



HAL
open science

Exploitation de la variabilité génétique d'*Aegilops tauschii* dans l'amélioration du blé tendre

Bernard Rolland, Joseph Jahier, Gerard Branlard, Bernard Duperrier, Philippe Lonnet, Patrice Senellart, Eric Margalé, Axel Olivier

► To cite this version:

Bernard Rolland, Joseph Jahier, Gerard Branlard, Bernard Duperrier, Philippe Lonnet, et al.. Exploitation de la variabilité génétique d'*Aegilops tauschii* dans l'amélioration du blé tendre. *Innovations Agronomiques*, 2014, 35, pp.119-131. hal-01287160

HAL Id: hal-01287160

<https://hal.science/hal-01287160>

Submitted on 27 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

Exploitation de la variabilité génétique d'*Aegilops tauschii* dans l'amélioration du blé tendre

Rolland B.¹, Jahier J.¹, Branlard G.², Duperrier B.³, Lonnet P.⁴, Senellart P.⁵, Margalé E.⁶, Olivier A.⁷

¹ INRA, UMR IGEPP, BP 35327, 35653 Le Rheu

² INRA, UMR GDEC, 5 chemin de Beaulieu, 63039 Clermont Ferrand Cedex

³ Limagrain Europe, 63720 Chappes

⁴ Florimond Desprez BP41, 59242 Cappelle en Pévèle

⁵ Syngenta France SAS Ferme de Moyencourt, 78910 Orgerus

⁶ R2N 60, rue Léon Beauchamp BP45, 59933 La Chapelle d'Armentières

⁷ InVivo 83, avenue de la Grande Armée, 75782 Paris

Correspondance: bernard.rolland@rennes.inra.fr

Résumé

L'amélioration génétique ne peut être envisagée que si les sélectionneurs disposent d'un réservoir de variabilité suffisant. Dans le cas du blé tendre qui est allohexaploïde ($2n=42$, AABBDD), la variabilité intraspécifique a déjà été largement exploitée. Même si des progrès génétiques sont encore possibles, il est urgent d'accroître le potentiel de variabilité disponible du blé. La meilleure solution est l'exploitation de ses progéniteurs et des blés tétraploïdes. *Aegilops tauschii* ($2n=14$, DD) est parmi ses trois progéniteurs diploïdes celui qui présente le plus d'intérêt. En effet son génome présente une homologie complète avec le D du blé et sa variabilité génétique est supérieure à celles des deux autres progéniteurs : *Triticum monococcum* et *Ae. speltoïdes*.

Des blés dits synthétiques ($2n=42$, AABBDD) issus de l'hybridation entre des blés tétraploïdes et accessions d'*Ae. tauschii* ont été créés par l'INRA et le GIE Club5. L'objectif du projet était de poursuivre leur évaluation et introduire de l'information génétique d'*Ae. tauschii* conférant des caractères nouveaux d'intérêt agronomique dans du matériel élite de blé tendre.

Les résultats les plus significatifs concernent ① la très grande variabilité des protéines de réserve du grain dont le rôle est primordial dans la qualité boulangère et ② la sélection dans la descendance d'hybrides entre des blés synthétiques et des blés tendres Elite de géniteurs adaptés à des conduites en intrants réduits. Ces géniteurs dont le niveau de rendement est égal ou supérieur à celui des variétés actuelles en conduite 'Faibles intrants' présentent un très bon niveau de résistance aux maladies. Néanmoins ils sont tardifs, hauts, sensibles à la verse et ont une force boulangère (W) relativement faible.

Mots-clés : blé tendre, blé synthétique, *Aegilops tauschii*, variabilité, sélection

Abstract: Exploiting genetic variability of *Aegilops tauschii* to breed bread wheat

Genetic improvement of crops is feasible only if breeders have at their disposal a sufficient pool of variability. In the case of bread wheat which is allohexaploid ($2n=42$, AABBDD), intraspecific variability has already been extensively exploited. Even if genetic progress is still possible, enlargement of variability available is crucial for breeders. Possibly, the best solution is to exploit wheat diploid progenitors and tetraploid wheats. *Aegilops tauschii* ($2n=14$, DD) is among the three progenitors the one with the highest potential. Indeed, its genome has full homology with the wheat D genome and it displays large genetic variation since it is adapted to a range of continental-type habitats.

Synthetic wheats derived from hybridization between tetraploid wheats and accessions of *Ae. tauschii* were produced by Club5 and INRA. The objective of the project was to carry out assessment of synthetic wheats and introduce *Ae. tauschii* genetic diversity conferring novel traits in adapted wheats.

Significant outcomes concerned ① large variability of grain storage proteins which are involved in baking quality and ② selection in the progeny of hybrids between synthetic wheats and elite wheats of genotypes adapted to low input farming. These genotypes with a yield performance equal to or higher than check cultivars in low input farming displayed very high levels of resistance to diseases. Nevertheless they were late, tall, susceptible to lodging and had a relatively low Chopin alveograph value (W).

Keywords: bread wheat, synthetic wheat, *Aegilops tauschii*, variability, breeding

Introduction

Le blé tendre *Triticum aestivum* est un allohexaploïde ($2n=42$, AABBDD). Il se serait constitué à la suite de deux hybridations naturelles successives (McFadden et Sears 1946). Dans un premier temps, l'hybridation entre le blé diploïde *T. urartu* ($2n=14$, AA) et *Aegilops speltoides* ($2n=14$, BB) a été à l'origine de l'espèce tétraploïde *T. turgidum* ($2n=28$, AABB) à laquelle appartient le blé dur ou blé à macaroni *T. turgidum* ssp. *turgidum* conv. *durum*. Il y a environ 8000 ans, *T. turgidum* s'est croisé avec *Ae. tauschii* ($2n=14$, DD). L'hybride a été à l'origine des blés hexaploïdes cultivés, *T. aestivum* ssp. *vulgare*.

La variabilité pour certains caractères d'intérêt agronomique est limitée chez le blé tendre. Ceci peut résulter d'une érosion de la variabilité par la disparition de matériel (populations locales...) ou de l'utilisation des méthodes de sélection. La faible fréquence ou l'absence de formes alléliques doit être avant tout imputée au fait qu'un faible pourcentage de la variation génétique présente dans les pools génétiques *T. turgidum* et *Ae. tauschii* a participé à la création du blé tendre. Ceci est documenté d'une façon exhaustive dans l'article de Dvorak et al (1998) « *The structure of the Aegilops tauschii gene pool and the evolution of hexaploid wheat* ».

Les gènes portés par des chromosomes homologues de ceux du blé chez des espèces apparentées peuvent être introduits par appariement chromosomique et crossing-over à condition que les hybrides interspécifiques et leurs descendances puissent être produits. Les donneurs de gènes sont :

- les blés tétraploïdes appartenant à *T. turgidum*,
- des espèces polyploïdes du genre *Aegilops* et *T. timopheevii* qui possèdent un des trois génomes du blé,
- les progéniteurs diploïdes du blé tendre.

Les introgressions les plus faciles à réaliser sont celles à partir des blés tétraploïdes car le croisement ne pose pas de difficultés et les génomes A et B chez les deux espèces sont totalement homologues. Ce type de croisement a déjà été exploité par les sélectionneurs mais mériterait d'être poursuivi en utilisant comme géniteurs des tétraploïdes autres que *T. turgidum* ssp. *durum* (blé dur).

Les croisements avec les trois progéniteurs diploïdes sont difficiles à produire. Si cette difficulté est surmontée, l'hybridation peut permettre un transfert génétique rapide de caractères utiles vers le blé. Mais des différences significatives dans la facilité de transfert à partir des trois progéniteurs existent. En effet, il a été démontré que les génomes A et B ont considérablement évolué chez les blés tétraploïdes (Dubcovsky et al, 1995) et qu'une introduction à partir de A ou B peut être génétiquement un événement « traumatisant » pour la plante receveuse.

Ae. tauschii est parmi les progéniteurs celui qui est sans conteste le plus facile d'exploitation. Il y a une homologie complète entre le génome D du blé et celui d'*Ae. tauschii* (Riley et Chapman, 1960); ceci s'explique en partie par le fait que le génome D d'*Ae. tauschii* n'est présent dans le blé que depuis 8000 ans et donc qu'il a nettement moins évolué que les génomes A et B. De plus, l'intérêt d'*Ae. tauschii* a été confirmé par sa variabilité génétique supérieure à celles des deux autres progéniteurs.

Ae. tauschii a une distribution géographique très vaste qui s'étend de la Turquie à l'ouest de la Chine. Cette zone est très diversifiée d'un point de vue climatique et pédologique.



Figure 1 : Epis d'*Ae. tauschii*

Le corollaire est que l'espèce présente une très grande variabilité quant à sa morphologie. Gill et al (1986) furent les premiers à souligner le potentiel d'*Ae. tauschii* dans l'amélioration génétique du blé tendre. Une très grande variabilité a été démontrée pour la majorité des caractères agronomiques, surtout des résistances à des pathogènes. Quelques laboratoires ont réalisé des croisements avec les blés cultivés. La sélection opérée dans la descendance en rétrocroisement des hybrides a permis d'introduire une variabilité exploitable par les sélectionneurs. Les gènes introduits ont d'abord été majoritairement des gènes de résistance aux maladies. Par la suite, la sélection a concerné des caractères polygéniques comme la résistance à des stress abiotiques.

Les travaux d'introgression ont été jusqu'à présent réalisés par un nombre restreint d'équipes de recherche : Université de Manhattan au Kansas, différents laboratoires en Australie et le CIMMYT au Mexique qui est sans conteste le plus avancé dans le domaine.

Les possibilités de croisement entre les blés et *Ae. tauschii* sont très documentées (Gill et Raupp, 1987 ; Appels et Lagudah, 1990 ; Lange et Jochemsem, 1992). Dans les deux types de croisement, *Ae. tauschii* peut être soit le parent mâle soit le parent femelle. Le nombre d'hybrides produits après sauvetage *in vitro* des embryons est faible : en moyenne un hybride viable pour 100 fleurs pollinisées.

Le croisement blé 4x x *Ae. tauschii* permet, après doublement spontané ou à l'aide de la colchicine de l'hybride F1, de produire des blés synthétiques ($2n=42$, AABBDD). Ces derniers sont fertiles et stables. Ils permettent de pérenniser des structures hybrides qui peuvent être évaluées pour différents caractères agronomiques qualitatifs ou quantitatifs.

Les blés synthétiques peuvent être exploités en création variétale. Ils sont en général croisés par des variétés élite. La sélection est faite soit dans la descendance en autofécondation des hybrides soit dans les descendances en rétrocroisement. Des lignées transgressives peuvent être produites mais, dans ce cas, il est parfois difficile d'imputer le progrès génétique à *Ae. tauschii* ou à *T. turgidum*, en particulier pour tout caractère quantitatif polygénique.

L'idéal serait de faire des croisements avec des blés tétraploïdes extraits de blé tendre. Dans ce cas, l'information génétique portée par les génomes A et B du blé synthétique et du blé tendre récurrent sont identiques. Donc, dans les lignées transgressives issues de l'hybride entre ces deux génotypes, les différences par rapport au parent récurrent sont dues uniquement à l'information génétique introduite d'*Ae. tauschii* (effets additifs et effets d'interaction avec les génomes A et B). On se retrouve donc dans un schéma de croisements à deux parents. Ce point fut développé dans notre projet.

Les objectifs de notre programme furent ① de compléter l'évaluation de blés synthétiques qui avait été entreprise dans le cadre d'un autre programme et ② d'exploiter les blés synthétiques pour la mise au point de géniteurs.

Matériel végétal

Les blés synthétiques évalués et exploités dans le cadre de ce projet ont été produits par le Club5 et l'INRA. Ce sont :

- 22 synthétiques (code JOY) issus de croisements entre la variété de blé dur Joyau et 22 accessions d'*Ae. tauschii*
- 21 synthétiques (code SYN) issus de croisements entre Tétra Courtot et 21 accessions d'*Ae. tauschii*. Tétra Courtot est la composante tétraploïde AABB de la variété Courtot. Développé par l'INRA, c'est un génotype peu vigoureux et très stérile. Ceci illustre que la partie tétraploïde d'un blé tendre n'est pas la copie conforme d'un blé dur.

Au total, 31 accessions de l'*Aegilops* ont été croisées par l'un et/ou l'autre des deux parents tétraploïdes (11 ont été croisées par les deux).

Dix blés synthétiques d'origine diverse et produits dans les années 1960-70 ont été maintenus en collection par l'INRA.

Nous disposons également de descendance F1 ou BC1 entre d'une part les synthétiques ci-dessus et d'autre part des lignées / variétés.

Résultats

I – Compléter l'évaluation des synthétiques

Lors d'une précédente évaluation, les blés synthétiques avaient été confrontés aux principales maladies du blé. Le résultat avait montré qu'ils ont un niveau de résistance très élevé à la septoriose due à *M. graminicola*. Nous poursuivons ici par la résistance au piétin-verse, la tolérance au stress azoté et les protéines de réserve du grain.

1-a : Résistance au piétin-verse

La résistance au piétin-verse est limitée chez le blé tendre. On ne connaît qu'un seul gène majeur : *Pch1* issu d'*Aegilops ventricosa*. La résistance conférée par *Pch1* n'a pas été contournée à ce jour. Néanmoins, la part croissante des variétés avec ce gène fait craindre un contournement de la résistance. Il est donc urgent de trouver des sources de résistance facilement exploitables.

Le comportement d'un blé vis-à-vis du piétin-verse dépend de sa résistance au stade jeune plante et de sa résistance au stade adulte. Dans un premier temps, nous avons évalué au laboratoire 42 blés synthétiques au stade jeune plante. Chez six d'entre eux, le nombre de gaines de feuilles attaquées était faible.

Les six génotypes prometteurs ont été évalués au champ. Ils sont tous apparus aussi sensibles que les blés considérés comme sensibles.

La conclusion de ce travail est que l'espèce *Ae. tauschii* ne constitue pas une source de variabilité dans la sélection du blé tendre.

1-b : Tolérance au stress azoté

Le travail a été ciblé durant la période végétative en conditions contrôlées de quatre blés synthétiques (SYN 13, SYN 37, SYN 88, SYN 90) et de deux témoins (Arche et Courtot), du semis jusqu'à la floraison, car c'est la phase pendant laquelle la très grande majorité de l'azote est absorbée. L'étude a été ainsi simplifiée car les phénomènes complexes de remobilisation et de sénescence sont plus limités durant cette période.

Les deux objectifs de l'étude ont été de :

- Quantifier la production de biomasse et la quantité d'azote absorbée des lignées pendant la période végétative,
- Estimer pendant cette même période la tolérance des lignées à une carence en azote

Notre espoir était de montrer qu'*Ae. tauschii* peut être un géniteur pour améliorer la tolérance au stress azoté chez le blé. Les quatre blés synthétiques analysés n'ont montré aucune aptitude particulière.

1-c : Protéines de réserve du grain

Les protéines du grain de blé sont des gluténines et des gliadines. Ces protéines sont codées par des gènes situés sur les groupes d'homéologie 1 et 6. Nous avons limité notre étude aux gluténines au sein desquelles on distingue les gluténines de haut poids moléculaire (HPM) codés par des gènes au locus Glu-D1 sur le bras long 1DL et les gluténines de faible poids moléculaire (FPM) codés par des gènes au locus Glu-D3 sur le bras court 1DS.

Tableau 1 : Résultat d'analyse des SG-HPM et SG-FPM codées par les gènes aux loci Glu-D1 et Glu-D3 chez les blés synthétiques et leurs parents diploïdes *Ae. tauschii*.

Parents génome D			Synthétiques SYN			Synthétique JOY		
<i>Ae. tauschii</i>	Glu-D1	Glu-D3	SYN=Tétra Courtot x <i>tauschii</i>	Glu-D1	Glu-D3	JOY=Joyau x <i>tauschii</i>	Glu-D1	Glu-D3
Tauschii 7	2°11*	N1				JOY 7	2° 10°	N1
Tauschii 12	2 12	N1	SYN 12	2 12	N1	JOY 12	2°10°°d1	N1
Tauschii 13	5 11	N5	SYN 13	5 10°°	N5	JOY 13	5 10°°	N5
Tauschii 14	3 11	a'				JOY 14	3 10°	a'
Tauschii 16	4 10	c	SYN 16	3 10°°	c			
Tauschii 25	2 11	N3'				JOY 25	2°°10°	N3'
Tauschii 36	5 10°°	c	SYN 36	5 10°°°	c	JOY 36	5 10	c
Tauschii 37	2°12	a'	SYN 37	2' 12	a'			
Tauschii 52	5 11	N4				JOY 52	5 10°°	N4
Tauschii 54	3 11	N1	SYN 54	3 10°	N1	JOY 54	2°10°	N1
Tauschii 56	5 10	N	SYN 56	5 10°°	N	JOY 56	4 12	N
Tauschii 59	2 11	N1	SYN 59	3 10°	N1			
Tauschii 80						JOY 80	5 10°°	N
Tauschii 83	2°12	c'	SYN 83	2'12	c'			
Tauschii 85	2°11	N3				JOY 85	2°°10°	N3
Tauschii 87	2 10	N				JOY 87	2°°10°	N
Tauschii 88	5 11	N	SYN 88	2 12	N			
Tauschii 90	2 12	a'	SYN 90	2°12	a'	JOY 90	2' 12	a'
Tauschii 97	2 12	a	SYN 97					
Tauschii 102	2 12	c	SYN 102	2 12	c	JOY 102	2 12	c
Tauschii 109	2° d2	c'	SYN 109	2'd2	c'	JOY 109	2°12 d2	c'
Tauschii 110			SYN 110	3 10°	N1	JOY 110	3 10°°	N1
Tauschii 112	2°10°d1	N4				JOY 112	2°10°°d1	N4
Tauschii 113	3 d1	c				JOY 113	3 d1	c
Tauschii 119	5 12	N1				JOY 119	3 10°	N1
Tauschii 135	3 11	c				JOY 135	2°°10°°	N4
Tauschii 140	2° d1	a'	SYN 140	2°°d1	a'			
Tauschii 150			SYN 150	3 10°	N1	JOY 150	3 10°	c

* : en gras : sous-unités gluténines non présentes chez *T. aestivum*

28 accessions d'*Ae. tauschii* ont été analysées ainsi que 17 synthétiques de type SYN et 21 synthétiques de type JOY. Les résultats sont présentés dans le Tableau 1. La variabilité des sous-unités gluténines HPM d'*Ae. tauschii* est remarquable. En effet, 12 d'entre elles ne sont pas présentes chez le blé tendre. Quant aux sous-unités FPM, 7 d'entre elles sont nouvelles.

Les nouvelles protéines ne sont pas retrouvées systématiquement à l'identique chez les synthétiques. Elles ont une migration sur les gels d'électrophorèse parfois légèrement différente. Ainsi pour *Ae. tauschii* n°7, les bandes 2°11 deviennent 2°10° chez JOY 7. L'explication de ceci est que l'expression des gènes peut être légèrement différente dans un contexte de ploïdie différent (2x vs 6x).

L'analyse à la fois des blés synthétiques et de leurs parents permet de détecter d'éventuelles erreurs sur le pedigree des synthétiques. C'est le cas de JOY 135 dont le parent diploïde n'est pas *Ae. tauschii* 135.

L'effet sur la valeur d'utilisation des nouveaux allèles reste à préciser. On s'attend à des effets favorables sur l'extensibilité pour certains d'entre eux.

II- Exploitation des blés synthétiques dans l'amélioration du blé tendre

Introduction

Les blés synthétiques peuvent être exploités dans un objectif particulier, par exemple pour la résistance à une maladie ou la tolérance à un stress abiotique. Dans ce cas, les synthétiques sont choisis par rapport à ce caractère.

Lorsqu'on veut les exploiter dans le cadre d'une sélection multicaractère, il est difficile d'évaluer le potentiel d'un synthétique. En effet, celui-ci peut concerner un caractère quantitatif difficile à apprécier chez le synthétique. C'est pour cette raison qu'on a exploité tous les synthétiques disponibles.

De plus, lorsqu'on sélectionne dans la descendance d'un hybride entre un synthétique et un blé Elite, on est dans un système à trois parents : l'*Aegilops*, le parent tétraploïde du synthétique et le blé Elite. Si des géniteurs voire des variétés sont sélectionnés, l'apport de chacun des trois parents est difficile à apprécier sauf pour des caractères à déterminisme génétique simple.

Pour cette raison, afin de démontrer l'intérêt d'*Ae. tauschii* dans l'amélioration du blé, on a développé un modèle à 2 parents.

Les synthétiques SYN ont pour parent tétraploïde Tétra Courtot. Si on croise un synthétique SYN par Courtot, l'hybride F1 est hétérozygote seulement au niveau du génome D. La sélection dans la descendance aboutit à des lignées introgressées qui peuvent être assimilées à des lignées quasi-isogéniques de Courtot. Les différences phénotypiques sont dues à l'information génétique de l'*Aegilops* qui a été retenue.

2-a : Démonstration de l'intérêt d'*Aegilops tauschii* dans l'amélioration du blé.

Nous avons produit trois descendance SSD entre d'une part trois synthétiques SYN et d'autre part Courtot. Ce sont :

SSD 37 = SYN 37 // Courtot

SSD 88 = SYN 88 // Courtot

SSD 127 = SYN 127 / Courtot

Une sélection phénotypique (surtout hauteur, fertilité et résistance aux maladies) a permis de retenir 24 lignées qui ont été évaluées en parcelles en 2010, 2011 et 2012. Nous donnons les résultats 2012 qui confirment ceux de 2010 et 2011.

Le dispositif comprenait 3 lieux (Rennes, Clermont, Le Moulon) en 2 répétitions avec un mode de conduite intensif conventionnel (=mode traité CTPS).

La moyenne des rendements des lignées était 67.2 q/ha à Rennes contre 80.2 et 77.2 respectivement à Clermont et au Moulon. Les rendements inférieurs à Rennes sont dus à une plus forte attaque parasitaire qui s'est développée malgré la protection fongicide. Aucune notation précise n'a été faite dans aucun des lieux mais il était évident que, à Rennes, la majorité des lignées étaient plus résistantes que Courtot notamment à la rouille jaune. Dans le Tableau 2, les rendements de chaque lignée sont donnés en pourcentage de celui de Courtot. A Clermont et au Moulon, un tiers des lignées sont légèrement plus productives que Courtot. A Rennes, 17 lignées sont supérieures ou égales à Courtot et deux d'entre elles sont à 131% de Courtot.

Ainsi, l'information génétique de l'*Aegilops* introgressée permet d'aboutir à des lignées de transgression. Ces résultats démontrent sans ambiguïté que *Ae. tauschii* est un donneur intéressant de variabilité au blé tendre.

En 2012-2013, des tests de résistance seront implantés à INRA-Rennes afin d'évaluer les niveaux de résistance des lignées aux rouilles jaune et brune et à la septoriose et de les comparer à ceux de Courtot qui est sensible aux trois maladies.

Tableau 2 : Rendements des lignées issues de croisements entre Courtot et les synthétiques de type SYN (Tétra Courtot × *Ae. tauschii*)

	rendement en pourcentage de Courtot			
	Rennes	Clermont	Moulon	moyenne
SSD 37-1	89	92	94	92
SSD 37-5	100	98	97	98
SSD 37-6	106	100	109	105
SSD 37-13	106	96	95	99
SSD 37-19	131	100	102	111
SSD 37-23	113	87	95	98
SSD 37-32	99	103	100	101
SSD 37-33	114	92	102	103
SSD 37-64	100	94	103	99,0
SSD 88-4	113	89	107	103
SSD 88-11	80	104	106	97
SSD 88-19	87	99	93	93
SSD 88-20	99	100	97	99
SSD 88-26	116	107	114	112
SSD 88-29	103	99	90	97
SSD 88-30	109	102	97	103
SSD 127-3	108	89	89	95
SSD 127-13	121	93	94	103
SSD 127-21	104	90	99	98
SSD 127-23	93	86	90	90
SSD 127-27	120	94	96	103
SSD 127-30	131	100	95	109
SSD 127-31	105	91	92	96
SSD 127-41	89	80	75	81
Courtot	100	100	100	100

Les lignées issues de croisements avec Courtot ne sont pas des géniteurs « agronomiques » car Courtot est une variété sensible aux maladies avec un potentiel de rendement limité car inscrite en 1974. Par contre, elles constituent un matériel d'étude original adapté pour identifier, localiser et marquer des gènes de résistance et analyser l'intérêt de gènes codant pour des protéines de réserve.

Analyses technologiques

Les 24 lignées synthétiques expérimentées au Moulon et à Clermont-Ferrand en conditions intensives conventionnelles ont fait à ce jour l'objet de plusieurs analyses en vue d'en préciser la qualité notamment par rapport au témoin Courtot : poids de mille grains (PMG), poids spécifique (PS), % protéines, dureté de grain, temps de chute d'Hagberg et viscosité des pentosanes. Les caractéristiques rhéologiques seront appréciées avec le Mixolab ultérieurement. Plusieurs observations peuvent être cependant dégagées :

PMG : Les valeurs sont comparables voire supérieures à celle du témoin Courtot. On note un effet origine des lignées (parent 37, 88 et 127). Huit lignées dont six issues du parent 127 ont un PMG significativement plus élevé que Courtot et une seule (37-5) est inférieure à Courtot.

PS : Les valeurs sont voisines de celle de Courtot (79.3 kg/hl). La valeur la plus faible fut observée pour SSD 37-5 (78.1) et la plus élevée pour SSD 88-20(80.7). On n'observe pas un effet origine des lignées pour le PS.

Teneur en protéines : La teneur en protéines est voisine de celle de Courtot (13.0%) sauf pour deux lignées (SSD 127-13 et SSD 127-21). Les trois origines parentales des lignées ne sont pas significativement différentes entre elles pour la teneur en protéines.

Dureté du grain : Le parent Courtot est de type « medium hard - hard ». Presque toutes les lignées se situent dans cette classe de dureté (indice de 50 à 65). Seule la lignée SSD 127-31 est plus « soft » que l'ensemble des autres (indice 47.5). On n'observe pas un effet origine des lignées sur la dureté.

Tableau 3 : Caractéristiques technologiques des lignées issues de croisements entre Courtot et les synthétiques de type SYN (Tétra Courtot × *Ae. tauschii*)

	PMG	PS	Dureté	Protéines	Hagberg	viscosité
SSD 37-1	43.0	79.7	64.3	12.0	418	1.69
SSD 37-5	39.0	78.1	68.2	12.1	374	1.58
SSD 37-6	43.8	79.5	55.6	12.7	380	1.71
SSD 37-13	46.8	79.4	65.9	12.0	398	1.95
SSD 37-19	47.0	80.4	65.4	12.8	357	1.85
SSD 37-23	46.2	79.1	63.8	13.0	356	1.70
SSD 37-32	48.9	80.1	65.5	12.8	434	1.88
SSD 37-33	44.2	80.6	62.5	12.5	334	1.82
SSD 37-64	41.9	78.9	66.5	13.4	363	1.77
SSD 88-4	50.7	80.0	65.8	13.6	363	1.67
SSD 88-11	42.5	79.9	61.0	13.1	349	1.75
SSD 88-19	42.2	79.0	64.1	12.4	399	1.60
SSD 88-20	44.8	80.7	62.0	13.5	335	1.73
SSD 88-26	40.9	79.1	57.5	12.2	313	1.71
SSD 88-29	44.8	78.4	69.1	12.2	346	1.60
SSD 88-30	45.1	80.2	56.0	12.1	338	1.62
SSD 127-3	49.8	78.9	68.6	12.4	337	1.50
SSD 127-13	48.5	80.4	65.5	11.7	309	1.60
SSD 127-21	53.2	80.2	69.2	11.7	351	1.65
SSD 127-23	43.6	79.6	56.6	12.7	320	1.38
SSD 127-27	49.8	80.0	63.0	12.6	281	1.92
SSD 127-30	48.8	78.5	60.1	12.4	351	1.55
SSD 127-31	41.8	79.0	47.5	13.1	267	1.60
SSD 127-41	48.9	80.2	61.65	12.7	290	1.83
Courtot	44.7	79.4	66.1	13.1	318	1.56

Le temps de chute d'Hagberg est excellent. Les valeurs montrent que l'introduction du génome D n'a pas causé, comme on peut le craindre souvent dans le cas de croisements interspécifiques, une forte expression des amylases et /ou répression des inhibiteurs d'amylases. Ce temps de chute va de 267 secondes pour SSD 127-31 à 434 s pour SSD 37-32. On observe un effet origine parental des lignées 37,88 et 137 sur les valeurs moyennes qui sont respectivement de 379 s, 349 s et 313 s.

La viscosité des pentosanes est également comparable à celle des témoins avec cependant des valeurs sensiblement plus élevées que Courtot (1.56) pour plusieurs lignées issues du parent SSD-37. Les valeurs sont pour les lignées 37,88 et 137 en moyenne respectivement de 1.77, 1.67, 1.63. Les témoins vont de 1,48 à 1,72 et l'on sait que des valeurs sensiblement plus élevées sont à rechercher pour améliorer la valeur nutritionnelle.

Nous allons compléter nos analyses par l'évaluation des caractéristiques avec le Mixolab, et par l'identification des gluténines de réserve. A l'issue de cela, il conviendra de procéder à une estimation de la valeur en panification des lignées les plus prometteuses.

Le matériel que nous avons ici créé aurait pu être obtenu en croisant directement Courtot par l'*Aegilops* et en rétrocroisant l'hybride F1. On peut donc raisonnablement se poser la question de savoir si la voie des blés synthétiques est la plus judicieuse pour exploiter *Ae. tauschii*. En effet ne serait-il pas plus efficace de croiser des blés Elite par l'*Aegilops* et de sélectionner dans la descendance en rétrocroisement ? Nous allons envisager cette voie à partir de F1 entre des blés tendre Elite français et 5 accessions d'*Ae. tauschii*.

2b- Sélection de géniteurs dans la descendance de F1 ou BC1 'Synthétiques × Elite'

38 blés synthétiques (11 SYN, 17 JOY, 10 en collection) ont été croisés par un à six blés Elite (Caphorn, CF99105, Skerzco (=CF99102), Koreli, Royssac, Rytmic). Au total, ce sont 97 hybrides F1 et 38 hybrides BC1F1 qui ont été produits. Les hybrides F1 sont cultivés en ligne en pépinière. En F2, F3 et F4, le matériel est conduit en bulks en parcelles de 400 plantes avec une sélection des croisements et des plantes portant prioritairement sur les résistances aux maladies, la hauteur et le tallage épis et la fertilité. A partir de la F5, une sélection généalogique est appliquée sur les sorties de bulk. En F6, une première évaluation du rendement en conduite Faibles Intrants (FI : semis 150 grains/m², 0 N tallage, 0 fongicide) est faite dans 5 sites. En F7-F8, l'évaluation est faite en FI et en conventionnel intensif traité et des mesures de valeur technologique sont réalisées (Hagberg, dureté, Pelshenke, W). Les quelques lignées qui atteignent la F9 ont un test de panification.

En 2008 (fin du contrat de branche), la phase de sélection en bulk venait de se terminer. Le travail s'est poursuivi. Nous présentons ci-dessous les sorties F6, F7 et F8 de la campagne 2011-2012.

2-b-a : Les sorties F6

Les rendements de 20 lignées issues de trois synthétiques ont été évalués dans 5 sites en conduite FI (Tableau 4). Dix d'entre elles ont un rendement supérieur ou égal à la moyenne des 4 témoins Premio+Skierzco+Caphorn+Apache. Leurs poids de 1000 grains (PMG) et leurs poids spécifiques sont légèrement supérieurs à ceux des témoins. Par contre, elles sont plus tardives, plus hautes et donc plus sujettes à la verse que les témoins.

C'est un matériel très résistant aux rouilles et à la septoriose. Les 8 lignées les plus performantes seront reprises en F7 en 2012-2013.

Tableau 4 : Evaluation des 20 lignées F6 : tri sur rendement décroissant (+PMG, PS, précocité, hauteur)

		Rendement (5 lieux)		PMG (1 lieu)	PS (4 lieux)	Épiaison (2 lieux)	Hauteur (3 lieux)
		Qx/ha	% T				
Joy 119 // Skerzzo	18	75	109		79	144	111
Joy 119 // Skerzzo	14	75	109	40	77	142	115
Joy 119 // Skerzzo	11	74	107	42	77	141	113
Joy 119 // Skerzzo	24	73	107	39	76	146	101
Premio		72	105	38	72	142	85
Syn 37 // Rytmic	11	72	104	36	76	146	107
Joy 119 // Skerzzo	22	71	104		76	144	100
Syn 37 // Rytmic	10	71	103		76	146	109
Joy 119 // Skerzzo	5	70	102	43	76	143	115
Skerzzo		69	101	35	77	144	105
Joy 119 // Skerzzo	2	69	100	39	75	140	106
Joy 119 // Skerzzo	21	70	101		79	141	105
Syn 97 // Koreli	20	66	96	44	78	146	115
Joy 119 // Skerzzo	20	66	96	38	73	146	104
Syn 97 // Koreli	12	66	96		79	147	105
Syn 97 // Koreli	11	66	95	43	77	143	110
Caphorn		66	96	35	72	143	84
Apache		66	96	34	74	139	85
Syn 37 // Rytmic	2	64	93	34	74	146	109
Syn 97 // Koreli	17	64	93		79	146	120
Syn 97 // Koreli	19	64	94	40	78	146	107
Joy 119 // Skerzzo	30	63	92		75	144	111
Joy 119 // Skerzzo	7	60	88	38	71	147	90
Joy 119 // Skerzzo	6	59	86		76	144	108

2-b-b : Les sorties F7 et F8

11 lignées F7 et 5 lignées F8 ont été évaluées dans le même essai (Figure 1). En conduite traitée fongicide (=mode CTPS traité), seule une lignée fait 100% des 4 témoins. Les 15 autres sont inférieures. Par contre, en conduite FI, 9 font plus de 100% des témoins.

Comme les lignées F6, elles présentent un poids de 1000 grains (PMG) et un poids spécifique satisfaisants mais elles sont tardives et hautes, donc sensibles voire très sensibles à la verse.

Leur comportement vis-à-vis des maladies montre qu'elles sont résistantes aux rouilles jaune et brune, exceptionnellement résistantes à la septoriose et variables pour la fusariose (Tableau 5). La résistance à la septoriose observée dans les essais rendement a été confirmée dans une évaluation en poquets contaminés artificiellement à l'INRA de Rennes.

A ce jour, nous ne disposons de peu de données concernant la valeur technologique sur ce matériel. Seul l'essai de INRA-Rennes en Fi de la campagne 2010-2011 a été traité (Tableau 6). La teneur en protéines est équivalente à celle des témoins. 14 des 16 lignées sont de type Hard. Par contre, la force boulangère mesurée par le W apparaît faible dans le cas des lignées les plus productives. Le niveau global de la valeur technologique est considéré par les sélectionneurs comme médiocre et ne justifie pas de réaliser des investigations plus poussées.

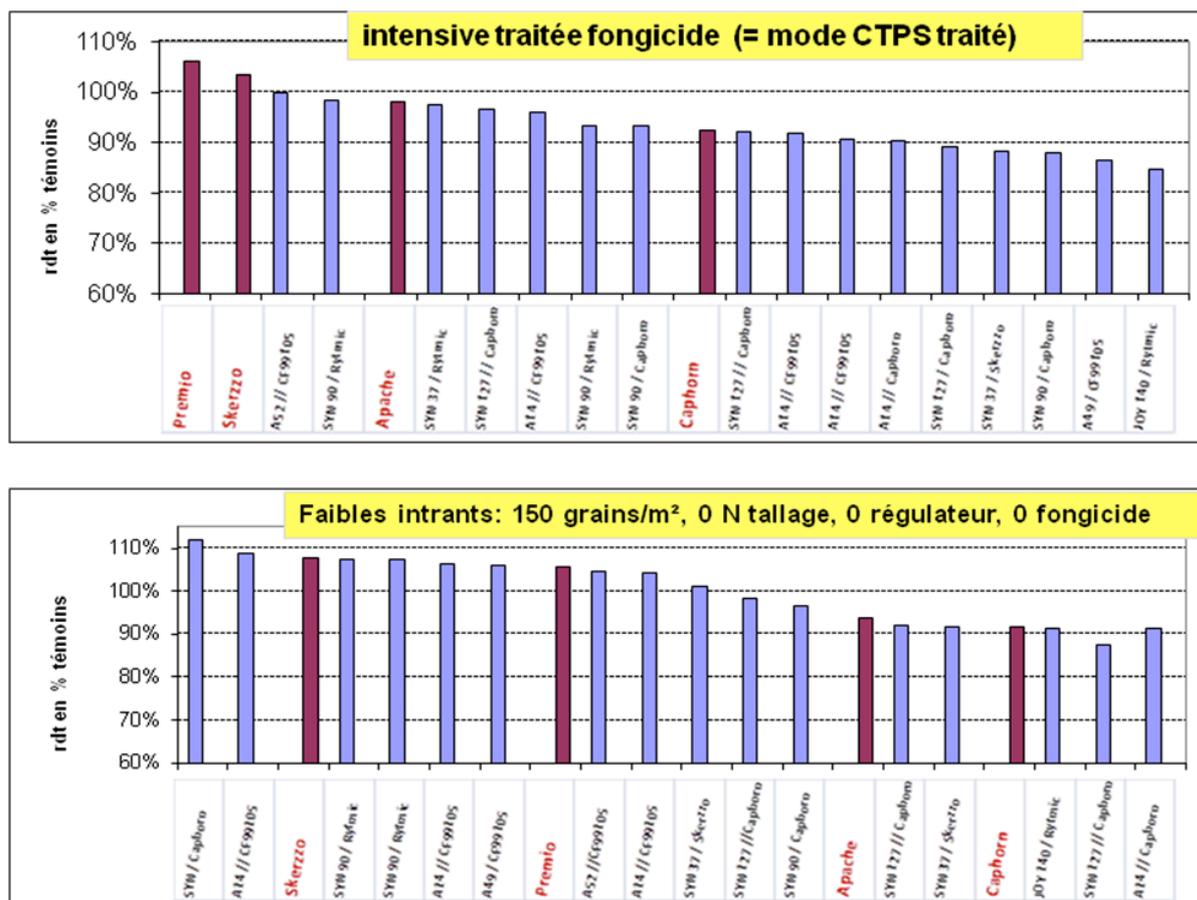


Figure 1 : Rendement des lignées F7 et F8 en conduite traitée fongicide et en conduite Fi

Tableau 5: Evaluation de la résistance aux maladies des lignées F7 et F8.

		R.J. (1 lieu)	R.B. (2 lieux)	Septoriose (3 lieux) Spé.*		Fusariose Exp. Spé.*
B90 / Caphorn	45-43	1	2	2	2.5	5.5
A14 // CF99105	02-30	1	2	2.3	3.5	5.5
Skerzto		2	5	4.3		
Syn90 / Rytmic	31-14	1	2	2.7	3	5
Syn90 / Rytmic	31-9	2	2	2.3	3	4.5
A14 //CF99105	02-20	1	2	2.3	3.5	4.5
A49 / CF99105	18-6	2	2	2	2.5	4.5
Premio		3	2	6.3	5.5	5
A52 //CF99105	20-11	1	7	3.7	4.5	4.5
A14 // CF99105	02-26	1	4	2.3	4	4
Syn 37 / CF99102	26-14	4	7	3.3	4.5	2
Syn 127 // Caphorn	99-1	3	8	5	4.25	7
B90 / Caphorn	45-12	2	2	2.7	3	4.5
Apache		3	6	8	7.5	3.5
Syn 127 // Caphorn	02-10	3	7	7	6.25	8.5
Syn 37 / CF99102	26-8	1	3	3.3	4	4
Caphorn		3	4	8	6.5	8
A14 // Caphorn	01-3	2	4	6	5	7.5
Joy 140 / Rytmic	55-1	1	6	2.7	4	4
Syn 127 // Caphorn	99-3	2	6	5	4.5	6

Tableau 6 : Quelques données de technologie sur les lignées F7 et F8.

		PS (3 lieux)	Prot	Dureté	W
		(essai INRA-Rennes 2011)			
B90 / Caphorn	45-43	78	10.7	41	167
A14 // CF99105	02-30	74	11.5	92	207
Skerzzo		79	11.4	86	277
Syn90 / Rytmic	31-14	76	9.8	84	122
Syn90 / Rytmic	31-9	78	10.4	96	161
A14 //CF99105	02-20	75	10.6	83	121
A49 / CF99105	18-6	75	9.9	37	93
Premio		73	10.5	76	187
A52 //CF99105	20-11	78	9.8	73	178
A14 // CF99105	02-26	75	11.5	85	166
Syn 37 / CF99102	26-14	79	10.1	92	201
Syn 127 // Caphorn	99-1	74	10.5	99	258
B90 / Caphorn	45-12	76	10.1	38	162
Apache		76	10.4	65	163
Syn 127 // Caphorn	02-10	75	10.7	70	194
Syn 37 / CF99102	26-8	76	11.7	55	247
Caphorn		74	10.6	71	247
A14 // Caphorn	01-3	73	11.4	92	182
Joy 140 / Rytmic	55-1	77	10.0	89	261
Syn 127 // Caphorn	99-3	74	10.3	34	261

Conclusion générale

Le travail présenté ici constitue une première. En effet, c'est la première fois que l'INRA et un groupement de sélectionneurs privés, le GIE Club5, développent une opération d'envergure pour montrer l'intérêt d'*Ae. tauschii* comme donneur de variabilité au blé tendre.

En premier lieu, nous confirmons que la variabilité génétique d'*Ae. tauschii* est importante. Néanmoins cette variabilité ne concerne pas tous les caractères comme la résistance au piétin-verse. Ensuite, nous avons démontré, à partir d'introggressions dans le cultivar Courtot, que l'utilisation d'*Ae. tauschii* dans l'amélioration du blé doit aboutir à du matériel performant et original.

Ceci a été confirmé par la mise au point de géniteurs à partir de la sélection dans les descendance de croisements entre différents synthétiques et des variétés Elite. Après la démonstration de leur intérêt agronomique, ces nouveaux géniteurs ouvrent, pour chaque obtenteur, une belle opportunité de créer des variétés adaptées à des conduites plus économes en intrants. De plus, ils constitueront un matériel prioritaire pour identifier des gènes/QTL de résistance, notamment à la septoriose due à *M. graminicola*.

Références bibliographiques

- Appels R., Lagudah E.S., 1990. Manipulation of chromosomal segments from wild wheat for the improvement of bread wheat. *Austr. J. Plant Physiol.* 17, 253-266.
- Dubcovsky J., Luo M.C., Dvorak J., 1995. Differentiation between homoeologous Chromosomes 1A of wheat and 1Am of *Triticum monococcum* and its recognition by the wheat *Ph1* locus. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 92, 6645-6649.
- Dvorak J., Luo M.C., Yang Z.L., Zhang H.B., 1998. The structure of the *Aegilops tauschii* genepool and the evolution of hexaploid wheat. *Theor. Appl. Genet.* 97, 657-670.

Gill B.S., Raupp W.J., 1987. Direct genetic transfers from *Aegilops squarrosa* L. to hexaploid wheat. *Crop Sci.* 27, 445-450

Gill B.S., Raupp W.J., Sharma H.C., Browder L.E., Hatchett J.H., Harvey T.L., Moseman J.G., Waines J.G., 1986. Resistance in *Aegilops* species to wheat leaf rust, wheat powdery mildew, greenbug and hessian fly. *Plant Dis.* 70, 553-556.

Lange W., Jochemsem G., 1992. Use of the gene pools of *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides* and *Aegilops squarrosa* for the breeding of common wheat (*T. aestivum*), through chromosome-doubled hybrids. I. Two strategies for the production of amphiploids. *Euphytica* 59, 197-212.

McFadden E.S., Sears E.R., 1946. The origin of *Triticum spelta* and its free-threshing hexaploid relatives. *J. Hered.* 37, 81-89.

Riley R., Chapman V., 1960. The D genome of hexaploid wheat. *Wheat Inf. Serv.* 11, 18-19