

S. mosellana mesure de 1,5 à 3 mm à l'âge adulte.

CÉCIDOMYIE ORANGE

VERS PLUS DE VARIÉTÉS de blé résistantes

Les variétés de blé tendre résistantes à la cécidomyie orange ne sont pas légion. Pourtant, ce parasite peut occasionner d'importantes chutes de rendement. Un projet de recherche envisage d'obtenir des marqueurs génétiques totalement fiables, qui font défaut aujourd'hui et entravent les efforts des sélectionneurs.

La cécidomyie orange est un insecte qui parasite l'épi du blé tendre, provoquant des chutes de rendement et de qualité du grain. Pour lutter contre ce parasite, la sélection variétale offre une bonne alternative aux applications d'insecticides *via* des variétés de blé possédant un gène de résistance aux cécidomyies (figure 1). Les travaux engagés par les sélectionneurs sur ce thème se heurtent toutefois à plusieurs problèmes.

« **La complexité des travaux à mener réside** dans le fait que la résistance à la cécidomyie est le fruit d'un polymorphisme variétal. »

Évaluer la résistance

Ainsi, la résistance à ce parasite est difficile à évaluer du fait d'une pression rarement uniforme de la cécidomyie. En outre, Les symptômes (nombre de larves) ne sont pas facilement observables, vu la petitesse de l'insecte. La complexité des travaux à mener réside dans le fait que la résistance à la cécidomyie est le fruit d'un polymorphisme variétal. Des travaux entrepris au Canada ont mis en lumière que la résistance à la cécidomyie des variétés canadiennes est conditionnée par la présence

RÉSISTANCE VARIÉTALE : 100 % d'efficacité face à *S. mosellana*

d'un gène majeur unique, appelé Sm1, présent sur le chromosome 2BS du blé tendre. Un marqueur moléculaire (Wm1) lié au gène de résistance Sm1 a été développé. Il pourrait être utilisé pour la sélection assistée par marqueurs dans des croisements impliquant cette source de résistance.

Des travaux réalisés par le John Innes Center (JIC) ont montré qu'au Royaume-Uni le marqueur Wm1 était associé au gène Sm1 dans ces variétés. Si ce marqueur est apparu peu fiable face au matériel génétique britannique, il a permis de développer des stratégies robustes de phénotypage, indispensables pour caractériser la résistance.

En France, au vu des travaux menés par ARVALIS - Institut du végétal, le marqueur Wm1 détecte seulement 30 % des variétés résistantes françaises. Les 70 % restants apparaissent au regard du marqueur Wm1 comme des faux négatifs (les variétés sont annoncées sensibles alors qu'elles sont résistantes au champ). Ce marqueur n'est donc pas utilisable par tous, ni applicable sur toutes les populations de blés.

Des marqueurs fiables

Dans un programme mené par le Fonds de Soutien à l'Obtention Végétale (FSOV) en 2010, deux nouveaux marqueurs moléculaires dits SNP (*Single nucleotide polymorphism*), permettant de détecter la variation d'une base au niveau de l'ADN, ont été déterminés. Ces marqueurs SNP se sont révélés nettement plus efficaces que le marqueur Wm1



Le seuil d'une larve par épi à épiaison/floraison engendre une perte de rendement de 1 q/ha.

© ARVALIS - Institut du végétal

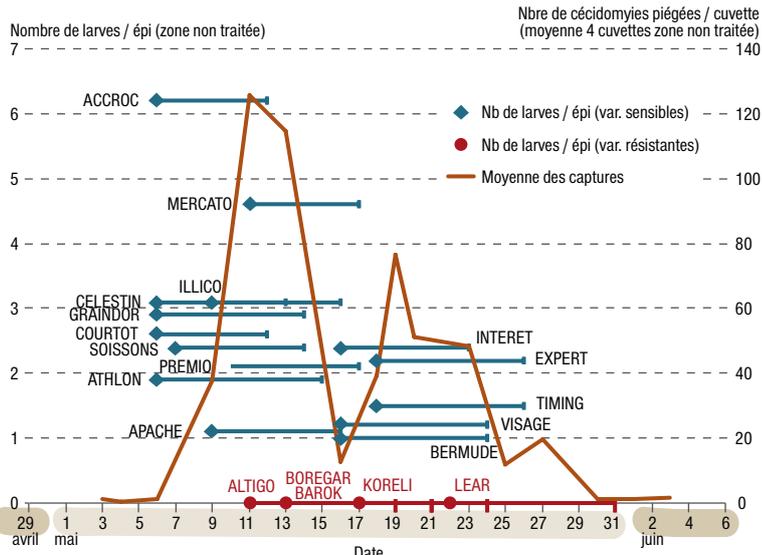


Figure 1 : Nombre de larves par épi selon les variétés de blé tendre, comparées aux moyennes des captures.

pour identifier Sm1. Ils détectent 80 % de variétés résistantes, avec seulement 20 % de faux négatifs. Cependant, même si ces deux nouveaux marqueurs sont un véritable progrès pour identifier les plantes résistantes avec Sm1, ils restent perfectibles.

Des travaux de génomique pour identifier de nouveaux marqueurs

Un nouveau projet de recherche (associant Florimond - Desprez, RAGT, Syngenta, John Innes Center et ARVALIS - Institut du végétal), réalisé lui aussi dans le cadre du FSOV, ambitionne

Un parasite en constante progression

La cécidomyie orange, *Sitodiplosis mosellana*, est un parasite commun du blé qui prend de plus en plus d'importance. Ses larves se nourrissent des grains en cours de formation, causant ainsi leur échaudage et des germinations sur pieds. De plus, la présence de ce parasite faciliterait l'attaque secondaire de champignons, comme la fusariose et la septoriose. Ainsi, ce parasite affecte aussi bien le rendement que la qualité du grain récolté. En 2004, lors d'une pandémie de cécidomyies au Royaume-Uni, les pertes de rendement occasionnées par la cécidomyie orange furent estimées à 6 % (soit environ 1 million de tonnes). Ces pertes furent accompagnées d'une diminution de la qualité du grain, malgré l'épandage d'insecticides sur 500 000 ha de blé. Les insecticides s'avèrent peu efficaces : la cécidomyie peut rester cachée dans le feuillage et les larves, logées dans l'épi, sont à l'abri des applications. Enfin, les infestations varient d'année en année en fonction des conditions climatiques, toute prédiction des risques face à ce parasite reste vaine. Des éléments qui plaident pour le choix de variétés résistantes dans les zones à risque.

↑ Une forte dépendance aux conditions climatiques

L'insecte présente une génération par an et ses cocons ont la capacité de rester viables dans le sol à l'état de repos plus de 10 ans. Ils éclosent si les conditions agro-climatiques leur sont propices (souvent de rapides pullulations dans certaines parcelles). Les éclosions sont possibles lorsque les cocons ont subi une certaine quantité de températures froides. Les hivers longs et rudes favorisent les attaques massives. Les printemps secs sur le début et humides sur la fin, comme en 2014, sont aussi des facteurs favorisants.



Le blé est particulièrement sensible aux attaques de cécidomyies du début de l'épiaison jusqu'à la fin de la floraison.

© ARVALIS-Institut du végétal

BACKCROSS : s'approcher du gène grâce aux recombinaisons

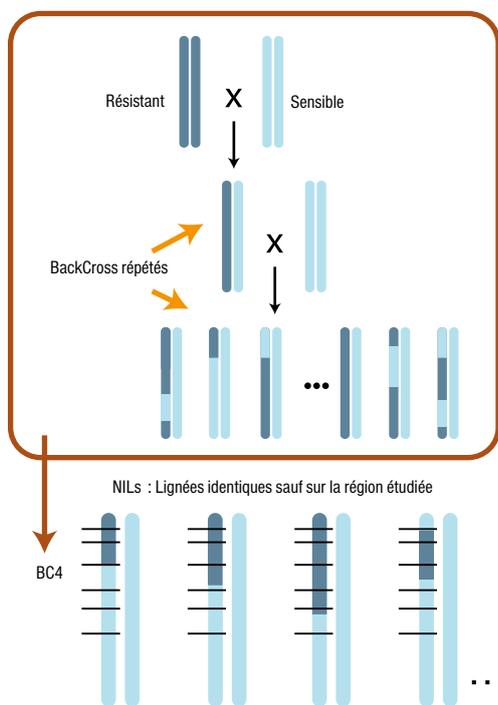


Figure 2: Schéma de croisement entre une variété sensible et une variété résistante. Une répétition de Backcross abouti à la restauration du fond génétique du parent sensible tout en ayant intégré la région portant le gène.

d'obtenir des marqueurs du gène Sm1 totalement fiables. Les travaux prévus comprennent une cartographie fine autour de Sm1 à l'aide de nouveaux marqueurs génotypés, sur des lignées recombinantes (figure 2). Celles-ci sont obtenues à partir d'un croisement entre une variété sensible et résistante. La descendance est ensuite croisée avec le parent sensible (backcross) pendant 4 générations de façon à restaurer le fond génétique du parent sensible qui a intégré la région chromosomique portant le gène de résistance. Les lignées ainsi obtenues sont toutes identiques sauf pour la région où se trouve le gène Sm1 ; elles sont donc recombinantes pour cette région précise. Celle-ci étant de longueur différente d'une lignée à l'autre,

cela permet de définir de façon précise la position du gène. Les marqueurs moléculaires sont par ailleurs utilisés tout au long du processus pour faciliter le tri des différentes lignées ainsi générées. Pour améliorer davantage la résolution de la cartographie, deux populations de 2000 plantes seront génotypées. L'ensemble de ces plantes recombinantes pour les marqueurs proches de Sm1 seront ensuite phénotypées. La fiabilité des marqueurs retenus sera validée sur des lignées résistantes.

Performances des technologies

Parallèlement, dans le cadre d'un autre projet, le John Innes Center a valorisé les informations de séquences complètes disponibles pour le riz et *Brachypodium* (graminée réputée comme organisme modèle en génomique) pour identifier des régions communes avec celles du blé et ainsi mettre au point plus de 20 marqueurs supplémentaires.

Ces différents axes de recherche maximisent les chances d'obtenir des outils fiables pour identifier et caractériser les sources moléculaires de la résistance aux cécidomyies dans les variétés de blés français. La performance des technologies, décrivant de plus en plus précisément les génomes des espèces cultivées, contribuera, de façon significative, au progrès génétique.

Delphine Hourcade - d.hourcade@arvalisinstitutduvegetal.fr

Agnès Tréguier - a.treguier@arvalisinstitutduvegetal.fr

ARVALIS - Institut du végétal