

2018-2019

Master 1 Biologie Végétale-Angers



# Sélection de génotypes de blé tendre résistant au piétin-verse pour des systèmes de culture économes en pesticides



**Daugan Corentin**

INRA – Le Rheu – IGEPP – Equipe MVI  
Stage du 11/04/2019 au 09/08/2019  
Sous la direction de M. Bernard Rolland

Membres du jury

Montrichard Françoise | Enseignante – Chercheuse | Présidente du Jury  
Berruyer Romain | Enseignant – Chercheur | Tuteur  
Véronesi Christophe | Maître de conférence – Chercheur | Auditeur

Soutenu publiquement  
le 03/07/2019





# ENGAGEMENT DE NON PLAGIAT

Je, soussigné(e) Daugan Corentin .....  
déclare être pleinement conscient(e) que le plagiat de documents ou d'une  
partie d'un document publié sur toutes formes de support, y compris l'internet,  
constitue une violation des droits d'auteur ainsi qu'une fraude caractérisée.  
En conséquence, je m'engage à citer toutes les sources que j'ai utilisées  
pour écrire ce rapport ou mémoire.

signé par l'étudiant(e) le **26 / 06 / 2019**



**L'auteur du présent document vous autorise à le partager, reproduire, distribuer et communiquer selon les conditions suivantes :**



- Vous devez le citer en l'attribuant de la manière indiquée par l'auteur (mais pas d'une manière qui suggérerait qu'il approuve votre utilisation de l'œuvre).
- Vous n'avez pas le droit d'utiliser ce document à des fins commerciales.
- Vous n'avez pas le droit de le modifier, de le transformer ou de l'adapter.

**Consulter la licence creative commons complète en français :**  
**<http://creativecommons.org/licences/by-nc-nd/2.0/fr/>**



# REMERCIEMENTS

Tout d'abord, je tiens à remercier Bernard ROLLAND, mon maître de stage pour m'avoir guidé tout au long de mon projet et m'avoir transmis une partie de son savoir. Je le remercie aussi pour ses conseils prodigués lors de la rédaction de ce mémoire mais aussi de sa patience, son accueil et son temps donné pour répondre aux questions qui m'ont permis de progresser dans mes recherches et de m'avoir permis de connaître le monde de la sélection.

Je suis également reconnaissant envers Jean-Christophe HELLEISEN, Denise DEFFAINS et Nelly KERGOAC'H pour leurs aides précieuses lors de l'arrachage et la notation des essais, mais aussi pour leur gentillesse et leurs remarques toujours pertinentes.

Je remercie aussi Hélène NAVIER, Alain MONNIER, Nathalie MOUTIER et les stagiaires pour l'accueil offert et pour l'ambiance agréable de travail durant ce projet.

De plus, je remercie également Romain RIO pour son aide lors de mes tests statistiques.

Enfin, je remercie Romain BERRUYER, mon tuteur pédagogique, pour m'avoir accompagné et conseillé durant mon projet.



# Table des matières

## **ABREVIATIONS**

## **TABLE DES FIGURES**

## **TABLE DES TABLEAUX**

## **SELECTION DE GENOTYPES DE BLE TENDRE RESISTANTS AU PIETIN-VERSE POUR DES SYSTEMES DE PRODUCTION ECONOMES EN PESTICIDES**

<b>1.</b>	<b>Introduction générale</b>	1
<b>2.</b>	<b>Introduction bibliographique</b>	2
2.1.	Présentation du blé tendre	2
2.1.1.	Phylogénie	2
2.1.2.	Cycle de blé et influence du milieu	3
2.1.3.	L'amélioration variétale	3
2.2.	Présentation du piétin-verse ( <i>Phaeosphaeria herpotrichoides</i> )	4
2.2.1.	Agent responsable du piétin-verse	4
2.2.2.	Symptômes	4
2.2.3.	Le cycle épidémiologique	5
2.2.4.	Modes de lutte	5
	a) Aide à la décision	5
	b) Lutte culturale	5
	c) Lutte chimique	6
	d) Lutte génétique	6
2.3.	Objectif du stage	7
<b>3.</b>	<b>Matériel et Méthodes</b>	7
3.1.	Matériel végétal	7
3.2.	Dispositif expérimental	8
3.3.	La contamination	8
3.4.	La notation des symptômes	9
3.5.	Analyses statistiques	9
3.6.	Marquage moléculaire	10
<b>4.</b>	<b>Résultats</b>	10
4.1.	Evaluation du niveau de résistance au champ des géotypes de l'essai PVAD01	10
4.1.1.	Notation des témoins d'arrachage	10
4.1.2.	Statistique descriptive	11
4.1.3.	Statistique inférentielle	11
4.1.4.	Marquage moléculaire des lignées PVAD01	12
4.2.	Evaluation du niveau de résistance au champ des géotypes de l'essai PVAD02	12
4.2.1.	Notation des témoins d'arrachage	12
4.2.2.	Statistique descriptive	13
4.2.3.	Statistique inférentielle	13
4.2.4.	Marquage moléculaire des lignées PVAD02	14
<b>5.</b>	<b>Discussion</b>	14
5.1.	Discussion générale	14
5.2.	Essai PVAD01	15
5.3.	Essai PVAD02	16
<b>6.</b>	<b>Conclusion</b>	17
<b>7.</b>	<b>Perspectives</b>	17
<b>BIBLIOGRAPHIE</b>		19
<b>SITOGRAPHIE</b>		20
<b>ANNEXES</b>		



# Abréviations

AB : Agriculture Biologique

CTPS : Comité Technique Permanent de la Sélection

CV : Coefficient de Variation

DHS : Distinction, Homogénéité, Stabilité

ETR : Ecart-Type Résiduel

FI : Faible Intrant

GEVES : Groupement d'Étude et de contrôle des Variétés Et des Semences

INRA : Institut National de la Recherche Agronomique

IVDBlade : Innovation variétale et diversification du blé tendre pour une agriculture durable

IWGSC : Consortium International de Séquençage du Génome du Blé

MVI : Matériel Végétal Innovant

NT : Non Traitée

PMG : Poids de Mille Grains

PVA : Piétin-Verse Adulte

SSR : Simple Sequence Repeat

STR : Short Tandem Repeat

T : Traitée

VATE : Valeur Agronomique, Technologique et Environnementale



## Table des figures

Figure 1 : Origines des génomes A, B et D du blé (Peterson et al., 2006).

Figure 2 : Cycle de vie du blé (Deswarte, 2018).

Figure 3 : Variété Garcia, sensible (à droite) et variété VPM, résistante (à gauche) au piétin-verse.

Figure 4 : Le cycle du piétin-verse (Caron, 1992) (Van Schingen, 1993).

Figure 5 : Echelle de résistance des variétés de blé tendre au piétin verse 2018 ([https://www.arvalis-infos.fr/file/galleryelement/pj/1c/66/dd/9d/2\\_bt\\_bd\\_maladies8178397058244542958.pdf](https://www.arvalis-infos.fr/file/galleryelement/pj/1c/66/dd/9d/2_bt_bd_maladies8178397058244542958.pdf)).

Figure 6 : Chromosome 7D et 7A du blé avec leurs marqueurs moléculaires (Chapman et al., 2008).

Figure 7 : Schéma de sélection du blé tendre d'hiver INRA Rennes équipe MVI (Rolland, 2012).

Figure 8 : Carte de France du réseau « inter-station ».

Figure 9 : Représentation du dispositif à 3 blocs avec la variété contaminatrice (C) en rouge, les variétés témoins en gris et les lignées à tester en vert (un numéro correspond à une lignée).

Figure 10 : Représentation d'une micro-parcelles avec entourés en rouge notre variété contaminatrice et en vert nos lignées à tester.

Figure 11 : Planche de notation du piétin-verse avec six classes (0%/1-25%/26-50%/51-75%/76-99%/100%).

Figure 12 : Représentation graphique du (a) pourcentage de Piétin-verse adulte (%PV) pour l'essai PVAD01, chaque barre correspond à la moyenne des 3 répétitions  $\pm$  l'écart-type et (b) de la dispersion de ces données.

Figure 13 : Représentation graphique du (a) Pourcentage de Piétin-verse adulte (%PV) pour l'essai PVAD02, chaque barre correspond à la moyenne des 3 répétitions  $\pm$  l'écart-type et (b) de la dispersion de ces données.

Figure 14 : Comparaison de la moyenne (a), de l'ETR (b) et du CV (c) avec les années 2018-17 ; 2017-16 ; 2016-2015 ; 2015-14.

Figure 15 : Résultat du CV et de l'ETR des essais CTPS 2018-19.



## Table des tableaux

Tableau I : Objectifs à l'international de l'INRA (<http://institut.inra.fr/Engagement-international>).

Tableau II : Classement mondial, européen et national de l'INRA par rapport aux différents organismes de recherche publics en fonction du nombre de citations et de publications ([http://www2.agroparistech.fr/IMG/pdf/la\\_plaquette\\_institutionnelle\\_de\\_l\\_inra.pdf](http://www2.agroparistech.fr/IMG/pdf/la_plaquette_institutionnelle_de_l_inra.pdf)).

Tableau III : Classification des chromosomes du blé tendre (Sears, 1954).

Tableau IV : Echelle de notation Zadocks et Feekes des différents stades de développement du blé (Maigniel, 2019).

Tableau V : Les différents bio-agresseurs et les moyens de lutte disponible (Charmet *et al.*, 2017).

Tableau VI : Analyse de variance à deux facteurs pour l'essai PVAD01 par le test de Fisher à  $\alpha=0,05$ .

Tableau VII : Test de Newman-Keuls essai PVAD01.

Tableau VIII : Résultat du marquage avec le marqueur Orw1, essai PVAD01 avec S pour absence du marqueur et R pour présence du marqueur.

Tableau IX : Analyse de variance à deux facteurs avec l'effet génotype et l'effet répétition pour l'essai PVAD02 par le test de Fisher à  $\alpha=0,05$ .

Tableau X : Test de Newman-Keuls avec les groupes représentés par les lettres A à G pour l'essai PVAD02.





Tableau XI : Résultat du marquage avec le marqueur Orw1, essai PVAD02 avec S pour absence du marqueur et R pour présence du marqueur.

Tableau XII : Risque de piétin-verse selon la météo et la date de semis évalué à partir du modèle TOP en Bretagne en 2019 (<https://www.arvalis-infos.fr/ble-tendre-des-conditions-peu-favorables-au-pietin-verse-@/view-29720-arvarticle.html>).

Tableau XIII : Résultat final pour l'essai PVAD01.

Tableau XIV : Résultat final pour l'essai PVAD02.

**Tableau I :** Objectifs à l'international de l'INRA (<http://institut.inra.fr/Engagement-international>).

	<b>Promouvoir l'espace européen de la recherche</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Programmation : participation à 2 JPI et à la coordination de 4 Eranet</li> <li>• Recherche collaborative</li> <li>• Dispositifs partagés : infrastructures de recherche</li> <li>• Formation et mobilité : programme de mobilité entrante et sortante &amp; programmes européens PEOPLE</li> <li>• Partenaires</li> </ul>		<b>Un tissu dense de la collaboration</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 28 % de publications Inra co-écrites avec un partenaire d'un pays de l'Union Européenne (UE)</li> <li>• 30 % de publications co-écrites avec un partenaire d'un pays hors UE</li> <li>• 6 laboratoires internationaux associés (LIA)</li> <li>• 40 % de chercheurs d'autres nationalités recrutés en 2015</li> </ul>
	<b>Grandes initiatives mondiales</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• La sécurité alimentaire (Wheat Initiative, GAFSR)</li> <li>• L'étude des changements climatiques (Climate Smart Agriculture)</li> </ul>		<b>La priorité méditerranéenne</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Une stratégie commune Inra-Cirad</li> <li>• Vers un espace commun de recherche agronomique France Maghreb</li> </ul>

**Tableau II :** Classement mondial, européen et national de l'INRA par rapport aux différents organismes de recherche publics en fonction du nombre de citations et de publications ([http://www2.agroparistech.fr/IMG/pdf/la\\_plaquette\\_institutionnelle\\_de\\_l\\_inra.pdf](http://www2.agroparistech.fr/IMG/pdf/la_plaquette_institutionnelle_de_l_inra.pdf)).

Disciplines	Classement					
	Nombre de citations			Nombre de publications		
Sciences agricoles	3/578	2	1	3	2	1
Sciences végétale & animale	4/1060	2	1	5	1	1
Microbiologie	18/426	6	3	13	4	3
Environnement / Ecologie	29/701	8	2	15	4	1
Biologie & biochimie	124/851	29	5	84	23	5
Biologie moléculaire & génétique	124/559	30	5	90	21	5
						

# Sélection de génotypes de blé tendre résistants au piétin-verse pour des systèmes de production économes en pesticides

## 1. Introduction générale

Fondé en 1946, L'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA) est un organisme français de recherche agronomique sous la tutelle de deux ministères, le ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt ainsi que le ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche présidé depuis juillet 2016 par Philippe MAUGUIN. Il mène des recherches au service d'enjeux de société majeurs, dans le domaine de l'alimentation, de l'agriculture et de l'environnement. Ces trois domaines ont pour but de répondre à des défis tels qu'anticiper et lutter contre le changement climatique, assurer une alimentation saine et durable, innover dans la sélection animale et végétale, réduire la dépendance aux pesticides et aux engrais, prévenir les zoonoses (maladie infectieuse des animaux vertébrés transmissible à l'être humain), empêcher l'extinction de certaines espèces et conserver la biodiversité.

Dans ce contexte, l'INRA emploie plus de 10 000 personnes réparties dans 17 centres de recherches. Parmi ces personnes nous allons retrouver des directeur-trice(s) de recherche, des chargé(e)s de recherche mais également du personnels techniques et administratifs. A l'international, l'INRA possède une place très importante comme peuvent l'attester les tableaux I et II. En effet, l'INRA participe à de nombreuses publications à travers le monde grâce notamment aux collaborations européennes et mondiales au cours de projets portant sur la sécurité alimentaire et le changement climatique, d'où l'importance du rayonnement de l'INRA à l'international ([http://www2.agroparistech.fr/IMG/pdf/la\\_plaquette\\_institutionnelle\\_de\\_l\\_inra.pdf](http://www2.agroparistech.fr/IMG/pdf/la_plaquette_institutionnelle_de_l_inra.pdf)).

Par exemple, l'INRA a notamment participé au programme de séquençage du blé via le consortium international de séquençage du génome du blé (IWGSC) qui permet d'accélérer les recherches réalisées sur le blé (Appels et al., 2018).

Au cœur du centre INRA Bretagne Normandie, nous retrouvons l'UMR IGEPP, l'Institut de Génétique Environnement et Protection des Plantes basé au Rheu (35) qui est une unité de l'INRA créée le 1er janvier 2012. Les principales recherches de l'IGEPP se concentrent sur la réduction de l'utilisation des intrants et vise à développer des méthodes innovantes en capitalisant sur l'articulation entre recherche académique et recherche finalisée (<http://annuaire.inra.fr/afficherStructure.action?code=1349&type=SO>). Cette unité est répartie en 6 plateformes technologiques et 6 équipes de recherches dont notamment l'équipe Matériel Végétal Innovant (MVI) dans laquelle j'effectue mon stage, qui possède plusieurs objectifs fixés :

- Créer du matériel végétal original (géniteurs et variétés) pour une agriculture plus économe en intrants chimiques et donc plus autonome.
- Concevoir des schémas de sélection plus efficaces pour atteindre cet objectif.
- Participer à la conception et à la validation d'itinéraires techniques pour les systèmes de culture économes en intrants.

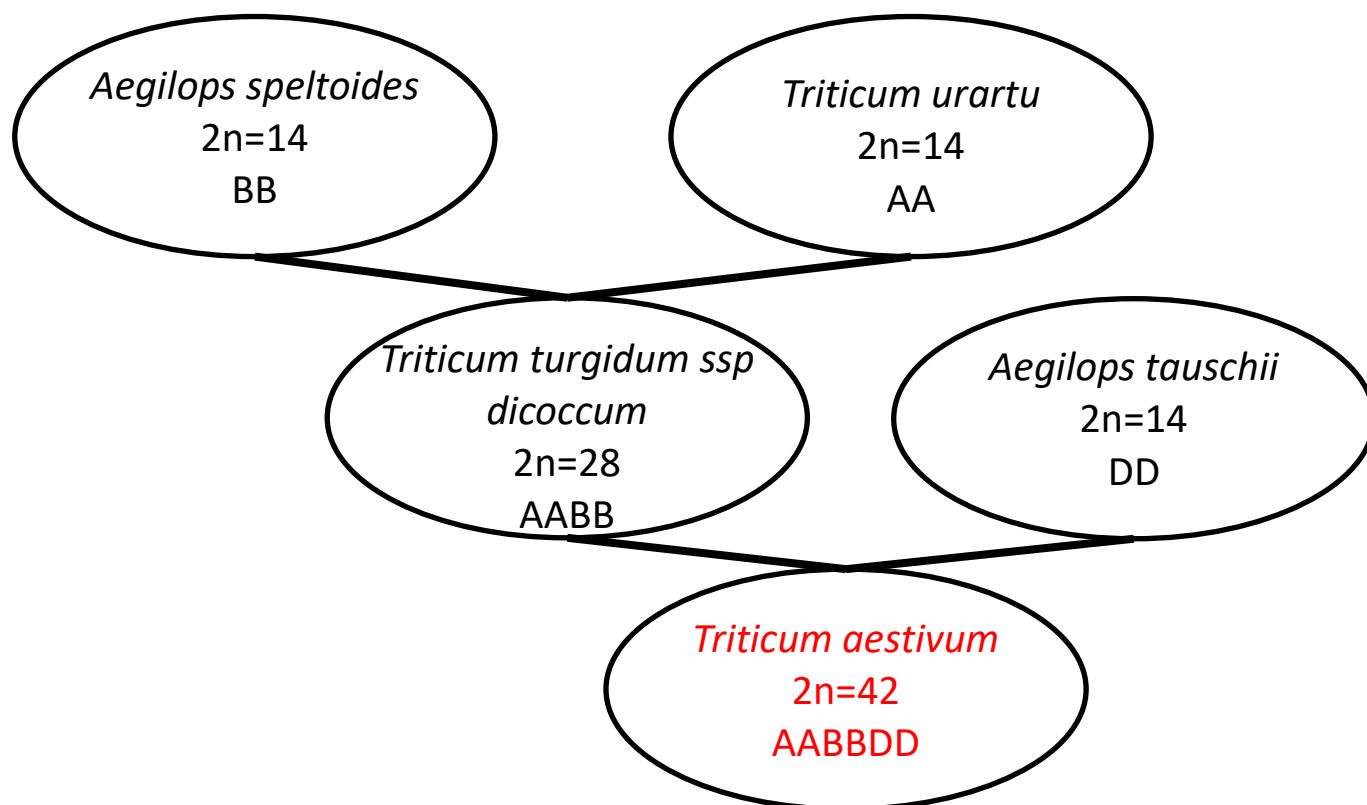


Figure 1 : Origines des génomes A, B et D du blé (Peterson et al., 2006).

Tableau III : Classification des chromosomes du blé tendre (Sears, 1954).

	Chromosomes	Génomes			
		A	B	D	
Groupe d'homéologie	1	1A	1B	1D	→ Groupe d'homéologie 1
	2	2A	2B	2D	
	3	3A	3B	3D	
	4	4A	4B	4D	
	5	5A	5B	5D	
	6	6A	6B	6D	
	7	7A	7B	7D	

Cette équipe participe à de nombreux projets visant à réduire et supprimer l'utilisation des pesticides. Elle participe à un programme d'amélioration variétale du blé tendre dont l'objectif est la création de variétés adaptées à une agriculture économe en intrants chimiques pour l'inscription au catalogue français. Dans le programme de sélection sont notamment évaluées les résistances aux maladies d'importance économique, la compétitivité vis-à-vis des adventices, la capacité de développement des blés en association et de multiples autres critères. Ces programmes ont déjà abouti à l'inscription de nombreuses variétés de blé, par exemple les variétés Skerzoo et Hendrix en 2011, les premières inscrites au catalogue français avec la mention « Agriculture Biologique » (AB).

## 2. Introduction bibliographique

### 2.1. Présentation du blé tendre

Sur le plan mondial, le blé est aujourd'hui une des plantes cultivées les plus importantes en compagnie du maïs et du riz aussi bien sur le plan de la production que sur les surfaces cultivées. Au total dans le monde la superficie des céréales cultivées est d'environ 730 millions d'hectares. Le blé rassemble environ un tiers de cette superficie, environ 220 millions pour une production de 770 millions de tonnes (données FAOSTAT 2017). L'évolution régulière du rendement, multiplié par 4 entre 1961 et 2017 (Données FAOSTAT 1961 et 2017), a permis une forte augmentation de production principalement due aux importants progrès génétiques et techniques. Cependant cette croissance de la production, l'intensification des cultures et l'utilisation de nouvelles variétés améliorées ont favorisé l'artificialisation du milieu, accroissant les pressions parasitaires et les risques entraînant des pertes de rendement parfois importantes, risque couverts par l'usage de pesticides.

#### 2.1.1. Phylogénie

Le blé tendre (*Triticum aestivum*) de la famille des Poacées appartient à la tribu des Triticées, dans cette tribu très importante économiquement nous allons retrouver tous les blés cultivés (*Triticum spp.*), le seigle (*Secale cereale*), l'orge (*Hordeum vulgare*) mais également le triticales (*tritico-secale*).

*Triticum aestivum* est un allohexaploïde avec trois génomes (A, B et D) provenant de trois espèces diploïdes différentes. Peterson et al, ont pu retracer en 2006 l'origine des trois génomes du blé tendre. Le génome A a pour origine *Triticum urartu*, le génome B lui dérive d'*Aegilops speltoides* et le génome D provient d'*Aegilops tauschii* (Figure 1). Chaque génome possède 7 chromosomes, parmi l'ensemble de ces chromosomes une homéologie a été démontrée par Sears et al, 1954 entre le chromosome 1 du génome A, B et D, entre le chromosome 2 du génome A, B et D etc. comme le montre le tableau III (Doussinault et al., 2001).

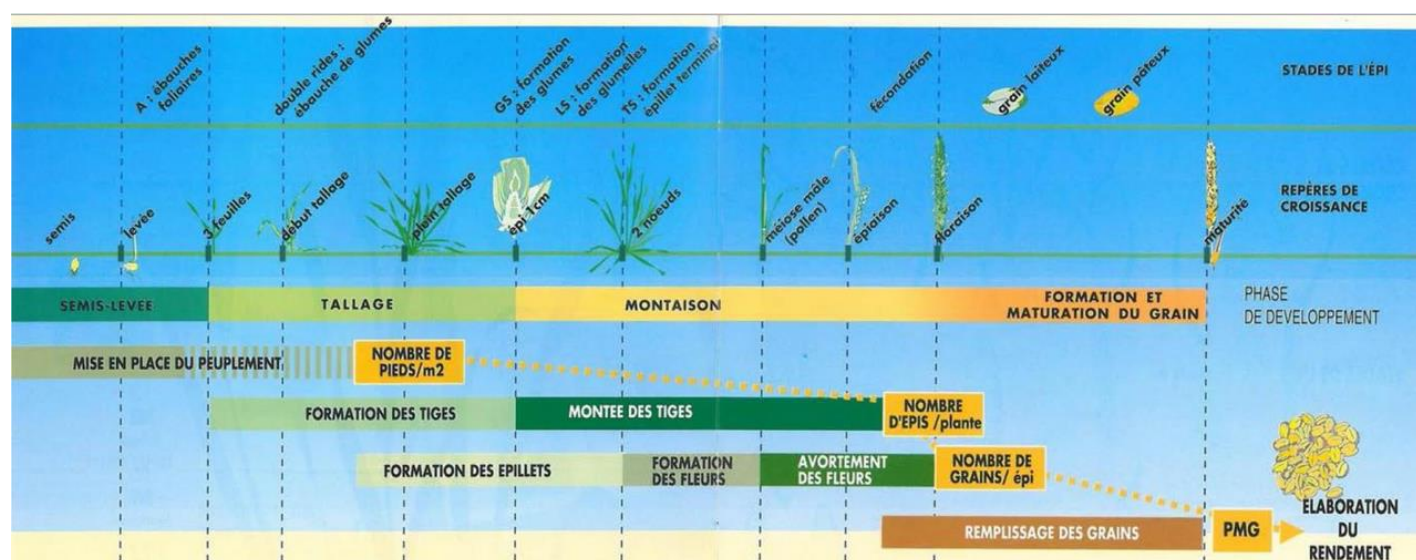


Figure 2 : Cycle de vie du blé (Deswarte,2018).

Tableau IV : Echelle de notation Zadocks et Feekes des différents stades de développement du blé (Maigniel, 2019).

Feekes	Zadocks	Stade	Repère de croissance
1	10/11(1 feuille) 12 (2 feuilles) 13 (3 feuilles)	Levée à 3 feuilles	Semis-levée
2	13(3feuilles) 21(1 talle)	Début tallage	Tallage
3	22-23	Plein tallage	
4	24-25	Fin tallage	
5	Z30	Épi 1 cm	Montaison
6	Z31	1 nœud	
7	Z32	2 nœuds	
8	Z37	Apparition dernière feuille	Gonflement
9	Z39	Ligule visible	
10	Z45	Gaine éclatée	
10.1	Z50	Emergence de l'épi	Épiaison
10.2	Z53	¼ de l'épi sorti	
10.3	Z55	½ de l'épi sorti	
10.4	Z57	¾ de l'épi sorti	Floraison
10.5	Z58	Épi totalement sorti	
10.5.1	Z60	Début floraison	
10.5.2	Z65	Pleine floraison	Maturation et formation du grain
10.5.3	Z69	Fin floraison	
10.5.4	Z71	Grain formé	
11.1	Z75	Grain laiteux	
11.2	Z85	Grain pâteux	
11.4	Z89	Grain mûr	
11.5	Z92	Surmaturité	

### 2.1.2. Cycle de blé et influence du milieu

Le cycle du blé tendre ainsi que les échelles de Zadock et de Feeks des différents stades du blé sont détaillés dans la figure 2 et le tableau IV. Dans les conditions du Bassin rennais la période végétative du blé s'étend généralement de la levée début novembre jusque mi-mars (fin du stade tallage, Z24-25). Arrive ensuite, la période reproductrice allant de mi-mars (stade épi 1cm (Z30) - initiation florale (Z60)) jusqu'au grain mur début juillet (Z89) selon les conditions climatiques et la précocité variétale.

L'influence du milieu est importante à chacune des étapes du cycle du blé et détermine le rendement. La levée dépend de la qualité de la semence, de l'état du sol et de la température. La durée du plein tallage et son importance est liée à la durée du jour, la température, et parfois de l'azote, rarement limitant à ce moment du cycle où les besoins sont faibles. Une nutrition azotée trop abondante augmente le nombre de talles et la longueur des premiers entre-nœuds, pouvant provoquer une verse préjudiciable au rendement et la qualité du grain. Une nutrition tardive et soutenue favorise la taille et la fertilité des épis notamment des deux dernières feuilles. Ces dernières étant déterminantes pour le remplissage des grains. En fin de cycle, en cas de palier hydrique, l'échaudage physiologique peut provoquer une baisse de pmg (poids de mille grains). Cette période critique arrive lorsque l'évaporation devient supérieure à l'absorption d'eau provoquant une absence de migration des réserves des feuilles, principalement des deux dernières vers les grains (Soltner, 2016). Les températures caniculaires de fin juin 2019 pourraient favoriser l'échaudage, notamment pour les génotypes tardifs n'ayant pas terminé le remplissage de leurs grains.

Tout au long du cycle du blé tendre la culture peut être affectée par de multiples facteurs limitants tels que les adventices, les ravageurs ou les maladies. Pour ces dernières, l'amélioration variétale du blé est indispensable. En France, les principales maladies d'importance économique sont : les rouilles jaune et brune, la septoriose, le piétin-verse et la fusariose.

### 2.1.3. L'amélioration variétale

L'amélioration variétale du blé tendre d'hiver a plusieurs objectifs :

- Augmentation de la productivité, notamment en conduites économes en intrants chimiques et en agriculture biologique
- Régularité de rendement, résilience par rapport aux conditions climatiques de plus en plus variables
- Résistance au froid
- Résistance à la verse mécanique
- Résistance aux maladies et parasites
- Valeur boulangère
- 

Pour tenter de répondre à tous ces critères, les sélectionneurs entretiennent un large réservoir génétique, et si les blés cultivés présentent des limites pour certains caractères, les espèces sauvages du blé offrent une très grande variabilité génétique, presque illimitée.

Lors du développement d'une variété de blé plusieurs marqueurs peuvent être utilisés afin de sélectionner les plantes ayant les caractères voulus : des marqueurs morphologiques, biochimiques ou moléculaires. Deux types variétaux peuvent être obtenus dans le cas du blé, une variété lignée pure (cas le plus fréquent) ou une variété



Figure 3 : Variété Garcia, sensible (à droite) et variété VPM, résistante (à gauche) au piétin-verse.

hybride F1, obtenue notamment par gamétocide (Gallais, 2011). Pour être commercialisable, donc inscrite au catalogue français, la nouvelle variété doit répondre positivement à plusieurs épreuves : (1) Les tests de DHS (Distinction, Homogénéité, Stabilité) et (2) les tests de Valeur Agronomique, Technologique et Environnementale (VATE). Ces deux tests sont organisés pendant deux ans par le Groupement d'Étude et de contrôle des Variétés Et des Semences (GEVES) qui réalise une partie des essais.

Dans le cas des variétés de blé tendre inscrites en AB des tests spécifiques sont réalisés. Ces variétés vont être comparées avec les témoins en situations « conventionnelles intensives (essais en conduites traitée et non traitée) » et/ou en expérimentation spéciale en parcelles certifiées AB, comme ce fut le cas pour les variétés Hendrix et Skerzzo qui, notamment, sont résistantes au piétin-verse. (Rolland et al., 2012) (<https://www.geves.fr/expertises-varietes-semences/grandes-cultures/inscription-des-varietes/#zone5>)

## 2.2. Présentation du piétin-verse (*Phaeosphaeria herpotrichoides*)

Le piétin-verse est une maladie fongique de plusieurs céréales à paille (blé, orge, avoine, triticale), fréquente dans les régions aux automne et hiver doux et humides comme c'est le cas dans le nord-ouest de l'Europe ou en Amérique du nord. Cette maladie, qui dépend énormément des conditions agronomiques, se développe à la base des tiges entraînant la verse parasitaire et des pertes de rendement de 5 à 20 quintaux par hectare (<https://www.arvalis-infos.fr/maladies-des-cereales-a-paille-pietin-verse-quels-sont-les-moyens-de-lutte-les-plus-efficaces--@/view-20823-arvarticle.html>).

### 2.2.1. Agent responsable du piétin-verse

Le piétin-verse (*Phaeosphaeria herpotrichoides* Fron Deighton) est un champignon nécrotrophe. La maladie est causée par deux espèces : *Oculimacula* ou *Tapesia acuformis* (type R=Rye=Seigle) et *Oculimacula* ou *Tapesia yallundae* (type W=Wheat=blé). Cette première a été décrite en 1912 par Fron comme étant un champignon imparfait caractérisé par des conidies filiformes à nombreuses cloisons transversales. La deuxième espèce a été décrite en 1988 (Wallwork and Spooner, 1988). Celle-ci possède des apothécies d'environ 1mm de diamètre, sessiles, de couleur brun foncé puis plus plates et plus claires lorsqu'elles approchent de la maturité. Ces deux espèces qui peuvent cohabiter ensemble provoquent une des maladies les plus importantes du blé en compagnie de la fusariose et de la septoriose.

### 2.2.2. Symptômes

Les symptômes provoqués par cette maladie sont visibles à la base de la tige (ou collet) généralement à partir de la montaison et jusqu'à la récolte. Le piétin-verse va commencer à contaminer le blé dès le stade plantule en pénétrant les différentes gaines foliaires. Lorsque la gaine possède 3 à 5 feuilles, nous pouvons observer les premiers symptômes du piétin-verse. Les différentes gaines sont contaminées au fur et à mesure jusqu'à la tige où nous allons observer la présence d'une tache ocellée bordée par un liseré brun diffus en dessous du premier nœud correspondant à un amas mycélien (=stroma), nous sommes alors au stade de la montaison (figure 3). Le champignon va ensuite progresser à l'intérieur de la tige jusqu'à l'infection totale de celle-ci. Il sera alors possible dans la lumière du chaume d'observer un mycélium grisâtre. Sous l'action de ce champignon nécrotique les tissus de la tige n'offriront plus aucune résistance et une verse parasitaire pourra être observée. Cette maladie peut

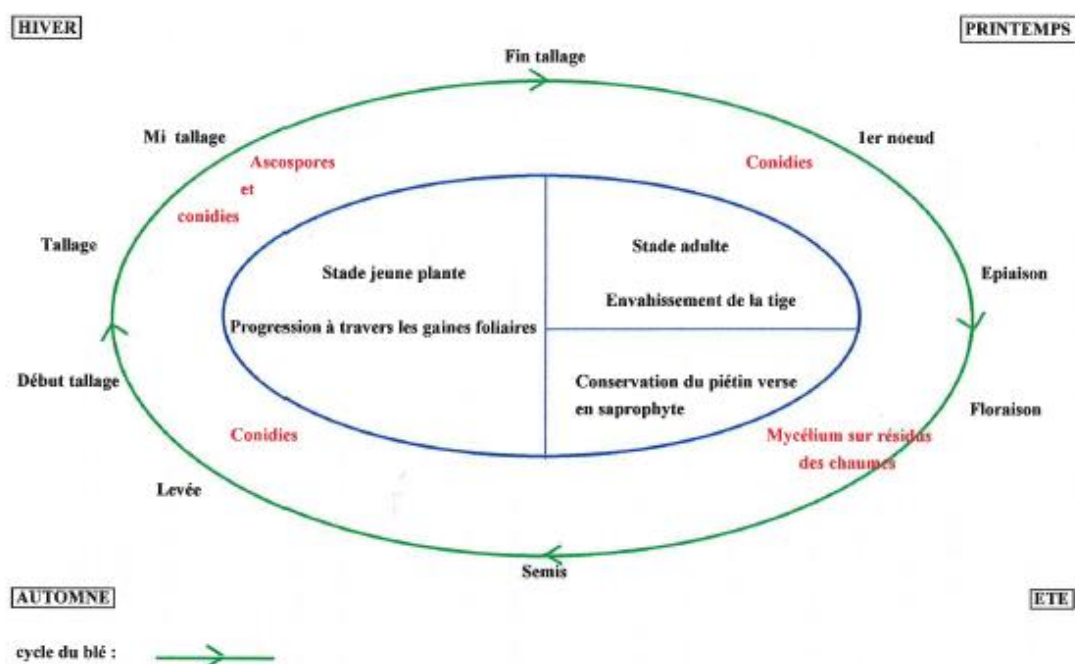


Figure 4 : Le cycle du piétin-verse (Caron, 1992) (Van Schingen, 1993).

Tableau V : Les différents bio-agresseurs et les moyens de lutte disponible (Charmet *et al.*, 2017).

Principaux bio-agresseurs	dommages	lutte chimique	résistance variétale	lutte agronomique	stimulateurs défense	lutte biologique
Rouille jaune	+++	+++	+++	+	-	-
Septoriose ( <i>M. graminicola</i> )	+++	++	++ / +	++	-	-
Rouille brune	++	+++	+++	+	-	-
Piétin-verse	++	++	+++	++	-	-
Piétin-échaudage	+++	++	-	+++	-	-
Fusariose (épis)	+	+	++	+++	-	-
Cécidomyies	++	++	+++	-		
Pucerons (VJNO)	+	+++	-	+++	-	-
Pucerons (épis)	+	+++	-	+	-	-
Mosaïque	+++		+++	++		
Helminthosporiose	+	++	+	+++	-	-
Oïdium	-	++	++	+++	-	-
Carie	+	+++	+	+++	-	+

également provoquer l'échaudage de l'ensemble de l'épi. Une transmission aux semences est possible dans le sol par l'intermédiaire du chaume contaminé ([http://www.fiches.arvalisinfos.fr/fiche\\_accident.php?mode=fa&type\\_cul=1&typeacc=4&id\\_acc=42](http://www.fiches.arvalisinfos.fr/fiche_accident.php?mode=fa&type_cul=1&typeacc=4&id_acc=42)).

### 2.2.3. Le cycle épidémiologique

Comme le montre la figure 4, le cycle de vie du piétin-verse est lié à celui du blé. En effet, le champignon va être capable d'hiverner sur les débris de culture et sur les adventices contaminés produisant l'inoculum primaire. Celui-ci va d'ailleurs être d'autant plus présent si l'hiver et le printemps ont été doux (entre 4 et 13°C) et humides (supérieur à 85%). Lorsque le blé atteint son stade plantule, la contamination a lieu via des ascospores et des conidies. Nous allons avoir une contamination des gaines foliaires. Au stade adulte, les tiges vont commencer à être infectées et nous allons avoir une nécrose de toute une section de tige. La plante contaminée par le piétin-verse à un fort risque de verse parasitaire. Lors de la récolte, le mycélium ne va pas être éliminé et va rester sur les résidus des chaumes. Le mycélium va être capable de survivre et de reprendre son cycle de vie durant 3 années dans ces résidus. Le champignon asexué (*O.yallundae*) va être capable de reproduire chaque année son cycle si une nouvelle culture de blé est réalisée quant au champignon sexué, il va demander des conditions environnementales spécifiques pour reprendre son cycle.

### 2.2.4. Modes de lutte

Chez le blé, il existe de nombreux bio-agresseurs (tableau V). De nombreux moyens de lutte sont disponibles. Concernant le piétin-verse, les méthodes de lutte les plus efficaces sont agronomique par la rotation et génétique, via la sélection de variétés résistantes.

#### a) Aide à la décision

Pour aider les agriculteurs à évaluer le risque de piétin-verse sur une parcelle une grille d'évaluation (annexe I) existe, à la suite de cette grille d'évaluation un traitement ou non sera conseillé. Cette évaluation est basée sur le type de variété utilisée, le type du sol et le potentiel infectieux (fréquence de culture du blé et type de travail du sol) de la parcelle ainsi que l'effet climatique durant l'année. Il existe aujourd'hui un bulletin de Santé du Végétal publié chaque semaine prévenant de l'émergence ou non du pathogène. Une méthode existe également afin de reconnaître les symptômes du piétin-verse et ainsi de ne pas confondre la maladie avec le rhizoctone ou la fusariose. Pour ne pas les confondre, il suffit de passer un doigt humide sur le stroma, si celui-ci reste intact il y a de fortes chances que la maladie identifiée soit le piétin-verse (Masson et *al.*, 2019).

#### b) Lutte culturale

Certaines techniques culturales permettent de limiter le développement de la maladie. En effet, la destruction des déchets de récolte permet de limiter les formes hivernantes ou de repos des bio-agresseurs conditionnant les épidémies. Pour cela, des techniques telles que le labour ou le broyage sont utilisées. De plus, le choix des rotations est indispensable pour limiter la présence d'inoculum du piétin-verse. Une succession blé-blé est par exemple fortement déconseillée si les cultures des années précédentes ont été contaminées. Ainsi,

Références	Les plus résistantes				Variétés récentes			
GRAPELI (VYCKOR)	SCENARIO	GALACTIC	BOREGAR	7	SOPHIE CS			
	BERMUDE	ALLEZ Y	ADVISOR	6	GEO	HYDROCK	KYLIAN	LG ABSALON
	MUSIK	HYGUARDO	HYFI		LG ALTAMONT	LG ARMSTRONG	MAORI	MORTIMER
	TULIP	SYLLON	SY MATTIS	5	RGT CYCLO	RGT VELASKO	SILVERIO	STROMBOLI
	GHAYTA	FLUOR	DESCARTES		GIMMICK			
CELLULE FORCALI REBELDE TRIUMPH	RENAN	LYRIK	HYBIZA	4				
	ASCOTT	ALIXAN	AIGLE		ADRIATICp	BIENFAIT	LG ASCONA	MILOR
	RGT TEKNO	CHEVRON	AUCKLAND	3	MUTIC	PIBRAC	(REFLECTION)	
	CALUMET	BAROK	ARMADA		CHEVIGNON	COMILFO	COMPLICE	(CREEK)
	EXPERT	DIDEROT	DIAMENTO		DONJON	FILON	HYBELLO	HYPODROM
	PAKITO	GRAINDOR	FRUCTIDOR		HY POLITE	IZALCO CS	LIPARI	MOGADOR
	TERROIR	SY MOISSON	RGT VENEZIO		MONTECRISTO CS	ORLOGE	PASTORAL	RGT CESARIO
ARKEOS (COSTELLO) MATHEO SOKAL				2	RGT FORZANO	RGT LIBRAVO	RGT PRODUCTO	SEPIA
					STEREO	SYSTEM		
	AREZZO	APACHE	(AMBITION)	1	(ATTRAKTION)	FAUSTUS	HYKING	
	CALABRO	BERGAMO	GALIBIER		(KWS DAKOTANA)	SANREMO		
	(LEAR)	GRANAMAX	GONCOURT					
	RUBISKO	OREGRAIN	NEMO					
			SOLEHIO					
		BOISSEAU	ALTIGO					
		TOBAK	EUCLIDE					

( ) : à confirmer

Source : CTPS(GEVES) / ARVALIS

Figure 5 : Echelle de résistance des variétés de blé tendre au piétin verse 2018 ([https://www.arvalis-infos.fr/file/galleryelement/pj/1c/66/dd/9d/2\\_bt\\_bd\\_maladies8178397058244542958.pdf](https://www.arvalis-infos.fr/file/galleryelement/pj/1c/66/dd/9d/2_bt_bd_maladies8178397058244542958.pdf)).

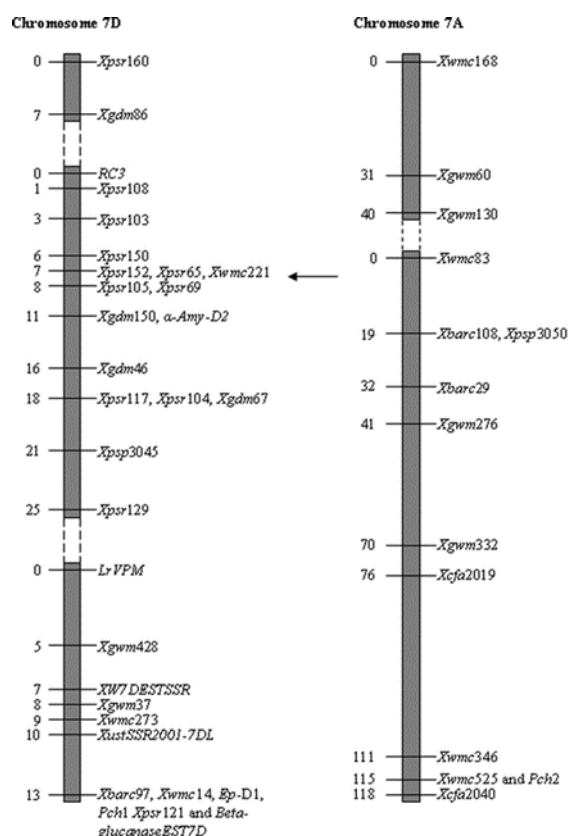


Figure 6 : Chromosome 7D et 7A du blé avec leurs marqueurs moléculaires (Chapman et al., 2008).

pour une parcelle ayant accueilli du blé une année il est conseillé une coupure de deux ans sans paille. Cette méthode agronomique est très efficace, par exemple dans le Bassin rennais (Soltner, 2016).

### c) Lutte chimique

En matière de lutte chimique, de nombreux fongicides existent mais les agriculteurs sont confrontés à de plus en plus de contournements. Ces traitements fongicides sont réalisés et conseillés lorsque plus de 35% des plantes de la parcelle est atteinte. Ils sont réalisés entre le stade épi 1cm et le stade 2 nœuds (Maufras, 2013). Aujourd'hui, les fongicides les plus utilisés sont le métrafénone, un inhibiteur de croissance, le cyprodinil qui inhibe l'élongation des tubes germinatifs et des hyphes mycéliens et un groupe de fongicide, les triazoles (ex : bromuconazole, époxiconazole, flusilazole) qui vont avoir pour rôle d'inhiber le métabolisme des cellules fongiques. L'association de ces trois fongicides va permettre d'atteindre un niveau d'efficacité important. Auparavant, un autre groupe de fongicide était utilisé, les benzimidazoles. L'utilisation abusive de celui-ci a provoqué la sélection de souches résistantes et persistante de ce groupe de fongicides. Les deux souches du piétin-verse ayant acquis des mutations alléliques du gène codant pour la  $\beta$ -tubuline. D'autres fongicides ont également été utilisés contre lesquels le piétin-verse est maintenant résistant tel que le prochloraze. Aujourd'hui, certaines souches ont été décelées comme étant résistantes au triazoles et au cyprodinil. Ainsi, dans le futur nous pouvons nous attendre à ce que le piétin-verse soit résistant aux fongicides actuellement utilisés. L'utilisation de ces fongicides cancérigènes, mutagènes et reprotoxiques doit donc être contrôlée pour éviter une résistance acquise trop rapidement (Leroux *et al.*, 2003).

### d) Lutte génétique

Aujourd'hui, le meilleur moyen de lutter contre le piétin-verse reste la résistance variétale. Plusieurs variétés sont actuellement inscrites au catalogue comme étant tolérantes (note de 5-6) ou résistantes (note de 6-7) au piétin-verse (figure 5). Deux gènes présents dans le génome des variétés les plus tolérantes expliquent cette tolérance. Le premier est le gène *Pch1*, celui-ci est le plus intéressant et celui qui apporte la résistance la plus importante. Il a été mis en évidence chez le parent sauvage *Aegilops ventricosa* Tausch (Sprague, 1936). Puis, plus tard, il a été identifié comme étant situé sur le chromosome 7D de cette variété sauvage. Le deuxième gène est *Pch2* qui apporte une résistance quantitative modeste et a été identifié sur le chromosome 7A du cultivar français Cappelle Desprez inscrit en 1946.

De plus, récemment un QTL à effet modéré a également été repéré sur le chromosome 5A de ce cultivar (Burt *et al.*, 2011). Afin de sélectionner des blés résistants au piétin-verse, le gène *Pch1* a été introgressé via un croisement entre *A.ventricosa* et *Triticum persicum* (un blé dur). L'hybride obtenu en 1953 a ensuite été croisé avec un blé tendre, la variété Marne. Dans les descendants de ce croisement a été identifié le géniteur VPM qui possède un niveau de résistance intéressant pour de multiples maladies (piétin-verse, oïdium, rouilles, septoriose). Ce géniteur a ensuite été utilisé dans de nombreux programmes de sélection pour obtenir des variétés de blé résistante à ces maladies. La première variété proposée aux agriculteurs possédant le gène de résistance *Pch1* est Roazhon (1976)(Doussinault *et al.*, 2001). Pour identifier la présence des gènes *Pch1* et *Pch2* dans des variétés de blé tendre des marqueurs moléculaires existent, les marqueurs SSR (Simple Sequence

## Sélection de variétés rustiques de blé tendre pour des conduites économes en intrants, dont l'agriculture biologique

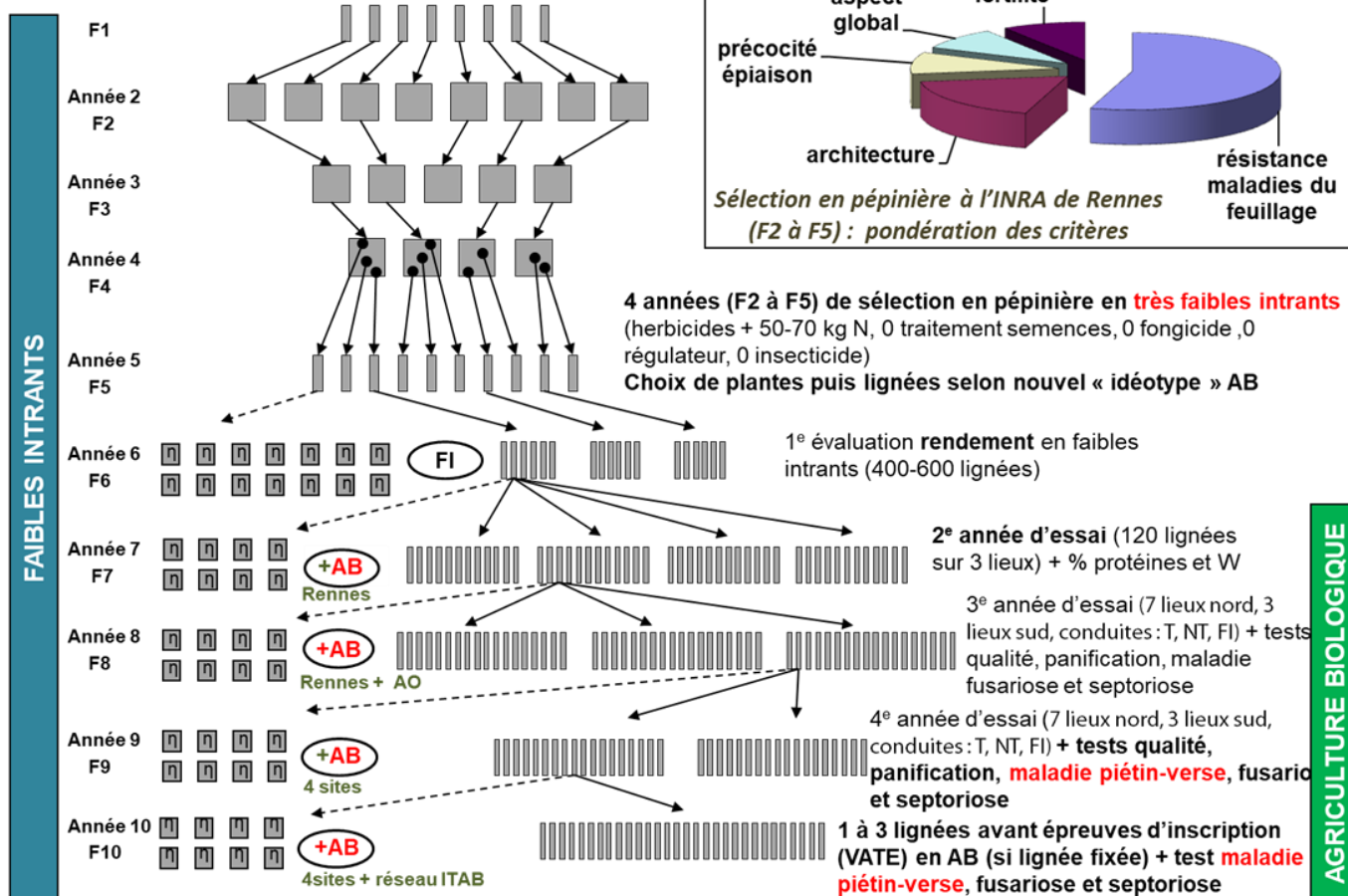


Figure 7 : Schéma de sélection du blé tendre d'hiver INRA Rennes équipe MVI (Rolland, 2012).

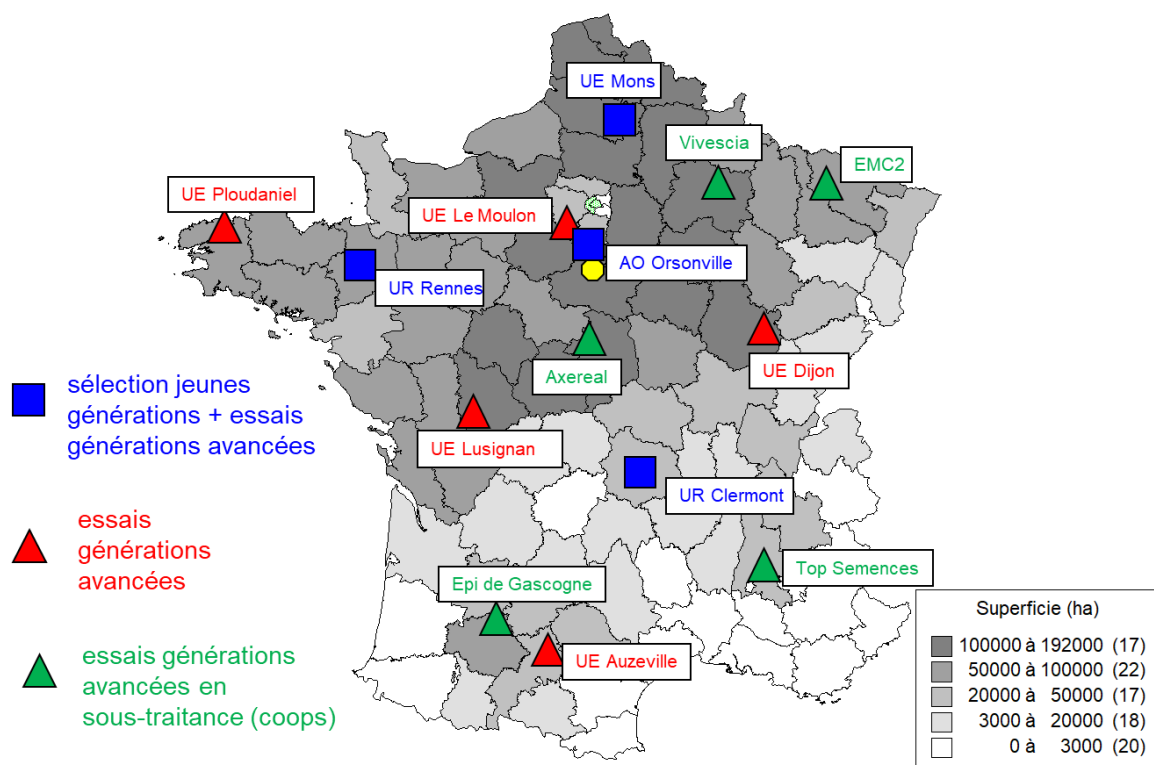


Figure 8 : Carte de France du réseau « inter-station »

Repeat) *Wmc14* et *Barc97* et les marqueurs STR (Short Tandem Repeat) *Orw1*, *Orw5* et *Orw6* permettent de localiser *Pch1* et les marqueurs SSR *Xgwm346*, *Xwmc525* et *Xcfa2040* permettent eux de localiser *Pch2* (figure 6) (Pasquariello *et al.*, 2017).

## 2.3. Objectif du stage

Mon stage s'inscrit dans le programme d'amélioration variétale IVDBlade (Innovation variétale et diversification du blé tendre pour une agriculture durable) de l'INRA et d'Ari-Obtentions 2016-2020 et essais VATE 2018-2019 du CTPS (Comité Technique Permanent de la Sélection) en vue de l'inscription au catalogue français. L'objectif de ce programme est la mise au point de variétés adaptées à une agriculture économe en intrants chimiques. Dans ce programme sont notamment évaluées les résistances du blé aux maladies d'importance économique.

Ainsi, mon stage intervient au niveau de l'étude de la résistance du blé tendre d'hiver au piétin-verse pour laquelle le site de Rennes est la référence nationale INRA. L'objectif de mon stage est d'effectuer les notations piétin-verse adulte sur 7 essais comportant en tout 250 génotypes afin d'évaluer leur sensibilité au piétin-verse. Dans ce rapport, nous allons nous focaliser sur 2 essais chacun de 32 génotypes. A l'issue de ces notations, certaines lignées seront considérées comme résistantes et d'autres comme sensibles. C'est une des étapes importantes du cycle de sélection.

## 3. Matériel et Méthodes

### 3.1. Matériel végétal

Dans le cadre de mon stage, deux essais INRA PVA (Piétin-Verse Adulte) nommés PVAD01 et PVAD02 composés de 32 cultivars chacun vont être testés. Les différents témoins ainsi que les lignées testées de ces deux essais sont répertoriés en annexe II et III. Parmi les génotypes de chaque essai nous allons retrouver des lignées en première ou deuxième année de notation. Ils seront comparés aux variétés témoins : deux résistantes (Rendez-vous et VPM), une très sensible (Soissons) et une assez sensible (Cappelle), nous permettant de situer le niveau d'attaque de chaque essai. Les lignées testées suivent le schéma de sélection décrit en figure 7. Celui-ci se déroule sur 10 ans pour un éventuel dépôt au CTPS en vue d'une demande d'inscription au catalogue officiel des espèces et variétés de plantes cultivées en France. La première étape du schéma est un croisement entre deux parents choisis comme ayant des caractéristiques agronomiques intéressantes et complémentaires (résistance aux maladies, bons rendements en faibles intrants et en agriculture biologique etc.). Après l'obtention des plantes F1 (F=génération, dans ce cas la F1 signifie la génération 1), une sélection massale en bulks est effectuée de la F2 à la F4, les plantes choisies en F2 et F3 étant battues en mélange. Les plantes retenues en F4 sont battues séparément et semées en double ligne de 1,5m en F5. A partir de la génération F6 et jusqu'en F10 ou F12 (si souci de fixité en vue de la réussite à l'épreuve DHS), les lignées sont suivies conjointement en pépinière et en essais rendement et maladies. A partir de la récolte F6, les tests qualité débutent par la teneur en protéines sur grains et la valeur boulangère (W prédit par mixographe). A la différence des programmes de sélectionneurs privés, la sélection est faite à Rennes en F6 et F7 en conditions de faibles intrants (FI) : uniquement herbicide et 30 à 100 unités d'azote/hectare, sans traitement de semences, ni fongicide, ni régulateur de

Bloc 3	C	C	V P M	C	S O I S S O N S	C	C	C	31	C	24	C	...	C	C	8	C	6	C	C	C	V P M	C	S O I S S O N S	C
Bloc 2	C	C	V P M	C	S O I S S O N S	C	C	C	29	C	17	C	...	C	C	21	C	31	C	C	C	V P M	C	S O I S S O N S	C
Bloc 1	C	C	V P M	C	S O I S S O N S	C	C	C	1	C	2	C	...	C	C	31	C	32	C	C	C	V P M	C	S O I S S O N S	C

Figure 9 : Représentation du dispositif à 3 blocs avec la variété contaminatrice (C) en rouge, les variétés témoins en gris et les lignées à tester en vert (un numéro correspond à une lignée).



Figure 10 : Représentation d'une micro-parcelles avec entourés en rouge notre variété contaminatrice et en vert nos lignées à tester.

croissance, ni insecticide. A partir de la F7 et jusqu'à la fin du schéma de sélection une partie des génotypes sélectionnés sont également testés en conditions AB. Lors des trois dernières années de sélection (F8, F9 et F10) l'ensemble des lignées INRA (origines Clermont-Ferrand, Estrées-Mons et Rennes) et Agri-Obtentions sont réunies dans le réseau dit « interstations » pour y être évaluées pour le rendement dans 3 conditions culturales différentes : condition faibles intrants (FI), condition traitée (T, itinéraire « conventionnel intensif » visant le rendement potentiel avec couverture totale du risque maladies par 3 fongicides) et non traitées (NT, itinéraire intensif mais sans fongicide). Ces deux conduites sont celles des essais officiels CTPS. Les tests de panification sont réalisés à partir des F8 sur les récoltes de 10 lieux en France (figure 8), 7 dans le nord et 3 dans le sud. Egalement à partir de la F8 les lignées « interstations » sont testées pour la résistance à la fusariose et la septoriose en conditions semi-contrôlées à Rennes. En F9 et F10 elles seront aussi évaluées pour la résistance au piétin-verse en essai contaminé artificiellement.

Les génotypes en F10 ayant les meilleurs résultats pourront passer les épreuves CTPS sur deux ans, organisées par le GEVES dans l'optique d'une inscription au catalogue. En cas de réussite aux épreuves CTPS, la variété est inscrite au catalogue pour 10 ans, renouvelable par période de 5 ans, sur demande de l'obteneur.

Nos lignées testées sont donc des blés en cours de sélection, au stade F9 ou F10, regroupés dans le réseau « interstations ». Les lignées F9 sont dans le réseau ISA 2 et les F10 dans le réseau ISA 1. Ces deux réseaux correspondent respectivement à nos séries PVAD01 et PVAD02 pour la notation piétin-verse. Lors de l'inscription au catalogue, les lignées ayant des caractéristiques intéressantes de résistance au piétin-verse auront un bonus à l'inscription (+1% sur le seuil de rendement).

## 3.2. Dispositif expérimental

Notre matériel végétal a été semé dans un champ (coordonnée GPS : 48.114534, -1.784334) au lieu-dit La Baronnie au Rheu (35) le 22 octobre 2018 en utilisant un dispositif à 3 blocs de Fischer (plan en figure 9). Dans ce dispositif, le bloc 1 est constitué des lignées dans l'ordre de leurs numéros de série. Puis, pour les blocs 2 et 3 les génotypes ont été répartis en suivant un tirage aléatoire informatisé. Chaque bloc est constitué des lignées à tester (dans notre cas 32 pour chaque essai), de variétés témoins et encadrés d'une variété contaminatrice « Soissons » sensible au piétin-verse, réparties dans 16 micro-parcelles contenant à chaque fois 2 lignées à tester comme sur la figure 10. La variété contaminatrice est semée entre chaque lignée, entre chaque témoin mais également en bordure de nos essais pour favoriser l'infection de nos lignées et minimiser les effets de voisinage. Dans chaque bloc, notre matériel végétal est semé de façon dense avec environ 90 grains sur une ligne de 1,50m encadrées de la variété contaminatrice semée de la même manière. Pour séparer chaque bloc le dispositif prévoit une bordure sans végétation. La culture a reçu deux apports d'azote de 30 unités/hectare en début de montaison, au stade épi 1 cm Z30 (échelle de Zadocks) des variétés précoces, le 5 et le 15 mars 2019. Les essais ont été irrigués le 03/05, 10/05 et le 17/05 avec à chaque fois 30min d'irrigation représentant 10mm d'eau pour favoriser la maladie mais aussi pour aider à l'arrachage.

## 3.3. La contamination

Afin d'évaluer la résistance des lignées au piétin-verse, les essais ont été contaminés par des grains d'orge porteurs de *Oculimacula yallundae*. Cet inoculum, de référence MAT/REF/04-14-03-01, nous a été fourni par la



Figure 11 : Planche de notation du piétin-verse avec six classes (0%/1-25%/26-50%/51-75%/76-99%/100%).

SNES, station du GEVES de Beaucouzé. L'origine de l'inoculum est la station de la Minière pour multiplication au laboratoire sur milieu de culture PDA pendant 1 mois à l'obscurité et à 20°C. Par la suite, le champignon est repris et incubé pendant 1 mois à l'obscurité à 20°C avec des grains d'orge préalablement autoclavés.

Une fois les grains d'orge contaminés, ils ont été envoyés à l'INRA du Rheu pour inoculation des grains par épandage manuel dans la parcelle le 04/12/2018 au stade 3 feuilles (Z13) avec environ 10 grains par m<sup>2</sup>. La prolifération de la maladie est ensuite favorisée par la variété contaminatrice et la fertilisation azotée.

### 3.4. La notation des symptômes

La notation de nos lignées est effectuée entre les stades fin de l'épiaison (Z58) et floraison (Z60). Elle est déclenchée lorsqu'il y a une différence significative de développement de la maladie sur nos témoins d'arrachage semés en bordure. Dans notre cas, lorsque la variété « Soissons » est particulièrement affectée par rapport au témoin résistant *Pch1* « VPM ». De plus, les lignées de PVAD01 étant plus précoces que celle de l'essai PVAD02, il sera noté en premier pour avoir une homogénéité de nos résultats. Il faut également faire attention que les plantes ne soient pas trop affectées car des maladies saprophytes (rhizoctone par exemple) peuvent rendre la notation difficile. Une fois que nos essais sont au niveau satisfaisant de contamination, nous allons suivre la méthode de notation suivante :

- 1- Arrachage de l'ensemble des plantes génotype et répétition par répétition pour éviter un mélange. Lors de cette étape, il ne faut pas oublier de retirer l'étiquetage de chaque génotype répertoriant son numéro dans la série, sa répétition et le nom de l'essai
- 2- Couper les tiges au tiers de leur hauteur
- 3- Récupérer 55 tiges (50 tiges à noter et 5 tiges de réserve) au hasard pour chaque répétition d'essais mais en éliminant les tiges les plus chétives
- 4- Eplucher les gaines foliaires de chaque tige afin de mettre la tige à nu
- 5- Couper la tige à l'endroit de la plus importante nécrose
- 6- Estimer à l'œil nu le pourcentage de section nécrosée
- 7- Répartir les tiges dans sa classe d'attaque correspondant à l'aide d'une grille de notations (figure 11) :  
Les différentes classes : 0% ; 1-25% ; 26-50% ; 51-75% ; 76-99% ; 100%

En suivant ce protocole, nous avons arraché et noté l'essai PVAD01 le 20/05/2019 et l'essai PVAD02 le 22/05/2019 au stade floraison (Z35). La notation des essais a été faite par trois notateurs, chaque notateur étant en charge d'une répétition. Les résultats obtenus vont ensuite être analysés statistiquement.

### 3.5. Analyses statistiques

La première analyse statistique est un test de Student sur les résultats des notations pour les témoins d'arrachage. Ce test va nous permettre de savoir s'il y a une différence significative entre la variété résistante « VPM » et la variété sensible « Soissons ».

Lorsque nous avons une différence significative entre les témoins d'arrachage nous allons pouvoir arracher et noter les lignées. Une fois la notation faite le pourcentage moyen de section attaquée pour chaque génotype de chaque répétition est calculé via l'indice médian :



$$\frac{(n1*0)+(n2*12.5)+(n3*37.5)+(n4*62.5)+(n5*87.5)+(n6*100)}{N} \text{ avec}$$

$n_i$  : nombre de tiges dans la classe  $i$

$N$  : nombre total de tiges.

Ce pourcentage nous permet d'obtenir ensuite une moyenne de contamination et un écart-type entre chaque répétition pour chaque génotype. Par la suite, le logiciel de statistique R a été utilisé pour tester la normalité des résultats grâce au test de Shapiro-Wilk ou de Bartlett avant l'analyse de variance (ANOVA) et le test de Newman-Keuls au risque  $\alpha=0.05\%$ . L'anova nous permet de savoir si l'effet génotype ou l'effet répétition influent sur le pourcentage de piétin-verse. Le test de Newman-Keuls va comparer et faire des groupes de nos génotypes. Pour ces tests, nous avons utilisé le modèle :

$$Y_{gr} = \mu + \alpha_g + \beta_r + \varepsilon_{gr} \text{ où :}$$

- $Y_{gr}$  = Variable phénotypique
- $\mu$  = la moyenne générale de la population
- $\alpha_g$  = l'effet du génotype  $g$
- $\beta_r$  = l'effet répétition  $r$
- $\varepsilon_{gr}$  = la résiduelle du test

Pour réaliser ses analyses de variance en routine l'équipe MVI utilise le logiciel StatBox (ex-Stat ITCF). Ainsi les résultats obtenus seront comparés avec ceux du logiciel R.

### 3.6. Marquage moléculaire

Un marquage moléculaire a été effectué l'année dernière sur les génotypes « interstations » pour évaluer si ceux-ci possèdent le gène majeur de résistance au piétin-verse, *Pch1*, sur le chromosome 7A. Il a été réalisé sur la plateforme Stratégique Nationale « Gentyane » de l'UMR GDEC de l'INRA de Clermont-Ferrand. Le marqueur utilisé par la plateforme est le microsatellite STR (Short Tandem Repeat) *Orw1* situés proche du gène *Pch1*. Les résultats du marquage seront comparés aux résultats obtenus lors de nos expérimentations au champ.

## 4. Résultats

### 4.1. Evaluation du niveau de résistance au champ des génotypes de l'essai PVAD01

#### 4.1.1. Notation des témoins d'arrachage

Dans le tableau en annexe IV, sont répertoriés les résultats des notations des témoins d'arrachage effectués sur les témoins « Soissons », sensibles au piétin-verse, et « VPM », résistantes au piétin-verse. Nous pouvons observer que « Soissons » a un pourcentage élevé de piétin-verse, 79% de section nécrosée. Concernant la variété résistante « VPM » le pourcentage est beaucoup plus faible, 32%. Visuellement, les résultats obtenus entre les deux témoins sont significatifs ce qui a été confirmé par le test de Student où nous obtenons une p-value de 0,00549 après avoir respecté les conditions d'application du test de la normalité des résidus avec Shapiro-Wilk (p-value = 0,0966) et de la normalité Bartlett de notre jeu de données (p-value=0,1974).

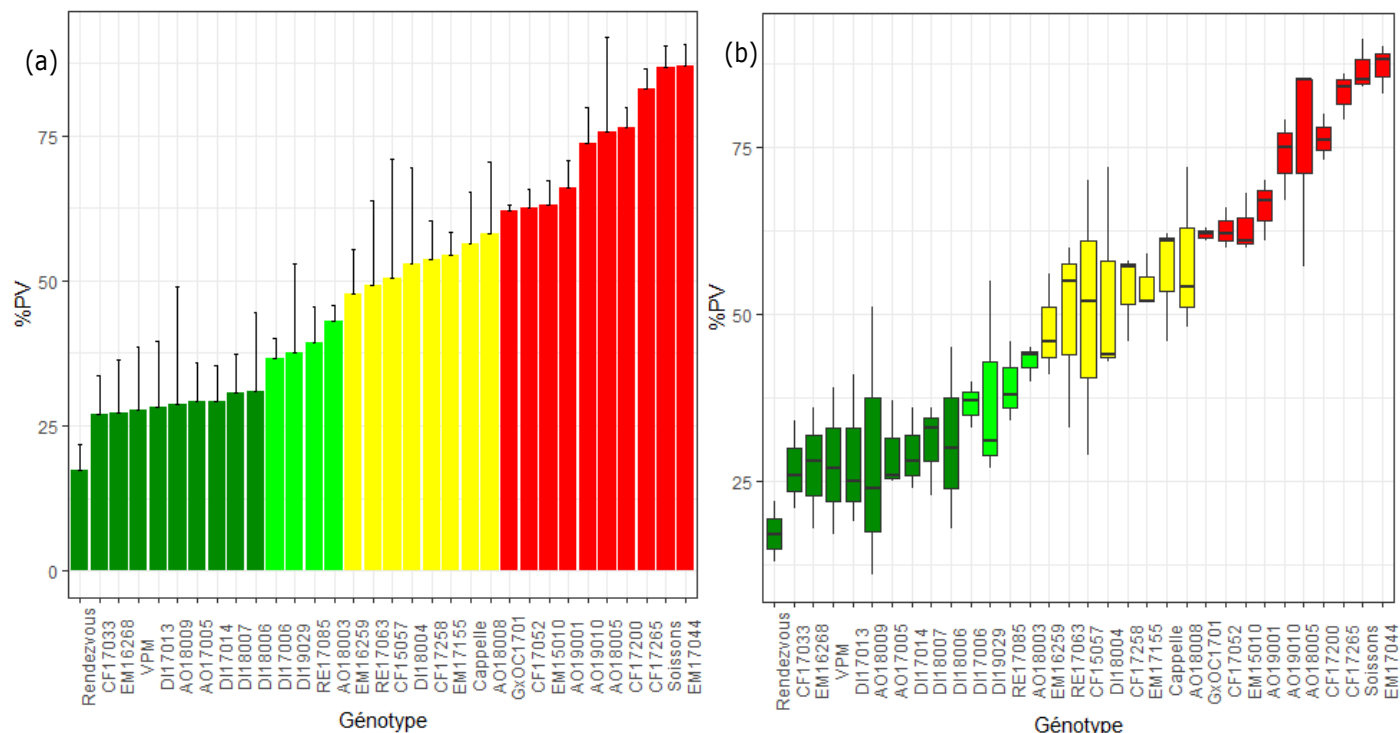


Figure 12 : Représentation graphique du (a) pourcentage de Piétiin-verse adulte (%PV) pour l'essai PVAD01, chaque barre correspond à la moyenne des 3 répétitions  $\pm$  l'écart-type et (b) de la dispersion de ces données.

Tableau VI : Analyse de variance à deux facteurs pour l'essai PVAD01 par le test de Fisher à  $\alpha=0,05$

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Génotype	31	36625	1181,46	12,7603	<2e-16 "****"
Rep	1	298	297,56	3,2138	0,07782 "."
Residuals	63	5833	92,59		

Signif.codes : 0 '\*\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Tableau VII : Test de Newman-Keuls essai PVAD01

Var	PVA%	Groupe									
		A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
EM17044	87	A									
Soissons	87	A									
CF17265	83	A	B								
CF17200	76	A	B	C							
AO18005	76	A	B	C							
AO19010	74	A	B	C	D						
AO19001	66	A	B	C	D	E					
EM15010	63	A	B	C	D	E	F				
CF17052	63	A	B	C	D	E	F				
GxOC1701	62	A	B	C	D	E	F				
AO18008	58		B	C	D	E	F	G			
Cappelle	56			C	D	E	F	G	H		
EM17155	54			C	D	E	F	G	H	I	
CF17258	54			C	D	E	F	G	H	I	
DI18004	53			C	D	E	F	G	H	I	
CF15057	50			C	D	E	F	G	H	I	
RE17063	49			C	D	E	F	G	H	I	
EM16259	48				D	E	F	G	H	I	
AO18003	43				D	E	F	G	H	I	J
RE17085	39					E	F	G	H	I	J
DI19029	38						F	G	H	I	J
DI17006	37						F	G	H	I	J
DI18006	31							G	H	I	J
DI18007	31							G	H	I	J
AO17005	29								H	I	J
DI17014	29								H	I	J
AO18009	29								H	I	J
DI17013	28								H	I	J
VPM	28									I	J
EM16268	27									I	J
CF17033	27									I	J
Rendez vous	17										J

#### 4.1.2. Statistique descriptive

Après les notations des génotypes de l'essai PVAD01, dont les résultats sont disponibles en annexe V, le % de section attaquée par le piétin-verse pour chaque génotype est calculé (annexe V). Dans la figure 12(a), est représentée la moyenne des 3 répétitions de chaque génotype étudié. Dans celle-ci, les génotypes sont répartis selon quatre classes grâce à l'analyse du pourcentage moyen de piétin-verse, la première, en rouge, qui comprend les génotypes qui très sensibles au piétin-verse avec notamment le témoin « Soissons ». La deuxième, en jaune, avec les génotypes assez sensibles dont le témoin « Capelle » (résistante partielle *Pch2*). La classe représentée en vert foncé correspond aux lignées résistantes, dont deux variétés témoins résistantes, (VPM et Rendez-Vous). Enfin, dans une quatrième classe, en vert clair, on trouve les génotypes qui semblent résistants et demandent confirmation. Au bilan, dans la classe très sensible nous retrouvons, en comptant les témoins, 10 lignées très sensibles allant de 62 à 87% de piétin-verse, 8 dans la classe des assez sensibles (48 à 58%), 10 dans celle des résistants (17 à 31%) et 4 lignées dans la classe des génotypes résistants à confirmer (37% à 43%). De plus, (figure 12(b)) les écarts-types standard de quelques lignées sont très importants (12 à 19%) notamment pour 9 lignées : - A018005, - A018008, - A018009, - CF15057, - DI17013, - DI18004, - DI18006, - DI19029, - RE17063. Au final, tous ces résultats devront être confrontés à ceux du marquage moléculaire pour confirmer les classes.

#### 4.1.3. Statistique inférentielle

Le premier test réalisé est un test de Bartlett afin de tester la normalité de notre jeu de données, nous y avons obtenus une p-value de 0.0967 validant la normalité. Le test de Shapiro-Wilk à lui été utilisé pour tester la normalité de nos résidus. A l'issue de ce test, une p-value de 0,8333 nous permet d'expliquer la normalité des résidus.

Ensuite, nous avons réalisé une analyse de variance au risque  $\alpha=0,05$  (tableau VI). D'après les résultats observés, l'effet génotype à une incidence sur la variable réponse (% piétin-verse moyen) car la p-value est inférieure à 0,05, p-value= $<2e-16$ . Cet effet explique 86% de la variation de nos résultats.

Dans le cas de l'effet répétition, nous obtenons une p-value supérieure à 0,05 (p-value=0,07782) signifiant que cet effet n'a pas d'incidence sur le pourcentage de la maladie par génotype au risque de 5%. Le  $R^2$  du modèle est quant à lui de 0.79 : il explique 79% de la variance de notre variable réponse.

Concernant le logiciel StatBox, nous retrouvons la même interprétation des résultats.

Dans le tableau VII, nous allons retrouver le résultat du test de Newman-Keuls réalisé sur R. Le logiciel StatBox nous a donné les mêmes résultats : 8 groupes différents (allant de A à J). Pour la sélection des génotypes, après analyse de ces groupes et analyse du pourcentage de piétin-verse, nous avons décidé de rassembler ces 8 groupes en 3 groupes, représentés dans la colonne Var et PVA% (tableau VII) :

- 10 génotypes très sensibles du groupe A (en rouge) et 8 génotypes assez sensibles du groupe F (en jaune)
- 4 lignées qui semblent être résistantes des groupes F-J (en vert clair)
- 10 lignées résistantes du groupe J (en vert foncé).

Tableau VIII : Résultat du marquage avec le marqueur Orw1, essai PVAD01 avec S pour absence du marqueur et R pour présence du marqueur

Génotype	PVA%	Orw1 2018	Note PVA	Groupe statBox + Gr R newman- Keuls
EM17044	87	S	S	A
Soissons	87	S	S	A
CF17265	83	S	S	AB
CF17200	76	S	S	ABC
AO18005	76	S	S	ABC
AO19010	74		S	ABCD
AO19001	66		S	ABCDE
EM15010	63	R	S	ABCDEF
CF17052	63	S	S	ABCDEF
GxOC1701	62		S	ABCDEF
AO18008	58	S	S?	BCDEFG
Cappelle	56	S	S?	CDEFGH
EM17155	54	R	S?	CDEFGHI
CF17258	54	S	S?	CDEFGHI
DI18004	53	S	S?	CDEFGHI
CF15057	50	S	S?	CDEFGHI
RE17063	49	R	R?	CDEFGHI
EM16259	48	R	R?	DEFGHI
AO18003	43	S	R?	EFGHIJ
RE17085	39	R	R?	EFGHIJ
DI19029	38		R?	FGHIJ
DI17006	37	S	R?	FGHIJ
DI18006	31	S	R	GHIJ
DI18007	31	R	R	GHIJ
AO17005	29	S	R	HIJ
DI17014	29	R	R	HIJ
AO18009	29	R	R	HIJ
DI17013	28	S	R	HIJ
VPM	28	R	R	IJ
EM16268	27	R	R	IJ
CF17033	27	S	R	IJ
Rendez vous	17	R	R	J

Le marquage moléculaire va nous permettre de confirmer ce regroupement (très sensible et sensible ; intermédiaire ; résistant) voire au mieux en 2 groupes (très sensible et sensible ; résistant).

La validité des données est jugée sur l'écart-type résiduel (E.T.R.) et le coefficient de variation (C.V.). L'E.T.R. est de 9,6 montrant la pertinence des résultats. Le C.V. est quant à lui de 19,3%. Celui-ci permet de montrer qu'il y a une faible dispersion de nos données autour de la moyenne générale de piétin-verse entre tous nos génotypes (50%). Nous avons utilisé ce jeu de données car nous voulons comparer les résultats obtenus avec le logiciel R et le logiciel StatBox. Après avoir enlevé des valeurs qui paraissent aberrantes à partir des écarts-types de chaque génotype (valeur en rouge dans l'annexe V), nous améliorons les résultats concernant l'E.T.R et le C.V. En effet, nous obtenons par le logiciel R un E.T.R de 7,6 et un C.V. de 15,4%.

#### 4.1.4. Marquage moléculaire des lignées PVAD01

Dans le tableau VIII, sont retranscrits les résultats du marquage moléculaire. Nos témoins Rendez-vous et VPM possèdent le gène majeur *Pch1*. Concernant le témoin Soissons placé dans le groupe rouge des génotypes très sensibles, il ne possède pas le gène *Pch1* pas plus que le témoin Cappelle. En ce qui concerne les 10 lignées placées dans le groupe des résistants en vert foncé, 6 possèdent le gène de résistance et 4 ne le possèderaient pas selon le marquage. Pour le groupe résistant, vert clair, composés de 4 génotypes, 1 possède le gène, 2 ne le possèdent pas et une lignée n'a pas eu de marquage. Dans le groupe des assez sensibles en jaune, 3 génotypes disposent du gène sur les 8 génotypes composant ce groupe. Pour finir, le groupe très sensible en rouge est composé de 1 lignées disposant du gène, 6 ne le possèdent pas et 2 n'ont pas été marqués.

En conclusion, 37,5% de nos génotypes testés (hors témoin et lignées non marquées) possèderait le gène de résistance mais au vu du grand nombre d'incohérences entre notation et marquage, nous pouvons dire que la technique du marquage moléculaire utilisée n'est pas encore au point.

## 4.2. Evaluation du niveau de résistance au champ des génotypes de l'essai PVAD02

### 4.2.1. Notation des témoins d'arrachage

Comme dans le cas de l'essai PVAD01, nous avons commencé par regarder s'il y a une différence significative entre les témoins résistants et sensibles (annexe VI). Notre jeu de données suit une loi normale car avec le test de Bartlett la p-value est de 0,9565 et nos résidus suivent également une loi normale puisqu'avec le test de Shapiro-Wilk la p-value est de 0.5479. Suite à ce résultat, nous avons comparé le résultat du témoin sensible, 81% de piétin-verse, et celui du témoin résistant, 25% grâce au test de Student. Ce résultat est concluant puisqu'avec nous avons une p-value de 0.0003971 nos deux témoins sont significativement différents.

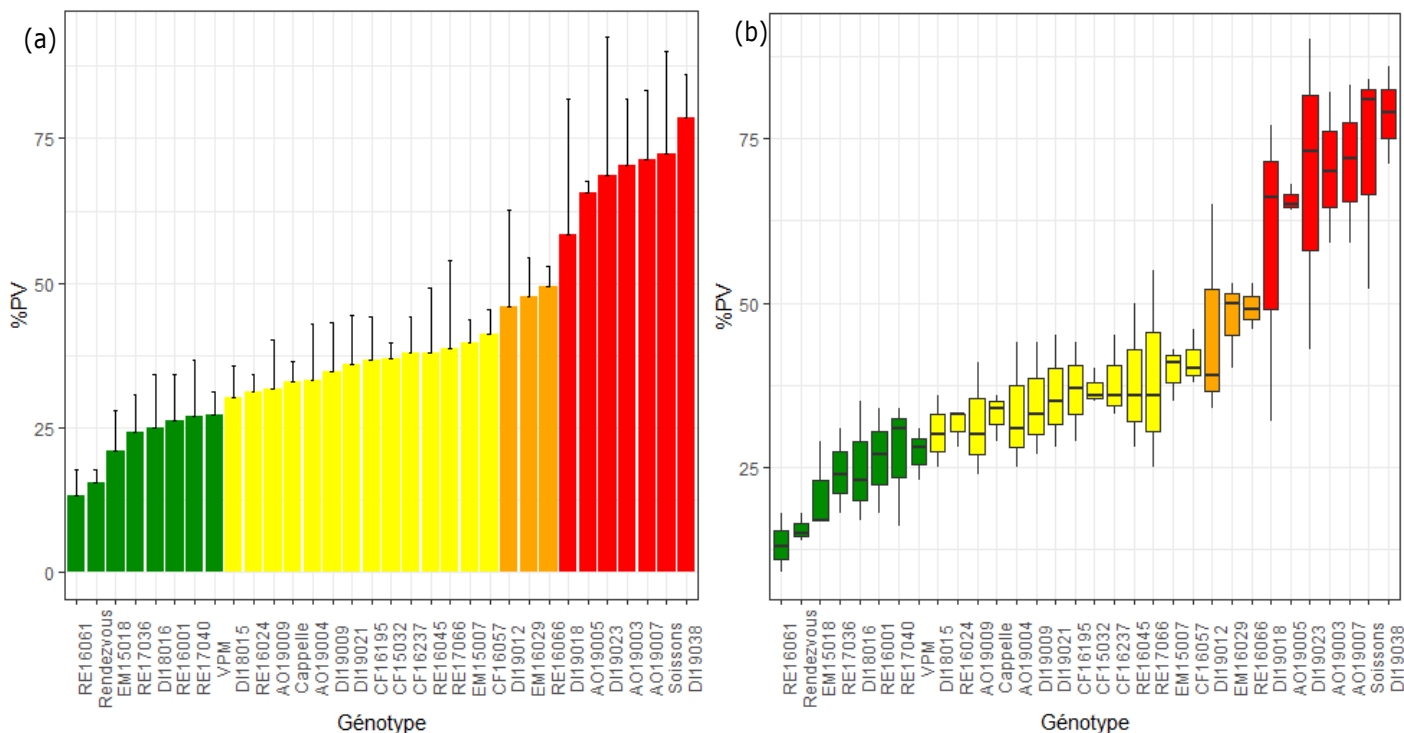


Figure 13 : Représentation graphique du (a) pourcentage de Piétiin-verse adulte (%PV) pour l'essai PVAD02, chaque barre correspond à la moyenne des 3 répétitions  $\pm$  l'écart-type et (b) de la dispersion de ces données.

Tableau IX : Analyse de variance à deux facteurs pour l'essai PVAD02 par le test de Fisher à  $\alpha=0,05$ .

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Génotype	31	28425,2	916,94	10,961	1,366e-15 "****"
Rep	1	1396,9	1396,89	16,698	0,0001263 "."
Residuals	63	5270,4	83,66		

Signif.codes : 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Tableau X : Test de Newman-Keuls avec les groupes représentés par les lettres A à G pour l'essai PVAD02.

Var	PVA%	Groupe						
		A	B	C	D	E	F	G
DI19038	79	A						
Solissons	72	A						
AO19007	71	A	B					
AO19003	70	A	B					
DI19023	69	A	B	C				
AO19005	66	A	B	C	D			
DI19018	58	A	B	C	D	E		
RE16066	49		B	C	D	E	F	
EM16029	48			C	D	E	F	
DI19012	46				D	E	F	
CF16057	41					E	F	G
EM15007	40					E	F	G
RE17066	39					E	F	G
CF16237	38					E	F	G
RE16045	38					E	F	G
CF15032	37					E	F	G
CF16195	37					E	F	G
DI19021	36					E	F	G
DI19009	35					E	F	G
AO19004	33					E	F	G
Cappellet	33					E	F	G
AO19009	32					E	F	G
RE16024	31					E	F	G
DI18015	30					E	F	G
VPM	27						F	G
RE17040	27						F	G
RE16001	26						F	G
DI18016	25						F	G
RE17036	24						F	G
EM15018	21						F	G
Rendez vous	16							G
RE16061	13							G

#### 4.2.2. Statistique descriptive

Les résultats des notations ainsi que du pourcentage moyen de piétin-verse pour chaque génotype de l'essai PVAD02 sont accessibles en annexe VII. Les résultats du % moyen de piétin-verse est également représenté dans le graphique en figure 13 (a). Après analyse de ce graphique, nos génotypes ont été répartis dans 4 classes différentes :

- Une classe résistante, en vert, allant de 13 à 27% de piétin-verse moyen et comprenant 8 génotypes dont les témoins Rendez-vous et VPM
- Une classe avec des incertains, en jaune, compris entre 30 et 49% et composées de 14 lignées, avec le témoin Cappelle
- Une classe assez sensible en orange avec 3 génotypes allant de 46 à 49%
- Une classe très sensible, en rouge, où nous retrouvons le témoin Soissons et 6 lignées entre 58 et 79%.

Comme dans le cas de l'essai PVAD01, nous avons quelques lignées ayant une étendue très importante (figure 13 (b)). En effet, les génotypes A019003, A019007, DI19012, DI19018, DI19023, RE16045, RE17066 ont des écarts-types standard supérieurs à 10%. Ainsi, une incertitude demeure pour ces génotypes. Grâce au marquage moléculaire, nous allons pouvoir confirmer ou infirmer les classes proposées dans la figure 13.

#### 4.2.3. Statistique inférentielle

Comme dans le cas de l'essai PVAD01, nous avons testé la normalité de notre jeu de données et de nos résidus par le test de Bartlett pour le premier et par le test Shapiro-Wilk pour le second. Ce test a confirmé la normalité du jeu de données ( $p\text{-value}=0.1164$  pour le test de Bartlett ;  $p\text{-value}=0.4888$  pour le test de Shapiro-Wilk). Les résultats de l'analyse de variance au risque  $\alpha=0,05$  sont disponibles dans le tableau IX. Grâce à cette analyse, nous pouvons dire que les deux effets génotype et répétition (Rep dans le tableau) ont une incidence sur le pourcentage de piétin-verse pour chaque génotype. En effet, pour ces deux effets nous avons une  $p\text{-value}$  inférieure à 0,05, respectivement de  $1,366e-15$ , qui explique 81% de la variation et de 0,0001263 expliquant 4% de la variation au risque de  $\alpha=0,05$ . Notre modèle explique lui 77% de la variable réponse ( $R^2 = 0.77$ ). Le logiciel StatBox nous a donné la même explication des résultats. Par la suite, le test de Newman-Keuls a été effectué (tableau X, les mêmes résultats ont été observés pour les deux logiciels de statistiques). Les lettres de A à G retrouvées dans ce tableau représentent les groupes obtenus, nous avons 7 groupes différents que nous avons décidé de regrouper en 3 groupes : un groupe très sensible en rouge, un groupe incertain en jaune et un groupe résistant en vert. Nous avons les mêmes groupes que dans la partie statistique descriptive mis à part les lignées assez sensibles, qui ont été placées dans le groupe des incertaines. L'objectif est d'utiliser le marquage moléculaire afin de replacer les génotypes du groupe incertain dans le groupe des sensibles ou des résistants. Les autres données obtenues avec le logiciel R et le logiciel StatBox nous permettent de dire qu'il y a une faible étendue de notre jeu de données autour de la moyenne de piétin-verse avec toutes nos lignées (41%). Cette observation est réalisée grâce au C.V. qui est de 22,4%. Le deuxième résultat récolté nous permet de dire que les tests réalisés sur ce jeu de données présentent une bonne précision (E.T.R.=9,1). Pour finir, comme dans le cas de l'essai PVAD01 notre jeu de données aurait pu être amélioré en enlevant quelques valeurs, valeurs en rouge dans l'annexe VII. En enlevant ces valeurs nous aurions eu un CV de 20% et un ETR de 6,9.

Tableau XI : Résultat du marquage avec le marqueur Orw1, essai PVAD02 avec S pour absence du marqueur et R pour présence du marqueur

Var	PVA%	Marqueur Orw1	Note PVA	Groupe Newman keuls R + StatBox
DI19038	79		S	A
Soissons	72	S	S	A
AO19007	71		S	AB
AO19003	70		S	AB
DI19023	69		S	ABC
AO19005	66		S	ABCD
DI19018	58		S	ABCDE
RE16066	49		S?	BCDEF
EM16029	48		S?	CDEF
DI19012	46		S?	DEF
CF16057	41		S?	EFG
EM15007	40		S?	EFG
RE17066	39	R	S?	EFG
RE16045	38		S?	EFG
CF16237	38		S?	EFG
CF15032	37		S?	EFG
CF16195	37		S?	EFG
DI19021	36		S?	EFG
DI19009	35		S?	EFG
AO19004	33		S?	EFG
Cappelle	33	S	S?	EFG
AO19009	32		R?	EFG
RE16024	31		R?	EFG
DI18015	30		R?	EFG
VPM	27	R	R	FG
RE17040	27		R	FG
RE16001	26		R	FG
DI18016	25		R	FG
RE17036	24		R	FG
EM15018	21		R	FG
Rendez vous	16	R	R	G
RE16061	13	R	R	G

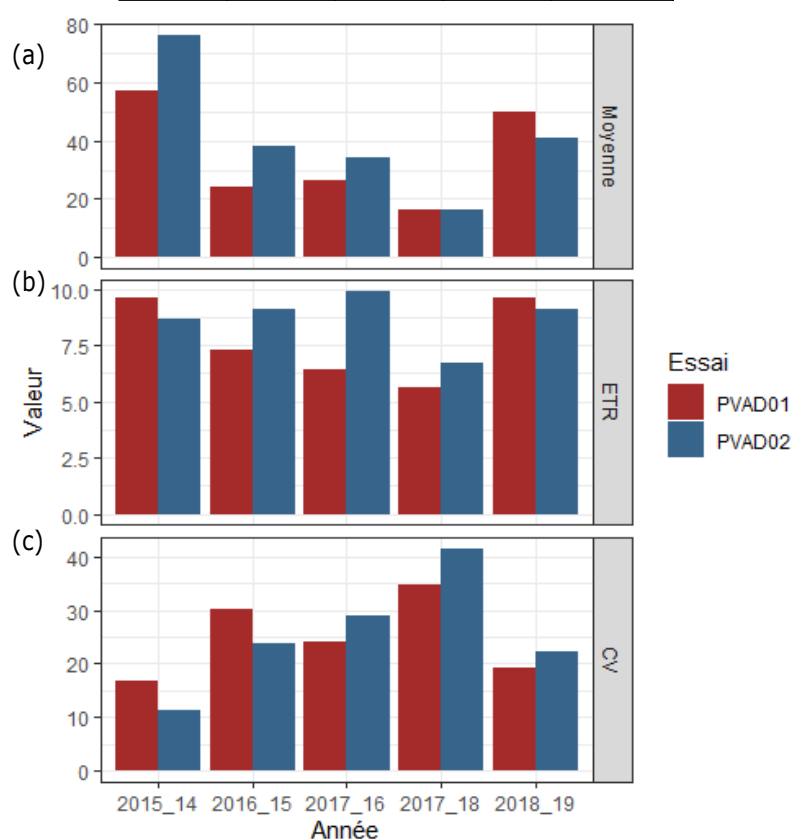


Figure 14 : Comparaison de la moyenne (a), de l'ETR (b) et du CV (c) avec les années 2018-17 ; 2017-16 ; 2016-2015 ; 2015-14

#### 4.2.4. Marquage moléculaire des lignées PVAD02

Les résultats du marquage moléculaire ne vont pas nous permettre d'affirmer ou d'infirmer nos résultats car pour cet essai seuls les génotypes RE17066 et RE16061 ont été génotypés. Le marquage moléculaire des autres lignées étant en cours. Les génotypes RE17066 et RE16061 sont positifs au marquage *Orw1* (tableau XI). Le génotypage des autres lignées sont programmées pour Juillet 2019.

## 5. Discussion

### 5.1. Discussion générale

La première information que nous pouvons ressortir de nos résultats est que le dispositif expérimental en conditions semi-contrôlées et les conditions pédoclimatiques de l'année ont permis d'avoir une pression maladie importante avec un pourcentage moyen de piétin-verse de 50% pour l'essai PVAD01 et de 41% pour l'essai PVAD02. Ces pourcentages sont à comparer à ceux de 2018 où la pression maladie des deux essais était faible avec une moyenne de 16% de piétin-verse adulte (figure 14a). Ceci montre que la contamination de notre parcelle à bien fonctionné par rapport à l'année dernière où le risque de piétin-verse était pourtant important par rapport à cette année (risque moyen en 2018-2019, tableau XII sur la page suivante). La comparaison des deux essais montre que l'essai PVAD01 a été plus attaquée comparativement à l'essai PVAD02, ceci est appuyée par les résultats des témoins (87% de piétin-verse pour le génotype « Soissons » dans l'essai PVAD01 contre 72% dans l'essai PVAD02 par exemple). Les génotypes de la lignée PVAD02 étant plus tardif nous aurions dû laisser la maladie se propager quelques jours supplémentaires pour le deuxième essai afin d'avoir une attaque similaire entre nos deux essais. Concernant les témoins dans nos deux essais, nous pouvons remarquer qu'ils sont à chaque fois dans le même groupe quels que soit l'essai. Le témoin le plus atteint étant à chaque fois Soissons (variété ne possédant aucun gène de résistance). Le témoin Cappelle est lui un témoin situé à chaque fois dans le groupe des assez sensibles. Ce témoin ne possède pas le gène de résistance majeur *Pch1* mais le gène de résistance partielle *Pch2* (Jahier et al., 2007). Dans le groupe des résistants nous allons retrouver deux témoins, « VPM » qui possède uniquement le gène *Pch1* et « Rendez-vous » qui possède le gène de résistance *Pch1* et *Pch2* (Jahier et al., 2007).

Pour valider la précision de nos essais et donc la qualité de nos comparaisons variétales, nous comparons l'ETR (figure 14b) et le CV (figure 14c) avec les années précédentes (campagnes 2014-15 ; 2015-16 ; 2016-17 ; 2017-2018). Concernant l'ETR, dépendant de la moyenne, de l'essai PVAD01, il est supérieur par rapport aux essais des années précédentes sauf pour l'année 2014-15 où l'ETR est proche. L'ETR de l'essai PVAD02 est lui proche des années précédentes mis à part l'année dernière où l'ETR était faible. Malgré un ETR faible, associé à une moyenne basse car l'attaque était faible, les notations réalisées l'année dernière étaient jugées comme peu précises car le CV était très élevé ( $CV = \frac{ETR}{\%moyen\ de\ PVA} \times 100$ ).

**Les CV obtenus en 2019 pour nos deux essais sont inférieurs à ceux obtenus les années précédentes sauf pour 2014-15. Ils valident la précision de nos essais.** Au vu de ces paramètres (moyenne, ETR et CV), l'année 2018-19 se rapproche plus de l'année 2014-15 qui était une année aux essais précis donc discriminants (ETR légèrement élevé car moyenne plus forte).

Tableau XII : Risque de piétin-verse selon la météo et la date de semis évalué à partir du modèle TOP en Bretagne en 2019  
(<https://www.arvalis-infos.fr/ble-tendre-des-conditions-peu-favorables-au-pietin-verse-@/view-29720-arvarticle.html>)

Département	Station météorologique	Semis du 25/10	Semis du 15/11
56	Ploërmel	Risque faible	Risque faible
56	Lorient	Risque moyen	Risque faible
22	Rostrenen	Risque faible	Risque faible
22	Trémuson	Risque moyen	Risque moyen
29	Brest	Risque fort	Risque moyen
29	Quimper	Risque fort	Risque moyen
35	Rennes	Risque moyen	Risque faible
35	Noé blanche	Risque faible	Risque faible

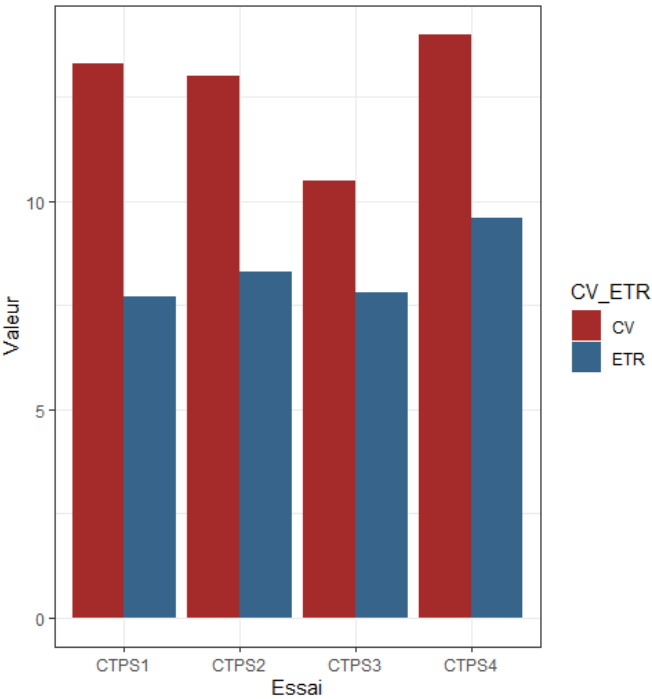


Figure 15 : Résultat du CV et de l'ETR des essais CTPS 2018-19

Ceci a été conforté par l'analyse des CV et des ETR (figure 15) des essais CTPS (essais confidentiel) réalisée dans le même temps que nos essais PVAD01 et 2 : ils présentent des résultats très discriminants.

**Pour l'expérimentateur et le sélectionneur, l'ETR et le CV sont les principaux indicateurs de la précision d'un essai.** Il faut, pour chaque variable étudiée, les comparer aux valeurs habituellement observées dans les essais de même type. Pour les essais piétin-verse où la moyenne d'attaque est très variable, nous jugerons au final la qualité de notre essai sur le CV : un CV inférieur 20 à % est très précis, un CV supérieur à 30 % est peu précis.

**Une fois les essais validés, le sélectionneur va pouvoir choisir et donc éliminer certains génotypes ce qui est la base de son travail.**

Nos deux essais vont ensuite être discutés afin d'évaluer combien chaque essai révèle de génotypes résistant ou potentiellement résistants grâce au marquage moléculaire mais aussi aux notations réalisées l'année dernière pour les lignées en deuxième année de notation.

## 5.2. Essai PVAD01

Dans l'essai PVAD01 les variétés placées dans le groupe très sensibles en rouge (tableau XIII). Après discussion, ils ont tous été identifiés comme étant sensibles, en attendant le marquage moléculaire 2019 de 3 génotypes. Les 5 génotypes ayant le marquage S, pour absence du gène de résistance, ont été notés comme étant sensibles, le génotypage a confirmé leurs sensibilités. Les 3 génotypes n'ayant eu aucun génotypage ont été discutés comme étant sensibles mais une confirmation via le marquage de Orw1. Si une fois le marquage moléculaire réalisé, un ou plusieurs de ces génotypes est (sont) marqué(s) comme étant résistant(s) une deuxième année de notation sera nécessaire pour confirmer leurs comportements comme ce fut le cas pour le génotype EM15010. Dans le cas de ce génotype, nous avons décidé de le classer comme étant sensible malgré le marquage qui montrerait la présence du gène *Pch1* car deux années de notation montrent sa sensibilité. Deux solutions est possibles concernant l'identification de la présence du gène *Pch1* via le marquage :

- Un faux positif dû à la présence d'une séquence proche de notre séquence recherchée dans le génome,
- Présence d'une recombinaison entre le gène *Pch1* et le marqueur *Orw1*.

Concernant les génotypes du groupe résistant (en vert), 8 génotypes ont été notés comme résistants et possèdent, comme attendu, le gène de résistance *Pch1*. Parmi ces génotypes trois sont en première et une confirmation sera nécessaire avec une deuxième année de notation. EM16268 est en deuxième année de notation, déjà noté résistant en 2018. Si ce génotype est par la suite inscrit au catalogue il obtiendra le bonus de résistance au piétin-verse. D'après le marquage moléculaire, les quatre autres génotypes de cette classe ne possèderaient pas le gène de résistance *Pch1*. Incohérence soulignée par le génotype A017005 noté comme résistant en 2018. Ceci révélerait la présence de faux négatifs, signifiant qu'il y a eu une mauvaise hybridation entre la puce à ADN et la séquence de notre marqueur *Orw1*. **Une deuxième année de notation ET un nouveau marquage permettra de lever les doutes.**

Concernant le groupe des potentiels résistant, en vert clair, le génotype DI17006, en deuxième année de notation, noté résistant en première année, ne possèderait pas le gène majeur de résistance. Ceci est une nouvelle fois incohérent avec les notations réalisées. Nous le considérons comme résistant. Les 3 autres génotypes de cette

Tableau XIII: Résultat final pour l'essai PVAD01

Génotype	PVA%	Orw1 2018	Note PVA	Groupe statBox + Gr R newman-Keuls	Note PVA 2018	Décision / Discussion
EM17044	87	S	S	A		S
Soissons	87	S	S	A		S
CF17265	83	S	S	AB		S
CF17200	76	S	S	ABC		S
AO18005	76	S	S	ABC		S
AO19010	74		S	ABCD		S
AO19001	66		S	ABCDE		S
EM15010	63	R	S	ABCDEF	S	S
CF17052	63	S	S	ABCDEF		S
GxOC1701	62		S	ABCDEF		S
AO18008	58	S	S?	BCDEFG		S
Cappelle	56	S	S?	CDEFGH		S
EM17155	54	R	R?	CDEFGHI		R?
CF17258	54	S	R?	CDEFGHI		?
DI18004	53	S	R?	CDEFGHI		?
CF15057	50	S	R?	CDEFGHI	R	R?
RE17063	49	R	R?	CDEFGHI		R
EM16259	48	R	R?	DEFGHI	R	R
AO18003	43	S	R?	EFGHIJ		R?
RE17085	39	R	R?	EFGHIJ		R
DI19029	38		R?	FGHIJ		R?
DI17006	37	S	R?	FGHIJ	R	R
DI18006	31	S	R	GHIJ		R?
DI18007	31	R	R	GHIJ		R
AO17005	29	S	R	IJ	R?	R
DI17014	29	R	R	IJ		R
AO18009	29	R	R	IJ		R
DI17013	28	S	R	IJ		R?
VPM	28	R	R	IJ		R
EM16268	27	R	R	IJ	R	R
CF17033	27	S	R	IJ		R?
Rendez vous	17	R	R	J		R

Tableau XIV : Résultat final pour l'essai PVAD02

Var	PVA%	Marqueur Orw1	Note PVA	Groupe Newman keuls R + StatBox	Note PVA 2018	Décision/D iscussion
DI19038	79		S	A		S
Soissons	72	S	S	A		S
AO19007	71		S	AB		S
AO19003	70		S	AB		S
DI19023	69		S	ABC		S
AO19005	66		S	ABCD		S
DI19018	58		S	ABCDE		S
RE16066	49		S?	BCDEF		S?
EM16029	48		S?	CDEF	?	S?
DI19012	46		S?	DEF		S?
CF16057	41		S?	EFG		S?
EM15007	40		S?	EFG		S?
RE17066	39	R	S?	EFG		?
RE16045	38		S?	EFG	R	?
CF16237	38		S?	EFG		S?
CF15032	37		S?	EFG	R?	?
CF16195	37		S?	EFG	R?	?
DI19021	36		S?	EFG		S?
DI19009	35		S?	EFG		S?
AO19004	33		S?	EFG		S?
Cappelle	33	S	S?	EFG		S
AO19009	32		R?	EFG		R?
RE16024	31		R?	EFG	?	R?
DI18015	30		R?	EFG		R?
VPM	27	R	R	FG		R
RE17040	27		R	FG		R
RE16001	26		R	FG	?	R
DI18016	25		R	FG		R
RE17036	24		R	FG		R
EM15018	21		R	FG		R
Rendez vous	16	R	R	G		R
RE16061	13	R	R	G	R	R

classe sont eux en première année de notation. Pour l'un d'entre eux (DI19029) nous n'avons pas de résultats de marquage ainsi la conclusion actuelle pour celui-ci est qu'il est potentiellement résistant. Concernant A018003, il ne possède pas le gène de résistance ainsi une deuxième année va être nécessaire pour lever le doute sur le marquage.

Au sujet des 7 génotypes du groupe assez sensibles, 6 ont été noté cette année comme étant possiblement résistants en 2019 car moins sensibles que le témoin Cappelle. Parmi ces 6 lignées, deux sont en deuxième années de notations (EM16259 et CF15057), ils ont été notés comme résistants en 2018. Le premier possède d'après le marquage le gène *Pch1* signifiant qu'il est résistant malgré sa classe. Chez les 4 autres lignées, en première année de notation, deux ne possèdent pas le gène de résistance, si ces deux génotypes sont classés ensemble.

Le dernier génotype du groupe jaune, A018008, est sensible.

En conclusion de cette essai, 9 génotypes sont résistants, dont 5 sont en deuxième année de notation. 7 sont considérés comme potentiellement résistant à confirmer avec une deuxième année de notation ET avec un nouveau marquage validé. Deux sont sensibles et 10 très sensibles.

### 5.3. Essai PVAD02

En ce qui concerne cet essai, nous disposons que de deux génotypes génotypés et seulement 7 génotypes sont en deuxième année de notation (tableau XIV).

Les 6 génotypes de la classe très sensible sont en première année de notation et notre conclusion, sans attendre le marquage, est qu'ils sont sensibles.

Pour les 6 lignées de la classe résistant, deux sont en deuxième année de notation (RE16001 et RE 16061). Pour le premier la notation réalisée l'année dernière n'était pas concluante (R ?) mais grâce aux notations de cette année nous allons le considérer comme résistant, en attendant le génotypage. Pour le deuxième, sa résistance ne fait aucun débat. En effet, il a été noté les deux années comme résistant de plus d'après le marquage il possède le gène *Pch1* voire aussi le gène de résistance partielle *Pch2* car il a été noté cette année comme étant plus résistant que le témoin Rendez-vous, témoin qui possède les deux gènes de résistance.

Concernant les quatre autres génotypes de cette classe nous n'avons aucune autre information que les notations réalisées cette année ainsi notre conclusion est qu'ils sont résistants en attendant le marquage et la deuxième année de notations.

A propos des génotypes de la classe incertaine, 13 ont un % de piétin-verse supérieur à notre témoin assez sensible « Cappelle » et 3 sont en inférieur. Nous allons nous demander si les 3 inférieur à Cappelle sont plutôt résistants ou assez sensibles et si les 13 autres sont assez sensibles ou très sensibles. Pour ce qui est des 3 génotypes, aucune conclusion n'est possible car nous ne disposons ni de marquage ni de notations faite en 2018 nous permettant de conclure à une éventuelle résistance ou sensibilité. Cette même remarque est applicable à 11 génotypes de la classe incertaine ayant un % de piétin-verse supérieur à Cappelle. Les deux génotypes restant ont pour l'un (RE16045) été noté en 2018 comme étant résistant et pour l'autre (RE17066) génotypé comme étant résistant. Cependant ces informations ne nous permettent pas de conclure une résistance ou une sensibilité car ce sont des informations opposées à nos notations, seules une troisième information (marquage validé ou deuxième notation) nous permettra de conclure.



Au bilan dans cet essai nous avons : 6 génotypes résistants (dont RE16061 qui est fortement résistant), 6 génotypes très sensibles, 3 génotypes potentiellement résistants, 9 génotypes potentiellement sensibles ou très sensibles et 4 génotypes incertains entre sensibles et résistants.

## 6. Conclusion

En conclusion, l'objectif de mon stage était d'effectuer les notations piétin-verse adulte sur deux essais, PVAD01 et PVAD02, comportant en tout 54 génotypes à tester et 10 variétés témoins pour évaluer la sensibilité au piétin-verse. A l'issue de ces notations, certaines lignées sont qualifiées de résistantes ou sensibles. L'ETR et le CV nous ont permis de dire que nos notations sont valides donc discriminantes. Concernant nos résultats, nous avons quelques génotypes aux résultats inattendus, avec un génotypage en complet décalage par rapport aux notations réalisés au champ, le génotype EM15010 en est l'exemple parfait : noté deux années de suite sensible mais gène de résistance *Pch1* déclaré présent d'après le marquage. Nous avons aussi des résultats concluants avec des génotypes qui pourront avoir un bonus à l'inscription s'ils sont amenés à être inscrits au catalogue, par exemple RE16061.

Ces résultats de la sélection sont positifs pour l'agriculture car ils permettront aux agriculteurs d'utiliser moins de fongicides et d'économiser du temps et de l'argent via l'utilisation de variétés résistantes.

## 7. Perspectives

A la suite de mon projet, certains de nos génotypes vont passer en deuxième année pour confirmer ou pas leur résistance au piétin-verse. Il serait intéressant d'avoir les résultats du génotypage de l'ensemble de nos génotypes afin de faire de plus ample conclusion en ce qui concerne la sensibilité de nos lignées. En ce qui concerne le marquage moléculaire, des améliorations indispensables sont en cours, notamment au niveau de la recherche d'un nouveau marqueur plus proche de notre gène cible *Pch1* que le marqueur *Orw1* actuellement utilisé (comm. Pers. S. Bouchet INRA Clermont-Ferrand). Si un nouveau marqueur plus performant est trouvé, il serait intéressant de refaire le génotypage sur les lignées dont il y a des incohérences entre les notations et le marquage actuel. Le génotypage du deuxième gène de résistance au piétin-verse *Pch2* nous donnera également des informations supplémentaires, notamment pour le génotype RE16060 qui semble posséder ce gène. L'une des causes possible d'un résultat incohérent du marquage est la présence de recombinaison entre le gène de résistance *Pch1* et le marqueur *Orw1* ainsi de la cytogénétique moléculaire pourrait être réalisée pour infirmer ou confirmer cette hypothèse. Côté pathologie, lors de l'inoculation des génotypes la souche de piétin-verse utilisée est *Oculimacula yallundae* or une deuxième souche existe, *Oculimacula acuformis*, ainsi une contamination avec cette autre souche en association et en comparaison avec la souche *Oculimacula yallundae* nous aiderait de savoir si les deux souches sont en compétition et de connaître laquelle est la plus virulente.

# BIBLIOGRAPHIE

- Appels R, Eversole K, Stein N, Feuillet C, Keller B, ..., Nie X, Tong W, Wang L.** 2018. Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science* **361**, eaar7191.
- Burt C, Hollins TW, Nicholson P.** 2011. Identification of a QTL conferring seedling and adult plant resistance to eyespot on chromosome 5A of Cappelle Desprez. *Theoretical and Applied Genetics* **122**, 119-128.
- Caron B.** 1992. Le piétin verse. *Perspectives agricoles* **172**, 63-65.
- Chapman NH, Burt C, Dong H, Nicholson P.** 2008. The development of PCR-based markers for the selection of eyespot resistance genes Pch1 and Pch2. *Theoretical and Applied Genetics* **117**, 425.
- Charmet G, Abécassis J, Bonny S.** 2017. *Agriculture et alimentation Durables, Trois enjeux dans la filière céréales.*
- Doussinault G, Pavoine M-T, Judeau B, Jahier J.** 2001. Evolution de la variabilité génétique chez le blé. *Dossiers de l'Environnement de l'INRA Numéro 21*, 91-103.
- Gallais A.** 2011. *Méthodes de création de variétés en amélioration des plantes: Quae.*
- Jahier J, Muranty H, Trottet M, Lonnet P, Margalé E, Stragliatti J, Senellart P, Regnard J-B, Olivier A.** 2007. Actions pour mieux exploiter et accroître la résistance du blé au piétin-verse et à la jaunisse nanisante de l'orge.
- Leroux P, Albertini C, Arnold A, Gredt M.** 2003. Caractéristiques et distribution des souches de *Tapesia acuformis* et *Tapesia yallundae* résistantes aux fongicides. *Phytoma-La défense des végétaux Numéro 557*, 8-13.
- Maigniel J-P.** 2019. Protocoles d'Expérimentation Céréales à paille Etudes des Bioagresseurs et autres facteurs de régularité de rendement. In: GEVES, ed.
- Pasquariello M, Ham J, Burt C, Jahier J, Paillard S, Uauy C, Nicholson P.** 2017. The eyespot resistance genes Pch1 and Pch2 of wheat are not homoeoloci. *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* **130**, 91-107.
- Rolland B, Le Campion A-P, Oury F-X.** 2012. *Pourquoi sélectionner de nouvelles variétés de blé tendre adaptées à l'agriculture biologique ?*
- Sears ER.** 1954. The aneuploids of common wheat. *Missouri Agri. Exp. Sta. Res. Bull.* **572**, 1-59.
- Soltner D.** 2016. *Les grandes productions végétales : phytotechnie spéciale : céréales-plantes dites "sarclées"-prairies.*
- Sprague R.** 1936. Relative susceptibility of certain species of Gramineae to *Cercospora herpotrichoides*. *J Agric Res* **53**, 659-670.
- Van Schingen J.** 1993. Eyespot life cycle. Exploring the depths of eyespot. Schering A.G.
- Wallwork H, Spooner B.** 1988. *Tapesia yallundae*-the teleomorph of *Pseudocercospora herpotrichoides*. *Transactions of the British Mycological Society* **91**, 703-705.

# SITOGRAPHIE

**Institut National de la Recherche Agronomique** Un aperçu de l'INRA. [En ligne] Disponible sur : [http://www2.agroparistech.fr/IMG/pdf/la\\_plaquette\\_institutionnelle\\_de\\_l\\_inra.pdf](http://www2.agroparistech.fr/IMG/pdf/la_plaquette_institutionnelle_de_l_inra.pdf) (consulté le 15/04/2019).

**Institut National de la Recherche Agronomique** UMR1349 IGEPP Institut de Génétique Environnement et Protection des Plantes. [En ligne] Disponible sur : <http://annuaire.inra.fr/afficherStructure.action?code=1349&type=SO> (consulté le 15/04/2019).

**Institut National de la Recherche Agronomique** Sélection des variétés de blé tendre adaptées à l'agriculture biologique. [En ligne] Disponible sur : <https://www6.rennes.inra.fr/igepp/Equipes-de-recherche/Materiel-Vegetal-Innovant/Programmes/Varietes-de-ble-tendre-pour-l-AB> (consulté le 18/04/2019).

**Institut National de la Recherche Agronomique** Réduire l'usage des pesticides par la protection intégrée. [En ligne] Disponible sur : <https://www6.rennes.inra.fr/igepp/Equipes-de-recherche/Materiel-Vegetal-Innovant/Programmes/PURE> (consulté le 18/04/2019).

**FAOSTAT**. [En ligne] Disponible sur : <http://www.fao.org/faostat/fr/#data/QC> (consulté le 19/04/2019).

**Institut Technique de l'Agriculture Biologique** (2017) COMPARAISON DE VARIETES DE CEREALES EN AGRICULTURE BIOLOGIQUE. [En ligne] Disponible sur : [http://www.itab.asso.fr/downloads/com-gc/varietes-cereales-bio\\_synthese-2017\\_v21sept17.pdf](http://www.itab.asso.fr/downloads/com-gc/varietes-cereales-bio_synthese-2017_v21sept17.pdf) (consulté le 22/04/2019).

**Groupe d'Etude et de contrôle des Variétés Et des Semences** (02/04/2019) Inscription des variétés de grandes cultures au Catalogue. [En ligne] Disponible sur : <https://www.geves.fr/expertises-varietes-semences/grandes-cultures/inscription-des-varietes/#zone5> (consulté le 24/04/2019).

**DESWARTE J.C. (ARVALIS - Institut du végétal)** (7 Juin 2018) Comment s'élabore le rendement des céréales à paille ? [En ligne] Disponible sur : <https://www.arvalis-infos.fr/comment-s-elabore-le-rendement--@/view-16191-arvarticle.html> (consulté le 22/04/2019).

**ARVALIS - Institut du végétal** (3 septembre 2013) Maladies des céréales à paille / Piétin-verse : quels sont les moyens de lutte les plus efficaces ? [En ligne] Disponible sur : <https://www.arvalis-infos.fr/maladies-des-cereales-a-paille-pietin-verse-quels-sont-les-moyens-de-lutte-les-plus-efficaces--@/view-20823-arvarticle.html> (consulté le 19/04/2019).

**Jean-Yves MAUFRAS (ARVALIS - Institut du végétal)** (16 août 2018) Gestion du risque : activer tous les leviers agronomiques. [En ligne] Disponible sur : <https://www.arvalis-infos.fr/etat-des-lieux-et-marges-de-man-uvre-pour-regagner-en-rentabilite-@/view-3819-arvarticle.html> (consulté le 25/04/2019).



**Jean-Yves MAUFRAS (ARVALIS - Institut du végétal)** (Janvier 2013) Fiche accident Agronome. Perspectives Agricoles N°396. [En ligne] Disponible sur : [http://grandes-cultures.ecophytopic.fr/sites/default/files/actualites/doc/2013-01-PA%20396\\_47\\_MALADIE\\_fiche-pietin.pdf](http://grandes-cultures.ecophytopic.fr/sites/default/files/actualites/doc/2013-01-PA%20396_47_MALADIE_fiche-pietin.pdf) (consulté le 25/04/2019).

**ARVALIS - Institut du végétal** Piétin verse. [En ligne] Disponible sur : [http://www.fiches.arvalis-infos.fr/fiche\\_accident/fiches\\_accidents.php?mode=fa&type\\_cul=1&typeacc=4&id\\_acc=42](http://www.fiches.arvalis-infos.fr/fiche_accident/fiches_accidents.php?mode=fa&type_cul=1&typeacc=4&id_acc=42) (consulté le 25/04/2019).

**Eric MASSON (ARVALIS - Institut du végétal) Elodie QUEMENER (ARVALIS - Institut du végétal) Michel MOQUET (ARVALIS - Institut du végétal)** (28 mars 2019) Blé tendre : des conditions peu favorables au piétin verse. [En ligne] Disponible sur : <https://www.arvalis-infos.fr/ble-tendre-des-conditions-peu-favorables-au-pietin-verse-@/view-29720-arvarticle.html> (consulté le 26/04/2019 et le 24/06/2019).

**ARVALIS - Institut du végétal** BLE TENDRE et BLE DUR : Lutte contre les maladies Interventions de printemps 2017-2018 SYNTHÈSE NATIONALE [En ligne] Disponible sur : [https://www.arvalis-infos.fr/file/galleryelement/pj/1c/66/dd/9d/2\\_bt\\_bd\\_maladies8178397058244542958.pdf](https://www.arvalis-infos.fr/file/galleryelement/pj/1c/66/dd/9d/2_bt_bd_maladies8178397058244542958.pdf) (consulté le 30/04/2019).

**ARVALIS - Institut du végétal** Attention au risque piétin-verse [En ligne] Disponible sur : <https://www.cultivar.fr/sinformer/attention-au-risque-pietin-verse> (consulté le 24/06/2019).

# ANNEXES

## Liste des annexes :

- Annexe I : Grille d'évaluation du piétin-verse
- Annexe II : Liste des variétés témoins et des lignées pour l'essai PVADA1
- Annexe III : Liste des variétés témoins et des lignées pour l'essai PVADA2
- Annexe IV : Résultat des notations des témoins d'arrachage pour l'essai PVAD01
- Annexe V : Résultat des notations des génotypes de l'essai PVAD01
- Annexe VI : Résultat des notations des témoins d'arrachage pour l'essai PVAD02
- Annexe VII : Résultat des notations des génotypes de l'essai PVAD02

## Annexe I : Grille d'évaluation du piétin-verse

<b>Effet variétal</b>		<input type="text"/>	<b>Risque final / conseil associé</b>
Tolérance variétale			<b>0</b>
Note CTPS $\geq 5$		<b>Risque faible : aucune intervention</b>	<b>1</b> <b>risque FAIBLE</b>
Note CTPS 1 ou 2		4	Aucune intervention n'est requise
Note CTPS 3 ou 4		3	
		+	
<b>Potentiel infectieux</b>		<input type="text"/>	<b>2</b>
Précédent			<b>3</b>
Blé		1	<b>4</b>
Autre		0	<b>5</b>
Travail du sol			
Labour		1	
Non labour		0	
		+	
<b>Milieu physique</b>		<input type="text"/>	
Type de sol :			<b>6</b>
Limon battant, Limon battant hydromorphe		2	<b>7</b>
Limon non battant.		1	<b>8</b>
Sables sains, Marais, Sables limoneux/granite.		0	
		+	
<b>Effet climatique</b>		<input type="text"/>	
Effet année issu du modèle TOP			
Indice TOP inférieur à	30	-1	<b>9</b>
Indice TOP entre	30 et 45	1	<b>10</b>
Indice TOP supérieur à	45	2	
		=	
<b>Score de risque final</b>		<input type="text"/>	

**risque MOYEN :**  
Observation conseillée et traitement si plus de 35% de tiges touchées ou si présence de la maladie sur la parcelle les années passées

**risque FORT :**  
Traitement conseillé

ARVALIS-Institut du végétal 2017

Annexe II : Liste des variétés témoins et des lignées pour l'essai PVADA1

Numéro	variété	ordre	REP1	REP2	REP3
1	<b>Cappelle</b>	1	1	20	13
2	<b>Rendez-vous</b>	2	2	27	2
3	<b>Soissons</b>	3	3	5	25
4	<b>VPM</b>	4	4	15	10
5	<b>AO17005</b>	5	5	10	20
6	<b>AO18003</b>	6	6	14	15
7	<b>AO18005</b>	7	7	9	26
8	<b>AO18008</b>	8	8	18	14
9	<b>AO18009</b>	9	9	25	4
10	<b>AO19001</b>	10	10	22	7
11	<b>AO19010</b>	11	11	32	28
12	<b>CF15057</b>	12	12	31	17
13	<b>CF17033</b>	13	13	6	27
14	<b>CF17052</b>	14	14	19	1
15	<b>CF17200</b>	15	15	4	11
16	<b>CF17258</b>	16	16	11	5
17	<b>CF17265</b>	17	17	17	32
18	<b>DI17006</b>	18	18	7	16
19	<b>DI17013</b>	19	19	16	23
20	<b>DI17014</b>	20	20	12	18
21	<b>DI18004</b>	21	21	23	29
22	<b>DI18006</b>	22	22	21	9
23	<b>DI18007</b>	23	23	26	30
24	<b>DI19029</b>	24	24	3	3
25	<b>EM15010</b>	25	25	29	6
26	<b>EM16259</b>	26	26	30	8
27	<b>EM16268</b>	27	27	1	31
28	<b>EM17044</b>	28	28	8	19
29	<b>EM17155</b>	29	29	13	24
30	<b>GxOC1701</b>	30	30	24	21
31	<b>RE17063</b>	31	31	2	22
32	<b>RE17085</b>	32	32	28	12

Annexe III : Liste des variétés témoins et des lignées pour l'essai PVADA2

Numéro	variété	ordre	REP1	REP2	REP3
1	<b>Cappelle</b>	1	1	29	31
2	<b>Rendez-vous</b>	2	2	17	24
3	<b>Soissons</b>	3	3	4	14
4	<b>VPM</b>	4	4	28	26
5	<b>CF15032</b>	5	5	27	12
6	<b>CF16195</b>	6	6	25	11
7	<b>EM16029</b>	7	7	19	17
8	<b>RE16001</b>	8	8	11	6
9	<b>RE16024</b>	9	9	6	23
10	<b>RE16045</b>	10	10	13	13
11	<b>RE16061</b>	11	11	3	22
12	<b>RE16066</b>	12	12	22	10
13	<b>CF16057</b>	13	13	5	20
14	<b>CF16237</b>	14	14	15	30
15	<b>EM 15007</b>	15	15	30	29
16	<b>EM 15018</b>	16	16	12	19
17	<b>RE17036</b>	17	17	7	21
18	<b>RE17040</b>	18	18	20	1
19	<b>RE17066</b>	19	19	18	32
20	<b>DI18015</b>	20	20	8	16
21	<b>DI18016</b>	21	21	2	25
22	<b>AO19003</b>	22	22	23	28
23	<b>AO19004</b>	23	23	9	4
24	<b>AO19005</b>	24	24	1	18
25	<b>AO19007</b>	25	25	14	9
26	<b>AO19009</b>	26	26	24	5
27	<b>DI19009</b>	27	27	32	15
28	<b>DI19012</b>	28	28	10	27
29	<b>DI19018</b>	29	29	16	3
30	<b>DI19021</b>	30	30	26	2
31	<b>DI19023</b>	31	31	21	8
32	<b>DI19038</b>	32	32	31	7

Annexe IV : Résultat des notations des témoins d'arrachage pour l'essai PVAD01

Var	Rep	0	1-25	26-50	51-75	76-99	100	total Nb plantes notées	pva%	pva% moyen
<b>VPM</b>	<b>1</b>	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>14</b>	<b>7</b>	<b>6</b>	<b>4</b>	50	<b>40</b>	<b>32</b>
<b>VPM</b>	<b>2</b>	<b>10</b>	<b>17</b>	<b>9</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>1</b>	50	<b>33</b>	
<b>VPM</b>	<b>3</b>	<b>5</b>	<b>24</b>	<b>16</b>	<b>5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	50	<b>24</b>	
<b>SOISSONS</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>6</b>	<b>6</b>	<b>16</b>	<b>20</b>	50	<b>81</b>	<b>79</b>
<b>SOISSONS</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>5</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>23</b>	<b>16</b>	50	<b>80</b>	
<b>SOISSONS</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>6</b>	<b>6</b>	<b>27</b>	50	<b>76</b>	

## Annexe V : Résultat des notations des géotypes de l'essai PVAD01

Var	Rep	0	1-25	26-50	51-75	76-99	100	total Nb plantes notées	pva%	Var	Rep	0	1-25	26-50	51-75	76-99	100	total Nb plantes notées	pva%
VPM	1	9	10	14	7	6	4	50	40	16	2	4	15	2	2	21	6	50	57
SOISSONS	1	0	2	6	6	16	20	50	81	17	2	2	1	1	2	24	20	50	86
1	1	4	12	12	11	9	2	50	46	18	2	17	13	2	2	10	6	50	37
2	1	19	21	4	3	3	0	50	17	19	2	24	11	3	3	9	0	50	25
3	1	0	1	3	6	21	19	50	85	20	2	15	20	6	3	4	2	50	24
4	1	6	14	15	6	7	2	50	39	21	2	8	16	5	3	14	4	50	44
5	1	8	24	10	5	2	1	50	25	22	2	17	16	3	3	10	1	50	30
6	1	5	10	15	8	12	0	50	45	23	2	14	23	5	3	1	4	50	23
7	1	6	4	11	10	12	7	50	57	24	2	12	19	5	4	10	0	50	31
8	1	10	8	6	11	11	4	50	48	25	2	6	8	3	6	27	1	51	60
9	1	20	11	10	5	4	0	50	24	26	2	13	10	1	8	13	5	50	46
10	1	0	5	10	7	14	14	50	70	27	2	11	24	5	1	6	3	50	28
11	1	3	4	6	12	15	10	50	67	28	2	1	2	0	0	18	29	50	90
12	1	3	9	15	4	17	2	50	52	29	2	5	10	4	5	20	6	50	59
13	1	14	16	10	6	3	1	50	26	30	2	7	10	1	3	15	14	50	61
14	1	3	5	12	9	16	5	50	60	31	2	6	12	2	1	15	14	50	60
15	1	1	2	8	9	18	12	50	73	32	2	14	16	5	1	14	0	50	34
16	1	0	7	15	12	10	6	50	58	VPM	3	5	24	16	5	0	0	50	24
17	1	0	2	5	9	18	16	50	79	SOISSONS	3	4	3	4	6	6	27	50	76
18	1	9	11	12	8	8	2	50	40	1	3	1	6	14	10	8	11	50	61
19	1	6	15	12	5	9	3	50	41	2	3	15	19	7	7	2	0	50	22
20	1	6	25	7	10	2	0	50	28	3	3	0	3	4	5	8	30	50	84
21	1	2	5	6	7	11	19	50	72	4	3	8	22	12	3	4	1	50	27
22	1	2	14	14	10	7	3	50	45	5	3	10	20	14	0	6	0	50	26
23	1	7	16	17	3	6	1	50	33	6	3	8	14	9	4	6	9	50	44
24	1	2	7	15	9	12	5	50	55	7	3	0	2	3	5	16	24	50	85
25	1	0	8	14	8	10	11	51	61	8	3	9	7	8	4	12	10	50	54
26	1	1	7	14	11	15	2	50	56	9	3	24	20	4	2	0	0	50	11
27	1	6	17	13	7	5	2	50	36	10	3	3	8	4	5	17	13	50	67
28	1	0	1	5	8	14	22	50	83	11	3	2	3	5	8	16	16	50	75
29	1	1	12	13	7	13	4	50	52	12	3	6	27	8	0	8	1	50	29
30	1	1	9	9	5	16	10	50	63	13	3	7	17	15	3	6	2	50	34
31	1	7	9	6	15	7	3	50	55	14	3	0	3	16	13	12	6	50	62
32	1	4	11	13	12	7	3	50	46	15	3	0	1	9	9	18	13	50	76
VPM	2	10	17	9	6	7	1	50	33	16	3	5	11	13	9	6	6	50	46
SOISSONS	2	0	5	2	4	23	16	50	80	17	3	0	3	3	7	8	29	50	84
1	2	5	11	2	1	22	9	50	62	18	3	13	15	10	0	9	3	50	33
2	2	26	17	3	1	3	0	50	13	19	3	15	21	10	2	2	0	50	19
3	2	0	1	1	2	20	26	50	91	20	3	5	18	13	7	6	1	50	36
4	2	29	12	1	2	5	1	50	17	21	3	10	13	6	6	9	6	50	43
5	2	14	11	8	5	9	3	50	37	22	3	8	32	7	1	2	0	50	18
6	2	9	19	3	2	14	3	50	40	23	3	10	17	8	3	8	4	50	36
7	2	0	2	4	1	23	20	50	85	24	3	17	10	14	4	3	2	50	27
8	2	4	6	1	2	29	8	50	72	25	3	3	5	9	3	16	14	50	68
9	2	12	9	2	6	10	11	50	51	26	3	2	18	14	6	7	3	50	41
10	2	10	7	1	3	14	15	50	61	27	3	21	19	4	1	4	1	50	18
11	2	1	5	2	3	23	16	50	79	28	3	0	1	4	3	13	29	50	88
12	2	2	7	4	5	21	11	50	70	29	3	9	7	8	6	15	5	50	52
13	2	26	13	1	1	8	1	50	21	30	3	9	3	5	7	14	12	50	62
14	2	6	7	2	3	19	13	50	66	31	3	16	12	9	1	9	3	50	33
15	2	1	3	3	4	24	15	50	80	32	3	6	14	15	8	5	2	50	38

## Annexe VI : Résultat des notations des témoins d'arrachage pour l'essai PVAD02

Var	Rep	0	1-25	26-50	51-75	76-99	100	total Nb plantes notées	pva%	pva% moyen
VPM	1	9	28	11	1	1	0	50	18	25
VPM	2	6	22	15	2	2	3	50	29	
VPM	3	12	17	11	5	3	2	50	28	
SOISSONS	1	0	2	3	2	12	31	50	88	81
SOISSONS	2	0	8	1	5	15	21	50	77	
SOISSONS	3	1	4	3	9	16	17	50	77	

## Annexe VII : Résultat des notations des génotypes de l'essai PVAD02

Var	Rep	0	1-25	26-50	51-75	76-99	100	total Nb plantes notées	pva%	Var	Rep	0	1-25	26-50	51-75	76-99	100	total Nb plantes notées	pva%
VPM	1	9	28	11	1	1	0	50	18	16	2	25	16	2	1	6	0	50	17
SOISSONS	1	0	2	3	2	12	31	50	88	17	2	17	15	3	3	12	0	50	31
1	1	12	11	12	6	4	5	50	36	18	2	11	22	4	3	7	3	50	31
2	1	25	14	8	1	2	0	50	14	19	2	10	16	9	3	10	2	50	36
3	1	4	0	5	2	13	26	50	81	20	2	13	23	7	4	4	2	53	25
4	1	9	25	9	5	2	0	50	23	21	2	18	10	4	5	13	0	50	35
5	1	7	14	15	1	9	4	50	40	22	2	6	4	3	3	19	15	50	70
6	1	4	19	7	6	8	6	50	44	23	2	12	19	6	3	9	1	50	31
7	1	2	11	10	10	14	3	50	53	24	2	6	4	3	12	15	10	50	65
8	1	11	26	10	3	0	0	50	18	25	2	0	9	4	6	11	20	50	72
9	1	7	18	14	4	5	2	50	33	26	2	19	14	3	1	11	2	50	30
10	1	6	21	7	6	9	1	50	36	27	2	15	15	9	6	3	2	50	27
11	1	19	24	6	0	0	1	50	13	28	2	17	9	3	6	13	2	50	39
12	1	6	12	4	9	10	9	50	53	29	2	6	8	2	2	17	15	50	66
13	1	3	17	16	8	2	4	50	38	30	2	4	31	4	4	7	0	50	28
14	1	7	18	8	10	4	3	50	36	31	2	3	3	4	7	23	10	50	73
15	1	9	12	12	4	8	5	50	41	32	2	0	4	3	8	19	16	50	79
16	1	21	18	6	2	3	0	50	17	VPM	3	12	17	11	5	3	2	50	28
17	1	21	18	4	5	1	1	50	18	SOISSONS	3	1	4	3	9	16	17	50	77
18	1	12	17	7	3	7	4	50	34	1	3	11	13	12	6	8	0	50	34
19	1	10	8	4	7	4	17	50	55	2	3	18	20	11	1	0	0	50	15
20	1	4	20	11	7	7	1	50	36	3	3	12	6	6	4	13	9	50	52
21	1	20	14	5	7	3	1	50	23	4	3	11	13	16	5	4	1	50	31
22	1	1	3	4	2	19	21	50	82	5	3	10	18	8	4	4	6	50	35
23	1	11	22	8	5	3	1	50	25	6	3	12	13	8	6	9	2	50	37
24	1	6	4	7	1	15	17	50	68	7	3	8	17	7	3	12	3	50	40
25	1	3	1	3	2	16	25	50	83	8	3	8	19	16	4	3	0	50	27
26	1	7	13	15	2	8	5	50	41	9	3	10	18	8	4	9	1	50	33
27	1	8	11	12	5	9	5	50	44	10	3	7	23	10	7	2	1	50	28
28	1	1	8	10	4	14	13	50	65	11	3	21	17	6	3	2	1	50	18
29	1	0	7	6	1	10	26	50	77	12	3	10	10	5	10	11	4	50	46
30	1	4	15	11	7	8	5	50	45	13	3	1	15	14	9	8	3	50	46
31	1	0	0	4	2	13	31	50	90	14	3	15	10	10	8	5	2	50	33
32	1	0	2	5	4	6	33	50	86	15	3	3	20	16	3	6	2	50	35
VPM	2	6	22	15	2	2	3	50	29	16	3	8	20	13	4	5	0	50	29
SOISSONS	2	0	8	1	5	15	21	50	77	17	3	19	15	7	3	5	1	50	24
1	2	19	10	7	8	4	2	50	29	18	3	17	23	7	1	2	0	50	16
2	2	20	18	5	5	2	0	50	18	19	3	18	18	5	2	6	2	51	25
3	2	3	2	0	5	13	27	50	84	20	3	10	18	9	8	5	0	50	30
4	2	21	10	6	5	4	4	50	28	21	3	19	18	10	2	0	1	50	17
5	2	12	18	3	2	13	2	50	36	22	3	9	5	6	4	14	12	50	59
6	2	17	12	7	9	4	1	50	29	23	3	4	15	8	13	8	2	50	44
7	2	12	9	1	6	19	3	50	50	24	3	9	4	1	8	15	13	50	64
8	2	6	27	3	2	8	4	50	34	25	3	6	4	10	8	13	9	50	59
9	2	10	21	7	8	3	1	50	28	26	3	22	8	11	5	3	1	50	24
10	2	8	14	4	2	11	11	50	50	27	3	12	18	5	6	5	4	50	33
11	2	27	19	1	3	0	0	50	9	28	3	5	21	11	5	6	2	50	34
12	2	8	14	3	4	14	7	50	49	29	3	12	19	6	2	7	4	50	32
13	2	6	19	11	7	12	1	56	40	30	3	14	13	7	5	9	2	50	35
14	2	6	19	3	3	16	3	50	45	31	3	4	14	14	4	8	4	48	43
15	2	7	16	8	4	10	5	50	43	32	3	2	5	4	11	14	14	50	71

## **Sélection de génotypes de blé tendre résistant au piétin-verse pour des systèmes de cultures économes en pesticides**

### **RÉSUMÉ**

L'IGEPP (Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes) par le biais de son équipe MVI (Matériel Végétal Innovant) a pour objectif de faire de la création variétale de blé tendre pour une agriculture en faible intrants ou en biologique. Pour répondre à cette objectif, les variétés créées doivent être résistante à de multiples maladie du blé tendre dont le piétin-verse, la fusariose, la septoriose par exemple. Ce stage intervient dans le cas de la maladie du piétin-verse. Des essais (PVAD01 et PVAD02) ont été mis en place afin d'évaluer la résistance de lignées de blé tendre à cette maladie cryptogamique. Pour évaluer la résistance de ces lignées en neuvième et dixième année de sélection, elles ont été semées en champ puis inoculées par la souche *T. yellundae*, responsable de la maladie du piétin-verse. Une fois les lignées assez contaminées (entre le stade fin de l'épiaison (Z58) et floraison (Z60)), contamination évaluée par des témoins, une notation de la surface de la tige nécrosée est réalisée. Les résultats sont ensuite analysés statistiquement par le test de Newman-Keuls et une analyse de variance. Ils sont également comparés avec les résultats du marquage moléculaire du gène de résistance *Pch1* par le marqueur STR *Orw1*. L'observation faite sur les résultats montrent que nous avons quelques génotypes résistants au piétin-verse. Par la suite, si ces génotypes sont inscrits au catalogue officiel français des variétés, ils bénéficieront d'un bonus à l'inscription. Ce bonus à l'inscription induira pour l'agriculteur une baisse de l'utilisation de fongicides.

**Mots-clés :** Blé tendre, piétin-verse, maladie, création variétale, agriculture biologique, faible intrant

## **Selection of bread wheat genotypes resistant to eyespot for efficient crops systems pesticides.**

### **ABSTRACT**

IGEPP (Institute of Genetics, Environment and Plant Protection) through its MVI team (Innovative Plant Material) aims to create varieties of soft wheat for low farm inputs or organic farming. To satisfy this objective, the created varieties must be resistant to multiple common wheat diseases such as eyespot, fusarium, septoria, for example. This internship comes at in the case of eyespot disease. Tests (PVAD01 and PVAD02) have been set up to evaluate the resistance of soft wheat lines to this cryptogamic disease. To assess the lines resistance in the ninth and tenth year of selection, they were sown in the field and inoculated with the *T. yellundae* strain, which is responsible for eyespot disease. Once the lines have been fairly contaminated (between the late ear emergence stage (Z58) and flowering stage (Z60)), contamination assessed by controls, a notation of the surface of the necrotic stem is made. The results are then statistically analyzed by the Newman-Keuls test and an analysis of variance. They are also compared with the results of the molecular labelling of the *Pch1* resistance gene by the *Orw1* STR marker. Observation of results shows that we have some genotypes resistant to eyespot. Thereafter, if these genotypes are registered in the official French catalogue of varieties, they will benefit from a bonus upon registration. This registration bonus will lead to a decrease in fungicide use for the farmer.

**Keywords :** Soft wheat, eyespot, disease, plant breeding , organic farming, low farm inputs