



2011-2014

CASDAR QUALITÉ

« Caractérisation de génotypes de blé dur permettant une haute qualité technologique sous fertilisation réduite »

DESCRIPTION RÉSUMÉE

La réduction des apports azotés sur les cultures de blé dur constitue pour cette espèce un défi à relever pour les sélectionneurs, les cultivars actuels étant dépendants des apports d'azote pour exprimer leur qualité. Une diminution de l'apport azoté dans le grain va entraîner une incapacité des protéines du gluten à répondre aux critères rhéologiques pour aboutir à une transformation pastière satisfaisante. Les blés durs actuels, et français en particuliers présentent tous un profil en protéines de réserve du grain assez similaire qui limite la possibilité de réduire la fumure azotée tout en maintenant une haute qualité. En effet l'analyse d'une large collection mondiale (Branlard et al., 1989) révèle que près de 80% des blés durs ne possèdent que deux sous unités des gluténines de haut poids moléculaires (celles codées par le locus Glu-B1). Cette large majorité de blés durs ne portent aucune sous unité codée par le locus Glu-A1. De plus l'étude de ces sous unités gluténines codées par le locus Glu-B1, révèle que, pour 70% des blés, ces deux sous unités ont un très faible impact sur les caractéristiques rhéologiques de ténacité et d'extensibilité de la pâte (Branlard et al., 2001). Enfin pour les blés exprimant un allèle codé au locus Glu-A1, ce-

lui-ci ne possède qu'une seule sous unité. Des lignées possédant au locus Glu-A1 deux sous unités ont été créées dans le blé tendre (Dumur 2004, 2009a,b,c). L'introduction de ces allèles portés par des lignées isohoméoalléliques Glu-A1 issu du blé tendre dans le blé dur permettrait (1) d'accroître le nombre de sous unités des gluténines de haut poids moléculaire (passant de 2 à 4), (2) d'apporter une structure moléculaire favorable à la polymérisation des protéines et ainsi d'accroître sinon de maintenir de hautes caractéristiques rhéologiques lorsque la teneur en protéines sera moindre. L'introduction ciblée de gènes codant ces protéines du blé tendre dans le blé dur permettrait de rompre la logique agronomique généralement constatée : lorsque la teneur en protéine du grain est diminuée les blés ne sont pas aptes à répondre aux critères de la pastification. Le présent programme se propose d'exploiter des sous unités gluténines de haut poids moléculaire du blé tendre dans le blé dur afin de modifier leurs profils protéiques qui leur permettent d'assurer une qualité stable sous ces itinéraires contraignants.



3 OBJECTIFS :

- Evaluer l'intérêt du transfert des sous-unités gluténines 2-12 et 7-8 dans le blé dur avec analyse des qualités technologiques des lignées introgressées (La dynamique de remplissage de l'albumen de Joyau et Joyau 2+12, L'assemblage des polymères de gluténines, Conséquences sur la qualité technologique).
- Les compositions fines en gliadines et des gluténines des albumens des lignées introgressées et l'état d'assemblage des gluténines seront analysées et mises en correspondance avec la qualité technologique des grains (mitadin, moucheture), du gluten (Gluten Index) et des pâtes (test ténacité - CRECERPAL). Ces analyses permettront de juger de l'impact de l'introgession sur la composition protéique et la qualité technologique des lignées.
- Influence de la fertilisation azotée sur la qualité technologique des lignées.

Une expérimentation multi locale et pluri annuelle va être menée afin de montrer l'intérêt de cultiver ce type de blés introgressés par des gluténines absentes dans le blé dur et que l'on a spécifiquement transféré chez le blé dur afin d'en augmenter la ténacité et l'élasticité des pâtes. Plusieurs modalités de fertilisation azotée seront étudiées (dose d'azote et fractionnement) afin d'obtenir des échantillons avec une large gamme de protéines.

- Réduire la longueur des segments chromosomiques transloqués. - Bien que les premiers résultats agronomiques et technologiques obtenus sur les lignées 2-12 soient encourageants, il est vraisemblable que les segments transloqués qui sont relativement longs peuvent avoir un effet négatif sur certains caractères dont le rendement. C'est pourquoi nous allons les réduire à l'aide de la mutation ph1c qui permet la recombinaison homéologue. Les lignées recombinantes obtenues seront rétro croisées par les parents récurrents (Joyau, Acalou, Amarillo, Néfer) de façon à obtenir des lignées quasi isogéniques.