



- **Date de Début** : 1<sup>er</sup> Novembre 2020
- **Durée du Programme** : 36 mois (3 ans)
- **Budget proposé** : 428 916,09 €
- **Aides FSOV** : 296 516,97 € (69%)

- **MOTS CLEFS** : blé tendre / variabilité génétique / fertilisation / symbiose mycorhizienne à arbuscules

### ● RÉSUMÉ DU PROGRAMME

Dans le contexte d'une diminution des intrants en agriculture, les microorganismes du sol peuvent jouer un rôle essentiel dans la nutrition et la protection des cultures. Cela implique de tester la capacité des cultivars existants à interagir avec les microorganismes du sol et à bénéficier de cette interaction, puis de sélectionner de nouveaux génotypes favorisant ces interactions. Parmi les microorganismes du sol, les champignons mycorhiziens à arbuscules (CMA) font partie des plus abondants et ubiquitaires. La symbiose mycorhizienne permet à la fois d'améliorer l'efficacité de la nutrition et la résistance des plantes cultivées à des pathogènes.

Le niveau de colonisation des racines par les CMA est cependant largement dépendant du génotype de l'hôte et de la disponibilité en minéraux du sol. Une forte disponibilité en azote (N) et phosphore (P), inhibe la colonisation des racines par les CMA chez différentes espèces, dont le blé.

Un objectif pour la sélection de cultivars performants en bas intrants est d'obtenir des génotypes capables d'être colonisés par les CMA à des niveaux intermédiaires de fertilisation et capables de répondre positivement en termes de stimulation de rendement et de défense.

Le projet MYCOBLE a pour objectif de mesurer la variabilité génétique de blés français pour la colonisation, la stimulation de croissance/rendement et de défense par des CMA, en fonction de la disponibilité du sol en N et P. Pour cela, seront mesurés en conditions contrôlées, 1/ le niveau de colonisation par des CMA d'un panel de blé tendre, 2/ l'effet sur la colonisation de la disponibilité en N et P, 3/ la stimulation de croissance, de rendement (*dans une serre de phénotypage automatisée*) et de résistance à une maladie

majeure du blé (*septoriose*) par des CMA, chez quelques cultivars contrastés identifiés en 1-2, et en champ, 4/ le niveau de colonisation par des CMA, de maladies/insectes ravageurs et de rendement sous différents niveaux de fertilisation.

Ce projet permettra d'identifier des variétés de blé qui montrent une colonisation et des réponses positives aux CMA sous une fertilisation intermédiaire en N et P. Il permettra par ailleurs de définir des conditions expérimentales permettant de chercher par la suite des bases génétiques contrôlant ces réponses chez le blé.

### ● PERSPECTIVES DE RÉSULTATS OU DE VALORISATION

Une des originalités du projet est l'étude de la variabilité génétique intra-spécifique pour l'inhibition de la colonisation par les CMA en fonction de la disponibilité en N-P.

Les résultats obtenus pourront être publiés dans des journaux scientifiques.

Ce projet permettra par ailleurs d'identifier des variétés de blé dont la colonisation par des CMA est le moins affectée par une fertilisation intermédiaire en N et P et qui montrent des réponses positives de stimulation de croissance, rendement et résistance à des pathogènes induites par des CMA, potentiellement intéressantes pour une agriculture avec des niveaux intermédiaires de fertilisation.

Ce projet permettra de mesurer l'héritabilité de ces réponses et la faisabilité d'approches de génétique quantitative pour la recherche des bases génétiques contrôlant ces réponses chez le blé tendre. Il permettra par ailleurs de définir des conditions expérimentales optimales permettant de chercher par la suite ces bases génétiques.

### ● COMITÉ DE PILOTAGE

- Monsieur Benoît LEFEBVRE (INRAE - UMR LIPM)
- Monsieur Cyrille SAINTENAC (INRAE - UMR GDEC)
- Madame Camille WABINSKI (FLORIMOND DESPREZ Veuve et Fils)
- Monsieur Sébastien DESHAYES (CAUSSADE SEMENCES)
- Madame Anne-Charlotte LOMBART (LEMAIRE DEFFONTAINES)
- Monsieur Philippe DUFOUR (RAGT 2n)
- Monsieur Julien CONSTANT (SEMAE)