



# ***PROGRÈS ET ENJEUX DE L'AMÉLIORATION VARIÉTALE:***

Alain Toppan

Colloque Santé du Végétal | 28 janvier 2020

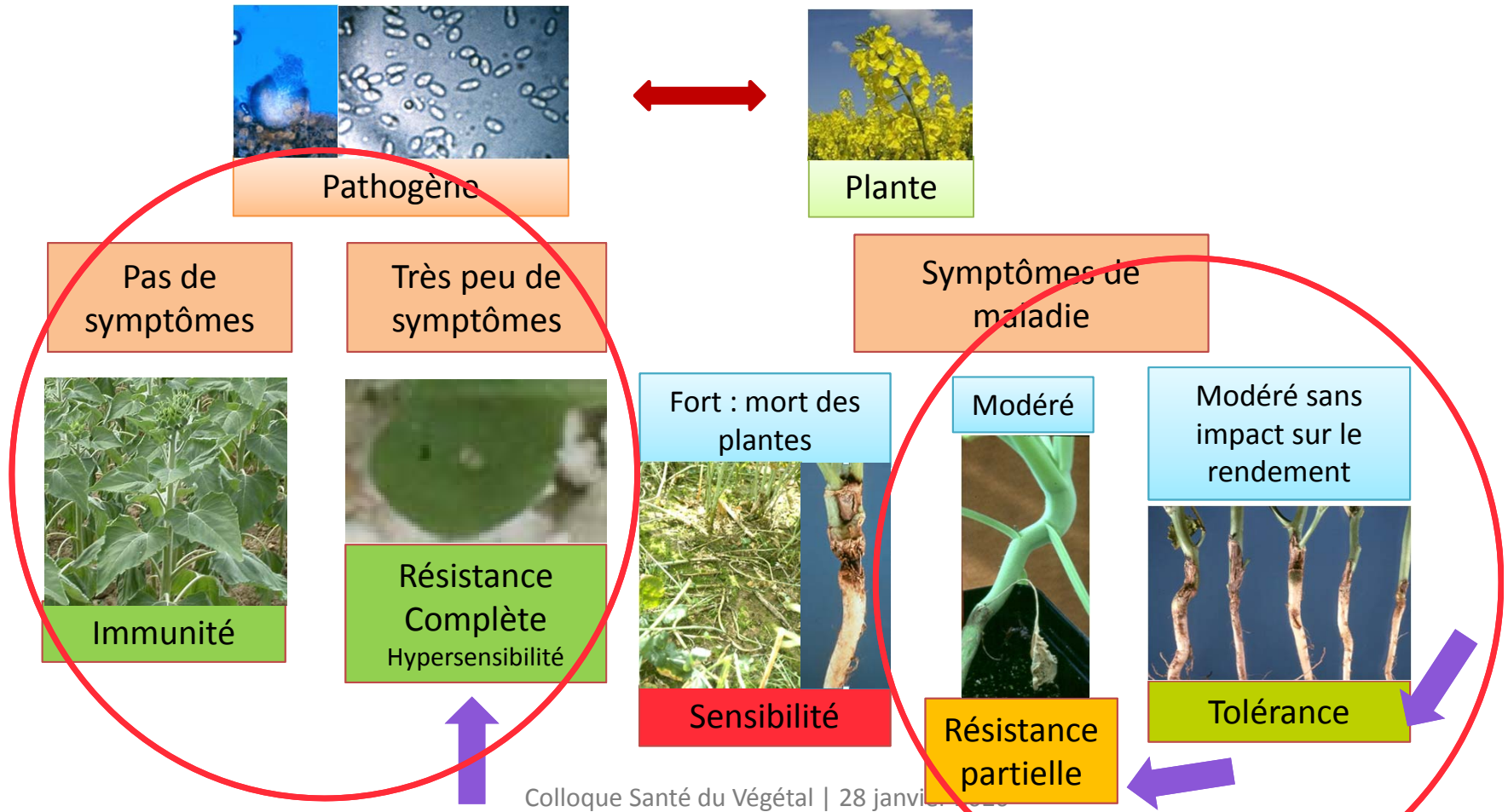


# ***Les premières approches génétiques***

Les travaux de R.H. Biffen (1905-1912)

- Une approche mendélienne
  - Etude de la F2 issue d'un croisement entre blé anglais et américain
  - La résistance à la rouille jaune chez le blé s'avère être un caractère récessif, héritable
  - A conduit à une création variétale abondante
  - Contestation de l'utilisation des principes mendéliens

# Les interactions plante-pathogène



# Les supports génétiques

## Résistances complètes et partielles

**Résistance complète**

		Plant cultivars			
		CV1	CV2	CV3	CV4
Race de pathogène	Race 1	R	R	R	R
	Race 2	S	R	R	R
	Race 3	S	S	R	R
	Race 4	S	S	S	R

R= resistance – incompatible / S= susceptible - compatible

**Théorie Gène pour gène H.H. Flor : 1971**

Interaction entre les gènes d'Avirulence du pathogène et de résistance de la plante

		Plant cultivar	
		<i>Pto</i>	<i>pto</i>
Pathogen strain	<i>AvrPtoB</i>	HR incompatible	Disease compatible
	<i>avrPtoB</i>	Disease compatible	Disease compatible

**Résistance qualitative monogénique "instable"**

**Résistance partielle**

At 7 dpi

**Résistance: quantitative polygénique stable**



## ***Des résistances complètes stables ...***

Le gène *are* de résistance à *Colletotrichum lindemutianum*

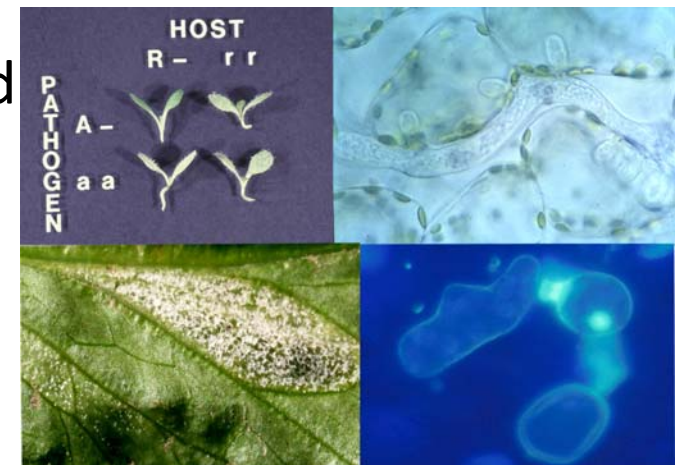
- L'antracnose du haricot est une des principales maladies
- Le gène *are* provenant d'une lignée de haricot provenant du Venezuela a été introgressé il y a plus de 50 ans
- Bien que très largement utilisé, *are* n'a pratiquement pas été contourné en Europe de l'Ouest et Amérique du Nord, mais ne présente aucune efficacité en zone tropicale



# ***Des résistances complètes instables ...***

La résistance de la laitue à *Bremia lactucae* (mildiou)

- *Bremia* présente une énorme capacité de variation de virulence et de nouvelles races contournent les résistances
- Le matériel sauvage (gènes *Dm* de *L. serriola*, *L. saligna*, etc) est source de nouveaux gènes R
- L'International Bremia Evaluation Board suit les évolutions de races (plus de 25 à partir de 6500 isolats)





# ***Une combinaison de résistances ...***

La résistance du colza à *Phoma lingam*

- *rlm1* (résistance spécifique), largement utilisé dans les années 90 a été contourné
- *rlm7* (résistance spécifique), utilisé dès 2004 est déjà localement contourné
- La présence d'un bon niveau de résistance générale (partielle, quantitative et durable) permet, associée à des pratiques culturales, d'améliorer la durabilité des gènes spécifiques



# Les orientations en sélection

Efficacité et durabilité

**Sélection basée sur des gènes R majeurs**

Identifier de nouveaux gènes R interagissant avec les effecteurs Avr

Identifier des facteurs impliqués dans la résistance basale

**Challenge: améliorer la stabilité de la résistance**

**Sélection basée sur la résistance partielle quantitative**

Identification et combinaison des allèles les plus favorables impliqués dans plusieurs facteurs de résistance

**Challenge: améliorer l'efficacité de la résistance**

**Combiner des gènes majeurs de résistance R et la résistance quantitative**



# Les origines de résistances

Variabilité génétique intra- et interspécifique

Allèles favorables présents dans les plantes cultivées

Le phénotypage peut être directement réalisé sur les donneurs de résistance

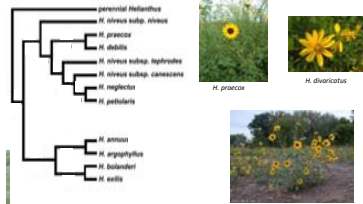


Utilisation de populations biparentales (QTL)  
Core collection pour les analyses d'association

Marqueurs moléculaires liés à la résistance

Allèles favorables présents dans des "sauvages"

Le phénotypage ne peut pas être directement réalisé sur les donneurs de résistance



Production de lignées d'introgession



# ***Les difficultés de l'introggression***

Phénotypage, fardeau génétique, etc

- **Utilisée pour identifier de nouveaux gènes**
  - A partir d'espèces sauvages, un long travail de rétro-croisements précède le phénotypage
  - La production de l'hybride interspécifique peut s'avérer laborieux
- **Utilisée pour introduire des résistances**
  - La taille des introgressions peut être énorme, leur stabilité limitée et être source de fardeau génétique
  - Le suivi par marquage est « un plus », parfois insuffisant



# ***Les pistes du futur***

Améliorer les étapes de pré-breeding, édition du génome...

- Les accessions «sauvages» ont souvent été utilisées pour des caractères simples, sans protocole standard
- Les sélectionneurs ont plutôt utilisé des lignées introgressées qu'exploité les «sauvages»
- L'édition des génomes est une voie très prometteuse
  - L'édition va copier des allèles exotiques absents dans l'espèce cultivée,
  - Evite les introgressions larges et leur défauts associés (fardeau génétique-absence de recombinaison)
  - Peut « corriger » plusieurs gènes simultanément (pyramidage)
  - A déjà montré son efficacité sur plusieurs espèces



# *Les enjeux*

Emergence de nouveaux pathogènes, impasses réglementaires ...

- Les pathogènes voyagent, d'adaptent, sont favorisés par les pratiques culturales, les échanges commerciaux et le changement climatique ...
- Les pertes de récolte sont importantes
- La lutte chimique, quand elle est utilisable, est en réduction
  - « Perte » de molécules, apparition de résistances
  - Contraintes réglementaires et impasses (Ecophyto), perception publique, etc
  - Disponibilité des produits dans certains territoires ou sur certaines cultures
- La combinaison de pratiques culturales et de variétés tolérantes permet de limiter les pertes (rendement, qualité)
- L'utilisation des produits de traitement peut être évitée ou limitée
- La possibilité d'aborder des marchés de niche
- Rester compétitifs sur le marché mondial
- Une solution applicable à « toutes » les espèces

