

## ► LUTTE CONTRE LA RHYNCHOSPORIOSE DE L'ORGE

# DE NOUVELLES RÉGIONS génomiques de **résistance** identifiées

Paloma Cabeza-Orcel - [p.cabeza@perspectives-agricoles.com](mailto:p.cabeza@perspectives-agricoles.com)

Le projet RHYNO a permis d'identifier, grâce à une batterie d'analyses au champ et en laboratoire, les souches françaises du champignon *Rhynchosporium commune* responsable de la rhynchosporiose de l'orge et, chez les orges, des régions génomiques conférant une résistance à cette maladie. Des données qui stimulent l'innovation variétale.



La rhynchosporiose de l'orge se manifeste dès le tallage. Une lisière brune se forme progressivement autour de taches initialement gris-vert. L'épidémie, favorisée par les pluies courant montaison, progresse depuis le sol vers le haut.

**S**emer des variétés d'orge résistantes à la rhynchosporiose réduit significativement les dégâts qu'entraîne cette maladie tout en réduisant l'utilisation de produits fongicides.

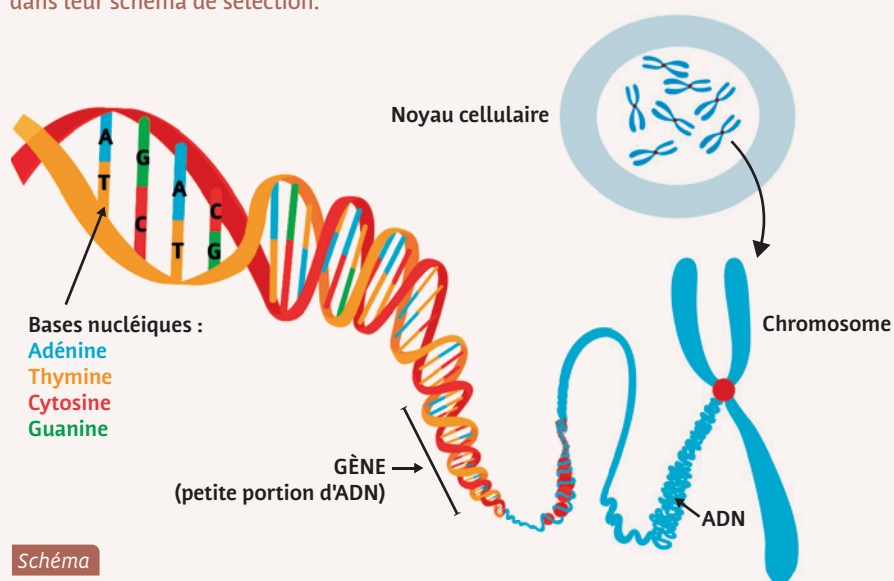


## GÈNE, MARQUEUR MOLÉCULAIRE... C'est quoi, et à quoi ça sert ?

Toute l'information génétique d'un individu - son génome - est contenue dans une très longue molécule d'ADN (acide désoxyribonucléique). Cette molécule est constituée de bases nucléiques azotées liées à un sucre (désoxyribose) : l'adénine (A), la cytosine (C), la guanine (G) et la thymine (T). Le génome est structuré en chromosomes situés dans le noyau de chaque cellule (*schéma*).

Tous les individus d'une même espèce n'ont pas exactement le même code génétique - sinon, nous serions tous identiques ! C'est sur cette variabilité génétique que comptent les sélectionneurs pour trouver, par exemple, des résistances à telle ou telle maladie.

Un marqueur moléculaire est une région de l'ADN plus ou moins grande qui montre une différence entre deux individus. Cette différence peut être associée à la sensibilité ou la résistance à une maladie donnée. Identifier ces régions permet de développer des outils moléculaires utilisant la technique PCR pour les repérer facilement dans le génome d'une variété. Les marqueurs moléculaires sont donc de puissants outils à disposition des sélectionneurs pour mieux suivre les régions du génome ou gènes d'intérêt dans leur schéma de sélection.



Schéma

Le patrimoine génétique d'un individu est contenu dans les chromosomes situés dans le noyau de chaque cellule. Chaque chromosome est constitué d'une longue chaîne enroulée d'ADN. Certaines portions (les gènes) remplissent des fonctions précises.

égales entre variétés « 2 rangs » et « 6 rangs », ont été phénotypées<sup>3</sup> au champ dans onze essais réalisés en 2020-2021 et 2021-2022 par Arvalis et les partenaires sélectionneurs du projet. Lors de ce phénotypage, des notations visuelles<sup>4</sup> de la sensibilité à la rhynchosporiose ont été réalisées, ainsi que des mesures de hauteur des plantes et de

date d'épiaison, ces deux caractères étant des facteurs d'évitement. À ces données se sont ajoutées des notations réalisées dans le cadre des projets COLNATOR (CASDAR) (9 essais sur 2015-2019) et HELMO (FSOV) (en cours, 2 essais). Seuls onze essais pour lesquels la pression de rhynchosporiose était significative ont été retenus.

Les notes de sensibilité moyenne à la rhynchosporiose variaient entre 2,1 et 2,7 dans chaque essai, ce qui indique une forte proportion d'orges résistantes à cette maladie. Une analyse de variance des notes montre qu'il existe néanmoins des différences significatives entre variétés : il existe bien une variabilité génétique concernant la sensibilité à la rhynchosporiose dans ce panel. Cependant, afin de distinguer ce qui relève de l'évitement de la maladie de ce qui relève véritablement de la résistance génétique, l'impact des caractères d'évitement de la maladie a d'abord été évalué. Cette analyse fait apparaître un impact important de la hauteur de tige : plus une orge est haute, plus les symptômes de rhynchosporiose sont réduits. Une correction des notes de sensibilité a donc été réalisée à la suite de cette analyse. Au champ, les orges sont exposées simultanément à plusieurs souches de *R. commune*. Afin de savoir si la sensibilité des variétés à la rhynchosporiose dépend de la souche qui les infecte, le laboratoire de Pathologie végétale a procédé au phénotypage des variétés en conditions contrôlées. Cultivées en chambres climatiques, les 289 variétés ont été inoculées avec cinq souches de *R. commune* (*encadré 3*). « Les souches RHY19001 et RHY19012 s'avèrent globalement plus virulentes, mais la plupart des variétés de la collection y résistent bien » conclut Romain Valade.

### QUATRE DES 18 RÉGIONS GÉNÉTIQUES LIÉES À UNE RÉSISTANCE SONT « NOUVELLES »

Les 289 variétés d'orge ont été également génotypées<sup>5</sup> par le James Hutton Institute, un laboratoire écossais de référence pour ses travaux sur l'orge. L'objectif : relier, grâce à la génétique d'association, la résistance d'une variété à la rhynchosporiose

(3) Le phénotypage des orges a consisté à noter leurs caractéristiques physiologiques (hauteur de tige, date d'épiaison, etc.) et leur comportement vis-à-vis de la rhynchosporiose. Les symptômes sont notés par une note qui croît avec leur sévérité.

(4) Notes sur une échelle de 1 à 9 ; 1 correspond à l'absence de symptômes.

(5) Le génotypage consiste à révéler des différences entre individus au niveau de la séquence ADN (polymorphismes) à l'aide de marqueurs moléculaires. Il est ensuite possible de chercher un lien entre les différences de performances agronomiques et les variations au niveau de l'ADN.

à des régions spécifiques de son génome. « Ce travail d'analyse a été réalisé par Arvalis » précise Matthieu Bogard.

Grâce aux analyses réalisées, dix-huit régions du génome conférant une protection contre la rhynchosporiose ont pu être identifiées sur différents chromosomes. Parmi celles-ci, deux coïncident avec les gènes de résistance *Rrs1* et *Rrs2* déjà connus dans la littérature. « Beaucoup de ces régions confèrent une résistance à une ou plusieurs souches de *R. commune* et sont largement présentes dans le génome des variétés étudiées » note Matthieu Bogard. « Cela indique que la sélection a déjà conduit à augmenter leur fréquence dans le matériel génétique des orges. »

Cinq de ces régions ont été retenues pour une analyse plus poussée. « Ces régions génomiques représentent des cibles intéressantes pour diversifier les sources de résistance à la rhynchosporiose » conclut Matthieu Bogard.

### DES MARQUEURS GÉNÉTIQUES ET UN MODÈLE DE PRÉDICTION GÉNOMIQUE FOURNIS AUX SÉLECTIONNEURS

Des marqueurs moléculaires ont été développés pour deux gènes déjà connus (*Rrs1* et *Rrs2*) et pour cinq régions génomiques identifiées dans le projet. Ils serviront aux sélectionneurs à repérer rapidement la présence de facteurs génétiques de résistance à la rhynchosporiose. « Les marqueurs pour les gènes *Rrs1* et *Rrs2* ont été développés et optimisés pour 46 variétés. Ils ont ensuite été utilisés sur les 289 variétés du projet » précise Faharidine Mohamadi. Notons que parmi les 13 variétés porteuses de *Rrs1*, toutes sont des orges « 2 rangs », la variété la plus ancienne étant Leslie (inscrite en 2003). Et les six variétés d'orge porteuses du gène *Rrs2* sont toutes « 6 rangs », la plus ancienne étant Opera (1982). Cinq régions d'intérêt ne sont pas asso-

## La sensibilité des orges à la rhynchosporiose dépend-elle de la souche qui l'infecte ?

Les 289 variétés d'orge du panel (notes CTPS de 4 à 8) ont été cultivées en conditions contrôlées et inoculées avec trois souches distinctes de rhynchosporiose, tandis que 109 variétés ont été inoculées avec une quatrième souche. Ces souches ont été sélectionnées pour leur diversité géographique et d'hôtes d'origine (variété printemps/hiver, 2 rangs/6 rangs). Le phénotypage haut-débit des variétés a été réalisé entre 2020 et 2022 par Arvalis.

L'analyse des données montre que les différentes souches ont un niveau d'agressivité variable sur ce panel : la sensibilité moyenne du panel varie en fonction des souches (figure 1). Cependant, il est difficile de déduire le niveau de sensibilité d'une variété à partir de sa sensibilité observée en conditions contrôlées en raison de la multiplicité des souches présentes au champ. Mais ces expériences peuvent aider à identifier de nouvelles sources de résistance.

### SENSIBILITÉ À LA RHYNCHOSPORIOSE : deux souches sont plus virulentes

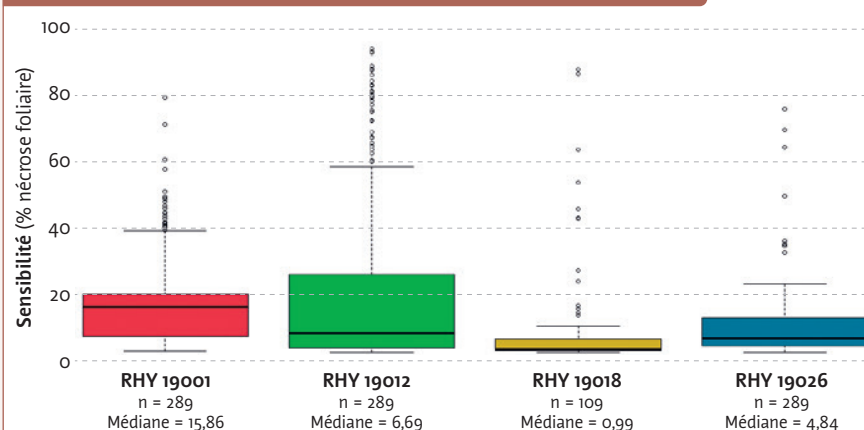


Figure 1

**Distributions des notes de sensibilité à la rhynchosporiose des variétés d'orge en fonction de la souche de *Rhynchosporium commune* qui leur a été inoculée.** Le nombre de variétés inoculées par une souche donnée est indiqué (n=). Médiane : la moitié des variétés ont obtenu une note de sensibilité à la rhynchosporiose inférieure à la valeur de la médiane, la moitié, une note supérieure. Projet RHYNO ; essais en conditions contrôlées.

ciables à des gènes connus mais sont fortement présentes chez les orges actuellement cultivées. « Sur 185 variétés analysées, 72 % sont porteuses de ces cinq régions » renchérit Faharidine Mohamadi. Des marqueurs ont donc été développés pour ces régions.

Enfin, les valeurs moyennes (sur l'ensemble du réseau d'essais) pour la date d'épiaison, la hauteur et la sensibilité à la rhynchospo-

riose calculées pour chaque variété d'orge ont permis de construire un modèle de prédiction génomique. « Les sélectionneurs pourront utiliser ce modèle pour estimer à l'avance le degré de résistance à la rhynchosporiose que l'on peut attendre d'une lignée candidate à la sélection » explique Matthieu Bogard. Et ainsi décider si celle-ci vaut la peine d'être sélectionnée afin de développer une variété résistante. ■