



2011-2013

CASDAR FUSARIOSE

« Caractérisation d'une nouvelle source de résistance à la fusariose au sein de *Triticum turgidum* ssp. Développement d'outils d'aide à la sélection »

DESCRIPTION RÉSUMÉE

L'objectif de ce projet est de mettre en place des outils d'aide à la sélection pour construire des génotypes de blé dur résistants à la fusariose causée par *F. graminearum*, et à l'accumulation de mycotoxines correspondantes tout en conservant les caractéristiques nécessaires à une production de bonne qualité technologique. Sur le plan opérationnel, les actions proposées pour atteindre cet objectif se déclinent de la façon suivante :

- i) L'étude génétique de la résistance à la fusariose chez le blé dur : localisation des fragments chromosomiques impliqués dans l'expression de la résistance (QTL).
- ii) L'étude des bases biochimique et génétique de la résistance à l'accumulation de trichothécènes (DON/ NIV) et notamment du rôle des flavones dans ce mécanisme de résistance ainsi que la recherche des QTL impliqués.
- iii) L'identification de marqueurs pour le développement une stratégie sélection assistée par marqueurs.

Ce projet mobilise le Gie blé dur qui regroupe tous les sélectionneurs de blé dur travaillant en France (Syngenta, Florimond Desprez, Eurodur, R2N), les équipes d'ARVALIS Institut du végétal (Laboratoire de Pathologie Végétale, Pôle Variété et la responsable de la Filière Blé dur) ainsi que 2 équipes INRA. L'une (MycSA UR 1264) est basée à Bordeaux ; elle est spécialisée dans l'étude des interactions « plantes champignons » et impliquée dans de nombreux programmes sur les fusariotoxines ; la seconde, (UMR AGAP) à Montpellier met en œuvre des programmes liés à la connaissance et la valorisation de la diversité de l'espèce *T. turgidum* ainsi que l'introgession

de caractères d'intérêts.

Les ressources génétiques nécessaires à ce projet (population de Rils cartographiée issue d'un croisement entre 2 lignées très contrastées pour la résistance et l'accumulation de toxines, maîtrise du dosage des composés flavones cibles (cf point 2.3) sont disponibles. La résistance est apportée par un géniteur de la sous espèce *Triticum turgidum* dicoccum qui est une forme ancestrale du blé dur actuel (*Triticum turgidum* durum), partageant le même génome (AABB). Ce géniteur apporte un niveau de résistance très supérieur à ceux observés au sein de la forme cultivée; il a été identifié dès 2002 et l'ensemble des expérimentations mises en place (conditions de plein champ ou de tunnel) n'ont jamais démenti ce comportement. Une synthèse de ces essais est en cours (Trottet et al., in prep). Une étude comparative de la composition en composés phénoliques de différentes ressources génétiques de blé dur a mis en évidence l'existence spécifique de molécules de type flavone (vitexin, orientin et isoscoparin) dans les épis de ce géniteur et a soulevé l'hypothèse du rôle de ces flavones dans la résistance à l'accumulation de fusariotoxines. Enfin, en matière de génotypage, un des scénarios proposé (RNASeq) est basé sur les développements en cours réalisés au sein de l'équipe AGAP.