

Blé dur

Des pistes pour améliorer la résistance variétale aux mosaïques

Des recherches en génomique ont été entreprises afin d'identifier des gènes de résistances aux virus des mosaïques du blé dur, de plus en plus répandus dans les zones de culture. Plusieurs réservoirs de résistances existent. Mais il faudra encore un peu de temps avant de pouvoir les valoriser dans les variétés cultivées.

Une fois que *Polyomyxa Graminis*, micro-organisme du sol qui transmet au blé les virus des mosaïques, est présent dans une parcelle, impossible de s'en défaire. Ce parasite peut transmettre à la plante soit le VSFB, virus de la mosaïque des stries en fuseaux, soit le VMC, virus de la mosaïque des céréales. Désormais présent dans le Sud-Est, le Sud-Ouest, le Centre et le Poitou-Charentes (figure 1), le VSFB est très nuisible au blé dur.

Or il n'existe à ce jour qu'une seule variété résistante, Soldur, qui n'est pas cultivée en France. En présence de parcelles infectées, les agriculteurs se voient ainsi parfois contraints d'arrêter cette espèce. À l'inverse, le VSFB est peu pénalisant pour le blé tendre, les variétés sensibles étant très rares. Inféodé aux limons battants, le VMC concerne moins les blés durs, peu cultivés dans ce type de sol. Toutefois, presque toutes les variétés y sont sensibles. Et en blé tendre, seulement 20 % des variétés de blé tendre y sont résistantes.



La recherche de QTL est l'un des procédés utilisés pour localiser et identifier des gènes de résistance aux virus des mosaïques du blé.

1

Trouver des gènes de résistance grâce aux QTL

Un QTL, « Quantitative trait loci » en anglais, correspond à une zone du génome dans laquelle est supposée se trouver un gène d'intérêt. Le QTL est identifié à l'aide de marqueurs, petites séquences d'ADN connues, spécifiques de certaines régions des chromosomes et que l'on sait repérer dans l'ensemble du génome. Rechercher un QTL est un travail avant tout de phénotypage (caractérisation des lignées au champ) et de génotypage (description génétique des lignées avec le plus grand nombre de marqueurs possible), suivi d'une analyse statistique des résultats. Il s'agit de retrouver dans une population d'individus présentant le caractère recherché ceux ayant les mêmes marqueurs. Plus la population est grande et le caractère précis, plus l'identification a de chances d'aboutir à des gènes voire au gène explicatif. Dans tous les cas, ce type de travail prend du temps. Il exige notamment des validations par introgression de la séquence supputée apporter de la résistance, dans un fond génétique indépendant du matériel étudié et sensible.

Les QTL à la rescousse

Devant les risques potentiels, des travaux (1) ont donc été entrepris pour améliorer la résistance des variétés de blés durs à ces deux virus. La stratégie repose sur la recherche de ressources génétiques résistantes, puis l'introgession dans les variétés cultivées de la propriété de résistance par croisement, et l'identification des gènes d'intérêt via l'utilisation des biotechnologies.

En ce qui concerne le VMC, deux QTL (Quantitative trait loci) (*encadré 1*) majeurs de résistance ont été mis en évidence (2). L'un, très efficace, se trouve sur le chromosome 5 DL du génome du blé tendre... mais il n'est pas présent dans celui du blé dur. L'autre a été identifié sur blé dur par des chercheurs italiens (3). Il se trouve dans la variété Meridiano. Il se situe sur le chromosome 2 BS qui, sur blé tendre, porte un gène de résistance partielle au VMC dont l'efficacité dépend de l'environnement extérieur de la plante. Des tests réalisés grâce à des croisements laissent penser qu'il s'agirait d'un seul et même QTL, présent sur le blé tendre et le blé dur. Il reste à évaluer le niveau de résistance apporté par ce gène dans les conditions de cultures françaises et à le localiser plus précisément.

Des blés tendres résistants au VSFB

Un travail spécifique a également été mené sur le VSFB. Le cas est peut-être encore plus complexe. Plusieurs sources de résistance existent, mais elles sont peu aisées à exploiter sur un plan technique. La première se trouve dans le blé tendre. Le bon comportement de cette espèce face au virus s'explique par la présence, dans la majorité des cultivars, d'un gène de résistance sur le chromosome 2 D (4). Il a été identifié grâce à une recherche de QTL effectuée à partir d'un croisement entre un blé tendre sensible, Augusta, et un autre résistant, Geneva. Introduire



© M. Bonnefoy, ARVALIS - Institut du végétal

De plus en plus fréquente dans le centre de la France, la mosaïque des stries en fuseaux peut conduire jusqu'à 100 % de pertes de rendements en blé dur.

En ce qui concerne le VMC, deux QTL majeurs de résistance ont été mis en évidence.

La mosaïque des stries en fuseaux présente dans les zones de production du blé dur

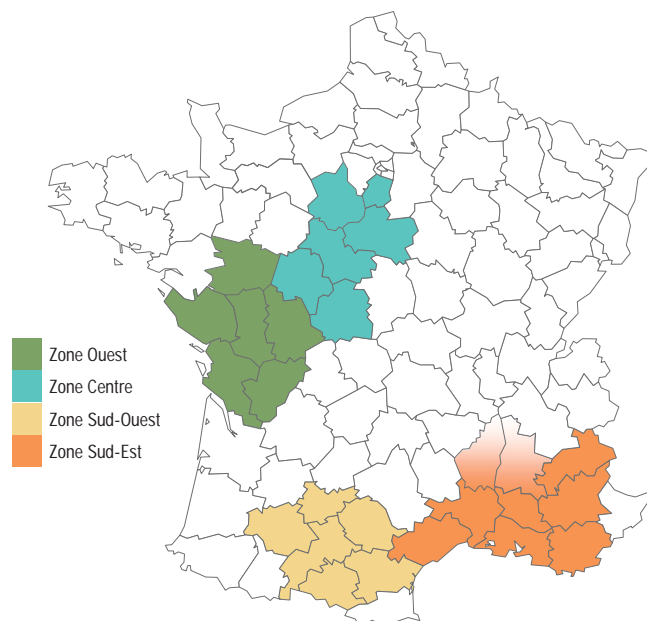


Figure 1 : Zones de présence de la mosaïque des stries en fuseaux.

ce gène dans les blés durs sensibles pour en faire des variétés résistantes serait très difficile parce que les génomes des deux espèces ne sont pas constitués de la même façon : le blé tendre est une espèce hexaploïde avec 42 chromosomes (ABD) tandis que le blé dur est tétraploïde avec 28 chromosomes (AB). Le passage de l'un à l'autre n'a en fait rien d'évident, d'autant plus que le gène en question se trouve sur le génome D du blé tendre, absent dans le blé dur.

Des gènes d'intérêt dans Tri 2215

Des essais réalisés au champ pendant trois ans dans des parcelles présentant VMC et VSFB ont permis de mettre en évidence l'existence d'une résistance dans un représentant d'une espèce sauvage apparentée au blé dur, Tri 2215. Une recherche de QTL a été réalisée à partir d'un croisement entre cette ressource génétique et une variété sensible, Lloyd. Deux marqueurs

liés à la résistance au VSFB ont été détectés, dont un plus significatif que l'autre, porté par le chromosome 7B. Ils ont permis de confirmer l'origine de la résistance, qui provient bien du génome de Tri 2215. Les résultats laissent penser que le mécanisme de résistance au VSFB est contrôlé par plusieurs gènes se situant sur des zones différentes du génome. Ce travail à partir des données de phénotypage au champ et de génotypage avec des marqueurs doit être élargi à des études sur davantage d'individus mais également sur des lignées mieux fixées. Un plus grand nombre de marqueurs sera nécessaire afin d'obtenir d'abord une carte génétique plus fine du croisement entre Tri 2215 et Lloyd, puis une localisation plus précise des QTL liés à la résistance. Pour l'instant, la séquence d'ADN envisagée est encore trop large pour aboutir à l'identification de gènes. À moyen terme, ces recherches pourraient conduire à localiser des gènes de résistance intégrables dans les variétés commerciales par un travail de sélection. Cette étape risque néanmoins de prendre du temps : les performances agronomiques de Tri 2215, un ancêtre du blé dur très haut, très tardif et avec des grains vêtus, sont très éloignées de celles des variétés cultivées aujourd'hui.

À moyen terme, ces recherches pourraient conduire à localiser des gènes de résistance intégrables dans les variétés commerciales par un travail de sélection.

Comme dans le cas précédent, les études ont consisté à rechercher des QTL d'intérêt à partir des générations issues du croisement entre Soldur et une lignée sensible. Elles ont montré d'une part qu'il n'était pas possible d'obtenir de descendants aussi résistants aux deux virus que cette variété et d'autre part que les résistances au VSFB et au VMC n'étaient pas liées. Autrement dit, ces caractères sont probablement contrôlés par des gènes différents. Les recherches ont également permis de mettre en évidence dans Soldur un QTL à très fort effet sur la résistance au VSFB. *A priori*, il ne correspond pas au gène identifié sur le chromosome 2 D du blé tendre, compte tenu de l'absence de réponse aux marqueurs spécifiques de ce dernier. La résistance proviendrait plutôt d'un blé ancien, non identifié pour l'instant mais certainement présent dans la généalogie de Soldur. Dans tous les cas, beaucoup de travail reste à mener... mais des espoirs existent. ■

(1) Multipartites, ces recherches ont été menées par ARVALIS-Institut du végétal, l'Inra de Montpellier Supagro et Limagrain Europe.
(2) R. Bayles (NIAB), G. Budge (CLS) et al. 2007.
(3) Maccaferri et collaborateurs, qui ont publié en 2011.
(4) A. Khan (Pennsylvania State University) et al. 2000.

Michel Bonnefoy,

ARVALIS-Institut du végétal

m.bonnefoy@arvalisinstitutduvegetal.fr

Jacques David, Montpellier Supagro

david@supagro.inra.fr

Franck Lacoudre, Limagrain Europe

Franck.LACOUDRE@limagrain.com

D'autres sources de résistance dans Soldur

Une troisième source de résistance est donc également analysée en parallèle : le génome de Soldur, seule variété de blé dur actuellement résistante aux virus. Bien que d'origine étrangère et peu cultivée en France, elle présente des caractéristiques plus proches des blés durs français que Tri 2215. Cela faciliterait l'introduction d'un ou de plusieurs de ses gènes de résistances dans des variétés cultivées. Il semble néanmoins que sa capacité de résistance au VMC et au VSFB soit plus faible que celle de Tri 2215.



© M. Bonnefoy, ARVALIS-Institut du végétal

2

Pas de moyen de lutte contre le vecteur des virus

Aucun moyen de détruire *Polymyxa graminis* n'existe une fois que le micro-organisme est implanté sur une parcelle. L'une des seules solutions pour réduire les risques de contamination consiste à retarder les semis. De fait, les semis tardifs sont moins touchés par les mosaïques. Les semis de printemps ne sont quant à eux pas affectés. Il peut être également judicieux de limiter le retour fréquent du blé dur sur la parcelle, qui semble être un facteur favorable à l'apparition et au développement de la mosaïque des stries en fuseaux du blé. Certains contextes pédo-climatiques présentent plus de risques. La vigilance est de mise en cas d'automne doux suivi d'une longue période de froid hivernal : *Polymyxa graminis* en profite alors pour coloniser le système racinaire des blés. Les limons battants ou les sables argileux à tendance hydromorphe sont également plus à risque.

Les symptômes de mosaïque se traduisent par des décolorations vert pâle visibles à partir du début de la montaison par transparence.