIERS DE LA SEPTORIOSE EST BIEN MISE EN EVIDENCE



Par étages foliaires	Symptômes 1 ^{ère} notation	Symptômes 2 ^{ème} notation	Quantité d'ADN 1 ^{ère} notation	Quantité d'ADN 2 ^{ème} notation
Symptômes 1 ^{ère} notation	1	0,74	0,87	0,67
Symptômes 2 ^{ème} notation		1	0,62	0,87
Quantité d'ADN 1 ^{ère} notation			1	0,55
Quantité d'ADN 2 ^{ème} notation				1

Le développement naturel de *S. tritici* du bas de la plante vers le haut, progressant par mécanisme de splashing, est ici nettement mis en évidence autant par l’intensité des symptômes que par l’ADN du champignon sur les 3 étages foliaires supérieurs. Ces deux paramètres sont d’ailleurs toujours très corrélés.

La **précocité d’apparition de la maladie ainsi que son intensité sur la F1** permettent une distinction nette entre variétés résistantes (Barok, Boregar) et sensibles (Aubusson).

La quantification moléculaire de *S. tritici* apporte ainsi une confirmation des notations visuelles et du développement du champignon au champ, pouvant fournir un outil complémentaire dans le cadre d’un phénotypage fin ou difficile à mettre en œuvre (complexe de plusieurs maladies).



Partenaires

