Valorisation de nouveaux gènes de résistance et de qualité issus d'*Aegilops tauschii*

Laure DUCHALAIS [1] *, Sébastien CAIVEAU [2], Denis BEGHIN [3], Bernard DUPERRIER [4], Jérôme AUZANNEAU [5], Clément DEBITON [6], Annaig BOUGUENNEC [7], Joseph JAHIER [8], Bernard ROLLAND [8]

1 - RAGT 2n, Route d'Epincy, 28 150 Louville-la-Chenard (Représentant GIE RGC)
2 - Syngenta France S.A.S., 2 avenue Gustave Eiffel, CS 40346, 28 008 Chartres Cedex (Représentant GIE RGC)
3 - Florimond Desprez, BP 41, 59 242 Cappelle-en-Pévèle (Représentant GIE RGC)
4 - Limagrain Europe, Station de Mons, 63 203 Riom (Représentant GIE RGC)
5 - Agri Obtentions, Ferme de Gauvilliers, 78 660 Orsonville (Représentant GIE RGC)
6 - UNISIGMA, 2 rue Petit-Sorri, 60 480 Froissy
7 - UMR 1095 GDEC, INRA, UCA, F-63 000, Clermont-Ferrand, France
8 - UMR IGEPP, INRA, BP 35327, 35653 Le Rheu

** **Coordinateur scientifique: Laure DUCHALAIS,** lduchalais@ragt.fr*

1. Introduction

La sélection de variétés de blé présentant un niveau de résistance élevé aux maladies est un impératif afin que les agriculteurs puissent appliquer une politique de diminution des intrants phytosanitaires. Pour ceci les sélectionneurs doivent disposer d'une vaste variabilité génétique pour la résistance et/ou la tolérance à diverses maladies. En cas d'insuffisance de variabilité disponible, ce qui est le cas pour plusieurs maladies, le sélectionneur dispose de peu de solutions. Un des recours possible est de transférer les gènes de résistance et QTLs présents chez les espèces apparentées. Ceci passe par la réalisation d'hybrides interspécifiques et la sélection dans leur descendance.

Le blé tendre *Triticum aestivum* est un allohexaploïde (2n=6x=42) avec trois génomes A, B et D provenant d'espèces diploïdes différentes [1]. Il s'est constitué à la suite de deux hybridations naturelles successives. Le croisement spontané entre *T. urartu* (2n=14, AA) et *Ae. speltoides* (ou une espèce proche d'*Ae. speltoides*) serait à l'origine des blés tétraploïdes dont le blé dur (2n=28, AABB). Il y a environ 8000 ans seulement, le blé tétraploïde *T. turgidum* ssp. *dicoccum* s'est croisé avec *Ae. tauschii* (2n=14, DD) : le ou les hybrides sont à l'origine des blés hexaploïdes dont le blé tendre.

Les progéniteurs du blé tendre sont a priori, parmi les triticées, les candidats idéaux pour résoudre des problèmes d'insuffisance de variabilité génétique dans le blé tendre. Cependant, il apparaît qu'*Ae. tauschii* offre davantage de perspectives que les deux autres progéniteurs et ceci pour quatre raisons principales:

- sa grande variabilité
- le génome D du blé est peu polymorphe et moins que les génomes A et B
- le génome D a peu évolué dans le blé tendre
- une méthodologie de transfert a été élaborée.

Les blés synthétiques ont été exploités par des méthodes classiques de sélection. Le schéma de sélection le plus courant et qui a été utilisé par le CIMMYT est le suivant : les blés synthétiques sont croisés puis rétrocroisés par des lignées de blé tendre Elites. Les lignées sélectionnées dites SBL (synthetic backcross-derived lines) montrent une nouvelle variation pour différents caractères. Elles constituent de nouveaux géniteurs pour le sélectionneur. Leur exploitation peut être optimisée si les gènes/QTLs introduits, en particulier ceux impliqués dans des caractères quantitatifs, peuvent être identifiés et localisés. Cette opération repousse donc la possibilité d'une sélection assistée par marqueurs (SAM).

La mise au point d'une méthode permettant simultanément de sélectionner des lignées d'introgression ayant une bonne valeur agronomique et de détecter les QTL impliqués s'avère donc être un pré requis à une exploitation efficace de germplasmes exotiques. En 1996, Tanksley et Nelson [2] s'appuyant sur des résultats d'exploitation en sélection d'hybrides entre la tomate et l'espèce apparentée sauvage *Lycopersicon pennellii* [3] ont élaboré une stratégie pour simultanément découvrir et transférer des QTL de 'germplasmes inadaptés' dans du matériel de sélection élite. Cette stratégie, appelée « Advanced Backcross QTL analysis » ou (AB-QTL) présente l'intérêt, par rapport à ce qui était fait auparavant, d'exploiter beaucoup plus efficacement les gènes/QTL impliqués dans les caractères quantitatifs.

L'objectif de ce projet est double. Il consiste à la fois à rechercher des QTL de caractères de résistance et de qualité à partir de populations AB-QTL et à créer de nouveaux géniteurs d'intérêt agronomique avec de nouvelles caractéristiques dues à la variabilité du génome D (*Ae. tauschii*).

L'exploitation de la variabilité d'*Ae. tauschii* permettra, à terme, la mise au point par les sélectionneurs de nouvelles variétés de blé rustiques et de bonne qualité. L'utilisation réfléchie de ces variétés par des itinéraires techniques adaptés permettra une économie d'intrants, une meilleure régularité des rendements et une préservation de l'environnement ainsi qu'une assurance de qualité sanitaire pour les transformateurs et les consommateurs.

2. Matériels et méthodes

► Matériel végétal

Six populations AB-QTL étaient initialement disponibles au stade BC2F4 (Tableau 1). Leur effectif variait de 166 à 276 individus.

Source Synthétiques	Parent Blé	Cible résistance	Effectif
ME1IQ03-36	AUBUSSON	S. tritici, R. brune	209
Synth 89 Cimmyt	ALTIGO	R. jaune, R. brune, S. tritici	210
JOY 80	SOISSONS	S. tritici, R. brune, fusa	166
JOY 87	SOISSONS	S. tritici, R. brune, R. jaune, fusa	276
26ESWYT80790	BOLOGNA	R. brune, (S. tritici)	278
Synth 89 Cimmyt	AUBUSSON	R. jaune, R. brune, S. tritici	208

***Tableau 1 :** Populations disponibles au démarrage du projet*

► Phénotypage

Evaluation multilocale des 6 populations

Chacune des 6 populations a été évaluée sur la saison 2012-2013 pour leurs résistances à la Rouille Jaune (RJ) et à la Rouille Brune (RB) en pépinières inoculées et à la Septoriose (ST) en

contamination naturelle dans un lieu par maladie et par population (Tableau 2). Chaque génotype a été implanté en 2 lignes de pépinière, sans répétition.

En fonction de l'intensité de la pression maladie, une, deux ou trois notations variant de 1 (tolérant) à 9 (sensible) ont pu être effectuées sur chacun des lieux.

Chez certains partenaires, la précocité, la hauteur ou encore l'homogénéité des lignées ont pu être notées.

Population	Rouille Jaune	Rouille Brune	Septoriose
ME1IQ03-36/3*AUBUSSON	Unisigma Froissy (60)	Limagrain Mons (63)	INRA Rennes (35)
SYNTH89/3*ALTIGO	Florimond Desprez Cappelle en Pévèle (59)	RAGT 2n Louville la Chenard (28)	Syngenta Orgerus (78)
JOY 80/3*SOISSONS	Florimond Desprez Cappelle en Pévèle (59)	RAGT 2n Louville la Chenard (28)	Syngenta Orgerus (78)
JOY 87/3*SOISSONS	Unisigma Froissy (60)	Limagrain Mons (63)	INRA Rennes (35)
26ESWT80790/3*BOLOGNA	Unisigma Froissy (60)	Limagrain Mons (63)	Agri Obtentions Orsonville (78)
SYNTH89/3*AUBUSSON	Florimond Desprez Cappelle en Pévèle (59)	RAGT 2n Louville la Chenard (28)	Agri Obtentions Orsonville (78)

Tableau 2 : *Lieux d'évaluation des différentes maladies et populations*

Suite à ce phénotypage, 3 populations ont été retenues afin d'être génotypées et phénotypées plus finement.

Evaluation « maladies » des 3 populations retenues

Les 3 populations retenues ont été implantées pour la saison 2013-2014 :

- En pépinière rouille jaune inoculée chez Florimond Desprez à Cappelle en Pévèle (59) et chez Unisigma à Froissy (60) en 2 lignes par génotype
- En pépinière rouille brune inoculée chez RAGT 2n à Louville la Chenard (28) et chez Limagrain à Mons (63) en 2 lignes par génotype
- En pépinière septoriose chez Agri Obtentions à Orsonville (78) et chez l'INRA à Rennes (35).

Sur chacun des lieux, la date d'épiaison a été notée et toutes les notations maladies ont été faites globalement sur une échelle variant de 1 (tolérant) à 9 (sensible), sauf sur le lieu de Rennes où la septoriose a été scorée en notes variant de 1 (tolérant) à 9 (sensible) sur les 2 premiers étages foliaires indépendamment.

Quand au moins 2 notations maladie ont été effectuées sur un même environnement, l'AUDPC (Aera Under the Disease Progress Curve) a été calculée selon la formule suivante :

$$\mathrm{AUDPC} = \sum_{i=1}^{N_i-1}\left(\frac{(y_i+y_{i+1})}{2}(t_{i+1}-t_i)\right)$$

où y_i et y_{i+1} correspondent aux notes maladies utilisées dans un intervalle de temps donné (t) et où t_i et t_{i+1} correspondant aux dates de réalisation des deux notes.

Evaluation de la qualité des 3 populations retenues

Chacune des 3 populations retenues a été semée en parcelles de 3m² chez Syngenta à Orgerus (78) lors de la saison 2013-2014 afin de produire suffisamment de semences pour la réalisation des tests qualité. Tous ces tests ont été réalisés à l'INRA de Clermont-Ferrand. Le PS (Poids Spécifique, en kilogrammes par hectolitres), le PMG (Poids de Mille Grains, en grammes), la teneur en protéines évaluée par NIRS (Spectroscopie dans le proche infra-rouge), en pourcentage sur mouture complète, obtenue à l'aide d'un moulin Cyclotec, et sur farine blanche, obtenue à l'aide d'un moulin Brabender junior, le test SDS (sédimentation en présence de Sodium Dodecyl Sulfate, en millilitres de dépôt), la dureté du grain (sur une échelle théorique de 1 = soft à 100 = Hard, évaluée par NIRS sur mouture complète Cyclotec) et l'humidité ont été mesurés afin de connaître les caractéristiques technologiques des grains et de la farine. Ces mesures ont permis de retenir un sous échantillon de 100 lignées représentatives par population, dont les farines Brabender ont été testées au Mixographe afin de connaître les caractéristiques rhéologiques de la pâte, avec une hydratation adaptée selon Martinant *et al.*, 1998 [4].

Beaucoup de paramètres du mixographe étant fortement corrélés et compte tenu de la bibliographie sur ces paramètres, seuls les paramètres suivants (cf. figure I) ont été retenus pour les analyses :

- mpt : Midline Peak Time, Temps de pétrissage nécessaire à l'apparition du pic sur la courbe moyenne
- mpv : Midline Peak Value, Valeur du pic sur la courbe moyenne
- mpw : Midline Peak Width, Epaisseur de la courbe au moment du pic
- mtxv : Midline Time x Value, Valeur de la courbe moyenne 8 minutes après le début du pétrissage
- mtxi : Midline Time x Integral, Surface sous la courbe moyenne de 0 à 8 minutes de pétrissage.

A partir de ces paramètres, on peut aussi calculer l'affaiblissement de la pâte WS (=mpv-mtxv), et en prenant en compte en plus la dureté et la teneur en protéines une prédiction du W de l'alvéographe de Chopin (W-prédit).

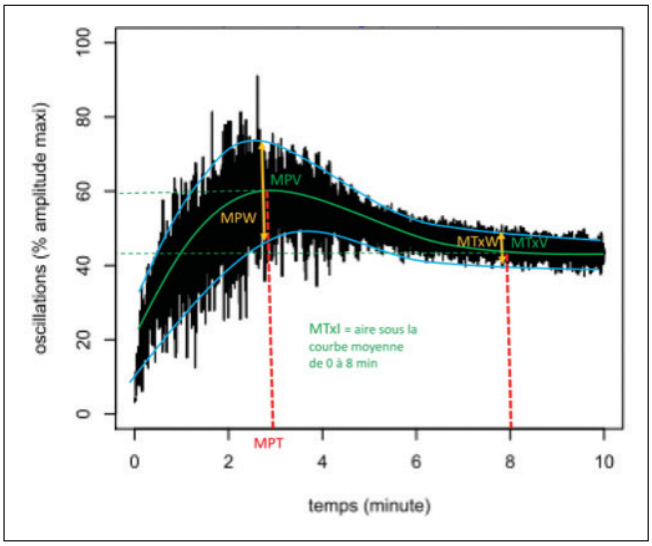


Figure I : *Courbe de mixographe et principaux paramètres retenus*

Sélection et caractérisation fine de potentiels géniteurs

Indépendamment des données de génotypage qui n'étaient pas disponibles lors de la mise en essai, trente six lignées (12 lignées par populations retenues) sélectionnées grâce aux phénotypages « maladies » et « qualité » ont été retenues pour une caractérisation plus fine. Ces génotypes ont été évalués dans deux réseaux d'essais distincts afin de vérifier l'impact des introgressions provenant d'*Aegilops tauschii* sur le rendement ainsi que sur le procédé de panification (test BIPEA).

Le premier réseau d'essai a été déployé sur 3 lieux : Orsonville (78), Joze (63) et Froissy (60) et le second sur 4 lieux : Louville-la-Chenard (28), Andelu (78), Cappelle-en-Pévèle (59) et Pacé (35).

Pour chacun des essais, 2 modalités, traitée fongicide et BNI (Bas Niveau d'Intrants) ont été appliquées en 1 et 2 répétitions respectivement. La réduction des intrants a principalement porté sur :

- la réduction de l'apport azoté
- la réduction du nombre d'application de fongicide ou l'absence totale de fongicide
- l'absence de régulateur (s'accompagnant d'une diminution de densité de semis pour éviter tout problème de verse)

Les parents récurrents et les témoins CTPS ont été inclus sur l'ensemble des sites afin de pouvoir juger le niveau de performances de nos potentiels géniteurs.

Sur chacun des sites, la date d'épiaison, la hauteur, les maladies, la verse, le rendement et le poids spécifique ont été évalués.

Cinq kilogrammes de chaque lignée par site de la modalité traité fongicide ont été envoyés au laboratoire CGAC pour évaluation de la qualité au travers de l'alvéographe de Chopin et du test de panification BIPEA. Les échantillons de Pacé n'ayant pas été prélevés, chaque lignée possède au final 3 échantillons analysés venant de trois sites différents.

Enfin, la détermination des gluténines de Haut poids moléculaire (HPM) et de Faible Poids Moléculaire (FPM) a été réalisée par l'INRA UMR GDEC selon une méthode adaptée de Singh *et al.* [5].

► Génotypage

Pour chaque lignée (parents compris) des 3 populations retenues, 5 jeunes feuilles de plantes BC2F6 ont été prélevées afin d'être envoyées à l'INRA de Clermont-Ferrand. Toutes les extractions d'ADN et le génotypage des 3 populations retenues dans ce projet ont donc été réalisés par la plateforme GENTYANE.

Pour génotyper nos 3 populations, 960 marqueurs SNP (Single Nucleotide Polymorphism), développés dans le cadre du projet Digital, ont été choisis par l'INRA de Clermont-Ferrand afin d'avoir une distribution homogène des marqueurs tout le long du génome. Les résultats de génotypage ont ensuite été analysés avec le logiciel Fluidigm SNP genotyping analysis v4.1.3.

► Analyse des données

Les données de phénotypage ont été simplement nettoyées par suppression des valeurs extrêmes aberrantes (outliers).

Les données de génotypage ont été nettoyées par délétion des marqueurs monomorphes et des marqueurs et individus présentant un taux d'hétérozygotie et/ou un taux de données manquantes supérieur à 20%.

► Cartographie génétique

La cartographie génétique des marqueurs a été effectuée population par population grâce au logiciel MapDisto v2.0 [6]. Les groupes de liaison ont été, dans un premier temps, établis pour un LOD score de 3 avec un taux de recombinaison inférieur à 0,40. Lorsque des marqueurs appartenaient à des chromosomes différents, la valeur seuil du LOD a été augmentée à 5 afin de séparer les groupes. Les distances génétiques entre marqueurs ont été estimées en distance de Kosambi.

► Détection de QTL par analyse de liaison

Au sein de chaque population, l'analyse QTL a été effectuée avec le logiciel WinQTL cartographer (Wang *et al*., 2007) [7] par CIM (Composite Interval Mapping) avec 300 permutations à une valeur seuil de 5%.

Pour toutes les analyses QTL, chaque notation maladie a été prise en compte comme une variable indépendante.

► Méta-analyse

Une méta-analyse manuelle a été effectuée de façon à vérifier si les QTL détectés dans une population conservaient ou non leurs effets dans les deux autres populations.

3. Résultats et discussion

► Phénotypage

Evaluation multilocale des 6 populations en 2013

En raison du nombre de lignées trop important, les 3 populations n'ont pu être semées sur les mêmes sites. Par conséquent, les 6 populations n'ont pas pu être évaluées de la même façon.

La figure II présente les distributions de l'ensemble des notations maladies ayant été effectuées sur chacune des 6 populations.

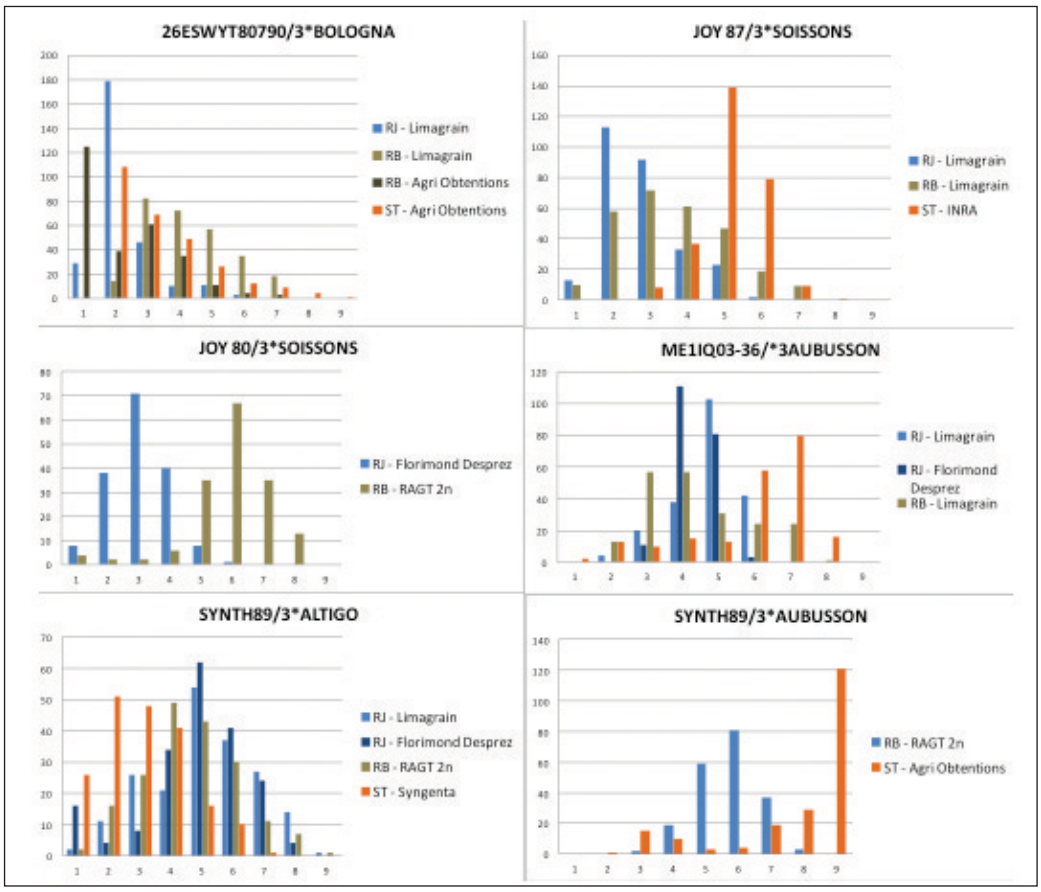


Figure II : *Distribution des différentes notations maladies pour chacune des 6 populations*

Grâce à cette figure, 3 populations montrent des distributions intéressantes pour la détection de QTL :

- la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA présente un haut niveau de résistance aux 3 maladies étudiées
- la population JOY 87/3*SOISSONS présente un niveau de résistance intéressant pour les rouilles et montre une distribution normale des individus pour la septoriose
- la population SYNTH89/3*ALTIGO montre une distribution quasi-normale pour les 3 maladies étudiées avec un nombre intéressant de génotypes tolérants.

Ces 3 populations ont donc été retenues pour la suite de notre projet.

Les 3 autres populations n'ont pas été retenues en raison de leur trop forte sensibilité à la septoriose ou aux rouilles ou en raison de leur proximité génétique avec une population déjà sélectionnée (cas de la population JOY80/3*SOISSONS).

Bien que les lignées n'aient pu être phénotypées que sur un seul couple de lignes, sans répétition, les distributions des notations effectuées dans les 3 populations retenues sont prometteuses quant à la détection de QTL de résistance.

Evaluation « maladies » des 3 populations retenues

Phénotypage Rouille jaune 2014

Les 3 populations ont pu être bien évaluées sur les 2 lieux inoculées RJ. La Figure III représente les distributions des AUDPC du caractère de résistance à la rouille jaune des 3 populations à Cappelle-en-Pévèle et à Froissy, chaque couleur représentant une population.

La population 26ESWT80790/3*BOLOGNA confirme donc son relativement haut niveau de résistance à la RJ.

En raison d'une forte pression RJ en 2014, les 2 autres populations, présentant un niveau de sensibilité plus élevé à la RJ, ont également pu être évaluées à Louville-la-Chenard (28). Comme le montre la Figure IV, une bonne discrimination des individus a pu être également mise en évidence sur ce site.

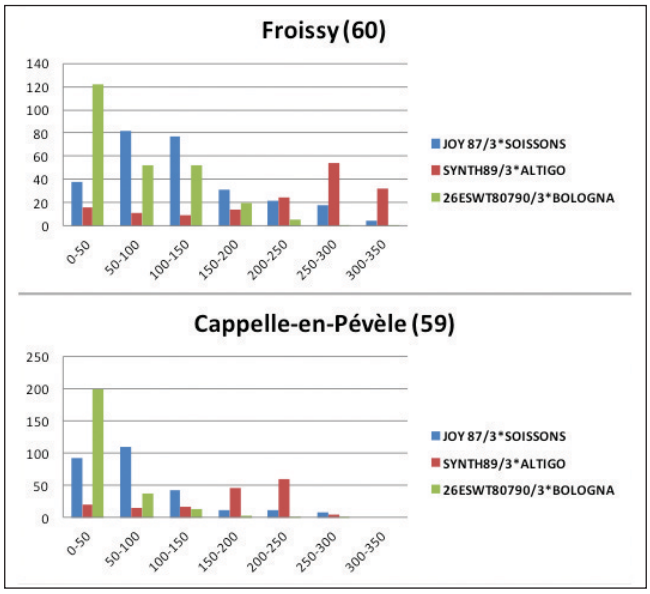


Figure III : *Distributions des AUDPC RJ pour les 3 populations retenues sur les 2 lieux inoculés*

Figure IV : *Distribution des AUDPC RJ pour les 2 populations les plus sensibles en conditions naturelles*

Au vu des distributions des AUDPC, il existe probablement une résistance d'ordre polygénique à la RJ dans ces 2 populations.

Les 3 lieux où la RJ a été évaluée sont pour les 3 populations relativement bien corrélés puisque les coefficients de corrélation entre AUDPC sont compris entre 0,74 et 0,80 pour la population JOY 87/3*SOISSONS, entre 0,84 et 0,90 pour la population SYNTH89/3*ALTIGO et égale à 0,53 entre les 2 lieux où la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA a été testée.

Aucune corrélation avec la hauteur ou la précocité n'a pu être mise en évidence.

Phénotypage Rouille brune 2014

En raison d'une très forte pression RJ et bien que les essais aient été inoculés, seules les populations JOY 87/3*SOISSONS et 26ESWT80790/3*BOLOGNA ont pu être évaluées pour la RB sur les lieux de Louville-la-Chenard et de Mons. Deux notations ont pu être réalisées sur le lieu de Louville-la-Chenard et une seule sur le lieu de Mons. Le calcul d'AUDPC n'a donc pu être possible que sur un seul lieu. La Figure V représente la distribution des AUDPC du caractère de résistance à la rouille brune des 2 populations évaluées à Louville-la-Chenard, chaque couleur représentant une population.

D'après cette figure, nous pouvons voir que ces 2 populations possèdent une sensibilité à la RB relativement élevée et qu'il y a peu de discrimination entre les individus d'une même population. La pression d'inoculation a été très certainement trop forte cette année puisque ces résultats sont en contradiction avec les belles courbes de distributions normales qui avaient été mises en évidence pour le phénotypage de 2013 (Figure II).

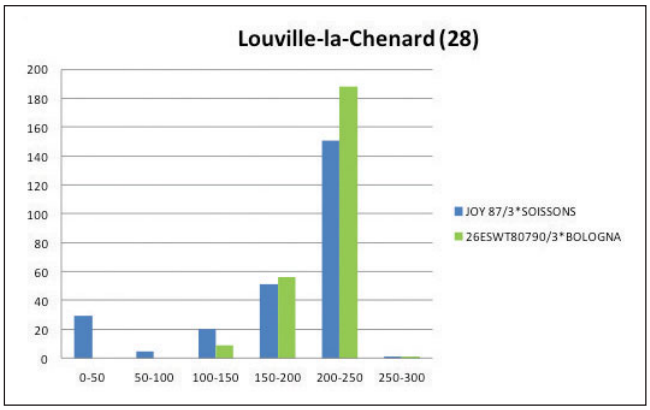


Figure V : *Distribution des AUDPC RJ pour 2 des 3 populations sur le lieu inoculé de Louville-la-Chenard*

La notation réalisée sur le lieu de Mons n'est que faiblement corrélée avec le lieu de Louville-la-Chenard pour la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA (r=0,40) et est relativement bien corrélée pour la population JOY 87/3*SOISSONS (r=0,68).

Seule une corrélation négative entre résistance à la RB et précocité a pu être mise en évidence au sein de la population JOY 87/3*SOISSONS (-0,57 < r < -0,40 selon les lieux). Au sein de cette population, les individus précoces ont donc été globalement plus touchés que les individus tardifs qui ont été moins exposés à la rouille brune.

Phénotypage Septoriose 2014

La septoriose a pu être évaluée sur les 3 populations retenues dans les 2 sites prévus. Quatre notations ont pu être réalisées à Rennes et 2 à Orsonville. Une bonne discrimination du matériel a pu être mise en évidence.

La Figure VI représente les distributions des AUDPC du caractère de résistance à la septoriose des 3 populations évaluées à Rennes et à Orsonville, chaque couleur représentant une population.

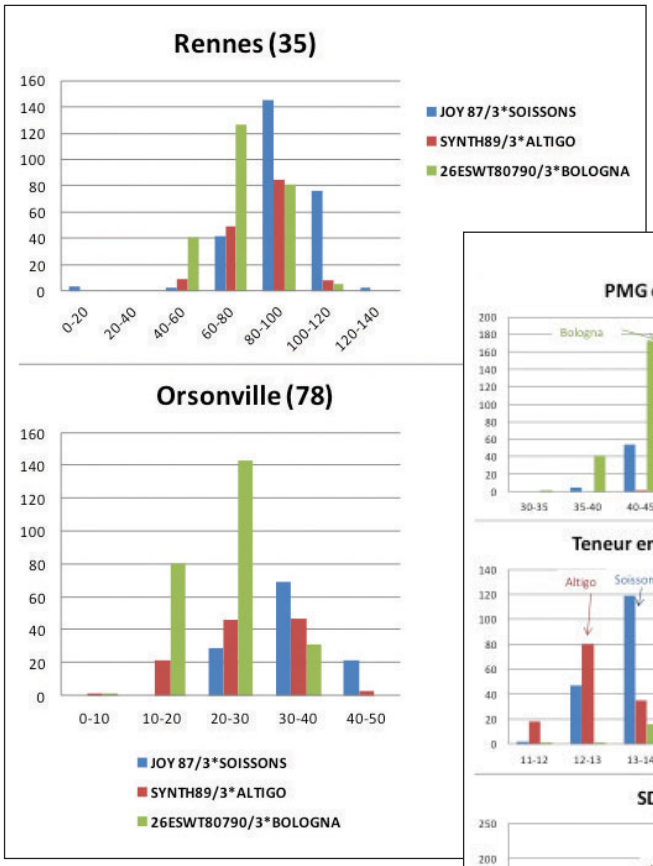


Figure VI : *Distributions des AUDPC ST pour les 3 populations sur les lieux de Rennes et d'Orsonville*

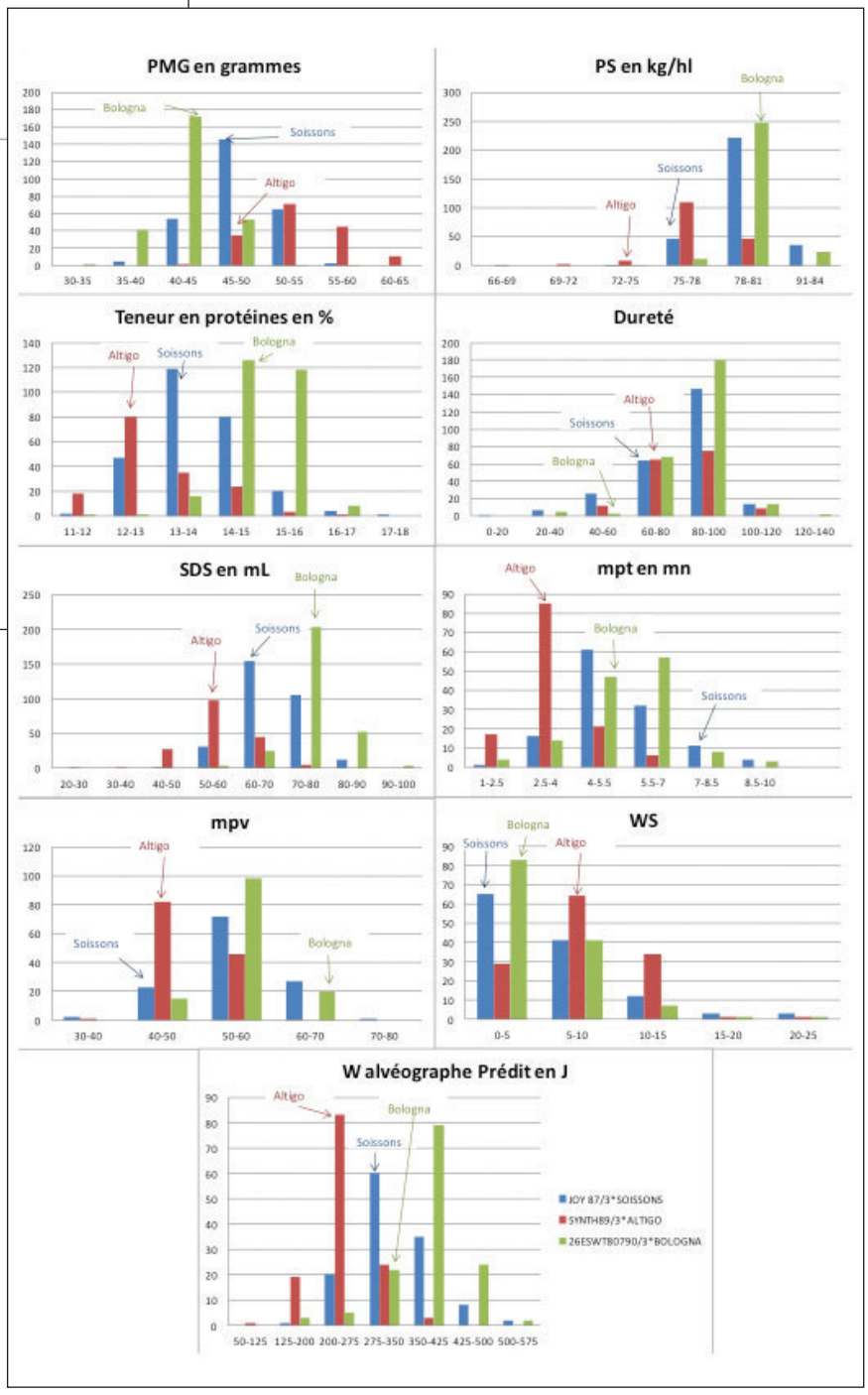
Les coefficients de corrélation entre AUDPC sur les différents lieux sont relativement corrects pour les populations 26ESWT80790/3*BOLOGNA (r=0,61) et SYNTH89/3*ALTIGO (r=0,57) alors qu'il est quasiment nul pour la population JOY 87/3*SOISSONS (r=0,18).

Aucune corrélation entre résistance à la septoriose et la précocité ou la hauteur n'a pu être mise en évidence, sauf pour la population JOY 87/3*SOISSONS où une corrélation négative entre précocité et symptômes de septoriose a pu être mise en évidence (r=-0,40 pour le lieu de Rennes et r=-0,30 pour le lieu d'Orsonville). Au sein de cette population, les individus précoces ont donc été globalement plus touchés que les individus tardifs qui ont été moins exposés à la rouille brune.

Evaluation de la qualité des 3 populations retenues

Les analyses ont été réalisées en 2 temps : une trentaine de lignées par population a été analysée en septembre pour affiner le choix de la douzaine de lignées par population à semer en essais multilocaux ; les autres lignées ont été analysées plus tard, en mai. Les analyses sur les parents récurrents ont été répétées, en septembre et en mai. Ces répétitions n'ayant pas montré d'effets significatifs de la période d'analyses (à l'exception de la teneur en protéines sur farine Brabender), les données ont pu être regroupées pour ces paramètres. La figure VII présente les distributions des principaux paramètres pour chacune des 3 populations (parents récurrents inclus), chaque couleur représentant une population.

Figure VII : *Distribution des principaux caractères qualité pour les 3 populations et leurs parents récurrents*



Pour l'ensemble des caractères évalués, les populations montrent une très grande variabilité et transgressent les valeurs de leurs parents récurrents en positif et en négatif. Il sera donc possible de sélectionner dans ce matériel végétal.

Pour le PMG, le PS, la teneur en protéines et le W prédit, le classement des médianes des populations suit celui des parents récurrents. Le fonds génétique dans lequel est intégrée la variabilité *Aegilops* est donc marquant pour ces paramètres. Pour la dureté, ce classement ne serait pas respecté, la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA est la plus « Hard » alors que Bologna serait la moins « Hard ». Ce résultat n'est pas conforme aux valeurs attendues [8] : Bologna « Hard » et Altigo et Soissons « Médium Hard », ce qui est surprenant. En 2014, les lignées des 3 populations ont montré des médianes supérieures aux valeurs de leur parent récurrent pour le PMG (surtout pour la population SYNTH89/3*ALTIGO), le PS (surtout pour la population SYNTH89/3*ALTIGO) et la dureté du grain. Pour la teneur en protéines, seule la population JOY 87/3*SOISSONS a une médiane supérieure à son parent Soissons.

Pour le test SDS, très influencé par la teneur en protéines, le manque de précision de la mesure (écarts relativement importants entre les mesures des témoins) ne permet pas de mettre en évidence de différences entre les médianes des populations et leur parent récurrent, même pour Soissons.

Concernant la rhéologie de la pâte, Soissons présente une courbe de mixographe assez « plate » : pic peu élevé atteint lentement mais courbe s'affaiblissant peu. Son W prédit est plus élevé que celui d'Altigo. Par rapport à Bologna, Altigo atteint plus rapidement un pic de mixographe moins élevé avec une courbe qui s'affaiblit plus fortement et son W prédit est plus faible. Bologna présente la courbe de mixographe la plus élevée et le plus fort W prédit. Ceci semble conforme aux classes de qualité de ces variétés [8] : Altigo est « Blé Panifiable », Soissons « Blé Panifiable Supérieur » et Bologna « Blé Améliorant ou de Force ».

Pour les paramètres du mixographe, la médiane de la population SYNTH89/3*ALTIGO est le plus souvent assez proche de la valeur d'Altigo ou un peu plus faible ; la médiane de la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA est généralement plus faible que la valeur de Bologna (sauf pour mpt et mpw) ; inversement pour la population JOY 87/3*SOISSONS, la médiane est plus forte que les valeurs de Soissons (sauf pour mpt). Il résulte de ces variations des médianes des populations par rapport à leur parent récurrent, que les populations JOY 87/3*SOISSONS et 26ESWT80790/3*BOLOGNA se retrouvent assez proches généralement l'une de l'autre et de meilleure qualité que la population SYNTH89/3*ALTIGO. Les apports du blé synthétique JOY87 semblent positifs sur les paramètres du mixographe de la population JOY 87/3*SOISSONS par rapport à Soissons.

Sur le W prédit, les populations restent voisines, voire légèrement meilleures, que leur parent récurrent. Cette valeur calculée est cependant à prendre avec précaution.

L'ensemble de ces résultats semble indiquer que l'apport des blés synthétiques ne dégrade pas forcément la valeur technologique et peut même l'améliorer. Cependant, ces résultats ne portent que sur un seul milieu (Orgerus en 2014), ils sont donc à préciser par des essais multilocaux sur un nombre restreint de lignées.

► Cartographie génétique

Après nettoyage des données, 641 SNP polymorphes répondant aux critères de qualité ont donc été retenus. Au final :

- 273 individus de la population JOY87/3*SOISSONS ont été génotypés à l'aide de 350 marqueurs SNP polymorphes (54,6%)
- 254 individus de la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA ont été génotypés à l'aide de 302 marqueurs SNP polymorphes (47,1%)
- 162 individus de la population SYNTH89/3*ALTIGO ont été génotypés à l'aide de 493 marqueurs SNP polymorphes (76,9%).

Parmi ces 641 SNP, 111 sont communs aux 3 populations, 145 sont communs aux 2 populations JOY87/3*SOISSONS et SYNTH89/3*ALTIGO, 48 sont communs aux 2 populations JOY87/3*SOISSONS et 26ESWT80790/3*BOLOGNA, 89 sont communs aux 2 populations SYNTH89/3*ALTIGO et 26ESWT80790/3*BOLOGNA et 248 (38,7%) ne sont polymorphes que dans une des 3 populations (Figure VIII).

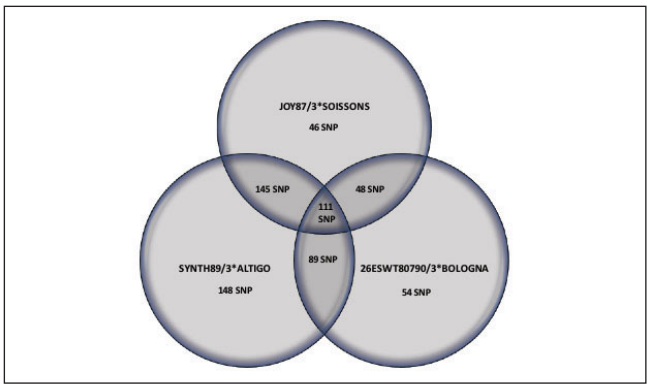


Figure VIII : *Distribution des SNP parmi les 3 populations*

Grâce notamment à des connaissances antérieures sur certains de ces marqueurs, tous les marqueurs ont pu être cartographiés et assignés sur leurs chromosomes, à l'exception d'un marqueur de la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA.

La figure IX montre leur répartition chromosomique.

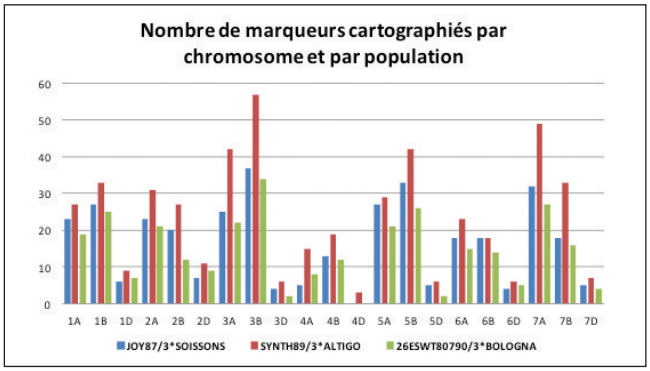


Figure IX : *Répartition chromosomique des marqueurs cartographiés pour chacune des 3 populations*

La totalité des chromosomes est donc représentée à l'exception du chromosome 4D pour les populations JOY87/3*SOISSONS et 26ESWT80790/3*BOLOGNA. Un plus faible nombre de marqueurs est présent sur le génome D, quelque soit la population. Cela provient probablement du fait que ces marqueurs SNP ont été mis au point sur blé tendre, peu polymorphe sur le génome D, et non sur *Aegilops tauschii*.

Enfin, la couverture des cartes génétiques s'étend de 645 cM pour la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA à 1 145 cM pour la population SYNTH89/3*ALTIGO. Elle est donc proportionnelle au nombre de marqueurs cartographiés. La densité de marqueurs est donc quasiment équivalente dans les 3 populations, elle varie d'un marqueur tous les 2,1 cM pour la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA à un marqueur tous les 2,4 cM pour la population SYNTH89/3*ALTIGO.

► Détection de QTL par analyse de liaison

Détection de QTL de résistance et de développement

Suite au phénotypage réalisé en 2013 et 2014, 54 variables ont donc été retenues pour la réalisation des analyses de liaison comme le montre le tableau 4.

	Caractère	Précocité	Hauteur	RJ							RB				ST			
	Année	moyenne		2013		2014					2013			2014		2013		2014	
	Lieu			Mons	Cappelle	Mons	Louvilla	Fréjoy	Cappelle		Mons	Onconvilla	Louvilla	Mons	Louvilla	Orgerus	Onconvilla	Onconvilla	Rennes
Population	JOY87/3*SOISSONS	1	1	1	1	1	2	3	4		1			1	2			2	2
	SYNTH89/3*ALTIGO	1	1	1		1	2	3	4				1	1		1		2	4
	26ESWT80790/3*BOLOGNA	1	1	1		1		3	4		1	1		1	2		1	2	3

Tableau 4 : *Nombre de variables utilisées pour la détection de QTL liés au développement ou à des mécanismes de résistance (les variables mises en bleu sont celles pour lesquelles des AUDPC ont été calculées puis prises en compte dans l'analyse QTL)*

L'analyse de liaison a permis la mise en évidence de 237 QTL de résistance et de développement au sein des 3 populations étudiées (Tableau 5).

Population	Précocité	Hauteur	RJ	RB	ST	Total
JOY87/3*SOISSONS	3	1	29	10	16	**59**
SYNTH89/3*ALTIGO	4	4	41	5	33	**87**
26ESWT80790/3*BOLOGNA	0	1	66	4	20	**91**
Total	**7**	**6**	**136**	**19**	**69**	**237**

Tableau 5 : *Nombre de QTL détectés par population et par type de caractères*

Un très grand nombre de QTL a donc été détecté pour la RJ alors que très peu ont pu être détectés pour les caractères de développement ou pour la résistance à la RB. Les distributions des AUDPC des individus observées en 2014 pour la RB expliquent ces résultats.

Le nombre de QTL détectés par population est quasiment similaire pour les populations SYNTH89/3*ALTIGO et 26ESWT80790/3*BOLOGNA alors qu'il est un peu plus faible pour la population JOY87/3*SOISSONS.

Parmi ces 237 QTL, les QTL les plus stables, c'est-à-dire ceux s'exprimant dans la majorité des environnements testés, et les QTL de résistance au sens strict, c'est-à-dire non liés à des caractères de développement ont été recherchés.

Douze régions chromosomiques se sont alors détachées. Deux régions ont été identifiées dans la population JOY87/3*SOISSONS, sept régions ont été identifiées dans la population SYNTH89/3*ALTIGO et enfin trois régions ont été identifiées dans la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA. Les caractéristiques de ces 12 QTL sont résumées dans le tableau 6.

Chromosome	Population de détection	Caractère	Nombre d'environnements dans lequel il a été détecté	LOD max	R^2 max	Allèle favorable
2B	JOY87/3*SOISSONS	RJ	3	11.3	20%	SOISSONS
		ST	1	5.2	7%	JOY87
6B	JOY87/3*SOISSONS	RJ	4	3.8	3%	SOISSONS
1B	SYNTH89/3*ALTIGO	RJ	3	9.8	26%	SYNTH 89
1D	SYNTH89/3*ALTIGO	RB	2	5.7	12%	SYNTH 89
2A	SYNTH89/3*ALTIGO	RJ	2	5.3	12%	ALTIGO
		RB	1	6.8	15%	SYNTH 89
4A	SYNTH89/3*ALTIGO	RJ	4	5.2	13%	SYNTH 89
5B	SYNTH89/3*ALTIGO	RJ	3	7.2	17%	ALTIGO
5B	SYNTH89/3*ALTIGO	ST	1	7.4	15%	SYNTH 89
6D	SYNTH89/3*ALTIGO	ST	1	6.1	19%	SYNTH 89
2A	26ESWT80790/3*BOLOGNA	RJ	2	11.7	41%	BOLOGNA
3B	26ESWT80790/3*BOLOGNA	RJ	2	5.3	10%	BOLOGNA
6A	26ESWT80790/3*BOLOGNA	RJ	3	32.7	67%	BOLOGNA

Tableau 6 : *Présentation des 12 QTLs les plus intéressants détectés par analyse de liaison*

Ces douze QTL les plus intéressants sont donc des candidats intéressants pour une utilisation en SAM à condition que leur avantage soit bien confirmé dans les populations dans lesquelles ils sont polymorphes et n'ont pas été détectés.

Détection de QTL de caractères technologiques

Cette recherche de QTL ne porte que sur un seul lieu sans répétition, les résultats sont donc à prendre avec précaution. Seuls les principaux paramètres du mixographe ont été utilisés. L'analyse de liaison a mis en évidence 47 QTL sur les 3 populations étudiées (Tableau 7).

Population	PMG	PS	dureté	protéines	SDS	mpt	mpv	mpw	mtxv	mtxi	WS	W prédit	Total
SYNTH89/3*ALTIGO	1	2	2	3	3	1	1	0	3	2	4	2	**24**
26ESWT80790/3*BOLOGNA	2	1	1	2	1	1	0	0	1	1	0	2	**12**
JOY87/3*SOISSONS	0	1	1	0	2	2	0	0	0	1	1	3	**11**
Total	**3**	**4**	**4**	**5**	**6**	**4**	**1**	**0**	**4**	**4**	**5**	**7**	**47**

Tableau 7 : *Nombre de QTL détectés par population et par type de caractères*

A l'exception du paramètre mpw du mixographe, tous les caractères ont au moins 1 QTL de détecté et jusqu'à 7 pour le W prédit (résultant du calcul impliquant plusieurs des autres caractères). La population SYNTH89/3*ALTIGO présente 2 fois plus de QTL que chacune des 2 autres populations.

Le QTL ayant le plus fort effet est détecté dans la population JOY87/3*SOISSONS. Il est situé sur le chromosome 5D et concerne 3 caractères : la dureté du grain, le test de sédimentation SDS et le W de l'alvéographe prédit (d'après les mesures du mixographe). Ceci est cohérent avec la présence du gène Ha contrôlant la dureté sur le chromosome 5D.

Les allèles du blé synthétique JOY87 sont associés à une texture moins dure que ceux de Soissons (de 84 à 49 en valeur médiane), une réduction du test SDS (de 69 à 59,5) et du W-prédit (de 348 à 255). L'apport du blé synthétique est donc plutôt négatif dans ce cas.

Sur cette même population, on note aussi, sur le chromosome 1D, un QTL expliquant respectivement 16 et 12% du WS et du mpt. Enfin, le QTL du chromosome 3D explique 10% de la variabilité du W prédit. Les autres QTL, à effets plus faibles, sont portés par les chromosomes 1A, 3A, 5B et 6A.

Sur la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA, le QTL ayant le plus fort effet (LOD 17,6) explique 23% de la variabilité et se situe sur le chromosome 6A. Il concerne le Poids de Mille Grains.

Une zone du chromosome 1D est impliquée dans plusieurs caractères (R2 de 8 à 11%) : W prédit, mpt et dureté du grain.

Sur la population JOY87/3*SOISSONS, le QTL ayant le plus fort effet (LOD=7,6 et R^2 de 23%) se situe sur le chromosome 2A et concerne le Poids Spécifique. Ce même chromosome porte aussi un QTL (R^2 de 19%) pour le mtxv. Ce paramètre est aussi expliqué par un QTL du chromosome 5D (R^2 de 16%) et le chromosome 3A (R^2 de 13%). Concernant le génome D, on trouve un QTL sur le 7D (PMG), le 5D (mtxv) déjà cité et le 1D (mpt).

► Méta analyse pour les QTL

QTL de résistance aux maladies

Sur les 12 QTL les plus intéressants, 6 QTL ne sont efficaces que dans le fonds génétique dans lequel ils ont été détectés et un QTL, localisé sur le chromosome 6A, présente un fonctionnement antagoniste en fonction du fonds génétique dans lequel il s'exprime. Ces sept QTL ne sont donc pas à utiliser par SAM en raison de leur spécificité d'efficacité.

A contrario, 4 QTL ne sont polymorphes que dans la population dans laquelle ils ont été détectés (QTL localisés sur les chromosomes 2A, 2B, 5B et 6B) et un QTL polymorphe dans les 3 populations étudiées s'exprime pour la rouille jaune sur le chromosome 1D dans 2 des 3 fonds génétiques testés et sont donc d'intéressants candidats pour une utilisation en SAM (tableau 8).

Chromosome	Population de détection	Caractère	Environnements de détection	LOD max	R^2 max	IC	Nb de SNP disponibles	Allèle favorable
2B	JOY87/3*SOISSONS	RJ	3 lieux en 2014	11.3	20%	13 cM	4	SOISSONS
		ST	1 lieu en 2014	5.2	7%			JOY87
6B	JOY87/3*SOISSONS	RJ	3 lieux en 2014	3.8	35%	0,7 cM	1	SOISSONS
1D	SYNTH89/3*ALTIGO	RB	1 lieu en 2013 et 1 lieu en 2014	5.7	12%	9 cM	1	SYNTH 89
2A	SYNTH89/3*ALTIGO	RJ	3 lieux en 2014 + 1 lieu en 2013	5.3	12%	4 cM	5	ALTIGO
		RB	1 lieu en 2014	6.8	15%			SYNTH 89
5B	SYNTH89/3*ALTIGO	ST	1 lieu en 2014	7.4	15%	4 cM	3	SYNTH 89

Tableau 8 : *Présentation des 5 QTL candidats pour une utilisation en SAM*

Les QTL de résistance à la rouille jaune localisés sur les chromosomes 2A et 2B ont également été détectés dans la population Nogent x Soissons dans le cadre du projet FSOV 2012 O. Le QTL sur le chromosome 2A est dans un même environnement lié à la fois à la rouille jaune et à la rouille brune à Mons en 2014. La résistance aux 2 maladies n'est pas apportée par le même parent. La RB apparaissant plus tardivement que la RJ sur les feuilles, il ne s'agit vraisemblablement pas d'un vrai QTL de résistance à la RB mais d'un problème de phénotypage puisque le développement de la RJ a limité le développement de la RB par la suite. Le QTL de résistante à la RJ sur le chromosome 2B a été également détecté comme significativement lié à la septoriose à l'INRA en 2014. La résistance aux deux maladies n'est pas apportée par le même parent, ce qui peut poser problème. Etant donné que la part de variabilité expliquée par ce QTL est bien plus faible pour la septoriose que pour la rouille jaune et que ce QTL n'a été détecté que dans un seul environnement pour la septoriose, il reste un QTL très intéressant pour travailler la résistance à la RJ. Pour ces 2 QTL, le nombre de SNP disponible dans leur intervalle de confiance est satisfaisant pour introduire ces caractères en SAM.

QTL de caractères technologiques

La plupart des chromosomes sont impliqués dans un ou plusieurs caractères technologiques, sauf les chromosomes : 1B, 4B, 2D, 4D et 6D. Cependant, il faut noter qu'il n'a pas été révélé de marqueurs polymorphes attribués au chromosome 4D pour 2 des 3 populations et les marqueurs sont peu nombreux (3 seulement) sur le 4D de la population SYNTH89/3*ALTIGO, de même que sur le 6D des 3 populations (4 à 5 marqueurs par population sur ce chromosome). Cela ne signifie donc pas que ces chromosomes ne sont pas impliqués mais simplement qu'on n'a pas pu le mettre en évidence, notamment par manque de marqueurs sur le génome D.

On révèle peu de co-localisation de QTL sur plusieurs populations. Trois QTL concernent les populations SYNTH89/3*ALTIGO et JOY87/3*SOISSONS:

- un QTL pour le SDS sur le chromosome 6A (expliquant 8 et 6% respectivement sur les populations SYNTH89/3*ALTIGO et JOY87/3*SOISSONS),
- un QTL pour le mtxi sur le 5B (9% et 9%),
- un QTL pour le W-prédit sur le 3A (13% et 9%).

Un seul QTL concerne les 3 populations : pour le mpt sur le chromosome 1D.

Sur les chromosomes 6A et 5B, il est difficile de déterminer si ce sont bien les mêmes zones chromosomiques. En effet, les marqueurs polymorphes ne sont pas toujours les mêmes ou pas toujours ordonnés de la même façon d'une population à l'autre. Sur le chromosome 3A, un même marqueur est impliqué dans les 2 populations.

Le QTL sur le chromosome 1D explique de 7 à 12% du mpt selon la population. De plus, il implique des marqueurs communs entre populations. Sur la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA, ce QTL est situé dans la même zone qu'un QTL de dureté et de W-prédit. La présence de QTL de qualité sur ce chromosome codant pour des protéines de réserve (gliadines et gluténines HPM et FPM) n'est pas surprenant, d'autant plus qu'il existe un polymorphisme pour ces protéines entre les blés synthétiques utilisés et les parents récurrents sur le génome D (cf. électrophorèses).

▶ Sélection et caractérisation fine de potentiels géniteurs

La mise en place de ces essais intégrant généralement les plateformes d'essais des programmes de sélection, les protocoles ont dû le plus souvent s'adapter à celui de la plateforme pour en faciliter la réalisation.

L'ensemble des conduites réalisées sur les différents sites est ainsi résumé dans les tableaux 9a et 9b.

Réseau 1	AO		UNI		LVH	
lieu (Dept)	Orsonville (78)		Froissy (60)		Joze (63)	
Date semis	12/11/2014		14/10/2014		30/10/2014	
modalité	T	BNI	T	BNI	T	BNI
Densité semis	220	220	260	180	300	200
Azote (kg/ha)	150	150	190	190	200	150
Regulateur	non	non	non	non	oui	non
Fongicides	3	0	2	0	2	1
Date récolte	01/08/2015		02/08/2015		10/07/2015	
moyenne essai (Qx/ha)	74,7	69,9	100,6	91,1	75,7	71
CV (%)		3,4		3,8		3,3
ETR (Qx/ha)		2,3		3,4		2,2
verse	-	-	-	-	-	-
pression RJ	-	-	-	***	-	-
pression RB	-	**	-	**	-	-
pression ST	-	*	-	*	-	-
pression Fusa	-	-	-	**	-	-

faible à nulle (-) , moyenne (*), assez importante (**), importante (***)

Tableau 9a : *Résumé des conditions expérimentales et résultats du réseau d'essai n°1*

Réseau 2	RAGT		INRA		FD		SYN	
lieu (Dept)	Louville-Chd (28)		Pacée (35)		Cappelle (59)		Andelu (78)	
Date semis	20/10/2015		28/10/2014		17/10/2014		15/10/2014	
modalité	T	BNI	T	BNI	T	BNI	T	BNI
Densité semis	300	300	250	150	325	235	280	196
Azote (kg/ha)	210	210	150	110	190	130	200	200
Regulateur	non	non	oui	non	oui	non	oui	non
Fongicides	3	0	3	0	3	0	3	0
Date récolte	22/07/2015		22/07/2015		02/08/2015		29/07/2015	
moyenne essai (Qx/ha)	75,1	70,7	100	78,6	103,4	82,5	102,6	92,5
CV (%)		6,3		6,0		4,6		4,6
ETR (Qx/ha)		4,5		4,7		3,8		4,3
verse	-	-	*	-	-	-	-	-
pression RJ	-	-	-	**	-	*	-	*
pression RB	-	-	-	*	-	***	-	-
pression ST	-	*	*	***	-	*	-	*
pression Fusa	-	-	-	-	-	-	-	-

faible à nulle (-) , moyenne (*), assez importante (**), importante (***)

Tableau 9b : *Résumé des conditions expérimentales et résultats du réseau d'essai n°2*

Les conditions climatiques du printemps 2015 (Mai-Juin) ont été relativement sèches dans la plupart des régions et n'ont donc pas été trop favorables au développement de la septoriose à l'exception du site de Pacé. Le développement de la rouille jaune a été relativement modeste à faible pour la plupart des sites (excepté pour les sites de Pacé et Froissy). Enfin, les températures élevées de juin ont permis le développement de la rouille brune sur les sites Nord de Seine (Cappelle et Froissy). Ces hausses de températures furent cependant trop tardives pour les sites des régions Centre et Bassin-Parisien par rapport au stade de développement des plantes, à l'exception d'Orsonville où la maladie a pu s'exprimer (semis tardif). L'expression des différentes maladies est donc variable en fonction des sites et fut relativement bien contrôlée par les fongicides évitant un impact sur la modalité traitée. Par ailleurs, peu de sites ont été touchés par la verse.

Performance des lignées en condition traitée

Les performances des lignées en condition traitée ont été mesurées sur une seule parcelle pour chacun des lieux. Les rendements des lignées dans les deux réseaux d'essai (figures Xa et Xb) montrent certaines lignées issues de la population SYNTH89/3*ALTIGO (ABLVH117, ABLVH145, ABLVH168, ABLVH118 et ABLVH048) affichant des performances équivalentes voire meilleures que les témoins CTPS ayant actuellement une importante commercialisation en France.

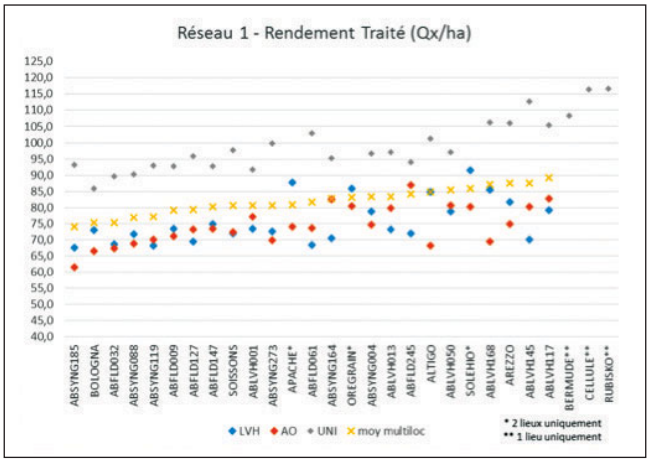


Figure Xa : *Rendement en condition traitée des lignées sur l'ensemble des lieux du réseau d'essai n°1.*

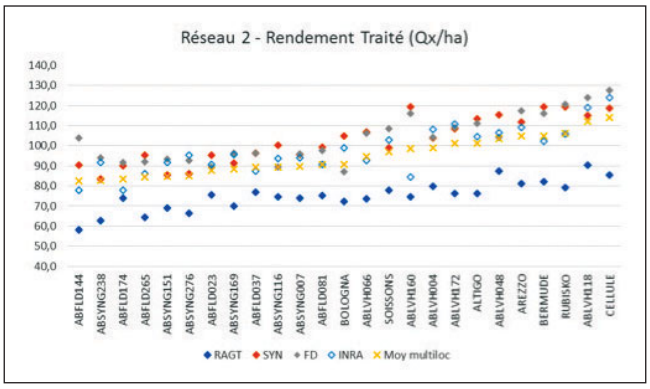


Figure Xb : *Rendement en condition traitée des lignées sur l'ensemble des lieux du réseau d'essai n°2.*

L'objectif principal du projet n'étant pas d'afficher des performances comparables aux témoins CTPS en raison des précocités, de la classe qualité et de l'année d'inscription des variétés récurrentes (Tableau 10), une étude comparative du rendement des lignées avec la variété récurrente est représentée en figures XIa et XIb.

Parent Récurrent	précocité (Quotation)	Classe Qualité	année d'inscription
SOISSONS	Précoce (7)	BPS	1988
BOLOGNA	Très précoce (7,5)	BAF	2002
ALTIGO	Précoce (7)	BP	2007

Tableau 10 : *Caractéristiques des variétés récurrentes utilisées*

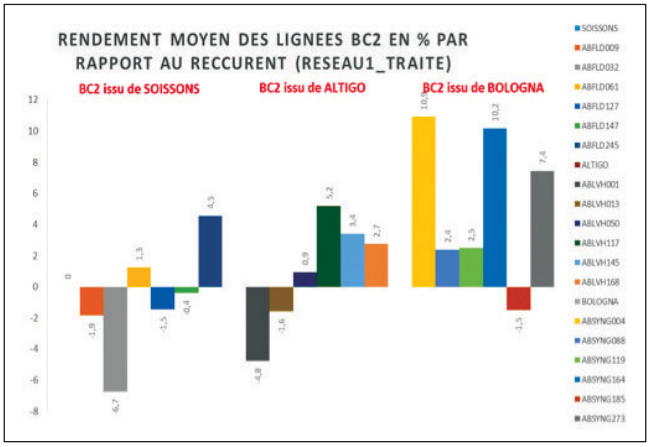


Figure XIa : *Ecart moyen du rendement des lignées par rapport au parent récurrent (en %) dans le réseau d'essai n°1 en condition traitée.*

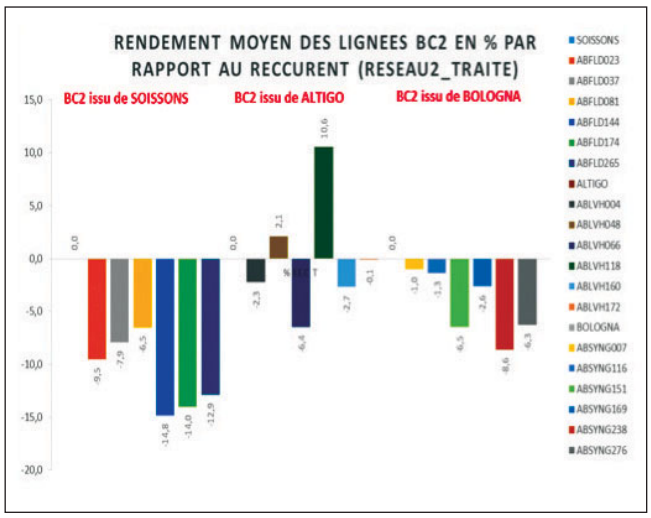


Figure XIb : *Ecart moyen du rendement des lignées par rapport au parent récurrent (en %) dans le réseau d'essai n°2 en condition traitée*

On constate alors que l'impact des introgressions sur le potentiel de performance du récurrent varie suivant les croisements. Les lignées BC2 issues du croisement avec Soissons sont dans l'ensemble moins performantes que Soissons en condition traitée. Les rendements sont en moyenne 5% en dessous de ceux de Soissons. Seule la lignée ABFLD245 semble faire mieux que Soissons, résultats tirés par la très bonne performance de la lignée sur le site d'Agri-obtention (+20% par rapport à Soissons). Les back-cross avec Altigo et Bologna présentent des performances plus nuancées. Les rendements sont supérieurs en moyenne de 0,5% par rapport aux récurrents respectifs. Quatre lignées présentent des performances supérieures de plus de 7 % à celles du récurrent : ABSYNG004, ABSYNG164, ABSYNG273 et ABLVH118, ce dernier ayant un rendement moyen égal à 111% d'Altigo.

Performance des lignées en condition « bas niveau d'intrant »

Deux répétitions par lignée et par site ont été réalisées pour mesurer les performances du pool de géniteurs en condition BNI. Les tableaux 11a et 11b récapitulent les notations maladies sur l'ensemble des deux réseaux et confirment l'intérêt des lignées sélectionnées pour leur niveau de résistance face aux maladies en comparaison avec le parent récurrent (en jaune) qui les précèdent dans le tableau.

	notations maladie modalité BNI (Reseau 1) - 1= resitant et 9=sensible						
site	AO	UNI	AO	UNI	AO	UNI	UNI
maladie	RU	RU	RB	RB	ST	ST	Fusa
APACHE	1		2		2,5		
AREZZO	1	3	3	-	3,5	2	3
OREGRAIN	2,5		1,5		3		
SOLEHIO	1		3		3		
BOLOGNA	1,5	5	4	6	3	4	7
ABSYNG004	1	1	6	-	2	1	4
ABSYNG088	1	1	3,5	-	2	1	4
ABSYNG119	1	1	5	-	2	1	4
ABSYNG164	1	1	4	-	2	1	5
ABSYNG185	1	1	4	-	2,5	1	4
ABSYNG273	1	4	1,5	-	3	1	5
ALTIGO	1,5	8	1,5	-	3	3	8
ABLVH001	1	4	2	4	2,5	2	3
ABLVH013	1	1	2	5	2	1	6
ABLVH050	1	2	3	6	2,5	3	4
ABLVH117	1,5	8	1,5	6	2	-	5
ABLVH145	4	8	1	4	3	-	3
ABLVH168	1	1	1	6	2	1	3
SOISSONS	1	2	3,5	5	3	2	7
ABFLD009	2	5	1,5	4	3	1	6
ABFLD032	1	1	2	2	2	1	4
ABFLD061	1	2	3,5	5	2,5	1	5
ABFLD127	1	1	3	4	3	3	7
ABFLD147	1	1	2	2	2,5	2	5
ABFLD245	1	1	3	2	2	1	5

Tableau 11a : *Notations des lignées/variétés sur leur résistance face aux différentes maladies présentes dans les essais du réseau n°1 (1=résistant, 9=très sensible)*

	notations maladie modalité BNI (Reseau 2) - 1= resitant et 9=sensible										
site	SYN	FD	INR	SYN	FD	INR	RGT	SYN	FD	INR	RGT
maladie	RB	RB	RB	RJ	RJ	RJ	ST	ST	ST	ST	Fusa
AREZZO	1,5	7	3	1	1	1	3	2	3,5	7	2
BERMUDE	1	7	inj	1	1	1	4,5	5	3	8	5,5
CELLULE	2	5,5	1	1	1	1	1,75	1	1,5	5	3
RUBISKO	1	1	1	1	1	2,5	3	3,5	3	6	2,5
BOLOGNA	1	7,5	4	1	1	1	2,75	1	1,5	5	2,5
ABSYNG007	1	7	5,5	1	1	1	2	1,5	1	5	2,5
ABSYNG116	2,5	7,5	6	1	1	1	2,25	1,5	1,5	5	2
ABSYNG151	1	5	2	1	1	1	2,25	1,5	1,5	5	2,5
ABSYNG169	1	6	2,5	1	1	1	2	2	1	5	2,5
ABSYNG238	1	1,5	3	1	3	1	2,75	2	1	4	2,5
ABSYNG276	2,5	8	7	1	1	1	2,25	1,5	1	5	2
ALTIGO	1	5	inj	5,5	4,5	7	4,25	4	2,5	9	2
ABLVH004	1	1	inj	1	1,5	2,5	3,25	3	2	6	2
ABLVH048	1	1	1	1	1	1	2	1	1	3	1,5
ABLVH066	1	4	inj	1	3,5	6	2,5	2,5	2	6	2
ABLVH118	1	4	3	3	1,5	5,5	2,25	1	1,5	6	1
ABLVH160	1	1	1	1	1,5	4	2,5	1	2	4	3
ABLVH172	1	1	inj	1	2	3,5	3,75	6	3	8	1
SOISSONS	1,5	7	inj	1	1	1	2,75	2	3	6	2,5
ABFLD023	1	1	inj	1	1,5	1	3	2,5	3	7	2
ABFLD037	1	3,5	1	1	1	1	2,25	1	2	5	1,5
ABFLD081	1	1	inj	1	1	1	3	2	2,5	6	1,5
ABFLD144	1	1	inj	1	1,5	1	3,5	3	3	6	2,5
ABFLD174	1	1,5	1	1	1	1	2,25	2	2	5	2,5
ABFLD265	1	3,5	3	1	1	1	2,5	1,5	2	6	3

Tableau 11b : *Notations des lignées/variétés sur leur résistance face aux différentes maladies présentes dans les essais du réseau n°2 (1=résistant, 9=très sensible)*

Les rendements des lignées sont présentés dans les figures XIIa et XIIb pour chacun des réseaux d'essai. Les Coefficients de variation (CV) et Ecarts types résiduels (ETR) sont plutôt corrects témoignant de la bonne répétabilité des mesures, seuls les sites de l'INRA et de RAGT présentent des CV moyens (tableaux 9a et 9b).

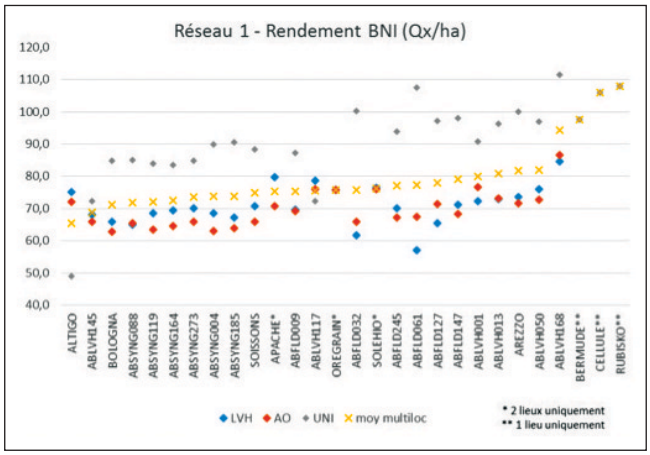


Figure XIIa : *Rendement en condition BNI des lignées/variétés sur l'ensemble des lieux du réseau d'essai n°1.*

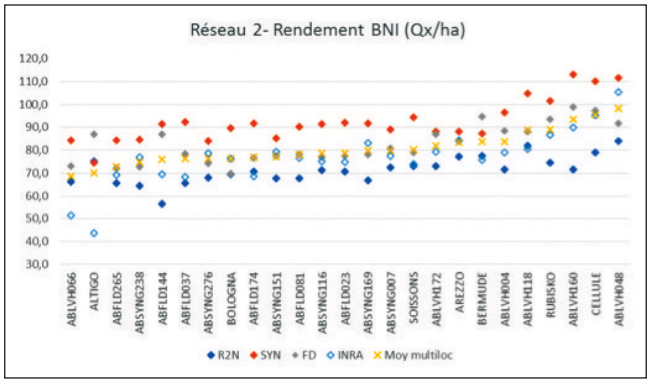


Figure XIIb : *Rendement en condition BNI des lignées/variétés sur l'ensemble des lieux du réseau d'essai n°2*

Tout comme la condition traitée, plusieurs lignées BC2 présentent en condition BNI des performances équivalentes aux témoins CTPS. En réseau 1 comme en réseau 2, ce sont principalement les lignées issues du back-cross avec Altigo qui se positionnent aux premières places du classement. A l'inverse, ce dernier se situe en bas du classement en raison de sa forte sensibilité à la Rouille jaune qui impacte fortement ses performances. Dès lors, quand on compare les lignées BC2 à leur récurrent (Figure XIIIa), il n'est pas surprenant de voir que les lignées issues du croisement Altigo sont celles qui présentent la plus grosse différence de rendement. En effet, les lignées « Altigo » ont un rendement dans le réseau 1 supérieur de 22% en moyenne par rapport à Altigo soit environ 15 qx/ha de plus, la lignée ABLHV168 atteignant sur le site de Froissy un rendement supérieur de 144% soit 62 qx/ha de plus qu'Altigo.

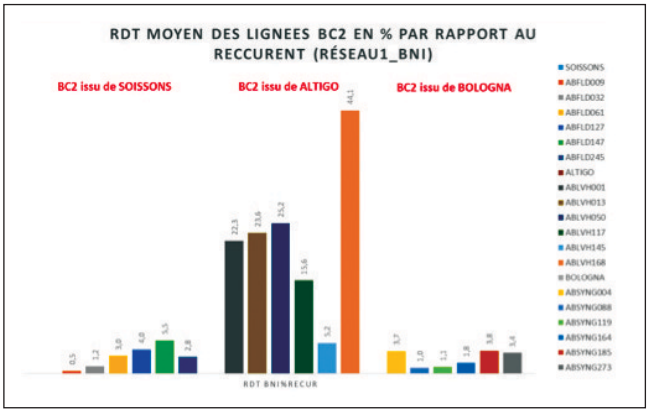


Figure XIIIa : *Ecart moyen du rendement des lignées en % par rapport au parent récurrent dans le réseau d'essai n°1 en condition BNI*

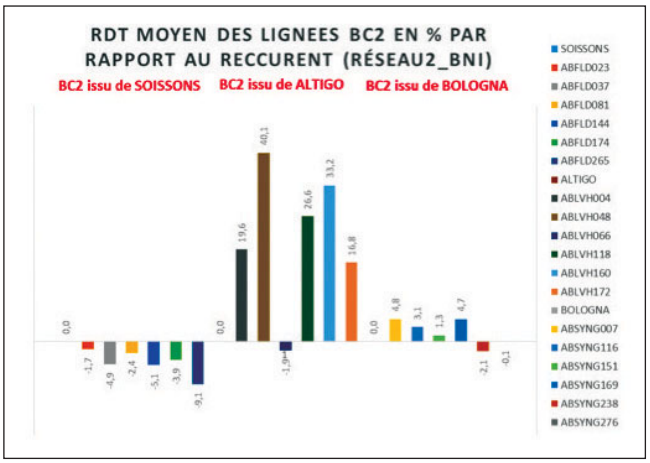


Figure XIIIb : *Ecart moyen du rendement des lignées en % par rapport au parent récurrent dans le réseau d'essai n°2 en condition BNI*

Le gain en rendement des lignées « Bologna » et « Soissons » par rapport à leur récurrent respectif n'est pas aussi important que celui d'Altigo (respectivement 2,4% et 2,7% de rendement en plus en moyenne). Cependant si pour les lignées « Bologna », le gain reste faible dans les 3 environnements, pour les lignées « Soissons » les écarts sont bien différents suivant les lieux. En effet, sur le site de Froissy (UNI) où les pressions Rouilles (brune et jaune) et fusariose sont relativement importantes, le gain important en rendement des lignées est masqué par la perte sur le site de Jose (LVH) où la pression maladie est inexistante (Tableau 12a).

Dans le réseau 2, les lignées « Altigo » confirment le gain en rendement lié à la résistance aux maladies avec également 22% de rendement en plus en moyenne par rapport à Altigo (tableau 12b). La lignée ABLVH048 affiche l'écart le plus important à Froissy avec un rendement supérieur de 140% en moyenne par rapport à Altigo (soit +62 qx/ha).

Les lignées « Bologna » présentent un gain en rendement de 2,5% en moyenne par rapport à Bologna soit +1,8 qx/ha. La résistance à la rouille brune étant la cible principale de l'introgression, les écarts par rapport au récurrent sont davantage marqués sur le site de Pacé (INRA) et Cappelle (FD) où la pression rouille brune fut importante.

lignée	Différence rendement (Qx/ha) par rapport au récurrent - Réseau 1			
	LVH	AO	UNI	moyenne
SOISSONS	0,0	0,0	0,0	0,0
ABFLD009	-1,2	3,3	-1,1	0,3
ABFLD032	-9,1	-0,1	11,9	0,9
ABFLD061	-13,7	1,4	19,1	2,2
ABFLD127	-5,3	5,5	8,9	3,0
ABFLD147	0,4	2,4	9,6	4,1
ABFLD245	-0,6	1,3	5,6	2,1
ALTIGO	0,0	0,0	0,0	0,0
ABLVH001	-2,7	4,6	41,8	14,6
ABLVH013	-2,1	1,1	47,3	15,4
ABLVH050	1,0	0,6	47,8	16,5
ABLVH117	3,6	3,8	23,3	10,2
ABLVH145	-6,9	-6,1	23,2	3,4
ABLVH168	9,5	14,5	62,5	28,8
BOLOGNA	0,0	0,0	0,0	0,0
ABSYNG004	2,7	0,3	5,0	2,7
ABSYNG088	-0,7	2,6	0,1	0,7
ABSYNG119	2,8	0,5	-0,9	0,8
ABSYNG164	3,5	1,7	-1,4	1,3
ABSYNG185	1,5	1,0	5,7	2,7
ABSYNG273	4,3	3,1	0,0	2,4

Tableau 12a : *Ecart de rendement (Qx/ha) entre la lignée BC2 et son parent récurrent dans les différents lieux du réseau n°1.*

lignée	Différence rendement (Qx/ha) par rapport au récurrent - Réseau 2				
	RAGT	SYN	FD	INRA	moyenne
SOISSONS	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ABFLD023	-2,4	-2,3	-1,3	0,7	-1,3
ABFLD037	-7,4	-2,2	-0,4	-5,7	-3,9
ABFLD081	-5,2	-4,2	-0,9	2,5	-1,9
ABFLD144	-16,6	-3,0	8,0	-4,5	-4,0
ABFLD174	-2,3	-2,6	-2,2	-5,5	-3,2
ABFLD265	-7,3	-10,2	-6,8	-4,9	-7,3
ALTIGO	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ABLVH004	-3,5	22,0	1,3	35,2	13,7
ABLVH048	8,9	37,2	4,7	61,7	28,1
ABLVH066	-8,9	9,7	-14,1	7,8	-1,4
ABLVH118	6,8	30,2	1,0	36,6	18,6
ABLVH160	-3,4	38,6	11,7	46,1	23,3
ABLVH172	-2,0	13,7	-0,1	35,5	11,8
BOLOGNA	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
ABSYNG007	2,9	-0,5	10,8	1,4	3,6
ABSYNG116	1,6	1,8	6,9	-1,0	2,3
ABSYNG151	-2,0	-4,4	7,5	2,9	1,0
ABSYNG169	-2,7	2,1	8,0	6,9	3,6
ABSYNG238	-5,0	-4,9	2,7	0,7	-1,6
ABSYNG276	-1,5	-5,5	4,3	2,4	-0,1

Tableau 12b : *Ecart de rendement (Qx/ha) entre la lignée BC2 et son parent récurrent dans les différents lieux du réseau n°2*

Contrairement à ce que l'on pouvait espérer les lignées « Soissons » affichent une performance moyenne inférieure au récurrent, malgré un meilleur état sanitaire que ce dernier. A Cappelle, malgré la forte pression rouille brune et le bon niveau de résistance de certaines des lignées (affiché en pépinière lors des années 1 & 2 et confirmé au cours des notations de l'essai), l'introgression des gènes de résistance n'a pas permis de marquer l'écart avec le récurrent. Seul ABFLD144 semble démontrer sur ce site un gain en rendement de 10% par rapport au récurrent (+ 8 qx/ha). A Pacé où la pression rouille brune était également importante, le gain potentiel lié à la résistance au champignon a été effacé par la bonne pression septoriose, contre laquelle les lignées présentent peu de progrès comparée à la résistance du récurrent.

Bilan des performances des lignées en condition traitée et « bas niveau d'intrant »

La combinaison des performances des lignées relatives au récurrent, en condition traitée et en condition BNI, sont présentées dans les figures XIVa et XIVb.

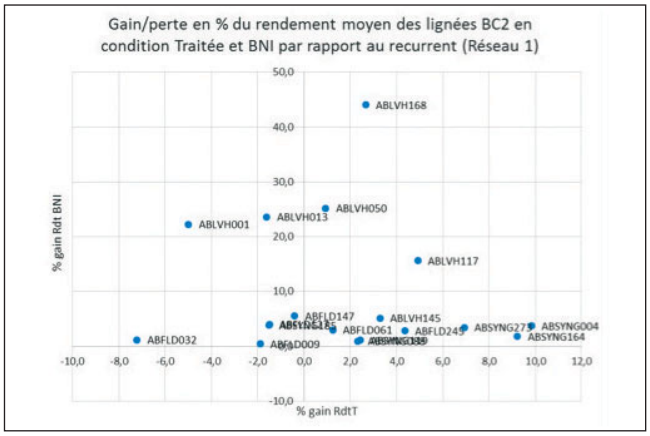


Figure XIVa : *Ecart moyen du rendement des lignées en % par rapport au parent récurrent dans le réseau d'essai n°1 en conditions BNI et traitée.*

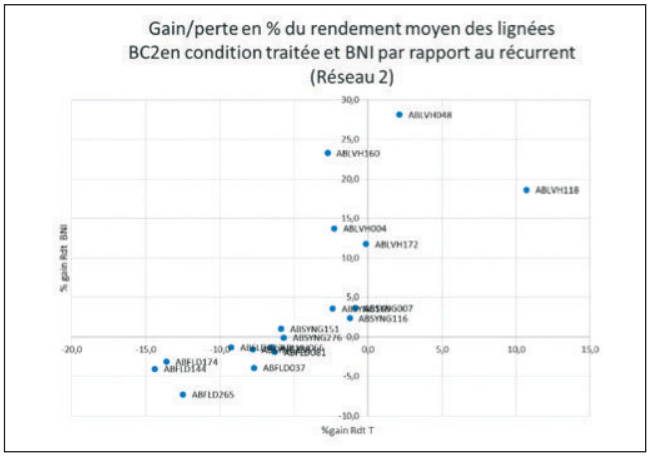


Figure XIVb : *Ecart moyen du rendement des lignées en % par rapport au parent récurrent dans le réseau d'essai n°1 en conditions BNI et traitée*

Comme il a été remarqué dans les points précédents, les lignées « Altigo » se démarquent par une nette amélioration des performances par rapport au récurrent en condition BNI mais également en condition traitée pour un certain nombre d'entre elles :

- ABLVH168 : +44% en condition BNI et +2,7% en condition traitée par rapport à Altigo
- ABLVH048 : +28% en condition BNI et +2,1% en condition traitée par rapport à Altigo
- ABLVH118 : +18% en condition BNI et +11% en condition traitée par rapport à Altigo.

Les forts écarts en BNI sont d'autant plus prononcés que la pression rouille jaune est importante comme sur les sites de Froissy, Pacé voire Andelu. L'introgression des gènes exotiques dont les gènes de résistance aux maladies dans le fond Altigo n'a semble-t-il pas altéré les performances in fine voire les aurait améliorées comme en témoigne la lignée ABLVH118 qui a des rendements supérieurs à Altigo sur l'ensemble des lieux du réseau 2 (de 101,3% à 118,6% du rendement de Altigo).

Les lignées « Bologna » du réseau 1 n'ont d'une manière générale pas présenté de gains importants en rendement en condition BNI (ni en réseau 2) et qui auraient pu être attribués à la résistance aux maladies mais certains segments chromosomiques de la source exotique sembleraient améliorer la performance in fine de la lignée par rapport à son récurrent :

- ABSYNG004 : +3,7% en condition BNI et +9,8% en condition traitée par rapport à Bologna
- ABSYNG164 : +1,8% en condition BNI et +9,2% en condition traitée par rapport à Bologna.

Toutefois, on peut penser qu'une évaluation des lignées dans la zone sud de France, où la pression rouille brune est généralement plus importante, aurait accentué l'écart de rendement en condition BNI entre les lignées et le récurrent.

L'introgression des gènes exotiques, dont les gènes de résistance, dans le fond « Soissons » semble s'accompagner d'effets défavorables sur le rendement. Le gain potentiel en condition BNI lié à l'introgression de gènes de résistance aux maladies n'a pas compensé l'introgression d'allèles défavorables au rendement que l'on a pu constater dans la modalité traitée. Seules quelques lignées dans le réseau 1 présenteraient un gain en rendement traité et en condition BNI :

- ABFLD061 : +3% en condition BNI et +1,6% en condition traitée par rapport à Soissons
- ABFLD245 : +2,8% en condition BNI et +4,5% en condition traitée par rapport à Soissons (tiré par un seul lieu, Orsonville, où la lignée est à 120% du récurrent).

Comme pour les lignées « Bologna », un dispositif expérimental dans le sud de la France avec une bonne pression rouille brune aurait peut-être pu accentuer l'écart avec le récurrent en condition BNI, même si l'essai de Cappelle où la pression fut intéressante n'a permis qu'à une seule lignée (ABFLD144) de présenter un gain en rendement.

De telles différences entre les croisements peuvent en partie s'expliquer par la source « *Aegilops* ». La source JOY87, utilisée pour être croisée avec Soissons, est un synthétique issu d'un croisement entre un blé dur (Joyau) et un *Aegilops tauschii*. Les sources utilisées avec Bologna et Altigo sont issues d'un échange avec le CIMMYT. Les lignées BC2 issues de Soissons ont probablement davantage de segments chromosomiques qui sont défavorables aux performances. Des mécanismes de résistance introgressés venant d'*Ae. tauschii* 87 et mis en place par la plante pourraient également expliquer cette baisse de rendement si ceux-ci sont couteux en énergie ou interfèrent avec des mécanismes qui ont un impact sur le rendement (telle que la régulation de l'ouverture des stomates…).

Evaluation de la qualité du pool de géniteurs

Une analyse des résultats site par site témoigne de la variabilité existante de la qualité ainsi que des interactions entre l'environnement et les génotypes (Tableau 13).

Reseau	lieu	TP moy	W moy	P/L moy	Note Moy	Note des témoins / commentaires
1	Orsonville (AO)	11,7	242	1,9	251	Témoins conformes aux attentes
	Joze (LVH)	12,9	253	1,2	237	légèrement inférieurs aux attentes - tendance pâtes tenaces favorisées
	Froissy (UNI)	11,4	233	2,1	225	Soissons et Arezzo inférieures aux attentes
2	Cappelle (FD)	11,8	271	1,7	236	Témoins un peu faibles
	Louville (R2N)	12,7	286	1,1	278	notes peu discriminantes (tous BPS)
	Andelu (Syn)	12,3	290	2,1	255	Témoins conformes aux attentes

Tableau13 : *Valeur moyenne des sites pour les caractères de l'alvéographe (W et P/L), la teneur en protéine et la note de panification*

Les figures XV à XVIII représentent la moyenne par réseau de chaque lignée/variété pour les différents tests réalisés : teneur en protéine, W et P/L de l'alvéographe et notes de panification.

Bien qu'il n'y ait pas de différences significatives avec le récurrent, les lignées BC2 ont tendance à avoir un meilleur taux de protéines même lorsque leur rendement est supérieur au récurrent (Figures XVa et XVb).

Les W des lignées BC2 ne sont également pas significativement différents de ceux du récurrent (Figures XVIa et XVIb). Si les valeurs semblent un peu plus stables pour les lignées « Altigo » et « Soissons » que leur récurrent respectif, les lignées « Bologna » semblent montrer un peu moins de stabilité que le récurrent lui-même.

Le P/L est le caractère montrant le plus de variabilité lorsque l'on compare les BC2 avec leur récurrent respectif (Figure XVIIa et XVIIb). Il n'est cependant pas possible d'avancer l'hypothèse que les BC2 sont d'une manière générale plus stables ou moins stables que le récurrent.

Enfin, les notes de panification des lignées BC2 sont d'une manière générale du niveau du récurrent voire meilleures que le récurrent. Certaines lignées présentent également une meilleure stabilité des résultats que le récurrent. Ainsi Bologna, de qualité BAF, présente une note moyenne de 230 en réseau 1 et de 212 en réseau 2 avec un écart-type relativement important. Pourtant 4 lignées BC2 présentent un score moyen supérieur à 250 et semblent également beaucoup plus stables que leur récurrent (ABSYNG004, ABSYNG007, ABSYNG116, ABSYNG169). Même remarque pour les lignées ABLVHH004, ABLVH145, ABFLD009 et ABFLD061 qui présentent une bien meilleure note que leur récurrent Altigo.

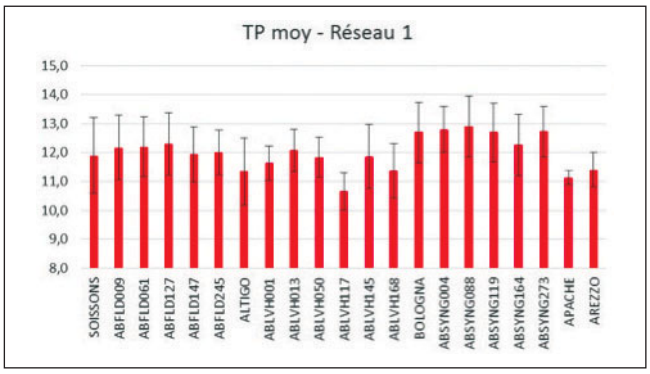


Figure XVa : *Teneur moyenne en protéine des lignées et variétés dans le réseau d'essai n°1 en conditions BNI et traitée (3 lieux)*

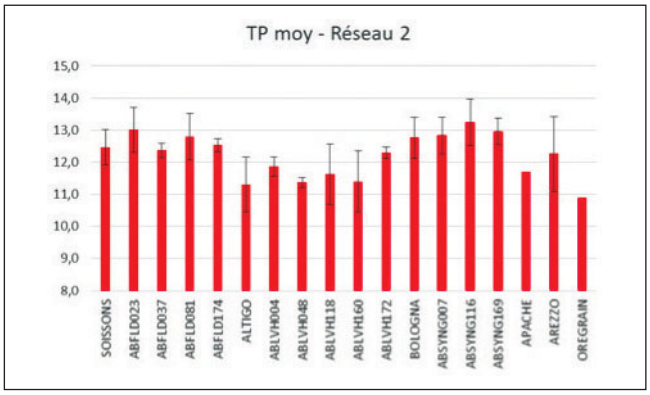


Figure XVb : *Teneur moyenne en protéine des lignées et variétés dans le réseau d'essai n°2 en conditions BNI et traitée (3 lieux)*

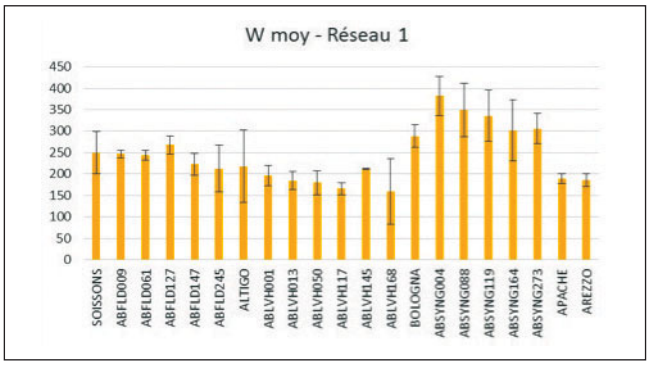


Figure XVIa : *W moyen (Alvéographe) des lignées et variétés dans le réseau d'essai n°1 en conditions BNI et traitée (3 lieux)*

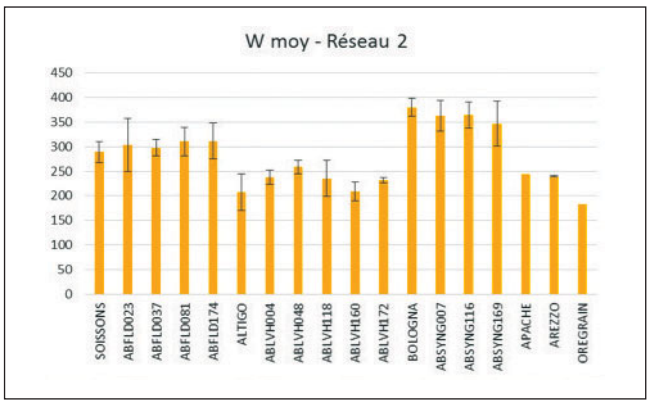


Figure XVIb : *W moyen (Alvéographe) des lignées et variétés dans le réseau d'essai n°2 en conditions BNI et traitée (3 lieux)*

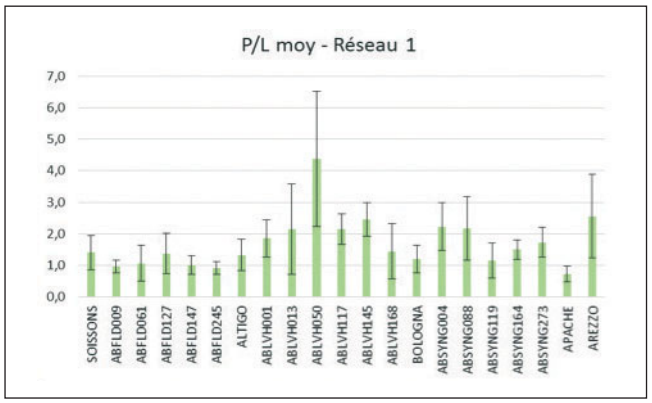


Figure XVIIa : *P/L moyen (Alvéographe) des lignées et variétés dans le réseau d'essai n°1 en conditions BNI et traitée (3 lieux)*

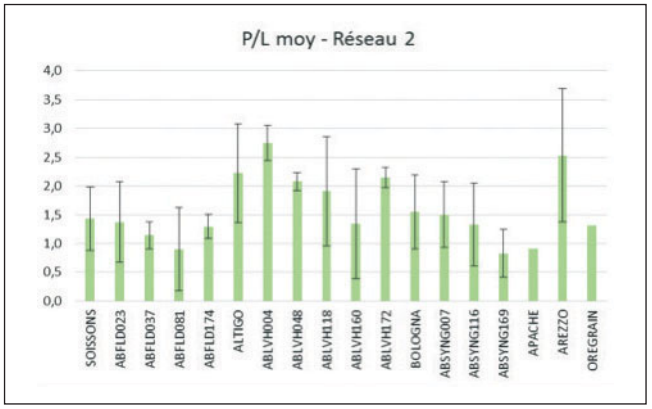


Figure XVIIb : *P/L moyen (Alvéographe) des lignées et variétés dans le réseau d'essai n°2 en conditions BNI et traitée (3 lieux)*

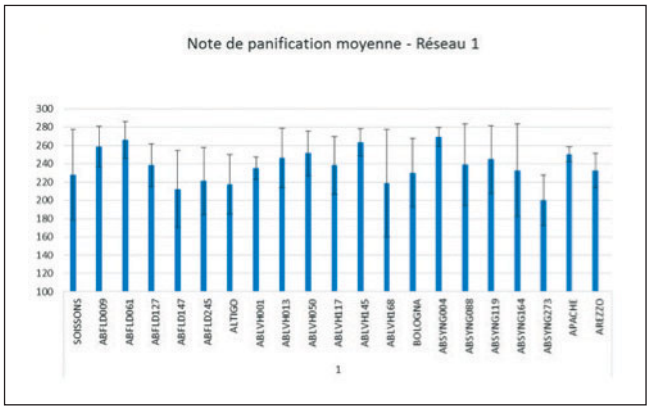


Figure XVIIIa : *Note moyenne de panification (PIBEA) des lignées et variétés dans le réseau d'essai n°1 en conditions BNI et traitée (3 lieux)*

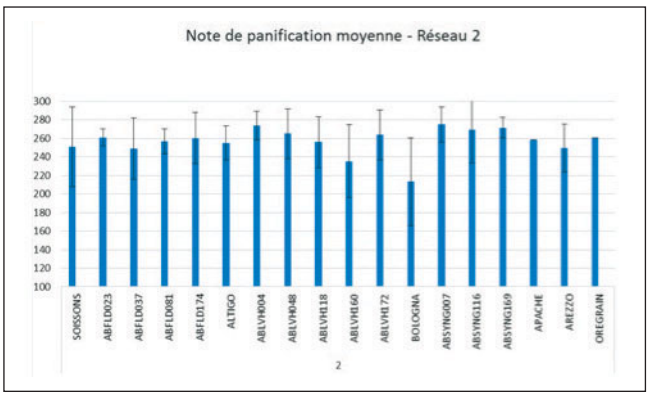


Figure XVIIIb : *Note moyenne de panification (PIBEA) des lignées et variétés dans le réseau d'essai n°2 en conditions BNI et traitée (3 lieux)*

L'introgression des gènes de lignées exotiques dans le fond élite ne semble pas avoir altéré la qualité des pâtes et de panification pour les lignées sélectionnées comme géniteurs. Certaines lignées BC2 semblent par ailleurs montrer une bonne stabilité dans les différents environnements pour l'ensemble des critères étudiés (ABLVH001, ABLVH004, ABSYNG169 (excepté pour le W), ABFLD009 et ABLVH145 (excepté pour la teneur en protéine)).

Les géniteurs ont aussi été caractérisés pour les gluténines HPM et FPM. La figure XIX illustre les résultats de la population 26ESWT80790/3*BOLOGNA. Le tableau 14 indique les sous-unités ou allèles des parents et des blés synthétiques quand ils sont connus.

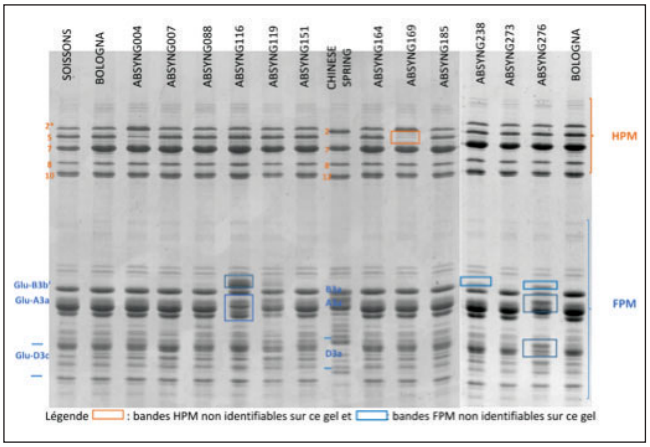


Figure XIX : *Gel d'électrophorèse de gluténines HPM et FPM*

		ALTIGO	Synth-89	BOLOGNA	SOISSONS	JOY87
HPM	Glu-A1	nul	1	2*	2*	nul
	Glu-B1	7-8	20	7-8	7-8	6-8
	Glu-D1	3-12	2-12?	5-10	5-10	2-11?
FPM	Glu-A3	d	nd	nul	a	nd
	Glu-B3	g	nd	b'	b'	nd
	Glu-D3	c	b	c	c	nd

Tableau 14 : *Sous-unités des gluténines HPM et allèles des gluténines FPM des parents (déterminées) et blés synthétiques (informations antérieures) ? nd = non déterminé*

Après 3 rétrocroisements avec le parent récurrent, la plupart de ces lignées sont identiques au parent récurrent pour la plupart des gènes. Cependant, certaines se distinguent.

Par rapport à Altigo, on peut différencier : ABLVH013 (sous-unité 20 au gène Glu-B1), ABLVH172 (2-12 au Glu-D1) et ABLVH145 (hétérozygote 2-12/5-10 (provenant probablement d'une contamination, Synth-89 ayant les sous-unités 2-12?). Par contre pour les FPM, plusieurs lignées se distinguent : ABLVH050, 051,

117, 118, 145 et 172 auraient un allèle différent de celui d'Altigo au Glu-A3 et ABLVH048 et 172 au Glu-B3, ABLVH004, 007, 015, 046 et 048 auraient l'allèle b de Synth-89 au Glu-D3.

Par rapport à Bologna, ABSYNG004 et ABSYNG169 montrent des différences d'intensité de bandes électrophorétiques sur Glu-D1 et ABSYNG169 serait hétérozygote sur le Glu-A1. ABSYNG116 se distingue sur Glu-A3 et Glu-B3 mais les allèles n'ont pu être déterminés (il s'agit peut-être de nouveaux allèles ou des électrophorèses supplémentaires seraient à réaliser). Enfin, ABSYNG276 serait hétérozygote au Glu-D3 (allèles c et b, ce dernier pouvant avoir été apporté par 26ESWT80790).

Par rapport à Soissons, ABFLD023 et 072, ABFLD147 et 174, ABFLD009 et 072 seraient hétérozygotes respectivement aux Glu-A1, Glu-B1 et Glu-D1. ABFLD009 et 072 seraient aussi hétérozygotes au Glu-A3 avec un allèle d pouvant donc venir de JOY87, et ABFLD009 a l'allèle g (pouvant venir de JOY87).

La majorité des lignées possédant les allèles des synthétiques ont une note de panification équivalente voir meilleure que le récurrent. Cependant, il est actuellement prématuré de tirer des conclusions sur l'aspect bénéfique ou négatif des allèles HPM et FPM apporté par les synthétiques car d'autres variables pouvant jouer sur la qualité, comme les Gliadines, sont inconnues. Par exemple, ABSYNG007 et ABFLD061 présentent le même profil HPM et FPM, une teneur en protéine, un W, un P/L et une précocité relativement proches de leur récurrent respectif. Néanmoins, ABFLD061 et ABSYNG007 ont une note de panification moyenne de 261 et 275 respectivement contre 240 et 213 pour Soissons et Bologna respectivement.

4. Conclusions et perspectives

La stratégie d' « Advanced Backcross QTL analysis » à partir de 3 populations a permis d'identifier 12 régions chromosomiques impliquées dans la résistance au sens strict à la rouille jaune, à la septoriose et à la fusariose et 47 QTL liés à la qualité. Une approche de type « méta-analyse » a permis de valider 5 QTL de résistance (3 pour la rouille jaune (dont 2 également identifiés dans le FSOV 2012 O), 1 pour la septoriose et 1 pour la rouille brune) et 5 QTL de qualité (1 pour la dureté, le SDS et le W Prédit (cohérent avec la localisation du gène Ha), 1 pour le SDS, 1 pour le mtxi, 1 pour le W Prédit et 1 pour la mpt).

Cette approche « Advanced Back-cross » a également permis d'obtenir des lignées présentant un réel gain dans la résistance à une ou plusieurs maladies du feuillage du blé tendre. Plusieurs lignées ont également démontré de meilleures performances de productivité que les variétés récurrentes aussi bien en conditions BNI qu'en condition traitée, performances pouvant même égaler les témoins CTPS du moment. L'introgression de gènes de résistance aux maladies a pu s'accompagner également d'introgression de nouveaux allèles ou gènes de qualité qui ne semblent pas avoir altéré la qualité de panification type « baguette ». Certaines lignées obtiennent des notes de panification supérieures au parent récurrent mais il est actuellement difficile de démontrer si cette amélioration est liée à ces nouveaux gènes/allèles ou à d'autres facteurs. La poursuite des rétro-croisements et le développement de lignées quasi-isogéniques pourraient alors apporter un premier élément de réponse.

Le projet a ainsi permis de fournir des lignées susceptibles d'être exploitées rapidement dans les programmes création variétale. Les sélectionneurs disposent ainsi de matériel dans un fond élite adapté, ce qui augmentera la chance de succès du déploiement de ces nouveaux gènes dans le germplasme elite ; déploiement qui sera catalysé et facilité par le travail moléculaire effectué en amont.

Références bibliographiques

[1] McFadden, E.S. and Sears, E.R. 1946. **The origin of Triticum spelta and its free-threshing hexaploid relatives.** J. Hered. 37 : 81-89.

[2] Tanksley, S.D., Nelson, J.C. 1996. **Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines.** Theor Appl Genet 92, 191-203.

[3] Eshed Y, Zamir, D (1994). **Introgressions from Lycopersicon pennellii can improve the soluble-solids yield of tomato hybrids.** Theor Appl Genet 88, 981-87.

[4] Martinant J.P., Nicolas Y., Bouguennec A., Popineau Y., Saulnier L., Branlard G. (1998) **Relationships between mixograph parameters and indices of wheat grain quality.** Journal of cereal Science 27, 179-189

[5] Singh N.K., Shepherd K.W., Cornish G.B. (1991). **A simplified SDS-PAGE procedure for separating LMW subunits of glutenin.** Journal of Cereal Science 14(3) 203-208

[[6] Lorieux M. (2007) **MapDisto, A Free User-Friendly Program For Computing Genetic Maps.** Computer demonstration (P958) given at the Plant and Animal Genome XV conference, Jan 13-17 2007, San Diego, CA. URL: http://mapdisto.free.fr/.

[7] Wang, S., Basten, C. J. and Zeng, Z. (2007). **Windows QTL cartographer 2.5.** Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC.

[8] Fiches variétés Arvalis :

Bologna :
http://www.fiches.arvalis-infos.fr/fiche_variete/fiches_varietes.php?id_espece=512&mode=fv&id_variete=4256

Soissons :
http://www.fiches.arvalis-infos.fr/fiche_variete/fiches_varietes.php?id_espece=512&mode=fv&id_variete=1994

Altigo :
http://www.fiches.arvalis-infos.fr/fiche_variete/fiches_varietes.php?id_espece=512&mode=fv&id_variete=4270