

GÉNÉTIQUE D'ASSOCIATION

UN POINT MARQUÉ

contre la mosaïque du blé

La mise au point d'un marqueur de la résistance à la mosaïque des stries en fuseau offre des perspectives nouvelles pour la sélection de variétés de blé tendre et de blé dur résistantes.

Le virus de la mosaïque des stries en fuseau du blé (VSFB) est un problème majeur pour les cultures de céréales en Europe et en Amérique du Nord. Le blé dur est particulièrement touché.

Une forte augmentation de la fréquence de la maladie a été observée dans toutes les régions de France où des variétés sensibles sont cultivées, mais en particulier en région Centre.

L'infection provoque une chlorose des feuilles et conduit à des baisses importantes de rendement. Le virus est transmis par *Polymyxa graminis*, un champignon parasite des racines des céréales qui n'est pas pathogène en soi mais qui transmet plusieurs virus virus qui se multiplient dans les plantes.

Pour éviter des pertes importantes dans les parcelles contaminées, les agriculteurs français sont obligés de stopper la culture du blé dur en faveur du blé tendre, car 85 à 90 % des variétés européennes de blé tendre tolèrent ce virus. Il est donc crucial de comprendre ce qui distingue génétiquement les variétés de blé tendre résistantes afin de sélectionner ce caractère pour les nouvelles variétés.

Dans ce but, Arvalis a conduit une étude de

génétique d'association pour la résistance du blé tendre au virus VSFB⁽¹⁾.

Qu'est-ce que la génétique d'association ?

Certains caractères à fort enjeu agronomique comme la résistance à la sécheresse ou, en l'occurrence, à une maladie, sont gouvernés par plusieurs gènes dont l'effet individuel peut être faible. La génétique d'association est une méthode d'analyse statistique qui permet d'identifier les zones du génome qui sont impliquées dans le déterminisme génétique de ces caractères. Elle consiste à rechercher au sein d'un panel de variétés des associations entre les variations au niveau du génome (mises en évidence à l'aide de marqueurs génétiques) et les variations des caractères (c'est-à-dire les variations de phénotypes tels que mesurés dans des essais agronomiques ou en conditions contrôlées). Pour ce type d'analyse, il faut disposer à la fois d'un grand nombre d'individus représentant au mieux la diversité naturelle de l'espèce étudiée, et de données de génotypage obtenues pour un grand nombre de marqueurs moléculaires.

UN VIRUS TRÈS PÉNALISANT POUR LE BLÉ DUR

Ces dix dernières années, la mosaïque des stries en fuseau s'est fortement développée dans les quatre régions de production de blé dur que sont le Centre, le Poitou-Charentes, le Sud-Ouest et le Sud-Est. Aucune variété française de blé dur n'est résistante à ce virus excepté Soldur, une variété qui n'est plus multipliée du fait de son potentiel agronomique limité. Les mosaïques peuvent entraîner jusqu'à 100 % de pertes de rendement.



Le marqueur mis au point sera utilisé pour sélectionner des variétés de blé tendre résistantes au virus de la mosaïque des stries en fuseau.

© N. Cohan - ARVALIS - Institut du végétal

Une région d'intérêt découverte sur le chromosome 2D du blé tendre

La résistance à la mosaïque des stries en fuseau du blé a été évaluée en parcelles expérimentales de plein champ, lors d'essais de post-inscription menés entre 1985 et 2018, pour 163 variétés cultivées de blé tendre : 149 variétés pures et 14 hybrides cultivés dans des champs naturellement infectés. Leur phénotypage au champ a mis en évidence 115 variétés résistantes et 48 sensibles au VSFB.

Il s'agissait ensuite d'identifier les marqueurs génétiques associés à la résistance au VSFB chez le blé tendre, et d'estimer la fréquence des génotypes favorables dans le panel de variétés. L'étude a identifié une large région sur le chromosome 2D du blé qui détermine l'essentiel de la résistance au virus VSFB, et deux régions, sur les chromosomes 5D et 7B, qui contribuent moins fortement à la résistance au virus.

Cette vaste région génomique de 45,8 millions de paires de bases pourrait provenir d'une espèce sauvage apparentée au blé *Aegilops Ventricosa* qui aurait été transférée dans le blé tendre lors d'un croisement ancien – mais cela reste une hypothèse. Elle contient au total 2605 gènes, y compris des gènes potentiellement impliqués dans la résistance des plantes aux maladies.

Un seul marqueur moléculaire est suffisant pour détecter la présence de cette région dans l'ADN des variétés. En effet, 99 % des cultivars qui portent l'allèle A (base de type adénine) à ce marqueur sur chacune des deux copies des chromosomes 2D sont résistants au virus, tandis que

100 % des cultivars qui portent l'allèle G (base de type guanine) sont sensibles au virus^[2].

Un outil de génotypage simple et peu coûteux a été développé sur la base du marqueur identifié afin de détecter rapidement la présence de la résistance dans les variétés et également pour faciliter la sélection de cette zone dans les nouvelles variétés. Ce résultat ouvre des perspectives nouvelles à moyen terme pour le blé dur, car il est possible de transférer cette zone dans le génome du blé dur par des croisements en vue de sélectionner les lignées de blé dur porteuses de la résistance. Néanmoins, ce travail dit « d'introgession » d'une séquence ADN du blé tendre au sein du génome du blé dur par croisement n'est pas aisé et nécessitera quelques années de travaux supplémentaires. Il s'agit d'un enjeu majeur qui pourrait participer à redynamiser la filière blé dur en remobilisant la sélection variétale pour offrir des solutions durables aux producteurs et permettre au blé dur de réintégrer le paysage variétal dans les régions contaminées.

[1] Travaux menés par D. Hourcade, M. Bogard, M. Bonnefoy, F. Savignard, F. Mohamadi, S. Lafarge, P. Du Cheyron, N. Mangel et J.-P. Cohan.

[2] Chaque cellule du blé comporte deux copies de chaque chromosome, une copie provenant du parent mâle, l'autre du parent femelle.

Plus d'informations sur les outils de la génétique dans le dossier « Outils de la génomique » de Perspectives Agricoles n°454, août 2018.

Delphine Hourcade - d.hourcade@arvalis.fr
Mathieu Bogard, Michel Bonnefoy, Philippe du Cheyron
ARVALIS - Institut du végétal
Paloma Cabeza-Orcel
p.cabeza@perspectives-agricoles.com