

UFR Sciences  
2, Bd Lavoisier  
49045 ANGERS Cedex 01

AGROCAMPUS OUEST  
65 rue de St Brieuc, CS 84 215, BP  
35042 - RENNES Cedex  
Université de Rennes I  
1, 2 rue du Thabor, CS 46510 - 35065  
RENNES Cedex

SECOBRA Recherches  
Centre de Bois-Henry  
78580 MAULE

Mémoire de Fin d'Études

**CONFIDENTIEL 3 années**

**Master 2 Sciences Technologie Santé  
Mention Biologie et Technologie du Végétal**

**Spécialité : Production et Technologie du Végétal (ProTeV)**

Parcours : I Productions Végétales Spécialisées / Option : Semences et Plants

Année universitaire 2013-2014

## **Analyse de la variabilité génétique du blé pour la résistance à la fusariose de l'épi**

Par : Caroline ROQUES



Soutenu à Angers le : 15 septembre 2014

Maître de stage :

Pascal GIRAudeau  
*Responsable Recherche*  
*Sélectionneur Blé*  
pascal.giraudeau@secobra.com

Enseignant référent : Jérémie CLOTAULT

Autres membres du jury : Pierre-Yves COMMUNAL  
Béatrice TEULAT-MERAH



UFR Sciences  
2, Bd Lavoisier  
49045 ANGERS Cedex 01

AGROCAMPUS OUEST  
65 rue de St Brieuc, CS 84 215, BP  
35042 - RENNES Cedex  
Université de Rennes I  
1, 2 rue du Thabor, CS 46510 - 35065  
RENNES Cedex

SECOBRA Recherches  
Centre de Bois-Henry  
78580 MAULE

Mémoire de Fin d'Études

**CONFIDENTIEL 3 années**

**Master 2 Sciences Technologie Santé  
Mention Biologie et Technologie du Végétal**

**Spécialité : Production et Technologie du Végétal (ProTeV)**

Parcours : I Productions Végétales Spécialisées / Option : Semences et Plants

Année universitaire 2013-2014

## **Analyse de la variabilité génétique du blé pour la résistance à la fusariose de l'épi**

Par : Caroline ROQUES



Soutenu à Angers le : 15 septembre 2014

Maître de stage :

Pascal GIRAudeau  
*Responsable Recherche*  
*Sélectionneur Blé*  
pascal.giraudeau@secobra.com

Enseignant référent : Jérémie CLOTAULT

Autres membres du jury : Pierre-Yves COMMUNAL  
Béatrice TEULAT-MERAH



## AUTORISATION DE DIFFUSION EN LIGNE

*Authorization for online diffusion*

### I ÉTUDIANT(E) STUDENT

N° étudiant : 20123780  
*Student number*

Email : roquescaroline@hotmail.com  
*email address*

Je soussigné(e) ROQUES Caroline  
*I, the undersigned*

certifie être l'auteur du document  
*certify that I am the author of the document*

intitulé Analyse de la variabilité génétique du blé pour la résistance à la fusariose de l'épi  
*entitled*

préparé sous la direction de Pascal GIRAudeau  
*prepared under the supervision of*

et soutenu le 15 09 2014  
*and defended the*

Je certifie la conformité de la version électronique déposée avec l'exemplaire imprimé remis au jury, certifie que les documents non libres de droits figurant dans mon mémoire seront signalés par mes soins et pourront être retirés de la version qui sera diffusée en ligne par le Service Commun de la Documentation de l'Université d'Angers. Agissant en l'absence de toute contrainte, et sachant que je dispose à tout moment d'un droit de retrait de mes travaux, j'autorise, sans limitation de temps, l'Université d'Angers à les diffuser sur internet dans les conditions suivantes :

*I certify that the digital copy of my thesis deposited with the University is the same as the print version submitted for examination. I certify that I will point out third party copyright material in my thesis and that it may be removed from the online copy diffused by the University of Angers. Acting in the absence of any constraint, and knowing that I have a permanent right of withdrawal, I allow the University of Angers to give online access to my work for an unlimited period, subject to the following conditions :*

- diffusion immédiate du document en texte intégral  
*immediate diffusion of the full document*
- diffusion différée du document en texte intégral ; date de mise en ligne :
- n'autorise pas sa diffusion dans le cadre du protocole de l'Université d'Angers  
*do not allow the diffusion under the University of Angers' protocol*

À Angers, le 15 09 2014

Signature :



## ■ MAÎTRE DE STAGE INTEMSHIP SUPERVISOR

autorise la diffusion dans le cadre du protocole de l'Université d'Angers allow the diffusion under the University of Angers' protocol

Nom et signature du maître de stage :

Name and signature of the supervisor :

Pascal GIRAUDEAU

## ■ JURY DE SOUTENANCE COMMITTEE

autorise la diffusion immédiate du document en texte intégral  
allow the immediate diffusion of the full document

*OU (OR)*

autorise la diffusion différée du document en texte intégral ; à compter du :     
allow the delayed diffusion of the full document ; from the :

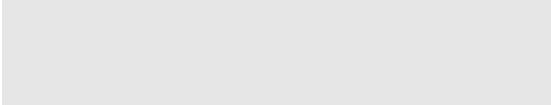
en libre-accès *OU (OR)*  en accès restreint  
in open access in restricted access

sous réserve de corrections  
subject to corrections

*OU (OR)*

n'autorise pas sa diffusion dans le cadre du protocole de l'Université d'Angers  
do not allow the diffusion under the University of Angers' protocol

À Angers, le   

Signature : 



**ENGAGEMENT DE NON PLAGIAT  
M2 PROTeV  
2013-2014**

Je, soussigné (e) ROQUES CAROLINE

Déclare être pleinement conscient(e) que le plagiat de documents ou d'une partie d'un document publiés 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 ce rapport, rédigé au cours de mon master 2 Production et Technologie du Végétal (ProTeV).

Je m'engage également à respecter les consignes données pour la rédaction de ce rapport.

À : Maule

Le : 27 août 2014

Signature :





## **Remerciements**

Tout d'abord, je tiens à remercier Mr Pascal GIRAUDEAU pour m'avoir accordé toute sa confiance ; pour le temps qu'il m'a consacré durant le stage, pour les échanges constructifs sur la sélection du blé, sans oublier sa participation au cheminement de ce rapport.

Je souhaite également remercier les personnes de l'équipe « blé », pour leur bonne humeur, leur enthousiasme et leur expérience enrichissante.

Je remercie, Monsieur Jacques Bordes, Chercheur à l'INRA de Clermont Ferrand au sein de l'UMR 1095 Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales, pour son expertise en génétique d'association, ses conseils et astuces, ainsi que son aide sur les problèmes que j'ai pu rencontrer.

L'équipe pédagogique de l'Université d'Angers et d'Agrocampus-Ouest, pour avoir assuré la partie théorique de la formation.

Mr Jérémy Clotault, tuteur enseignant de ce stage, pour avoir suivi les étapes de cette étude avec bienveillance.

Bien entendu, je remercie mes proches, qui m'ont soutenu et encouragé dans l'accomplissement de mon projet d'étude.

Évidemment, je remercie mon partenaire sans qui toute cette aventure n'aurait pas eu la même saveur.



# Table des matières

---

|   |           |
|---|-----------|
| <b>I. Introduction.....</b>   | <b>1</b>  |
| 1. Les perspectives agricoles .....                                       | 1         |
| 2. Contexte de l'étude.....   | 1         |
| 3. Étude bibliographique .....  | 2         |
| 3.1 La fusariose de l'épi de blé .....                                    | 3         |
| 3.2 Les mycotoxines produites par <i>F.graminearum</i> .....              | 4         |
| 3.3 Les études de cartographie QTL sur la résistance à la fusariose ..... | 5         |
| 3.4 Les études de génétique d'association pour le caractère FHB .....     | 7         |
| 4. Problématique de l'étude.....  | 8         |
| <b>II. Matériels et méthodes.....</b>                                     | <b>10</b> |
| 1. Production d'inoculum de la souche <i>F. graminearum</i> .....         | 10        |
| 1.1 Description de la souche Fusarium T10008.....                         | 10        |
| 1.2 Protocole de multiplication .....                                     | 10        |
| 2. Essai expérimental.....  | 12        |
| 2.1 Matériel végétal (220 variétés) .....                                 | 12        |
| 2.2 Dispositif Expérimental .....   | 12        |
| 2.3 Itinéraire technique .....  | 12        |
| 3. Inoculation Parcellaire.....   | 13        |
| 4. Notations .....  | 13        |
| 4.1 Épiaison/Floraison .....  | 13        |
| 4.2 Symptômes et méthodologie de notation de la maladie FHB.....          | 14        |
| 5. Analyses statistiques des données phénotypiques.....                   | 14        |
| 6. Démarche de la génétique d'association (GWAS).....                     | 15        |
| 6.1 Principe général et Concepts de base .....                            | 15        |
| 6.2 Données de Génotypages .....  | 15        |
| 6.3 Déséquilibre de liaison.....  | 15        |
| 6.4 Structuration de la population d'étude .....                          | 16        |
| 6.5 Modèles statistiques d'association .....                              | 17        |
| <b>III. Résultats.....</b>  | <b>18</b> |
| 1. Analyse des données de phénotypages : .....                            | 18        |
| 1.1 Vérification de l'effet terrain : .....                               | 18        |
| 1.2 Validité des témoins :.....   | 19        |
| 1.3 Cotation et classification variétale .....                            | 19        |
| 2. Structuration de la population.....                                    | 20        |



|  |           |
|--|-----------|
| 3. Déséquilibre de liaison des chromosomes 3B et 4B .....              | 21        |
| 4. Résultats d'association génétique sur le chromosome 3B .....        | 22        |
| 5. Résultat d'association génétique sur le chromosome 4B .....         | 23        |
| 6. Effet allélique des marqueurs associés .....                        | 23        |
| <b>IV. Discussion.....</b>   | <b>24</b> |
| 1. Variabilité du caractère étudié.....                                | 24        |
| 2. Stratification de la population d'étude .....                       | 24        |
| 3. Résolution du déséquilibre de liaison.....                          | 26        |
| 4. Associations génétiques établies sur les chromosomes 3B et 4B ..... | 26        |
| <b>Conclusion.....</b>   | <b>28</b> |
| <b>Références Bibliographiques .....</b>                               | <b>30</b> |

## **Annexes**



# Glossaire

Allèles : Multiples versions d'un gène ou d'un marqueur qui diffèrent par sa séquence ADN

Bloc haplotypique : Ensemble spécifique d'allèles de marqueurs ou gènes voisins qui tendent à se transmettre ensemble dans la descendance

cM : le centiMorgan est l'unité de mesure de la distance génétique

Gène candidat : gène supposé influencer l'expression complexe d'un caractère phénotypique selon les propriétés physiologiques ou biologiques connues de celui-ci

Haplotype : Combinaison de plusieurs bases sur le même chromosome

Hexaploïde : cellule ou organisme comportant 6 jeux de chromosomes homologues

IBS : Segment d'ADN dont la séquence nucléotidique est identique chez plusieurs individus issus d'un parent ancestral commun.

ISBP : Marqueurs basés sur le polymorphisme de site d'insertion des éléments transposables. Ils sont génome-spécifiques, distribués de façon homogène le long des chromosomes avec une très forte densité. Ces marqueurs présentent un fort taux de polymorphisme entre espèces, mais aussi au sein d'une même espèce

Lignées recombinantes : Organisme possédant de nombreux événements de recombinaisons entre les chromosomes hérités de deux ou plusieurs organismes parentaux.

Locus/Loci : Position spécifique d'un gène, allèle, ou marqueur sur un chromosome

Macroconidies : Fait référence à la forme conidienne la plus grosse

Marqueur : Objet moléculaire ou phénotypique permettant de distinguer des différences génétiques entre individus

Prebreeding : Désigne toutes les activités permettant l'identification de caractères d'intérêt ou de gènes à partir de matériel végétal qui ne peut être utilisé directement dans les programmes de sélection

QTL : Région chromosomique de taille variable impliquée dans l'expression complexe d'un caractère phénotypique.

Recombinaison génétique : Processus par lequel deux molécules d'ADN échangent leur information génétique

ROS : Molécules chimiques contenant de l'oxygène aux effets oxydatifs très puissants. Cette famille de molécule participe aux voies de signalisation cellulaire.



SNP : Forme la plus commune d'une variation génétique dans le génome, qui diffère par une seule base nucléotidique.

Sporodochies : Structures gélatineuses au sein desquelles sont produites les macroconidies de taille et de forme homogène



# Liste des abréviations

**AJ** : Acide Jasmonique

**AS** : Acide Salicylique

**cM** : CentiMorgan

**CTPS**: Comité Technique Permanent de Sélection

**DON** : Déoxynivalénol

**ET** : Ethylène

**FHB**: Fusarium Head Blight

**GLM** : General Linear Model

**GWAS**: Genome Wide Association Study

**HR** : Humidité relative

**IBS** : Identity by state

**INRA** : Institut National de la Recherche Agronomique

**ISBP** : Insertion Site Based Polymorphism

**LD**: Linkage disequilibrium/Déséquilibre de liaison

**MLM** : Mixed Linear Model

**NIV** : Nivalénol

**PAC** : Politique Agricole Commune

**PDA**: Potatoe Dextrose Agar

**QTLs** : Quantitative Trait Loci

**ROS** : Reactive Oxygen Species

**SSR** : Simple Sequence Repeats

**SNP** : Single Nucleotide Polymorphism



# **Liste des Annexes**

|   |     |
|---|-----|
| ANNEXE I : Panel variétal du projet « Breedwheat » .....  | I   |
| ANNEXE II: Dispositif expérimental du panel « Breedwheat ».....   | III |
| ANNEXE III : Vérification des conditions d'applications .....   | IV  |
| ANNEXE IV : Valeur d'inertie des dix premières composantes de l'ACP et leurs représentation graphique ..... | VI  |
| ANNEXE V: Cotation du panel variétal « Breedwheat ».....  | VII |
| ANNEXE VI : Dendrogramme du panel variétal « Breedwheat » .....   | XII |



# Liste des illustrations

## Figures :

|   |    |
|---|----|
| <b>Figure 1</b> – Cycle de développement de <i>F. graminearum</i> (Trail et al., 2009).....   | 3  |
| <b>Figure 2</b> – Culture in vitro de <i>F. graminearum</i> sur milieu PDA (Photo personnelle, Maule, 2014).....  | 10 |
| <b>Figure 3</b> – <i>Sporodochia</i> visibles par diascopie sur une culture de <i>Fusarium</i> sur SNA.....   | 10 |
| <b>Figure 4</b> – Macroconidies produites en <i>sporodochia</i> de <i>F. graminearum</i> sur milieu SNA (LNPV, 2008).<br>.....  | 10 |
| <b>Figure 5</b> – Sporulation de <i>F. graminearum</i> sur milieu PDA (Photo personnelle, Maule, 2014).....   | 11 |
| <b>Figure 6</b> – Quadrillage de la cellule de Nageotte (J.Cruziat, BIOLTROP 2011).....   | 11 |
| <b>Figure 7</b> – Symptôme de fusariose sur un épi de blé (Photo personnelle, Maule, 2014).....   | 14 |
| <b>Figure 8</b> – Observation d'un liseré rose-orangé sur un épillet de blé due à la sporulation de <i>F. graminearum</i> (Photo personnelle, Maule, 2014).....   | 14 |
| <b>Figure 9</b> – Taux d'infection moyen de chaque bloc du dispositif expérimental, exprimé en pourcentage (%), classé selon le test de Tuckey à l'issue d'une ANOVA. ....  | 18 |
| <b>Figure 10</b> – Classement des 220 variétés du panel Breedwheat en fonction de la cotation attribuée. L'échelle de cotation s'étend de 1.5 (sensible) à 7.5 (résistant).....   | 20 |
| <b>Figure 11</b> – Densité de marquage sur l'ensemble du génome du blé, issue de la puce à ADN. ....  | 20 |
| <b>Figure 12</b> – Analyse en composante principale (ACP) de la population d'étude du programme Breedwheat. ....  | 21 |
| <b>Figure 13</b> – Représentation du déséquilibre de liaison des chromosomes 3B et 4B. ....   | 21 |
| <b>Figure 14</b> – Diagramme du quantile-quantile obtenu sur les données du chromosome 3B avec a) le modèle linéaire général(GLM) et b) le modèle linéaire mixte (MLM). ....  | 22 |
| <b>Figure 15</b> – Manhattan plot du chromosome 3B représentant les valeurs logarithmiques négatives en fonction de la distance génétique, obtenues avec le modèle GLM. a)résultats sur les données de 2014 et b) compilation des résultats sur les données de 2014 et 2013 ..... | 22 |
| <b>Figure 16</b> – Diagramme du quantile-quantile obtenu sur les données du chromosome 4B avec a) le modèle linéaire général(GLM) et b) avec le modèle linéaire mixte (MLM). ....   | 23 |
| <b>Figure 17</b> – Manhattan plot du chromosome 4B représentant les valeurs logarithmiques négatives en fonction de la distance génétique, obtenues avec le modèle MLM. a)résultats sur les données de 2014 et b) compilation des résultats sur les données de 2014 et 2013 ..... | 23 |
| <b>Figure 18</b> – Histogramme des effets alléliques des marqueurs associés à la résistance à FHB sur a) le chromosome 3B et sur b) le chromosome 4B .....  | 24 |



# Liste des tableaux

## Tableaux :

|   |    |
|---|----|
| <b>Tableau I</b> – Itinéraire technique de la pépinière maladie sur l'année 2013-2014.....  | 12 |
| <b>Tableau II</b> – Résultat ANOVA de l'effet Bloc sur le taux d'infection des trois témoins. SCE : Somme des Carrés des Ecarts ; CM : Carré Moyen ; F : loi de Fischer ; Pr : Probabilité. ....  | 18 |
| <b>Tableau III</b> – Taux d'infection moyen de chaque témoin dans chacun des blocs du dispositif expérimental, exprimé en pourcentage (%). ....   | 18 |
| <b>Tableau IV</b> – Résultat ANOVA de l'effet de la date de notation sur le taux d'infection de chaque témoin du dispositif expérimental. SCE : Somme des Carrés des Ecarts ; CM : Carré Moyen ; F : loi de Fischer ; Pr : Probabilité..... | 19 |
| <b>Tableau V</b> – Taux d'infection moyen de chaque témoin du dispositif comparé à la cotation officielle du CTPS. L'échelle de cotation s'étend de 1 (sensible) à 9 (résistant). ....  | 19 |
| <b>Tableau VI</b> – Résultat de la régression linéaire sur le taux d'infection moyen en fonction de la date de floraison. T : loi de Student ; F : loi de Fischer ; Pr : Probabilité ; R <sup>2</sup> : Coefficient de corrélation. ....    | 19 |



## ***I. Introduction***

### **1. Les perspectives agricoles**

Les productions agricoles sont essentielles à l'élévation économique des pays en complément de l'agriculture vivrière qui participent au confort de vie des populations. Ces productions sont soumises à des contraintes socio-économiques et agro-environnementales limitant les quantités produites chaque année.

Les céréales sont la base alimentaire de la majorité des populations à travers le monde. En 2013, la production mondiale de céréales représente moins de 2000 millions de tonnes dont 703 millions de tonnes de blé. La demande mondiale en céréales ne cesse d'augmenter d'année en année, d'une part, à cause de la croissance linéaire de la population mondiale depuis les années 1970, avec les prévisions des Nations Unies évoquant une augmentation de près de 2 milliards d'habitants d'ici à 2050, et d'autre part, par un changement des comportements alimentaires de certaines populations adoptant un cadre de vie occidental.

Cette demande mondiale, toujours plus forte, remet en cause les capacités des pays producteurs à fournir les ressources agricoles nécessaires pour nourrir la population mondiale dans un contexte où le changement climatique impacte de plus en plus les cultures.

Les brusques variations climatiques des cinq dernières années, avec des hivers doux, des canicules répétées, des années gélives, etc. ont une influence négative sur le développement des plantes qui limite les rendements agricoles. On note que la réduction des précipitations de plus de 50% amène à un abaissement des rendements en blé dans 90% des cas (Schaller, 2014). Ces variations climatiques masquent la progression génétique observée depuis 15 ans au sein des nouvelles variétés. L'INRA (Savini, 2009) estime le gain génétique de 1 qx/ha/an, indépendamment des facteurs environnementaux, mais les mauvaises conditions climatiques font stagner les rendements en blé aux alentours de 73 qx/ha depuis 1996 en France (Renaud, 2010).

Ce changement climatique est accéléré par les activités humaines dont l'agriculture a une grande part de responsabilité. Les pouvoirs publics ont pris conscience de l'impact des activités agricoles sur l'environnement et mettent, aujourd'hui l'accent sur la préservation des écosystèmes. Un des axes de la PAC, mais également le plan EcoPhyto2018 s'inscrivent dans cette politique de réduire les intrants dans les parcelles, sans altérer les rendements. Pour cela, l'optimisation des composantes du rendement telles que l'efficacité de l'utilisation de l'azote par les plantes, la tolérance à la sécheresse, les résistances aux maladies et surtout l'amélioration génétique variétale sont nécessaires pour produire autant en limitant l'usage des ressources extérieures.

### **2. Contexte de l'étude**

Face à des perspectives agricoles contrastées, le programme d'investissement d'avenir Breedwheat a été lancé en 2011 afin de soutenir la compétitivité de la filière française de sélection du blé en répondant aux enjeux sociétaux d'une production durable et de qualité de



blé. Il met en jeu une collaboration entre sélectionneurs du secteur privé tel que Bayer Crop Science, Syngenta, Limagrain, Biogemma, les instituts techniques Arvalis, le GEVES et les chercheurs français de l'INRA impliqués dans la recherche et la sélection du blé. Il est financé à hauteur de 34 millions d'euros sur une période de 9 ans.

Le but de ce projet est de mieux appréhender les connaissances sur le blé pour ensuite les valoriser à des fins de création variétale. Ainsi, le projet génétique est au cœur des travaux engagés afin d'optimiser les performances technologiques et agro-environnementales des variétés.

Ce projet pluridisciplinaire combine des données de génétique, de génomique et d'écophysiologie avec un grand volume de notations phénotypiques. Ces données aident à identifier des marqueurs et/ou gènes candidats responsables de caractères d'intérêts agronomiques.

Breedwheat se compose de plusieurs groupes de travail (WP:Work packages) ayant des objectifs différents. Quatre grands groupes se distinguent, à savoir : WP1-Le séquençage et le génotypage du génome du blé, WP2-Les études génétiques et écophysiologiques de l'adaptation du blé aux stress, WP3-La caractérisation et l'exploitation de la diversité génétique au service du prebreeding, et WP4-le développement de nouvelles stratégies de sélection. Tous les WP sont interconnectés entre eux pour permettre la libre circulation d'informations nécessaires aux analyses de compréhension des mécanismes métaboliques et génétiques nécessaire à l'amélioration variétale.

C'est au sein du WP2 que sont développées les thématiques de stress biotiques et abiotiques impactant le rendement et la qualité du blé, dans un contexte de changement climatique et d'agriculture durable. Ce groupe combine des études de modélisation et des analyses d'association entre données génomiques et phénotypiques pour comprendre les bases moléculaires, génétiques et écophysiologiques qui influencent les caractères agronomiques. Les principaux stress étudiés sont la tolérance au déficit hydrique, au choc thermique, l'efficacité d'utilisation des sources azotées par la plante et les résistances aux maladies fongiques.

### 3. Étude bibliographique

La culture du blé tendre est sujette à une dizaine de maladies causées par des champignons phytopathogènes (Arvalis, 2013). Parmi ces maladies, certaines sont plus difficiles à appréhender en culture, car la réponse variétale face au champignon est variable et les contournements de résistances sont accélérés par l'usage répétitif de certaines familles de molécules chimiques. La Septoriose et la Fusariose de l'épi de blé font partie des maladies complexes à maîtriser en champ avec des pertes de rendements estimées à 1.5 et 0.2 tonne/an/ha respectivement (BW, document d'information). Ces deux maladies d'importance sont traitées dans le WP2 du projet Breedwheat pour caractériser la résistance de l'hôte à ces deux maladies.

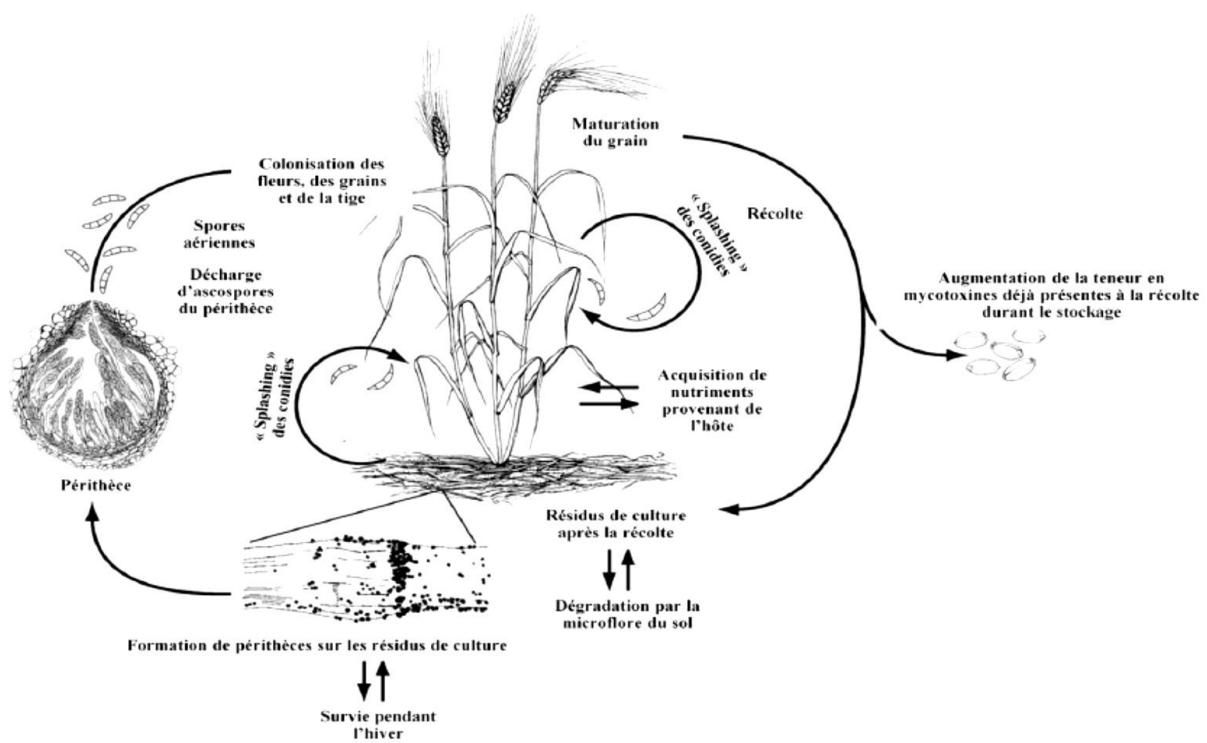


Figure 1 – Cycle de développement de *F. graminearum* (Trail et al., 2009).

Étant chargée par la société SECOBRA Recherches, de la conduite et de l'analyse de l'essai expérimental sur la Fusariose de l'épi de blé, je traiterai uniquement de cette maladie au cours de ce rapport.

### 3.1 La fusariose de l'épi de blé

La Fusariose est une maladie des céréales présente partout sur le globe (Parry *et al.*, 1995) dont les pertes de rendements peuvent être de diverses sources : avortements des fleurs, diminution du nombre et du poids des grains et altère la qualité sanitaire du blé, qui est très importante pour les sociétés de transformations industrielles.

Tous les stades de développement de la plante, des racines jusqu'à l'épi, peuvent être attaqués avec une distinction de trois formes de symptômes :

- Les brûlures de semis, causées par les semences contaminées, provoquent des manques à la levée ou des fontes de semis ;
- Le piétin dû aux nécroses des tissus du collet de la plante ;
- La fusariose de l'épi, ou FHB : *Fusarium Head Blight*, en anglais, provoquant un échaudage de l'épi. Cette dernière se caractérise par la sénescence prématuée de l'épi, à l'aspect rose-blanchâtre, ayant pour conséquence l'obtention de petits grains, ridés, légers avec du duvet blanchâtre-saumoné.

Complexe à sélectionner, la résistance à FHB anime plusieurs projets de recherche au sein du programme Breedwheat.

Il a été recensé 17 agents pathogènes responsables de la FHB chez les céréales appartenant à deux genres principaux qui sont *Fusarium* et *Microdochium* (Parry *et al.*, 1995). Pour le blé, on dénombre 16 espèces du genre *Fusarium* avec une prédominance pour l'espèce *F. graminearum* dans beaucoup de région (Osborne and Stein, 2007). En effet, cette espèce est majoritairement retrouvée sur blé avec des taux d'infection de plus de 20% (Arvalis, 2013).

Cet agent pathogène est un champignon ascomycète ayant une forme parfaite téléomorphe du nom scientifique de *Gibberella zaeae*. Il est spécifique aux céréales et possède comme plantes-hôtes principales : le triticale, l'orge, le riz, l'avoine, le maïs et le blé (Goswami and Kistler, 2004).

Cette espèce a des propriétés d'adaptation très large, car elle peut se développer dans des gammes de températures allant de 10 à 30°C avec un optimum de 20-25°C. Sa sporulation est favorisée par des conditions d'humidité élevée (85%HR) et prolongée sur 48h.

Son cycle de développement (Figure 1), est dit polycyclique avec plusieurs sources d'inoculum primaire possible. Le vent, la pluie (phénomène de « *splashing* ») et certains insectes sont des facteurs de dispersion de la maladie, mais les résidus de cultures infectés restent la principale source d'inoculum primaire. Le champignon se conserve tout l'hiver grâce à sa forme de conservation que sont les périthèces, présents sur les résidus de cultures. Les conditions favorables du printemps rendent cette période critique aux attaques depuis l'épiaison jusqu'à la fin de la floraison, car les périthèces s'ouvrent et libèrent les ascospores transportées par le vent, allant contaminer les fleurs. Son mode de contamination est passif,



car il n'a pas la capacité de pénétrer l'épiderme. Il passe par les pièces florales, des blessures ou des tissus sénescents pour infecter la plante. Une fois entré, le champignon se répand par les faisceaux vasculaires du rachis, colonise le xylème et le phloème amenant à un dysfonctionnement d'alimentation nutritive, ce qui dessèche prématurément l'épi. Sous les conditions favorables d'humidité et de températures, le développement mycélien peut se répandre à l'extérieur de l'épi, sur les glumes et glumelles des épillets (Trail, 2009).

Le développement intercellulaire est la phase asymptomatique du champignon qui établit une relation biotrophe avec la plante-hôte. Le changement du stade biotrophe à nécrotrophe s'associe à une augmentation de vigueur de colonisation de la part du champignon. La colonisation sature complètement le substrat de l'hôte et engendre la mort des tissus (Goswami and Kistler, 2004). L'apparition de nécroses sur la tige et une décoloration des tissus signale le début de la phase symptomatique de la maladie (Ballois, 2012)

Pour *F.graminearum*, l'infection active des gènes liés à la virulence et à la pathogénicité. Des gènes codant pour des lipases sont directement impliqués. D'autres codent pour la production de mycotoxines.

Pour la plante, diverses stratégies de défenses sont mises en place face aux attaques des pathogènes. L'une des plus rapides consiste à produire des dérivés actifs d'oxygène, ou encore appelés ROS, qui induisent une réaction d'hypersensibilité éliminant les cellules infectées. Ainsi, la réaction limite l'installation de l'infection et active d'autres voies de signalisation liées aux réactions de défenses. Les voies de l'acide jasmonique (AJ), l'acide salicylique (AS) et l'éthylène (ET) sont bien connues. L'AJ induit la production de métabolites secondaires, les terpénoïdes, toxiques pour la progression des champignons et l'ET réduit le développement de la FHB chez le blé (Li and Yen, 2008). Les lysats issus de la dégradation des parois cellulaire lors de l'infection jouent le rôle d'éliciteurs activant les mécanismes de défense et participent au renforcement pariétal (Montibus, 2013); (Bily *et al.*, 2004).

### 3.2 Les mycotoxines produites par *F.graminearum*

Classé en 2012, par Dean et ses collaborateurs, au 4<sup>ème</sup> rang mondial des champignons phytopathogènes d'importance économique majeure, *F.graminearum* a la capacité de produire des mycotoxines nocives pour l'homme et les animaux. En effet, ces mycotoxines peuvent causer des diarrhées, des vomissements, et des problèmes hépatiques avec des répercussions sur les fonctions du système immunitaire, et reproductif des mammifères (Pestka and Smolinski, 2005). Les mycotoxines sont produites en cours de culture et s'accumulent dans les grains récoltés. La quantité de mycotoxine est variable d'un fond génétique à l'autre, car les variétés plus résistantes ont moins de toxines que les variétés sensibles au pathogène.

Les mycotoxines sont des métabolites secondaires synthétisées par les *Fusarium* dont les plus fréquents sont les tricothécènes, les fumonisines, et la zéalanone. L'espèce *F.graminearum* produit essentiellement des tricothécènes de type B ,notamment le déoxynivalénol (DON) et le nivalénol (NIV). Le DON est une mycotoxine réglementée dans la chaîne alimentaire humaine avec des seuils de toxicité fixés en µg/Kg pour chaque type de



produit alimentaire issu de la transformation du blé. L'alimentation infantile et la biscuiterie ont les seuils les plus bas avec 200 et 500 µg/Kg de DON autorisés (Donnat, 2011). Une relation directe a été établie à ce jour, entre la sévérité de la maladie FHB et le taux de mycotoxines accumulées dans les grains (P.Giraudeau, communication personnelle). Néanmoins, le DON et ses dérivés sont les mycotoxines les plus fréquentes sur blés et elles sont produites par *F.graminearum* prédominant en culture (Bottalico and Perrone, 2002). Pour Desmond et ses collaborateurs, la présence de la maladie ne dépendrait pas de la présence de la toxine, mais celle-ci affecterait le niveau d'infection. Ainsi, les travaux menés sur la résistance à la toxine peuvent conduire à la résistance à FHB, et inversement.

Les effets phytotoxiques du DON se traduisent par un retard de croissance et une dégénérescence des plantules. La plante est impactée au niveau de sa synthèse d'ADN/ARN, et de ses fonctionnalités protéiques, en particularité dans la production de callose au niveau du rachis qui constitue une barrière physique à la progression du champignon. Toutes les fonctions mitochondrielles, la division cellulaire et l'intégrité membranaire de la plante sont altérées. Lors de l'infection, les tricothécènes du champignon sont fortement induits au niveau du rachis et semblent être tissus-spécifiques (Montibus, 2013)(Rocha *et al.*, 2005).

### 3.3 Les études de cartographie QTL sur la résistance à la fusariose

La résistance à FHB est un caractère polygénique donc quantitatif, ce qui signifie que les réponses variétales au pathogène sont variables et étendues en termes de sévérité de la maladie. Chez le blé, ce caractère est assez peu héritable et est propice aux études génétiques quantitatives qui ciblent les régions chromosomiques impliquées dans les variations phénotypiques (Miedaner *et al.*, 2011).

Il a été répertorié 52 études QTLs (Quantitative Trait Loci) à la résistance à FHB, dont 46 ont été menées sur du blé tendre hexaploïde (Buerstmayr *et al.*, 2009). Ces études ont mis en évidence plus de 176 QTLs de résistance, répartis sur l'ensemble du génome, excepté sur le chromosome 7D (Miedaner *et al.*, 2011).

Plusieurs contraintes sont liées à la pratique des études de cartographie QTL. La première réside dans la construction génétique du blé. En effet, le blé est constitué de trois génomes d'origine différente (A, B, et D) possédant chacun 7 paires de chromosomes homéologues. Cette structure génétique rend le marquage de haute densité du génome plus complexe. La seconde contrainte concerne le caractère étudié. La réponse à FHB est modulée par les facteurs génétiques de l'hôte et du pathogène, mais également par les effets d'interactions génotype x environnement. Par conséquent, la séparation entre les effets pléiotropiques des gènes impliqués dans le développement ou la morphologie de la plante et la réponse à FHB est très complexe. De plus, la résistance à FHB est répertoriée de deux manières différentes:

- La résistance de type 1, concernant la capacité à résister à la pénétration du pathogène lors de l'infection initiale ;
- La résistance de type 2, qui concerne la progression du champignon à travers le rachis.



De manière générale, la résistance de type 2 est la plus étudiée, car sa mesure est facilitée par les techniques d'inoculation de souche de *Fusarium* en champ, qui permettent ensuite de noter la sévérité de la maladie.

La troisième contrainte concerne la détection de QTLs à effets mineurs de façon significative. En effet, pour détecter ce type de QTLs un nombre important de lignées recombinantes est nécessaire. Cependant, pour des raisons pratiques et de coûts, les études comportant plus de 300 lignées recombinées sont rares; elles sont généralement de 100 à 200 lignées. Il est considéré qu'en dessous de 100 lignées recombinantes, les régions chromosomiques détectées sont uniquement des régions à effet fort et que le nombre de marqueurs nécessaire doit couvrir le génome avec un espacement entre marqueurs inférieur à 20cM (Buerstmayr *et al.*, 2009).

Parmi la centaine de QTLs répertorié, deux QTLs majeurs de résistance à FHB ont été découverts dans le germoplasme de variétés exotiques. Provenant du cultivar « *Sumai 3* », une variété asiatique, un QTL majeur nommé *Qfhs.ndsu-3BS* puis *Fhb1* par la suite, a été détecté sur le chromosome 3B. Il aurait un effet sur la progression du champignon, car l'hypothèse énoncée par Anderson et ses collaborateurs est qu'il coderait pour une DON-glucosyltransferase et/ou modulerait l'expression ou l'activité de certaines enzymes.

Le second QTL majeur provient également de lignées dérivées de « *Sumai 3* ». C'est un QTL situé sur le chromosome 6B, nommé *Fhb2*. Ce QTL serait stable et relié également à la résistance de type 2. De nombreuses variétés asiatiques ont des niveaux de résistance à FHB élevés, mais ces résistances sont facilement contournées.

Ces deux QTLs majeurs ont été utilisés dans les programmes de sélection européens, mais leurs introgressions au sein des pools génétiques européens ont montré des limites d'adaptation, notamment un impact négatif sur le rendement des variétés. Par conséquent, les sélectionneurs européens favorisent plus les sources de résistance provenant de germoplasme européen déjà adapté à leurs conditions, plutôt que des sources exotiques (Miedaner *et al.*, 2011).

Au sein des variétés européennes, la recherche de QTL a permis de déterminer que les allèles de résistance expliquent 4 à 13% de la variabilité phénotypique des variétés (Miedaner *et al.*, 2011). Les descendances issues de lignées précoce (croisement des variétés Renan x Recital) ont permis de mettre en évidence des QTLs de résistance situés sur les chromosomes 2A, 2B, et 5A. Ces QTLs ont un large effet sur la résistance, mais certains d'entre eux sont co-localisés avec d'autres gènes impliqués dans la période de floraison et la hauteur des plantes. En effet, la co-localisation avec les gènes de nanisme a fait l'objet d'étude plus avancée, car la présence des gènes *Rht-B1* et *Rht-D1* accroît la sensibilité à FHB (Buerstmayr *et al.*, 2009). Srinivasachary et ses collaborateurs, évoquent une interaction génétique avec les allèles *Rht-B1* et *Rht-D1*, situés sur des loci homologues des chromosomes 4B et 4D respectivement. Les fonctions des loci homologues peuvent être différentes et influencer la résistance à FHB, d'où les écarts d'infection observés en champ, selon les conditions climatiques. L'étude montre que la position des marqueurs entre *Rht-D1* et la résistance FHB est distante de moins de 10cM, d'où la forte corrélation entre ces loci. Miedaner, énonce que la présence de l'allèle sauvage *Rht-D1a* est associée à une augmentation de la résistance à



FHB et qu'il expliquerait plus de 40 % de la variation phénotypique. De récents travaux, issus d'un programme de recherche français nommé INSPYR, ont démontré que l'allèle *Rht-D1b* est un facteur de sensibilité à FHB car il diminue la résistance à FHB (P.Giraudeau, communication personnelle).

Sur le chromosome 5A, il a été découvert une région, nommée *Qfhs.ifa-5A*, ayant un plus faible impact sur la résistance à FHB après inoculation. Les auteurs interprètent cet effet comme étant un QTL de résistance de type 1 (Buerstmayr *et al.*, 2009).

Cependant, nous pouvons noter que de manière générale, les résultats issus d'études QTLs sont de résolution moyenne pour de multiples raisons à savoir : 1) la construction de descendance dédiée pour réaliser l'étude, 2) l'analyse est faite sur les allèles présents uniquement chez les parents de la descendance, 3) les effets des QTLs sont atténués puisqu'ils sont identifiés dans un fond génétique spécifique, souvent issu de matériel en sélection par rapport à une population en ségrégation par exemple, 4) la délimitation des régions QTLs est approximative étant donné que la résolution de détection dépend du taux de recombinaison présent dans la descendance.

### *3.4 Les études de génétique d'association pour le caractère FHB*

Face aux contraintes des études QTLs, une autre forme d'analyse génétique a suscité de l'intérêt pour relier des caractères phénotypiques à des variations génétiques.

La génétique d'association, GWAS, Genome Wide Association, ou Association mapping, est une nouvelle approche d'étude génétique, rendue possible grâce au développement des nouveaux systèmes de marquage à haute densité. Issue de l'épidémiologie génétique humaine, le principe de cette méthode est de rechercher des associations entre une variabilité aux marqueurs et une variabilité d'un caractère donné sur l'ensemble d'une population d'individus apparentés ou pas. Cette technique n'exclut pas les risques statistiques, car le manque de puissance dû au niveau d'informativité des marqueurs utilisés peut être insuffisant pour mettre en évidence une différence génétique, ou bien elle peut donner de faux-positifs en trouvant des associations entre marqueurs distants, ou situés sur des chromosomes différents.

Sur blé tendre, plusieurs études de GWAS sont répertoriées, dont la plupart étudient les caractères d'intérêt agronomique tels que le rendement, la qualité, la précocité, la hauteur, etc...mais également la résistance aux maladies fongiques. Peu de publications font référence à la FHB, sur laquelle les premières approches GWAS ont été réalisées sur l'orge.

Kollers et ses collaborateurs ont étudié la résistance de type 2 à FHB au sein d'une population de 372 variétés européennes. Le protocole de l'étude a consisté à effectuer une contamination artificielle des variétés avec une solution d'inoculum de *F.graminearum* et de *F.culmorum* à une concentration de  $5.10^4$  spores/ml. La sévérité de la maladie a été notée en prenant le pourcentage d'infection de l'épi sur 50 épis consécutifs de la même variété. Sept cent trente-deux marqueurs SSR ont été utilisés. Ce protocole a permis de mettre en évidence 877 associations significatives, localisées sur l'ensemble des chromosomes du génome. Seuls quelques loci sur le chromosome 3B ont été trouvés spécifiques à la résistance de type 2. Une



prise en compte de la structure de la population d'étude a été faite, afin d'éviter les fausses associations, mais aucune structuration n'a été trouvée. La comparaison des régions QTLs publiées et de la localisation des associations obtenues a permis de confirmer la position des QTLs majeurs, notamment *Fhb1* du chromosome 3B, et de valider certaines co-localisations avec d'autres gènes, notamment celle avec *Rht-D1*. Ce résultat renforce l'hypothèse que la présence *Rht-D1* augmente la sensibilité à FHB de façon directe. Concernant l'autre gène de nanisme, *Rht-B1*, aucune association n'a été trouvée sur le chromosome 4B.

Pour Miedaner et ses collaborateurs, la taille de la population d'étude est de 455 individus de blé tendre d'hiver européens. Le génotypage des variétés a été effectué avec 115 marqueurs SSR et une inoculation artificielle a été appliquée à raison d'une concentration de  $2.10^5$  spores/ml de l'agent pathogène *F.culmorum*. Cette étude met en avant 7 régions chromosomiques significativement corrélées et concordent avec les régions publiées des études QTLs. Les régions se situent sur les chromosomes 1B, 1D, 2D, 2B, 3A, 4D, 7A et sont issues de résultats statistiques non corrigés. La correction appliquée révèle uniquement la présence d'une région supplémentaire sur le chromosome 1D. Dans cette étude, l'effet épistasique des régions détectées sur la résistance à FHB est évoqué. En effet, la combinaison des effets principaux et épistasiques des QTLs expliquerait plus de 50 % de la variation phénotypique. De ce constat, les auteurs argumentent sur le gène *Rht-B1b*, dont l'effet principal est retrouvé non significatif. Ce gène a une interaction épistasique significative avec un marqueur, *barc147*, située sur le chromosome 3B. Ce marqueur est proche de seulement 0.2cM du marqueur *Fhb1*, au sein de variétés européennes. Ainsi, cette étude montre qu'il est possible de trouver un idéotype de blé européen, à haut rendement, utilisant l'effet d'un des gènes de nanisme, avec une plus grande résistance à FHB.

De manière plus ciblée, l'étude d'association de Hao et son équipe a mis en évidence une région de 2,9 kb sur le chromosome 3B impliquée dans la résistance à FHB. La taille de la population d'étude est de 266 variétés avec 157 variétés d'origine asiatique et 91 d'origine européenne. Dans cette étude 42 marqueurs (32 SSR et 10 SNP) ont été utilisés pour génotyper les variétés. L'étude révèle 12 associations significatives parmi lesquelles un marqueur, nommé *cfb6059*, permet d'expliquer plus de 6% de la variation phénotypique.

#### 4. Problématique de l'étude

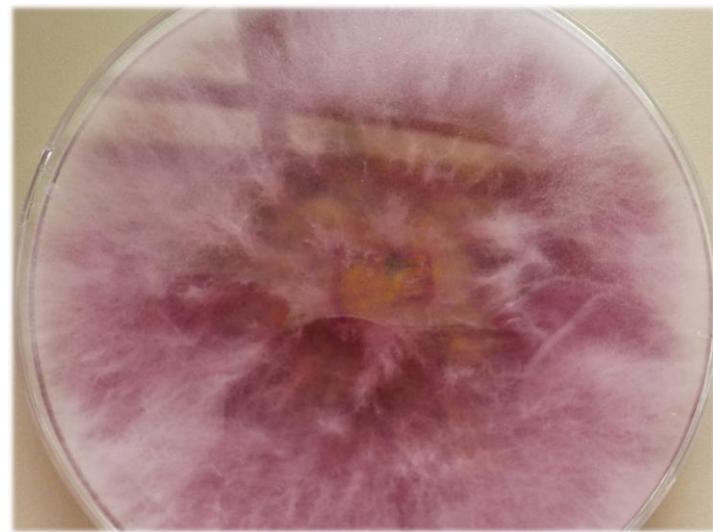
Les deux précédentes études montrent bien la puissance d'une analyse de génétique d'association dans le traitement des caractères complexes. Par conséquent, les partenaires du projet Breedwheat ont entrepris une étude GWAS sur un panel de 220 variétés de blés tendres d'origine européenne et Syrienne. Le but de cette étude est d'analyser la variabilité génétique du blé pour la résistance à la fusariose de l'épi.

L'essai expérimental est conduit sur plusieurs années dans des localités françaises différentes. La société Secobra Recherches avec deux autres partenaires du réseau Breedwheat, participe à la mise en œuvre de cet essai cette année. Les contrastes pédoclimatiques de chaque région permettent d'appréhender les variations phénotypiques de la résistance à FHB. L'essai est inoculé avec une souche de *F.graminearum*, et noté sur la



sévérité de la maladie. En parallèle, les 220 variétés ont été génotypées avec la technologie Affymetrix, utilisant une puce à ADN de haute densité comportant plus de 420 000 spots SNP. La combinaison des données de phénotypage et de génotypage va alors permettre la réalisation de l'étude GWAS.

Dans ce rapport, j'évoquerai les méthodologies utilisées pour produire l'inoculum de *Fusarium*, acquérir les notations de fusariose de l'épi, et définir les paramètres importants pour la réalisation de la GWAS. Issus de ces travaux, les résultats présenteront de façon globale les notations de l'essai puis les associations potentielles trouvées avec la résistance à FHB.



**Figure 2** – Culture in vitro de *F. graminearum* sur milieu PDA (Photo personnelle, Maule, 2014).



**Figure 3** – Sporodochia visibles par diascopie sur une culture de *Fusarium* sur SNA (LNPV, 2008).



**Figure 4** – Macroconidies produites en sporodochia de *F. graminearum* sur milieu SNA (LNPV, 2008).

## **II. Matériels et méthodes**

### **1. Production d'inoculum de la souche *F. graminearum***

#### ***1.1 Description de la souche *Fusarium T10008****

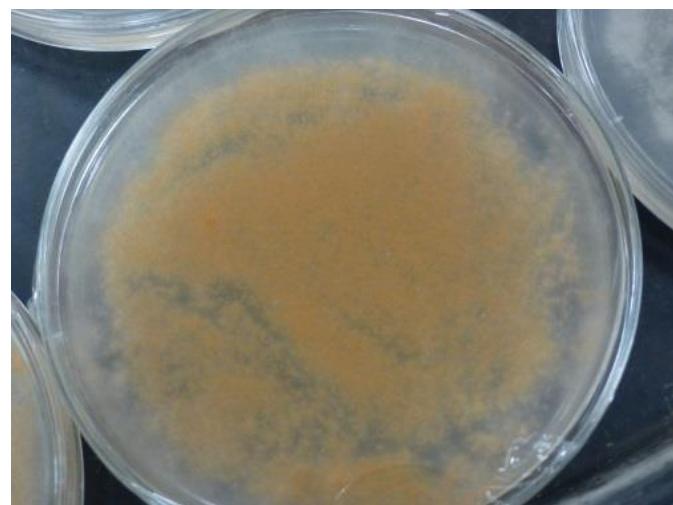
La souche *F. graminearum* T10008 est fournie par le laboratoire pathologie d'Arvalis Institut du Végétal à Grignon. C'est une souche qui a été choisie pour son efficacité d'infection importante et qui a été utilisée dans les essais officiels du CTPS. Ce micro-organisme fongique appartient au genre *Fusarium*, et a été cultivé sur un milieu synthétique (PDA) dans les conditions de multiplication *in vitro*. Le développement mycélien de ce dernier est abondant et rapide, il se caractérise par une couleur blanc-rosé en début de culture puis rouge carmin avec des reflets jaunes sur les cultures plus âgées (Figure 2). Cette pigmentation est due aux anthocyanes produites par le champignon et la couleur peut varier selon le pH du milieu ainsi que les conditions de culture. L'observation directe du mycélium sous une loupe binoculaire permet de distinguer des structures fongiques appelées sporodochies, apparaissant sous forme d'agglomérats translucides gélatineux (Figure 3). Ces structures renferment les macroconidies, encore appelés spores (Figure 4), qui sont de forme allongée, arquée et comportant 3 à 6 cloisons. Elles peuvent aller d'une taille de 25 à 60µm.

#### ***1.2 Protocole de multiplication***

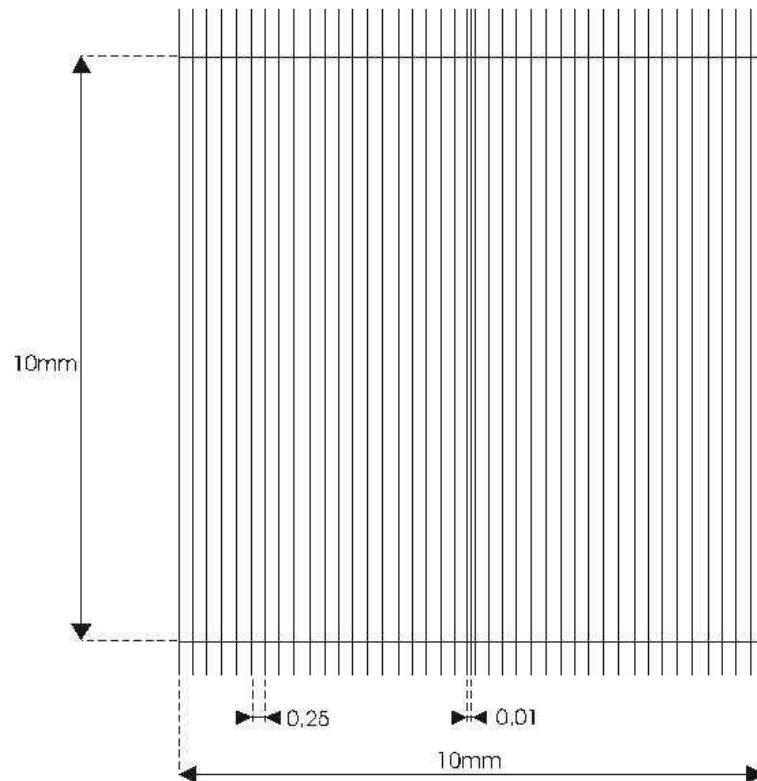
Le protocole de multiplication suivi lors de cette étude est issu d'un protocole de laboratoire réalisé en routine à l'institut technique Arvalis. L'intérêt de ce protocole est de multiplier à grande échelle la souche *F. graminearum* T10008 et de favoriser sa sporulation afin d'obtenir une solution d'inoculum concentrée. La multiplication de micro-organismes fongiques nécessite des conditions de travail strictes et exemptes de tout autre micro-organisme que celui que nous cherchons à cultiver. Ainsi, le matériel et les milieux de culture utilisés sont stérilisés, et toutes les manipulations sont effectuées sous bec bunsen. En outre, le genre *Fusarium* ne requiert pas de conditions de cultures particulières et se multiplie aisément sur milieu PDA à pH neutre en chambre d'incubation. La chambre d'incubation est paramétrée avec une humidité relative de 70%, une température de 20°C et une alternance d'éclairement jour/nuit de 12h. Sur les conseils de l'institut Arvalis, le type de néons d'éclairage sont des OsramL 58w/640 white et OsramL 58w/76 Natural. Le protocole est conçu en cinq étapes, à partir d'une culture isolée de *Fusarium* sur milieu gélosé.

##### **❖ 1<sup>ère</sup> étape : Mise en place des cultures mères**

Un cube de gélose, environ 1cm de côté, issu de la culture isolée de *F. graminearum* T10008 (envoyé par Arvalis) est déposé au centre de la boîte de pétri. Les boîtes inoculées sont mises en chambre d'incubation pendant une période de 8 à 10 jours. Les boîtes sont observées régulièrement pour voir l'apparition de sporodochies et moduler le temps d'incubation en fonction de l'état d'avancement.



**Figure 5** – Sporulation de *F. graminearum* sur milieu PDA (Photo personnelle, Maule, 2014).



**Figure 6** – Quadrillage de la cellule de Nageotte (J.Cruziat, BIOLTROP 2011).

❖ 2ème étape : Mise en place des cultures filles

À partir des cultures mères, les sporodochies sont récupérées à l'aide d'un scalpel ou un râteau en verre et 200µl d'eau osmosée stérile. La suspension de sporodochies est récupérée avec un pipetman puis dissoute à 50ml d'eau osmosée. Sur chaque boîte fille, 200µl de solution diluée de sporodochies est étalée au râteau sur l'ensemble de la boîte. Les boîtes filles inoculées sont placées en chambre d'incubation, directement sous l'éclairage sans les caches de protection des néons, durant 8 jours. La sporulation des boîtes est observable quand elles ont un aspect marron-orangé (Figure 5) avec parfois un développement mycélien plus ou moins abondant. Selon l'état d'avancement, cette sporulation peut être observée dès le sixième jour d'incubation.

❖ 3ème étape : Récupération des spores

Les spores de *Fusarium* sont récupérées à l'aide d'une solution de Tween20 à 0.05%. Fortement dilué, le Tween20 est un détergent qui permet d'éviter la formation d'agrégats de spores. Ces agrégats perturbent le comptage à la titration de l'inoculum et bouchent les buses du pulvérisateur lors de l'application. Le Tween20 est un produit très visqueux et difficile à prélever, sa dilution est approximative en ajoutant une à deux gouttes de produit dans 500 ml d'eau osmosée.

De 2 à 5 ml de solution de Tween20 à 0.05% ont été déposés dans chaque boîte fille, selon la quantité de mycélium présente. La solution est répartie sur l'ensemble de la boîte puis la gélose est raclée à l'aide d'un râteau en verre afin de récupérer les spores. La suspension de spores est récupérée, sans prendre le mycélium, avec une pipette et placée dans une bouteille en verre, préalablement stérilisée. En cas de mycélium trop abondant, un tamis stérile est utilisé pour récupérer uniquement la solution d'inoculum.

Une deuxième récupération peut être effectuée selon l'état de sporulation de la boîte avec l'ajout d'un millilitre de solution Tween à 0.05%.

❖ 4ème étape : Titration de la solution d'inoculum

Afin de déterminer la concentration en spores de la solution d'inoculum récupérée, une titration sur cellule de Nageotte est effectuée. Au préalable, une dilution au 1/10<sup>e</sup> ou 1/100<sup>e</sup> de l'inoculum dans de l'eau est souvent nécessaire afin de permettre le dénombrement des spores. La solution est placée entre la lame et la lamelle de la cellule puis le dénombrement des spores s'effectue sous microscope au grossissement x100. Le dénombrement est réalisé selon une méthodologie précise consistant à compter les spores présentes dans un espace quadrillé, défini par 40 bandes de dimensions 10x0,25x0,50 mm (Figure 6).

Ainsi la concentration finale de la solution sera déterminée par la formule suivante :  $C=(N/V)xD$  ; où C est la concentration en spores/ml, N est le nombre de spores, V le volume de comptage et D la dilution effectuée.

**Tableau I – Itinéraire technique de la pépinière maladie sur l'année 2013-2014.**

| Précédent: Maïs / Sol: Argileux / Surface: 945m <sup>2</sup> |                 |               |                         |                      |
|--|-----------------|---------------|-------------------------|----------------------|
| Date   | Opération       | Intrant       | Cible                   | Matière active       |
| 17/10/2013   | Labour+Herse    |               |                         |                      |
| 25/10/2013   | Anti-limaces    | Mesurol       | Mollusques escargot     | Methiocarbe          |
| 23/10/2013   | Semis classique |               |                         |                      |
| 05/11/2013   | Anti-limaces    | Mesurol       | Mollusques escargot     | Methiocarbe          |
| 19/02/2014   | Fertilisation   | 31-20 NS      | 50 U                    |                      |
| 20/02/2014   | Désherbage      | Berhing       | Adventices              | Diflufénicanil       |
|  |                 |               |                         | Isoproturon          |
| 24/02/2014   | Désherbage      | Primus        | Dicotylédones annuelles | Florasulame          |
| 07/03/2014   | Fertilisation   | Ammo 33.5     | 80 U                    |                      |
| 28/03/2014   | Fongicide       | Unix Max      | Pietin verse            | Cyprodinyl           |
| 02/04/2014   | Désherbage      | Harmony Extra | Adventices              | Thifensulfuronmethyl |
|  |                 |               |                         | Tribénuronmethylene  |
| 09/04/2014   | Fongicide       | Acanto        | Rouille jaune           | Picoxystrobine       |
| 28/04/2014   | Brumisation     |               |                         |                      |

#### ❖ 5ème étape : Conservation de l'inoculum

Afin de préserver au mieux la viabilité des spores et limiter les lésions membranaires causées par les conditions de congélation à -20°C, la solution d'inoculum doit être mélangée à un milieu de congélation composé de lait et de glycérol. Le lait sert de support nutritif aux spores en sortie de décongélation afin d'assurer une bonne reprise de l'activité germinative et infectieuse. La préparation du lait est réalisée à partir de 30 mg de lait écrémé en poudre, ajouté à 276 ml d'eau osmosée. Le lait réhydraté est stérilisé à l'autoclave 20 min à 120°C.

Le glycérol doit représenter 10% du volume total de lait soit 30ml de glycérol pour 300ml de lait réhydraté. Une fois le milieu de congélation prêt, il est ajouté à volume égal de la solution d'inoculum puis congelé à -20°C.

## 2. Essai expérimental

### 2.1 *Matériel végétal (220 variétés)*

L'étude est menée sur 220 variétés de blé tendre d'hiver (*Triticum aestivum*) cultivées en Europe. Ces variétés proviennent de diverses entreprises semencières et ont été inscrites au catalogue officiel français ou européen entre 1974 et 2012 ; avec une majorité de variétés inscrites à partir de 2007 (Annexe I). Ces variétés ont été sélectionnées pour leurs performances agronomiques diverses telles que leur rendement, leur résistance aux maladies : rouilles jaunes et brunes, septoriose, oïdium, fusariose ; leur précocité, leurs besoins en intrants, leur qualité technologique (du blé améliorant au blé fourrager), etc

Le choix de ces variétés est représentatif des conditions agro-climatiques françaises.

### 2.2 *Dispositif Expérimental*

Le dispositif expérimental a été mené en France durant deux années consécutives dans trois localités différentes. Il a été mis en place en 2013 au centre de l'INRA de Clermont Ferrand, puis en 2014 chez Bayer CropScience à Milly la Forêt (91) et chez Secobra Recherches à Maule (78). Le dispositif est constitué de 220 variétés de blé tendre répétées 3 fois, soit 720 parcelles au total. Pour correctement évaluer la Fusariose de l'épi (FHB), la précocité des variétés a été prise en compte dans la construction du dispositif en le divisant en 6 blocs de précocité différente. Chaque bloc comporte 36 variétés plus 4 témoins, qui sont bien caractérisés pour la FHB, placées aléatoirement (Annexe II).

### 2.3 *Itinéraire technique*

L'ensemble du dispositif expérimental a été conduit selon un itinéraire technique spécifique afin de maximiser le développement et l'apparition de symptôme FHB (Tableau I).

Le précédent de la parcelle d'implantation est une culture de maïs. Des travaux profonds et superficiels du sol ont été effectués pendant la période automnale précédent le semis réalisé le 23 octobre 2013 sur une surface totale de 945m<sup>2</sup>.



Afin d'éviter les erreurs de diagnostic lors de la notation de la FHB, un traitement anti-piétin verse a été appliqué. En effet, le piétin verse provoque un dessèchement de la plante qui peut être confondu avec les symptômes de FHB. De plus, l'année a été particulièrement favorable au développement de la rouille jaune, qui peut perturber la progression de la FHB sur les variétés très attaquées. Pour limiter l'infestation, un traitement fongique anti-rouille a été appliqué courant avril, avec une durée d'efficacité compatible avec l'inoculation à floraison de l'essai.

Un système d'irrigation a été mis en place sur le dispositif expérimental afin d'optimiser les conditions de germination et d'infection des spores de *Fusarium* lors de la floraison des blés. Le système a été installé une semaine avant la floraison des variétés les plus précoces et a été maintenu jusqu'à la pré-maturation des grains des variétés les plus tardives, à raison d'une brumisation de 3 min toutes les demi-heures sur une plage horaire de 12h par jour.

### 3. Inoculation Parcellaire

Les symptômes de FHB sur épi de blé sont très aléatoires selon les années et l'aire d'implantation de la culture. Pour s'affranchir du phénomène incertain de contamination et garantir l'apparition de symptômes dus à l'agent pathogène *Fusarium graminearum*, une inoculation parcellaire a été appliquée sur le dispositif expérimental. Cette dernière a pour but d'inoculer les variétés selon leur degré de précocité, ce qui garantit une infection par l'agent pathogène au bon stade végétatif, mais aussi limite par des phénomènes de compétition la propagation du *Microdochium nivale*, également responsable de symptômes de FHB.

Après décongélation de la solution d'inoculum préparée précédemment, l'inoculation est réalisée à l'aide d'un pulvérisateur manuel, avec une pression inférieure à 2 bars et une buse d'application à projection ciblée. L'inoculum a été appliqué à une concentration de  $2.10^5$  spores/ml sur les variétés en floraison, c'est-à-dire tous les 2 à 3 jours. Afin d'éviter la dérive de l'inoculum, les applications ont été effectuées à partir de 20h quand les rafales de vent sont minimes.

### 4. Notations

Plusieurs types de notations sont effectués sur le dispositif expérimental au cours de son déroulement.

#### *4.1 Épiaison/Floraison*

Les dates d'épiaison et de floraison ont été relevées sur les 720 parcelles. Une variété est considérée comme épiée quand 100% des épis ont émergé de plus de la moitié de la gaine foliaire ; et comme fleurie quand les étamines sont sorties des glumes, de couleur jaune, à hauteur de 50% de l'épi sur plus de 20% de la ligne de semis.



**Figure 7** – Symptôme de fusariose sur un épi de blé (Photo personnelle, Maule, 2014).



**Figure 8** – Observation d'un liseré rose-orangé sur un épillet de blé due à la sporulation de *F. graminearum* (Photo personnelle, Maule, 2014).

Ces deux notations dépendent directement de la précocité de la variété et des conditions climatiques.

#### *4.2 Symptômes et méthodologie de notation de la maladie FHB*

Les premiers symptômes de FHB se caractérisent par la présence d'une décoloration d'un ou plusieurs épillets puis se déshydratent. La décoloration est progressive et s'étend aux épillets voisins en suivant le sens de l'alimentation nutritive de l'épi (Figure 7). Lors d'une sporulation abondante, nous observons un liseré rose-orangé sur les bords des glumes des épillets infectés (Figure 8). Ces symptômes sont visibles deux à trois semaines après floraison.

Pour noter correctement la FHB, dont les symptômes évoluent en fonction de la somme de températures après infection, des groupes de notation prenant en compte la précocité des variétés ont été constitués. Initialement, ces groupes de notation sont déterminés par la date de floraison des variétés. Cependant, à cause des conditions froides du mois de mai (inférieur à 15°C), la notation de la floraison a été difficile, voire incorrecte. Ainsi, les groupes de notations ont été définis à partir de la date d'épiaison, à laquelle il a été rajouté la somme de température de 70°C jour pour obtenir une date estimée de la floraison, permettant de constituer 7 groupes de notations. La notation a été déclenchée quand la somme de température était entre 418 et 556 degrés-jour pour la première note et 456 et 603 degrés-jour pour la deuxième note. Les notes sont effectuées selon une méthode de comptage qui consiste à dénombrer le pourcentage d'infection de l'épi sur 25 épis consécutifs par variété.

### 5. Analyses statistiques des données phénotypiques

Les notations de FHB effectuées sur les 720 parcelles constituent la matrice de données de phénotypage. Des analyses de variance (ANOVA) ont été effectuées sur cette matrice, avec le logiciel R, afin de déterminer le contrôle des effets terrains, de valider l'évaluation des témoins et les groupes de notations ainsi que de définir un classement variétal vis-à-vis de la sensibilité à l'infection par *F. graminearum*. Les conditions de normalité, d'homoscédasticité et d'indépendance des résidus ont été vérifiées pour l'application de l'ANOVA, et les effets principaux sont jugés significatifs si la valeur de probabilité (p-value) est supérieure au seuil de 5% (Annexe III). De plus, nous avons appliqué une transformation des données brutes par cotation afin de pouvoir comparer les données entre les différents sites d'expérimentation (INRA et Maule), mais également pour s'affranchir d'un effet du groupe de notation sur la note attribuée aux variétés et pouvoir établir un classement. Cette cotation est réalisée selon la méthodologie du CTPS qui consiste à attribuer une note sur une échelle de 1(variéty sensible) à 9 (variété résistante) selon le pourcentage d'attaque de la variété. L'attribution de la note est guidée par les témoins de références, qui sont bien caractérisés pour leur réponse à la FHB.



## 6. Démarche de la génétique d'association (GWAS)

### *6.1 Principe général et Concepts de base*

Inspirée de l'épidémiologie génétique humaine, la génétique d'association (Genome Wide Association (GWAS)) est une méthode d'analyse génétique visant à identifier des polymorphismes de séquence responsable de variations de nature qualitative ou quantitative d'un caractère donné au sein d'une population. Ainsi, la GWAS compare la distribution des allèles chez les individus d'une population qui sont apparentés ou non.

La structure de la population d'étude et le déséquilibre de liaison sont les concepts de base sur lesquels repose la GWAS ; ils sont explicités dans les paragraphes suivants. Prendre en compte dans l'analyse la structure et le déséquilibre de liaison dans la population limite les fausses associations, c'est-à-dire des marqueurs qui semblent statistiquement liés à des QTLs dont nous connaissons la fonction biologique, alors qu'ils ne le sont pas en réalité.

### *6.2 Données de Génotypages*

Partenaire du projet Breedwheat, les équipes de Biogemma et de l'INRA de Clermont Ferrand ont élaboré une puce à ADN comportant 420000 marqueurs SNP. Sur cette puce, nous retrouvons 124 gènes majeurs, 9570 gènes candidats, 140 000 marqueurs de zones intergéniques et 14000 marqueurs SNP issus d'autres projets de recherche. Les gènes majeurs sont liés à la précocité variétale, l'efficience de la nutrition azotée, les stress biotiques et abiotiques, et le développement du grain. La couverture du génome par l'ensemble des marqueurs SNP représente 38% du génome A, 41% du génome B et 22% du génome D.

Le génotypage a été réalisé avec la technique d'Affymetrix à l'aide des automates Biomek FXp et Gene Titan.

A ce jour, il nous a été possible de traiter 79000 marqueurs pour lesquels une information de cartographie génétique était disponible pour la GWAS; les premières données ayant été publiées en juin 2014.

### *6.3 Déséquilibre de liaison*

La notion de déséquilibre de liaison (DL ou LD pour Linkage Disequilibrium) définit une corrélation, non aléatoire, entre les allèles à des loci différents dans une population. Ainsi, le LD permet de mesurer si les allèles ont tendance à être présents ensemble sur le même gamète ou non, lors de la méiose.

La mesure de ce LD est fonction des fréquences haplotypiques et des fréquences alléliques dans une population. Par exemple, dans un cas biallélique, si l'on prend deux loci, A et B, ayant chacun deux allèles, a/a' et b/b' alors la situation d'équilibre de liaison correspondra  $f_{ab}=p_a p_b$ , où  $f_{ab}$  est la fréquence haplotypique et  $p_a, p_b$  le produit des fréquences alléliques. Si cette fréquence haplotypique ( $f_{ab}$ ) n'est pas égale au produit des fréquences alléliques ( $p_a, p_b$ ) alors nous sommes en déséquilibre de liaison. Ainsi, le LD traduira la différence entre le



produit des fréquences alléliques attendues et la fréquence haplotypique observée, d'où  $D_{AB} = f_{ab} - p_a p_b$ .

En pratique, deux mesures normalisées, le  $D'$  et le  $r^2$ , sont utilisées pour permettre la comparaison des valeurs entre plusieurs paires de loci. La plus fréquente est le  $r^2$ , correspondant au coefficient de corrélation entre les allèles de loci bialléliques et calculée de manière suivante :  $r^2 = D^2 / (p_a p_a p_b p_b)$ . Ce coefficient varie entre 0 et 1 et peut être interprété en termes de prédition. C'est-à-dire que si un allèle à un locus donné permet de prédire un second allèle à un deuxième locus alors il y a déséquilibre de liaison entre ses deux allèles. Donc, nous pouvons dire que la valeur du  $r^2$  renseigne sur le degré de déséquilibre entre paires d'allèles et que l'étendue du LD renseigne sur la distance entre paires d'allèles qui sont en déséquilibre. Cette distance est variable, car elle est influencée par le taux de recombinaison. En effet, le taux de recombinaison est irrégulier sur le génome, faisant apparaître des segments chromosomiques moins fréquemment soumis à la recombinaison. Ces zones vont alors présenter une forte valeur de LD.

À partir de la matrice de génotypage détaillée, la valeur et l'étendue du LD sont obtenues à l'aide du logiciel TASSEL et de la fonction graphique du logiciel R. L'étude du LD est réalisée pour chaque chromosome homéologue du génome du blé, soit 21 analyses.

#### 6.4 Structuration de la population d'étude

L'histoire démographique d'une population a des répercussions directes sur les fréquences alléliques des individus de la population. En effet, les pressions évolutives telles que la domestication, le mélange de population, la sélection, et la dérive génétique modifient la répartition des allèles puisqu'elle ne se fait plus de façon aléatoire, mais bien de façon corrélée aux groupes génétiques. Nous appelons stratification d'une population l'existence de groupes génétiquement différents. Ainsi, au sein de la population il peut exister des sous-populations aux fréquences alléliques différentes, qui augmentent ou réduisent le LD entre un marqueur et le « vrai » QTL, ce qui augmente le nombre de résultats faux positif. Pour limiter ce nombre, nous utilisons l'information portée par les marqueurs neutres, mais également le pedigree, pour inférer la structure de la population.

Dans notre cas, la population d'étude représente les 220 variétés du panel Breedwheat. L'appréhension de sa structure a été déterminée par une analyse en composante principale (ACP) et un dendrogramme, avec l'appui du sélectionneur de SECOBRA connaissant le pedigree de la majorité du panel. Ces deux analyses ont été faites à partir de 1500 marqueurs SNP de type ISBP qui représentent 85% du génome du blé, et qui sont distribués de façon homogène le long des chromosomes avec une forte densité, et un fort taux de polymorphisme (Choulet, 2014)

La matrice des ISBP est convertie en fréquence allélique à partir de laquelle sont réalisés l'ACP et le dendrogramme à l'aide du package FactoMineR et de la fonction hclust du logiciel R.



## 6.5 Modèles statistiques d'association

L'analyse des relations entre les données de génotypage et de phénotypage se fait à l'aide de modèles statistiques ayant comme hypothèse nulle  $H_0 = \text{« il n'existe aucune association entre les marqueurs et la variation phénotypique »}$ .

Sous cette hypothèse, les modèles statistiques vont tester des milliers de fois l'association Génotype-Phénotype. Les valeurs de probabilité (p-value) de ces tests multiples doivent être uniformément distribuées entre 0 et 1. Cette distribution est observée sous un diagramme quantile-quantile (ou QQplot), représentant les p-values attendues en fonction des p-values observées. Les p-values sont souvent traduites en échelle logarithmique améliorant la lisibilité de la distribution. La vérification de ces diagrammes permet de valider ou non le modèle statistique employé.

Deux types de modèle statistiques ont été utilisés dans cette étude :

- le modèle linéaire général (GLM)

Ce modèle s'écrit :  $y = \mu + \alpha m + e$  où  $y$  représente le phénotype,  $\mu$  la moyenne,  $\alpha m$  est la variation génétique des marqueurs et  $e$  est la résiduelle aléatoire.

- le modèle linéaire mixte (MLM)

Ce modèle s'écrit :  $y = \mu + \alpha m + K + e$  où  $y$  représente le phénotype,  $\mu$  la moyenne,  $\alpha m$  est la variation génétique des marqueurs,  $K$  la matrice d'apparentement entre les individus et  $e$  est la résiduelle aléatoire. La matrice d'apparentement  $K$  est calculée à partir des IBS et générée sous le logiciel TASSEL.

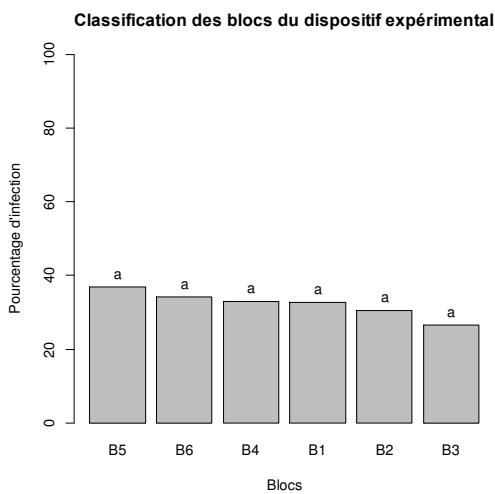
Dans cette étude, le seuil de significativité des associations est de 5% soit  $P < 0,05$  et  $-\text{LogP} > 1,30$ . Ce seuil a été choisi sur la base de la publication de Hao et al., 2012 et de Bordes et al., 2014, qui utilisent les mêmes outils d'analyse concernant des études sur le blé.

**Tableau II** – Résultat ANOVA de l’effet Bloc sur le taux d’infection des trois témoins. SCE : Somme des Carrés des Ecarts ; CM : Carré Moyen ; F : loi de Fischer ; Pr : Probabilité.

|           | Degré de liberté | SCE   | CM     | F     | Pr(>F) |
|-----------|------------------|-------|--------|-------|--------|
| Blocs     | 5                | 54    | 10.89  | 0.053 | 0.998  |
| Residuals | 52               | 10634 | 204.50 |       |        |

**Tableau III** – Taux d’infection moyen de chaque témoin dans chacun des blocs du dispositif expérimental, exprimé en pourcentage (%).

| Blocs | APACHE | CHARGER | RENAN |
|-------|--------|---------|-------|
| B1    | 32,59  | 49,64   | 16,52 |
| B2    | 32,04  | 50,97   | 16,13 |
| B3    | 22,88  | 54,51   | 14,60 |
| B4    | 26,94  | 52,40   | 13,37 |
| B5    | 31,66  | 47,47   | 18,33 |
| B6    | 28,44  | 44,54   | 19,17 |



**Figure 9** – Taux d’infection moyen de chaque bloc du dispositif expérimental, exprimé en pourcentage (%), classé selon le test de Tukey à l’issue d’une ANOVA.

### ***III. Résultats***

#### ***1. Analyse des données de phénotypages :***

Le dispositif expérimental a été conduit sur 10 mois pendant lesquels divers travaux cultureaux ont été appliqués pour optimiser les observations des symptômes de la fusariose de l'épi (FHB). Cependant au cours de l'étude une erreur au niveau du dispositif a été commise, en effet la variété ROYSSAC, témoin dans ce dispositif, a été remplacée par la variété BOREGAR. Ainsi, nous avons 3 témoins au lieu de 4, ce qui ramène la population d'étude à 219 variétés au lieu de 220.

L'observation de la FHB a été effectuée sur 25 épis consécutifs de la même variété à deux dates différentes sur chacune des 3 répétitions : la première en début d'infection, soit trois à quatre semaines après inoculation ; et la seconde avant maturation des grains. Une moyenne des 25 observations de chaque date a été effectuée pour constituer les notes 1 et 2, représentant le pourcentage moyen d'infection observé par variété aux dates 1 et 2. Étant donné que la deuxième notation permet de mieux discriminer les variétés entre elles, il sera uniquement évoqué les résultats sur cette dernière. Cependant, les analyses évoquées sont reproduites de manière identique sur la première notation.

##### ***1.1 Vérification de l'effet terrain :***

Le dispositif expérimental a été construit en blocs complets, au sein duquel les variétés ont été placées aléatoirement. La division du dispositif en 6 blocs de précocité variétale différente a deux objectifs : évaluer la FHB au bon stade de développement des blés ; et contrôler l'hétérogénéité du terrain. Cet effet terrain a été vérifié sur les 3 témoins du dispositif, nommé APACHE, CHARGER et RENAN, et qui sont répétés dans les 6 blocs.

L'ANOVA présentée sur le Tableau II, montre l'effet principal des blocs sur le taux d'infection des témoins. Le Tableau III présente le taux d'infection moyen par témoin en fonction du bloc.

Après vérification des conditions d'application à une analyse de variance (Annexe III), les résultats de l'ANOVA montrent qu'il n'y a pas d'effet bloc sur le taux d'infection des témoins, indiquant que l'hétérogénéité du terrain a été correctement maîtrisée. Le classement des 6 blocs les positionne au sein d'un seul et même groupe de notation (Figure 9). Par conséquent, nous pouvons traiter les 6 blocs du dispositif ensemble pour la suite de l'analyse des données phénotypiques.

**Tableau IV** – Résultat ANOVA de l’effet de la date de notation sur le taux d’infection de chaque témoin du dispositif expérimental. SCE : Somme des Carrés des Ecarts ; CM : Carré Moyen ; F : loi de Fischer ; Pr : Probabilité.

|         | Degré de liberté | SCE   | CM    | Résiduelle | F     | Pr(>F) |
|---------|------------------|-------|-------|------------|-------|--------|
| APACHE  | 5                | 202.2 | 40.44 | 17.45      | 2.317 | 0.121  |
| RENAN   | 5                | 71.66 | 14.33 | 10.27      | 1.395 | 0.299  |
| CHARGER | 1                | 39.76 | 39.76 | 16.51      | 2.409 | 0.143  |

**Tableau V** – Taux d’infection moyen de chaque témoin du dispositif comparé à la cotation officielle du CTPS. L’échelle de cotation s’étend de 1 (sensible) à 9 (résistant).

|         | Pourcentage moyen d’infection (2 <sup>ème</sup> note) | Ecart type moyen | Cotation officielle du CTPS |
|---------|---|------------------|-----------------------------|
| APACHE  | 29,06   | 5,01             | 7                           |
| CHARGER | 49,65   | 4,24             | 2                           |
| RENAN   | 16,34   | 3,39             | 6,5                         |

**Tableau VI** – Résultat de la régression linéaire sur le taux d’infection moyen en fonction de la date de floraison. T : loi de Student ; Pr : Probabilité ; R<sup>2</sup> : Coefficient de détermination.

|   | Estimation standard | Résiduelle | T     | Pr(> t )    |
|---|---------------------|------------|-------|-------------|
| Date de floraison   | 0.6950              | 0.1246     | 5.578 | 3.69e-08*** |
| R <sup>2</sup>  | 0.04922,            |            |       |             |
| R <sup>2</sup> ajusté   | 0.04763             |            |       |             |
| Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1 |                     |            |       |             |

### 1.2 Validité des témoins :

Afin de valider la cohérence de la deuxième notation de fusariose sur l'ensemble des 219 variétés, une vérification de la contamination des témoins est réalisée en termes de comportement variétal par rapport à la cotation donnée par le CTPS lors de l'inscription et d'un effet de la date de notation sur les notes.

Le Tableau IV, montre les résultats de l'effet de la date de notation sur le taux d'infection de chaque témoin. Le Tableau V décrit le taux d'infection moyen enregistré comparé à la notation officielle du CTPS.

Pour chaque témoin, l'ANOVA montre qu'il n'y a aucun effet de la date de notation sur le taux d'infection enregistré.

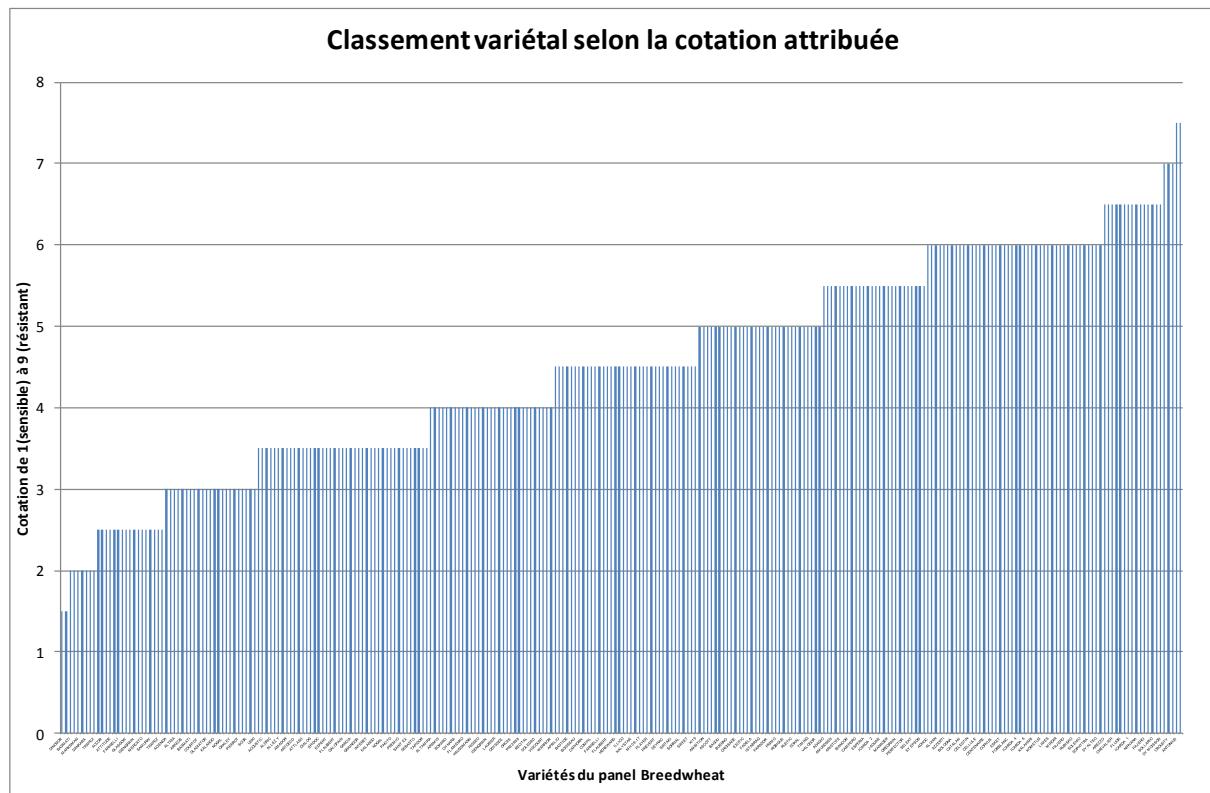
Concernant la sensibilité des témoins, nous pouvons voir que les variétés APACHE et RENAN sont parmi les variétés les plus résistantes puisque leurs taux d'infections sont faibles avec 29 et 16% respectivement, et que ces résultats sont en accord avec la cotation officielle du CTPS avec une cote de 7 et 6,5. La variété témoin la plus sensible est CHARGER avec un taux d'infection de 49% en moyenne, ayant une cotation de 2 au CTPS. Par conséquent, le comportement des témoins vis-à-vis de l'infection à *F. graminearum* est conforme aux attentes, et traduit une contamination correcte du dispositif expérimental.

### 1.3 Cotation et classification variétale

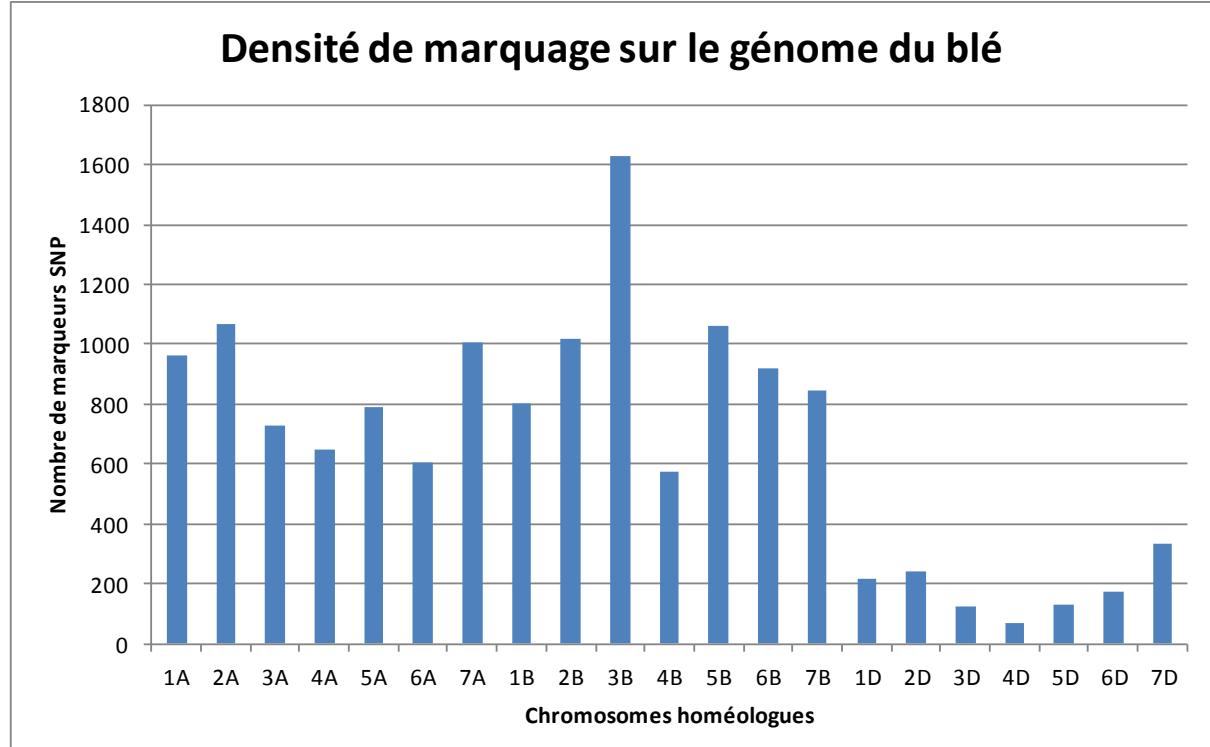
Prenant en compte la date de floraison des variétés, un effet des groupes de notation sur le taux d'infection enregistré est prévisible. Le Tableau VI présente les résultats de la régression linéaire appliquée sur le pourcentage d'infection en fonction de la date de floraison des variétés. Un effet significatif ( $P<0.05$ ) de la date de floraison sur le taux d'infection est présent dans l'analyse avec une  $p$  valeur de  $3.69^{E-8}$  sans que cet effet soit positivement corrélé ( $R^2=0,05$ ).

Ainsi, ces résultats confirment que la précocité des variétés influence le niveau d'attaque du champignon et qu'il y a une adéquation entre son cycle de développement et la période de floraison des variétés. Plus une variété sera précoce ou très tardive dans notre essai, moins elles seront attaquées par le champignon, car sa floraison est en dehors de la période d'attaque optimale du pathogène.

Par conséquent, pour s'affranchir de l'effet de la précocité sur les notations du panel variétal, des groupes de notations ont été déterminés initialement et une cotation des variétés en fonction du pourcentage moyen d'infection a été appliquée pour chaque groupe (Annexe V). Basé sur cette cotation, le traitement de l'ensemble des variétés entre elles est possible ainsi qu'un classement de sensibilité vis-à-vis de FHB. La classification des variétés en fonction de la cotation attribuée, présentée sur la Figure 10, montre une large gamme de réponses vis-à-vis de *F. graminearum* puisque les cotations s'étendent de 1,5 (sensible) à 7,5 (résistant). Nous remarquons que la distribution est continue et qu'il y a la présence de deux grands groupes ayant un comportement antagoniste avec 44 variétés présentant une résistance



**Figure 10** – Classement des 220 variétés du panel Breedwheat en fonction de la cotation attribuée. L'échelle de cotation s'étend de 1.5 (sensible) à 7.5 (résistant).



**Figure 11** – Densité de marquage sur l'ensemble du génome du blé, issue de la puce à ADN.

importante à FHB avec une cotation supérieure ou égale à 6, et à contrario, 43 variétés montrant une importante sensibilité avec une cotation inférieure ou égale à 3,5.

## 2. Structuration de la population.

Quatorze mille marqueurs SNP de type ISBP ont été sélectionnés pour obtenir la matrice des fréquences alléliques des 220 variétés du panel. Les ISBP sélectionnés permettent de couvrir l'ensemble du génome du blé avec en moyenne 638 marqueurs par chromosome. Néanmoins, nous pourrons noter une faible densité de marquage sur le génome ancestral D avec seulement une moyenne de 184 marqueurs par chromosome (Figure 11). Ces résultats sont jugés suffisants pour entreprendre une Analyse en Composante Principale (ACP) afin de voir la structuration de la population selon les fréquences alléliques des 220 variétés.

L'ACP présentée en Figure 12 permet d'expliquer 10% de la variabilité totale de la population avec 6% d'inertie en première composante et 4% d'inertie en deuxième composante. D'après le diagramme de l'ensemble des composantes proposées par l'analyse (Annexe IV), les deux premiers axes sont les plus pertinents pour expliquer la variabilité de la population d'étude. Nous remarquons que la population se divise en trois groupes distincts : le premier étant visible sur la première composante, formé de variétés exotiques dont le fond génétique est éloigné du pool européen. Nous appellerons ce groupe : « le groupe Exotiques ». Le deuxième groupe est observable selon la deuxième composante, et représente les variétés issues de croisements avec le parent fondateur SOISSONS. Nous appellerons ce groupe : « le groupe Soissons ». Concernant le reste de la population, elle est regroupée au centre de l'ACP et forme le troisième groupe. Sur la base de ces résultats, nous pouvons dire que la répartition alléliques des deux premiers groupes n'est pas aléatoire et que la variabilité génétique est corrélée au groupes génotypiques. Par conséquent, ces deux groupes ont été enlevés de la population d'étude.

Afin d'être plus précis sur l'apparentement des variétés, un dendrogramme a été réalisé à partir de la même matrice des fréquences alléliques. Au préalable une épuration de la matrice a été faite pour éliminer les marqueurs redondants créant des clusters de gènes dans le génome. En raison du format important du dendrogramme et de la lisibilité des noms des variétés, l'accès au graphique est mis à disposition en annexe VI sur plusieurs pages successives.

Le dendrogramme permet de repérer les deux premiers groupes mis en évidence par l'ACP. En effet, le groupe Soissons et le groupe Exotiques sont issus d'un embranchement différent du reste de la population, ce qui permet de confirmer la variabilité génétique corrélée aux groupes génotypiques selon une parenté éloignée du reste de la population. Sur le reste de la population, nous pouvons distinguer 6 groupes variétaux aux caractéristiques phénotypiques et/ou ayant un apparentement expliqué par le pedigree.

- Le premier groupe contient la plupart des variétés du panel, issues du parent fondateur APACHE. Ces variétés ont un phénotype marqué avec des gros épis un tallage important, sans aucun gène de nanisme, pour la majeure partie d'entre eux. De plus, le parent fondateur APACHE possède une forte résistance à FHB, coté 7 par le CTPS.

### Individuals factor map (PCA)

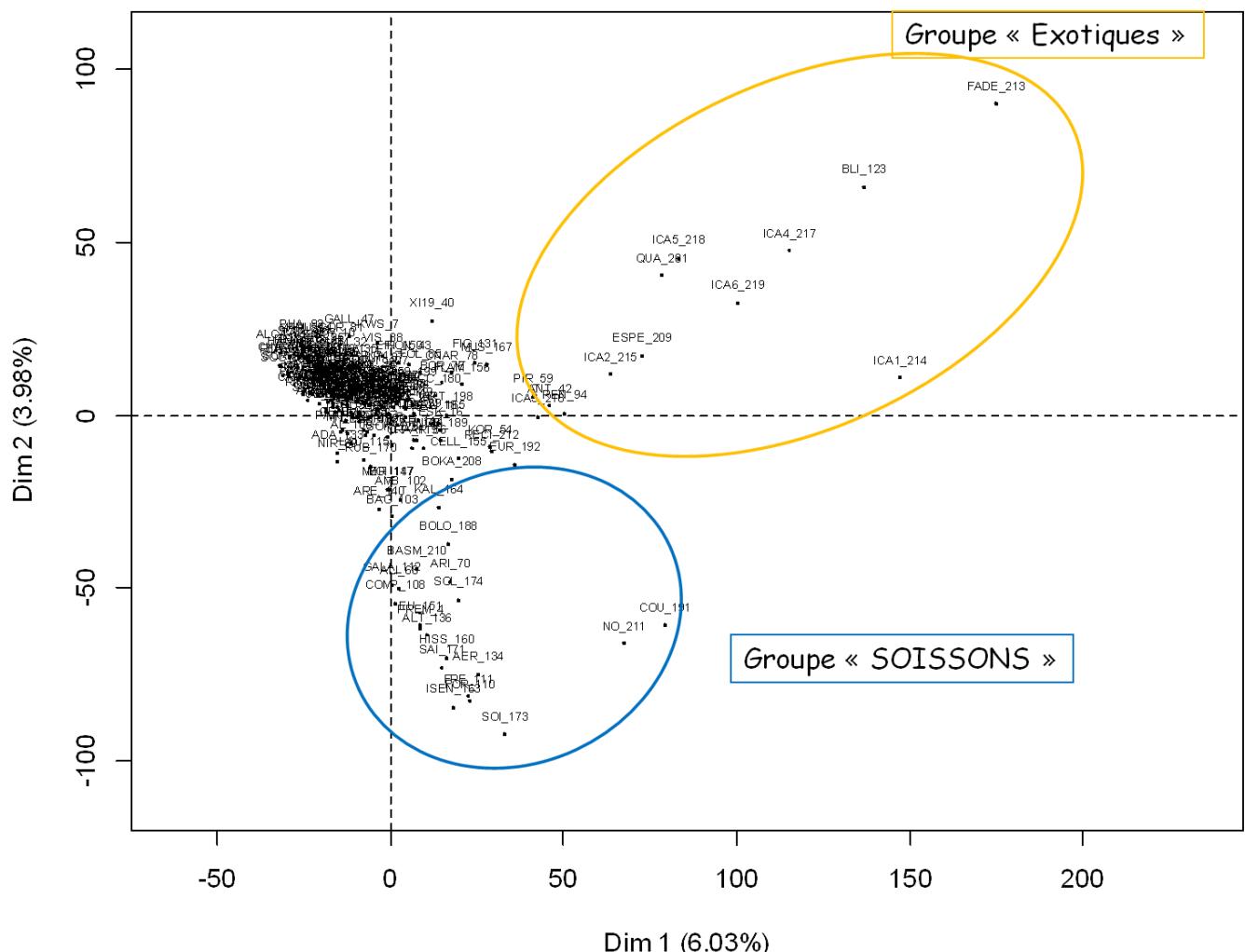
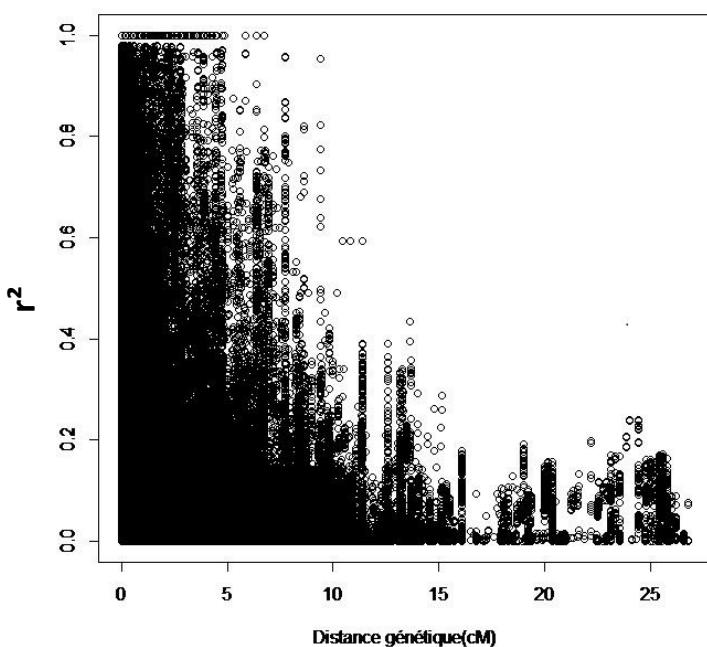


Figure 12 – Analyse en composante principale (ACP) de la population d'étude du programme Breedwheat.

Décroissance du déséquilibre de liaison du chromosome 3B



Décroissance du déséquilibre de liaison du chromosome 4B

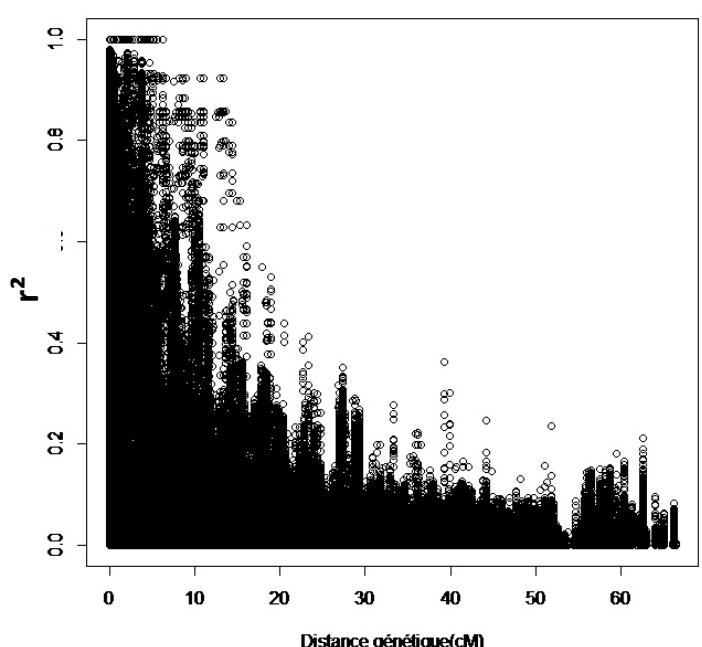


Figure 13 – Représentation du déséquilibre de liaison des chromosomes 3B et 4B.

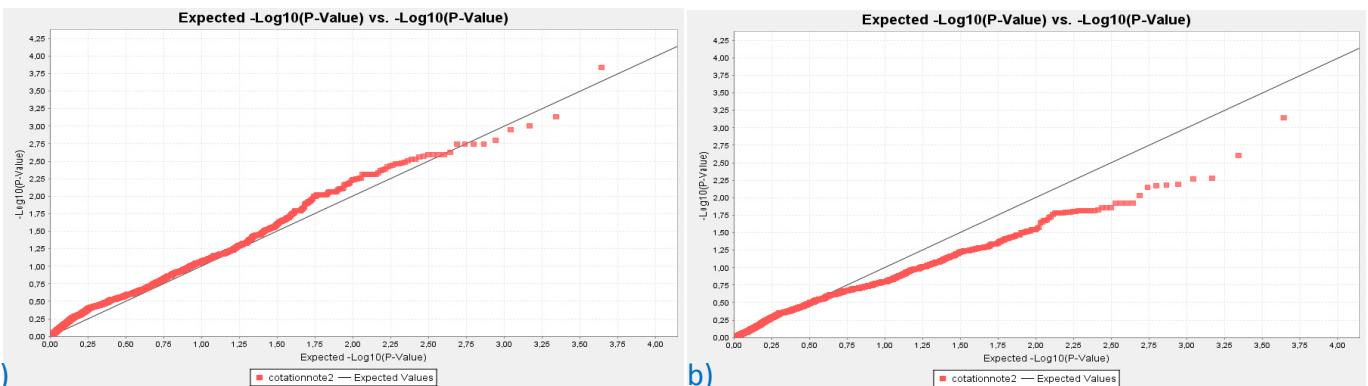
- Les variétés du deuxième groupe sont issues du parent fondateur MOULIN. Les variétés CHARGER, TREMIE et CAPHORN sont les variétés principales de ce groupe où figurent nombre de leurs descendants. Une grande sensibilité à FHB, coté 2 à 3 par le CTPS et la présence du gène *Rht-D1* sont les caractéristiques du groupe.
- Un troisième groupe se distingue par la présence de variétés britanniques. CLAIRE est l'une des variétés principales de ce groupe avec la variété ROBIGUS qui est issu de blés synthétiques.
- Issue d'un fond génétique français, les variétés de cet embranchement constituent un quatrième groupe avec comme variétés principales ANDALOU, PRIMO et CROISADE.
- Le cinquième groupe se caractérise par des variétés plus ou moins hautes, à fond génétique allemand, belge et de l'Europe de l'Est. Les variétés les plus connues sont OXEBO, MANAGER, et EPHOROS.
- Les variétés du sixième groupe ont comme point commun la présence du gène *Pch1* pour la plupart, lié à la résistance au piétin-verse. Ce gène a été introduit dans le pool génétique français à l'aide d'une variété VPM, élaborée par l'INRA dans les années 70 et dérivé du parent ancestral du blé *Aegilops ventricosa*. Les variétés de ce groupe présentent une sensibilité importante à FHB car leur cotation du CTPS est de 2 à 4.

L'analyse de l'apparentement du panel a ainsi permis de connaître la structuration génétique des individus entre eux qui impacte directement la dynamique du déséquilibre de liaison et le nombre de fausse association induite. Issu du même embranchement d'origine, les six groupes identifiés constitueront la population sur laquelle la génétique d'association va être appliquée, d'où une taille de population ramenait à 189 individus.

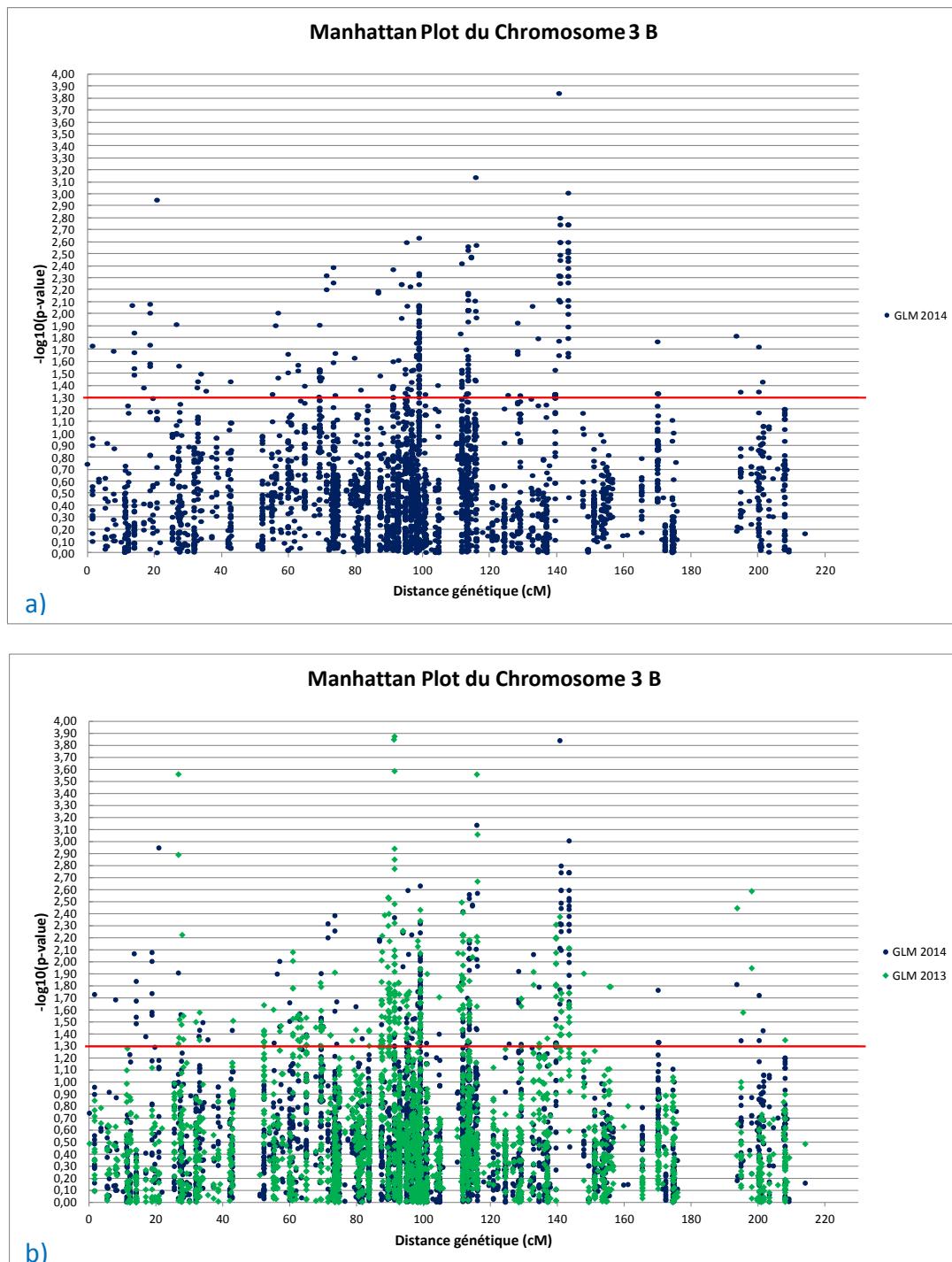
Seuls les résultats de l'étude d'association sur les chromosomes 3B et 4B seront montrés dans ce rapport pour de multiples raisons : 1) de récentes publications ont montrées l'implication de régions chromosomiques appartenant aux 3B et 4B dans la résistance à FHB par analyse d'association génétique, 2) le chromosome 3B possède une forte densité de marquage, 3) le chromosome 4B possède le gène de nanisme *Rht-B1*, avec lequel de nombreuses interactions avec les QTLs de résistance à FHB ont été publiés et 4) le maniement des jeux de données des chromosomes 3B et 4B permettra d'effectuer l'analyse des autres chromosomes de manière plus pertinente.

### 3. Déséquilibre de liaison des chromosomes 3B et 4B

La Figure 13 représentent la décroissance du déséquilibre de liaison (DL) sur les chromosomes 3B et 4B. Nous observons que le DL est décroissant de façon continue en fonction de la distance génétique, et qu'il n'y a pas de forte valeur de DL pour des distances



**Figure 14 – Diagramme du quantile-quantile obtenu sur les données du chromosome 3B avec a) le modèle linéaire général(GLM) et b) le modèle linéaire mixte (MLM).**



**Figure 15 – Manhattan plot du chromosome 3B représentant les valeurs logarithmiques négatives en fonction de la distance génétique, obtenues avec le modèle GLM. a)résultats sur les données de 2014 et b) compilation des résultats sur les données de 2014 et 2013**

élevées. Pour le chromosome 3B, 67% des marqueurs SNP sont significativement en DL ( $p<0.05$ ) avec un coefficient moyen de  $r^2=0.29$  entre paires de marqueurs voisins. En dessous de 10 cM, le coefficient moyen entre paires de marqueurs est de  $r^2=0.04$ . Sur le chromosome 4B, le nombre de marqueurs en DL est plus faible avec 58%, ce qui est cohérent avec la densité de marquage (3279 SNP contre 4394 SNP pour le chromosome 3B). La moyenne du  $r^2$  est de 0.14 entre paires de marqueurs voisins avec une forte décroissance à partir de 20cM avec en moyenne un  $r^2=0.03$  en dessous de cette distance.

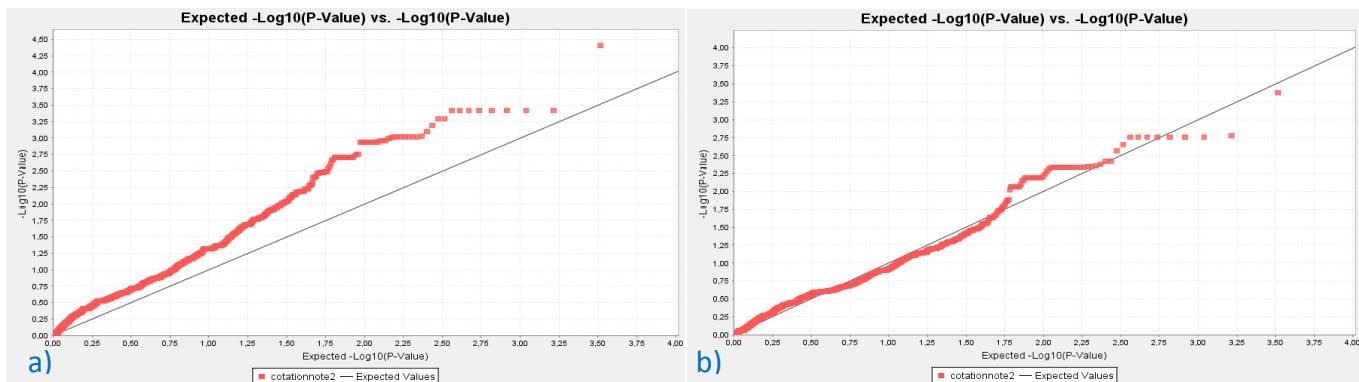
#### **4. Résultats d'association génétique sur le chromosome 3B**

Plusieurs modèles statistiques ont été testés sur les données génotypiques et phénotypiques du panel Breadwheat. A l'aide du diagramme quantile-quantile, ou QQplot en anglais, présenté par la Figure 14, nous pouvons vérifier la validité des modèles. Les diagrammes montrent la distribution des valeurs de probabilités attendues (expected p-value) sur une échelle logarithmique négative en fonction des valeurs de probabilités observées, également en échelle logarithmique négative. La diagonale représente la distribution sous l'hypothèse nulle qu'aucun marqueur SNP n'est associé au caractère étudié. Sur la Figure 14, nous observons que le modèle linéaire général (GLM) est plus adapté que le modèle linéaire mixte (MLM) prenant en compte l'apparentement des variétés, car les p valeurs du modèle GLM suivent la diagonale de distribution sous l'hypothèse nulle. Avec le MLM, nous observons une nette déviation de la distribution des p-valeurs, ce qui suggère que ce modèle statistique n'est pas valide et que les associations données par ce modèle ne sont pas fiables. En revanche, avec le modèle GLM, nous pouvons noter que quelques marqueurs s'écartent de la diagonale quand les p-valeurs espérées sont élevées. Ainsi, ces déviations à la diagonale traduisent que ces quelques marqueurs sont associés au phénotype. Contrairement à ce que l'on pouvait attendre, ce résultat montre qu'il est plus pertinent de ne pas prendre en compte l'apparentement des variétés entre elles pour obtenir des associations génétiques fiables sur le chromosome 3B.

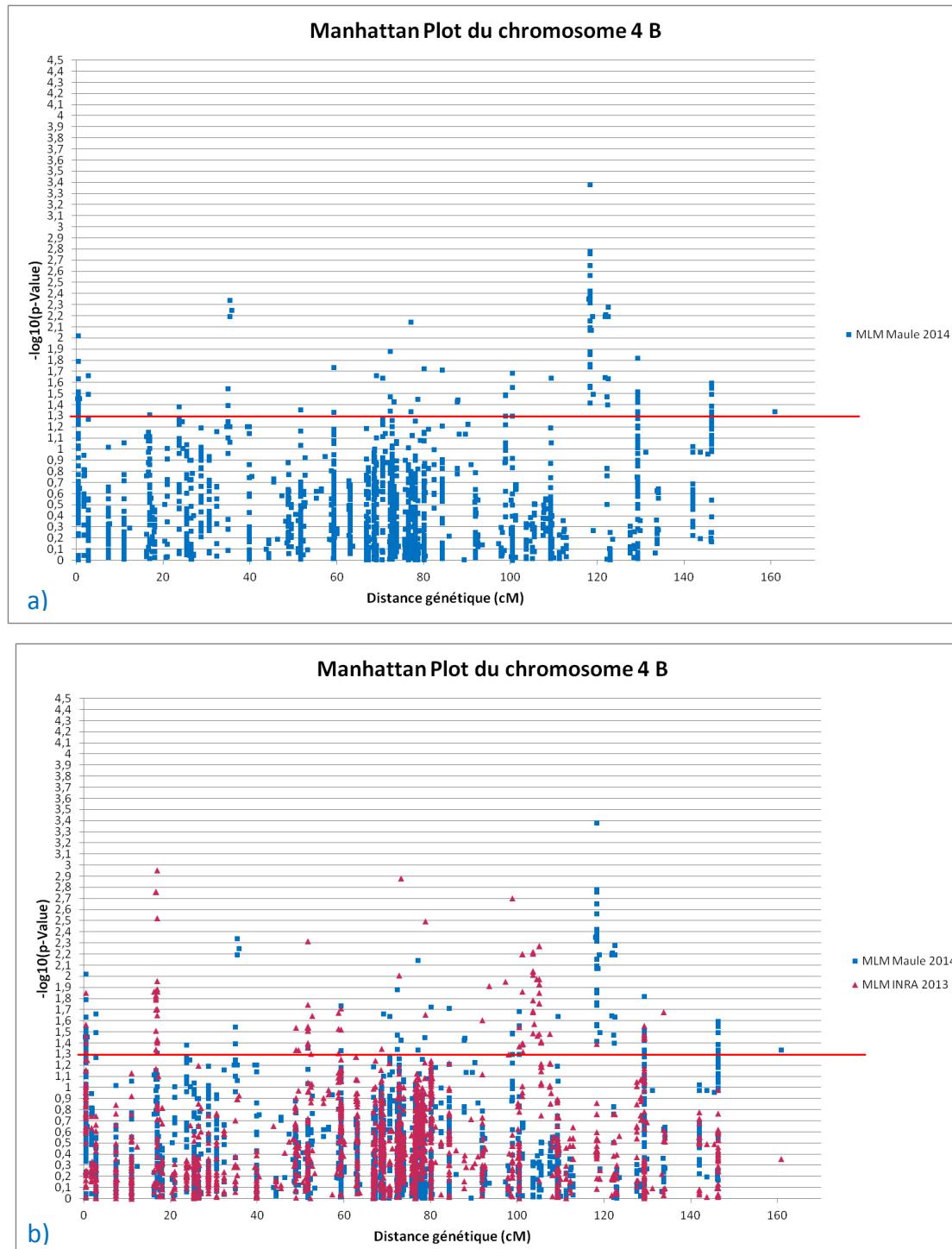
Après validation du modèle statistique, nous pouvons désormais nous intéresser aux marqueurs SNP associés à la fusariose et par conséquence aux régions chromosomiques impliquées dans la résistance à la fusariose.

Le Manhattan plot, présenté en Figure 15, permet de représenter les associations des marqueurs SNP selon leur position génétique le long du chromosome en fonction des p-valeurs exprimés en logarithmique négative. Dans notre cas, une association a été jugée significative au seuil de 5%, soit  $-\text{LogP}>1,30$  et  $P<0,05$ .

L'analyse GLM permet de trouver 247 associations significatives, soit 5,6% de marqueurs SNP associés à la fusariose sur le chromosome 3B avec des valeurs logarithmiques allant de 1,30 à 3,83. Quarante-deux pour cent des associations se trouvent aux alentours de 99 à 111 cM, et 19% à une distance de 114cM. Trois marqueurs (AX-89453826, AX-89583468, AX-89475919) sont hautement significatifs avec des  $-\text{LogP}=3,84$  ; 3,14 et 3,01 et situés à 21, 140 et 116 cM respectivement. Ces marqueurs expliquent 9, 7 et 5% de la variance phénotypique observée.



**Figure 16 – Diagramme du quantile-quantile obtenu sur les données du chromosome 4B avec a) le modèle linéaire général(GLM) et b) avec le modèle linéaire mixte (MLM).**



**Figure 17 – Manhattan plot du chromosome 4B représentant les valeurs logarithmiques négatives en fonction de la distance génétique, obtenues avec le modèle MLM. a)résultats sur les données de 2014 et b) compilation des résultats sur les données de 2014 et 2013**

De plus, la comparaison avec les données de l'INRA de 2013 effectué dans un environnement différent a été réalisée avec le même modèle GLM. Cette comparaison permet d'obtenir les mêmes zones chromosomiques associées avec les p valeurs plus élevées. Quatre cent trente-sept associations significatives ont été trouvées avec 22,6% des associations situées à 99-111cM, 4% situées à 113 cM et 11% situées à 140 cM (Figure 15).

## 5. Résultat d'association génétique sur le chromosome 4B

L'observation des QQ plot, représentés sur la Figure 16, permet de valider le modèle MLM pour l'analyse des données du chromosome 4B. La distribution des p valeurs du modèle MLM suit la diagonale sous l'hypothèse nulle, avec quelques marqueurs déviés lors de forte p-valeurs espérées. Le modèle MLM est donc retenu.

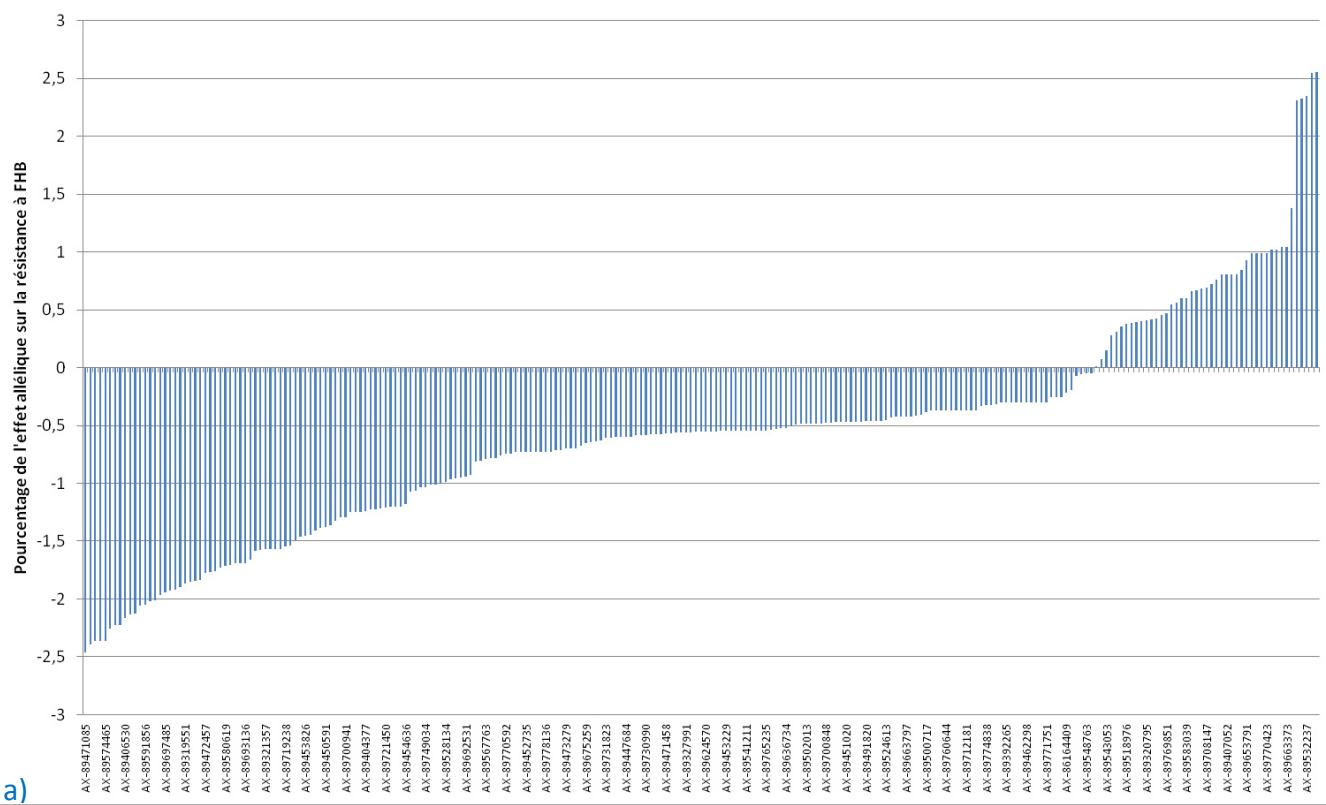
Le Manhattan plot, présenté en Figure 17, nous permet de distinguer trois zones chromosomiques associées au caractère. Cent vingt-sept associations significatives sont trouvées avec 36% des marqueurs associés aux alentours de 118 cM, 9% aux alentours de 70-87 cM, et 13% situés entre 0 et 2 cM. Les associations sont plus faibles, car les valeurs logarithmiques vont de 1,30 à 3,37. Toutefois, la proportion de variances phénotypiques expliquée par marqueurs associés varie de 2 à 9%. Il est couramment estimé (J.Bordes, communication personnelle) qu'à partir de 5% d'explication de la variance phénotypique, les marqueurs associés sont jugés très intéressants à étudier de façon plus spécifique.

La comparaison avec les données de l'INRA de 2013 ne permet pas de retrouver les mêmes zones chromosomiques associées. En effet, 151 associations sont trouvées sur trois zones majeures situées à 16, 51 et 100-103 cM avec 23, 18, 23,4% de marqueurs associés, respectivement. Les associations sont faibles puisque l'association la plus significative a une valeur logarithmique de  $-\log P=2,95$  (figure 17).

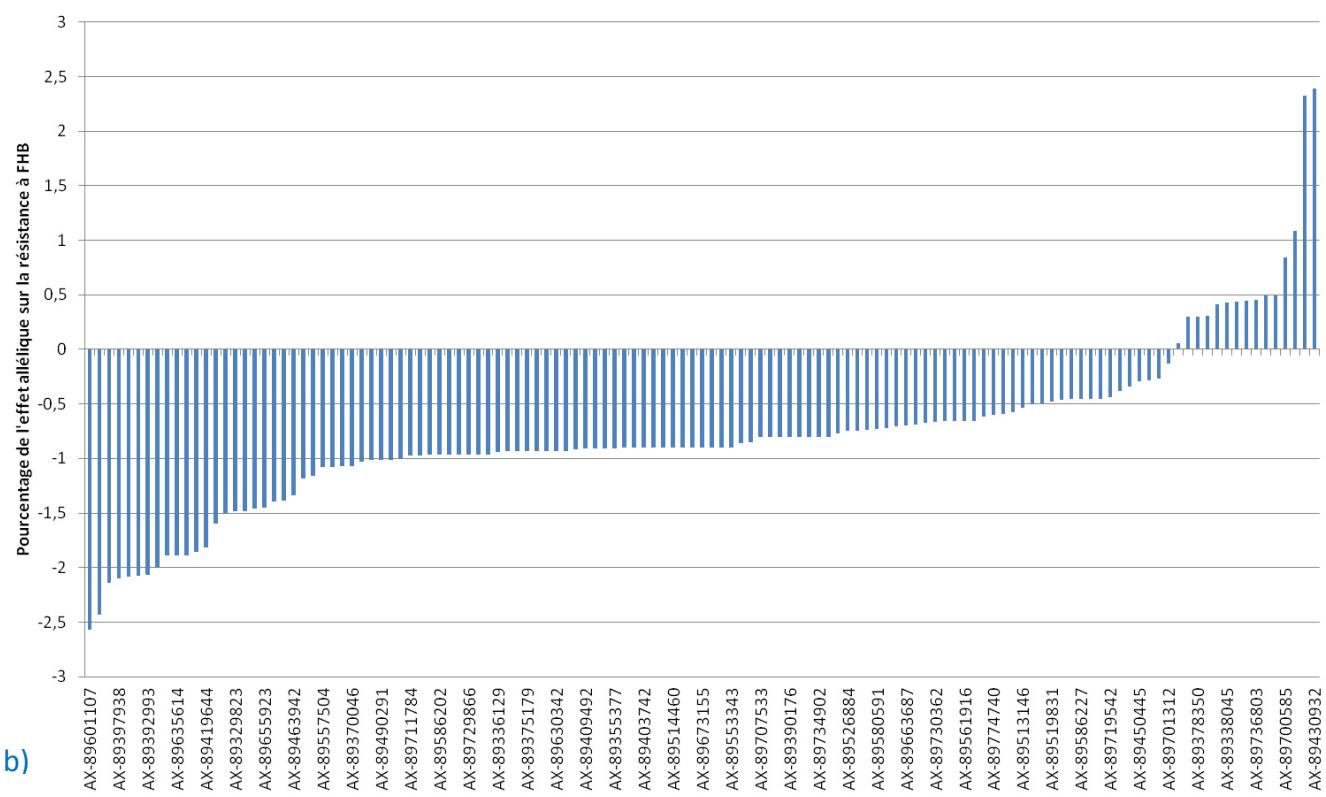
## 6. Effet allélique des marqueurs associés

Les analyses GLM et MLM ont également permis d'obtenir l'information de l'effet allélique des marqueurs associés au phénotype. En effet, sur la Figure 18, nous pouvons voir que 82 et 88% des marqueurs associés à la résistance à la fusariose sur le chromosome 3B et 4B respectivement ont un allèle à effet négatif sur la résistance. Nous pouvons voir que la majorité des allèles ont un effet défavorable inférieure à 1% sur la résistance des variétés à FHB mais certains allèles peuvent avoir jusqu'à 2,5% d'effet négatif sur la résistance. Néanmoins, quelques allèles favorables sont présents, avec un bénéfice maximum de 2,5%, ce qui représentent 4 et 1,5% des marqueurs associés sur les chromosomes 3B et 4B respectivement.

### Effet allélique des marqueurs associés à FHB sur le chromosome 3B



### Effet allélique des marqueurs associés à FHB sur le chromosome 4B



**Figure 18 – Histogramme des effets alléliques des marqueurs associés à la résistance à FHB sur a) le chromosome 3B et sur b) le chromosome 4B**

## ***IV. Discussion***

### **1. Variabilité du caractère étudié**

La fusariose de l'épi de blé est un caractère complexe à étudier tant vis-à-vis des paramètres environnementaux favorisant l'infection, que du timing très précis permettant la notation de la fusariose. La conduite de l'essai expérimental de Maule a permis d'optimiser les attaques du pathogène sur les épis de blés puisque le système de brumisation a maintenu une humidité élevée lors de la période de floraison des blés. Au cours de cette période, les températures froides et les pluies du mois de mai ont rallongé de 5 à 6 jours le cycle de floraison causant des imprécisions sur les notations. De plus, malgré la disposition en bloc de précocité, le stade de floraison des variétés n'a pas été correctement identifié ce qui a entraîné une difficulté sur la constitution des groupes de notation pour la fusariose.

Concernant la contamination artificielle de l'essai, elle a été jugée correcte selon le comportement infectieux des 3 témoins répétés sur l'ensemble du dispositif. Ainsi, nous pouvons supposer que la préparation de l'inoculum a bien été réalisée et que le processus de congélation n'a pas totalement altéré les spores, laissant au minimum 50% de spores viables lors de l'aspersion. Cependant, les conditions de préparation de l'inoculum sont à améliorer puisque 10 à 20% des boîtes inoculées n'ont pas eu de sporulation. Des paramètres de la chambre d'incubation sont principalement en cause : l'alternance jour/nuit de 12h a été installée en cours de culture, et il n'a pas été possible de retirer les caches des néons pour raison de sécurité. De plus, le pH des milieux de culture n'a pas été ajusté lors de la fabrication des milieux. Néanmoins, la qualité de spores produites a été suffisante pour inoculer l'ensemble du dispositif.

L'analyse des 3 témoins a également permis de valider le contrôle de l'hétérogénéité du terrain. Les six blocs de précocité ont pu être traités de la même façon, mais pas les groupes de notations de la fusariose. En effet, nous avons vu que la précocité des variétés avait un impact important sur la notation de la fusariose. Cet effet a été corrigé par la méthodologie de cotation, en vigueur au CTPS, pour l'inscription des variétés au catalogue officiel. Ainsi, la comparaison des variétés entre elles a été possible et un classement variétal a été établi. Ce classement nous a permis de voir que les réponses vis-à-vis du pathogène sont très variables selon les variétés, ce qui confirme la nature quantitative de la résistance à FHB et que ce caractère est assez peu héritable, comme énoncé par Miedaner et ses collaborateurs, en 2011.

### **2. Stratification de la population d'étude**

Face au comportement variable des variétés vis-à-vis de FHB, l'étude de diversité génétique sur le panel Breedwheat a tenté de regrouper les variétés en catégorie ayant un ou des dénominateurs communs afin de mieux appréhender la structure génétique de la population. Pour cela, les marqueurs ISBP sont jugés comme marqueurs neutres et composent plus de 80% du génome du blé, d'où l'assurance d'une bonne couverture sur l'ensemble du



génome. Dans notre cas, seul le génome ancestral D a une couverture insuffisante qui s'explique par l'origine de ce génome provenant du blé ancestral diploïde *Aegilops tauschii*, dont on a peu d'information sur la structure génétique. Néanmoins, ce constat est en accord avec les études quantitatives réalisées sur le blé (Buerstmayr *et al.*, 2009). Les résultats de l'ACP ont mis en évidence l'existence de trois groupes comme étant génétiquement éloignés avec une variabilité génétique corrélée aux groupes d'individus et non de façon aléatoire. Le premier groupe concerne des variétés Exotiques, non cultivées en Europe. Ces variétés sont syriennes, destinées à des terroirs aux sols asséchant avec des précocités avancées, de type blé de printemps d'où une croissance rapide, sans sensibilité à la photopériode. Le deuxième groupe est issu d'une variété fondatrice : SOISSONS. Cette variété a été inscrite en 1988 par l'obtenteur Florimond Desprez, et provient de fond génétique américain. Les variétés issues de croisement avec cette variété ont conservé une partie du fond génétique américain, malgré leur adaptation aux conditions climatiques et culturelles françaises puisque les marqueurs IBSP mettent en relief une variabilité génétique fortement corrélée aux individus de ce groupe.

Au vu des résultats de l'ACP, il semble évident d'écartier les deux groupes identifiés de l'analyse GWAS. Cependant, l'élimination du groupe SOISSONS interroge puisque ce groupe représente une grande partie des ressources génétiques françaises, utilisé aujourd'hui par les sélectionneurs comme géniteurs pour les futures variétés. De plus, la variabilité en termes de sensibilité à la FHB semble être intéressante dans ce groupe, car l'étendue des réponses à FHB semble proche de celle observée sur le reste de la population.

Malgré que l'inertie de l'ACP explique uniquement 10% de la variabilité de la population totale, les marqueurs ISBP montrent bien une différence des fréquences alléliques de ce groupe par rapport au reste de la population. Par conséquent, inclure ce groupe dans l'analyse GWAS augmenterait la probabilité de fausses associations. Au final, nous avons pris le parti de limiter le risque des fausses associations en éliminant les deux groupes génétiquement éloignés de l'étude. Toutefois, la mise à l'écart des deux groupes ramène la taille de la population d'étude pour une analyse GWAS à 189 individus. Cette taille de population a pour conséquence directe une diminution de la puissance des associations obtenues. En effet, il est préconisé de travailler sur des populations de taille égale aux études de QTLs, c'est-à-dire minimum entre 300 et 500 individus afin de garantir une puissance statistique suffisante aux associations obtenues (Jacques BORDES, communication personnelle). Par rapport à d'autres études similaires, la taille de notre population est donc plus petite que celle étudiée par Kollers avec 372 individus et par Miedaner avec 455 individus. Ainsi, la réalisation du même type d'étude sur une population comportant des centaines d'individus ayant le même fond génétique semblerait plus pertinente en termes de significativité des associations obtenues, même si la grande taille de cette population amène des contraintes vis-à-vis de la caractérisation phénotypique de celle-ci.



### 3. Résolution du déséquilibre de liaison

Nous pouvons dire que pour les chromosomes 3B et 4B, l'absence de marqueurs en fort déséquilibre de liaison sur de longues distances signifie que la population d'étude ne présente pas de mélange de plusieurs sous populations et qu'il n'y a pas de co-sélection de loci influençant un caractère adaptatif (Wang *et al.*, 2005). L'étendue du DL de 10 et 20 cM entre marqueurs en déséquilibre sur les chromosomes 3B et 4B respectivement est en accord avec les publications de (Hao *et al.*, 2012)(Kollers *et al.*, 2013), traduisant une résolution modérée adaptée à une approche de génétique d'association sur génome complet.

### 4. Associations génétiques établies sur les chromosomes 3B et 4B

Deux modèles statistiques ont été utilisés dans cette étude pour effectuer les analyses d'association génétique sur les chromosomes 3B et 4B. L'application de ces deux modèles a donné des résultats différents sur les deux chromosomes. En effet, nous avons pu voir selon les QQplot que le modèle GLM était plus adapté à l'analyse du chromosome 3B et inversement, le modèle MLM était plus adapté aux prédictions du chromosome 4B. Cette différence de modèle statistique entre les deux chromosomes soulève des interrogations sur la pertinence des modèles employés. La structure génétique des chromosomes pourrait être l'une des raisons possibles expliquant cette différence. Nous avons vu que l'étendue du DL est plus grande sur le chromosome 4B que sur le chromosome 3B, ce qui traduirait un taux de recombinaison plus important sur le chromosome 3B. Cette explication est toutefois à nuancer, car le chromosome 3B a une plus forte densité de marquage que le 4B. La seconde hypothèse évoquée pour améliorer la fiabilité des prédictions serait l'intégration de données de structuration via le logiciel STRUCTURE par exemple. Au vu des résultats de la stratification de la population, ces données jouent un rôle important dans les prédictions d'association.

Malgré ces différences l'analyse effectuée sur le chromosome 3B, met en évidence 247 et 437 associations significatives sur les données de 2014 et de 2013. Les mêmes zones chromosomiques impliquées dans la résistance à la fusariose sont retrouvées sur deux années consécutives, aux conditions pédoclimatiques différentes. Ces résultats suggèrent que les associations mises en évidence sont significatives.

La région située entre 13 et 21cM, est une zone déjà répertoriée par plusieurs études QTLs (Löffler *et al.*, 2009) mais nous ne pouvons pas affirmer la concordance de cette zone avec ces études. En effet, l'ordonnancement des marqueurs n'est pas connu à ce jour et une vérification de la position génétique des marqueurs associés par rapport aux marqueurs déjà cartographiés et connus dans la littérature est nécessaire à la validation des concordances.

Sur le chromosome 4B, les associations sont plus discutables, car les zones chromosomiques impliquées dans la résistance sont différentes entre 2014 et 2013. Il est avéré que la présence du gène de nanisme, *Rht-B1*, sur le chromosome 4B influence fortement les réponses phénotypiques à FHB (Miedaner *et al.*, 2011) ; (Srinivasachary *et al.*, 2009). Par



conséquent, on pourrait s'attendre à ce que l'effet de ce gène modifie les résultats d'association, ce qui expliquerait la différence entre les résultats d'association obtenus pour 2014 et 2013. Une fois de plus, l'ordonnancement des marqueurs associés pourrait valider l'hypothèse de la co-localisation de *Rht-B1* avec les régions chromosomiques de résistance à FHB. Cependant, nous ne pourrons pas voir l'effet d'interaction entre *Rht-B1* et les régions chromosomiques.

Parmi les associations obtenues, certains marqueurs sont trouvés hautement significatifs et expliquent plus de 5% de la variation phénotypique. Ces marqueurs semblent intéressants dans une perspective d'approche gène candidat sous réserve de confirmation des zones impliquées dans le caractère étudié.

Enfin, les effets alléliques démontrés dans cette étude ont permis de mettre en avant que la majorité des allèles associés ont un effet défavorable vis-à-vis de la résistance à FHB. L'amplitude de ces effets est variable, mais certains allèles apparaissent comme étant favorables à la résistance à FHB, comme énoncé dans les travaux de Hao de 2012. Ainsi, cette observation évoque une perspective encourageante de sélection assistée par marqueur à intégrer dans les programmes de sélection pour aboutir à des variétés de blé plus résistantes à FHB, sans les effets néfastes des gènes de nanisme.



## **Conclusion**

Au niveau mondial, le blé est la base alimentaire de plus de deux milliards d'individus. L'une des maladies fongiques la plus importante est la fusariose de l'épi, appelée FHB pour Fusarium Head Blight. Cette maladie est induite par de nombreux agents pathogènes fongiques dont le principal genre est *Fusarium*. L'espèce *Fusarium graminearum* est le champignon majoritairement responsable des symptômes de FHB sur épi dont la particularité est d'échauder les grains de blé et de produire une mycotoxine, appelée déoxynivalénol (DON). Cette toxine est dangereuse pour la santé humaine et a la particularité de s'accumuler dans les grains infectés par le champignon. La lutte contre ce champignon est essentiellement basée sur le choix des variétés ayant une résistance correcte à la fusariose. Cependant, le nombre de variétés de blé qui ont une bonne résistance à FHB est très restreint sur le marché français. En effet, la génétique de cette maladie semble impliquer de nombreux QTLs à effet mineur reflétant le caractère quantitatif de cette maladie. Le caractère complexe de la résistance à la fusariose est propice aux études de génétique quantitative, qui ont été menées dans de nombreux projets de recherche pour créer de nouvelles variétés plus résistantes. C'est notamment le cas au sein du programme « Breedwheat » qui est un projet collaboratif de recherche dont l'objectif est d'améliorer la compétitivité de la France à travers une production durable de blé de qualité. La résistance à la fusariose de l'épi est l'une des thématiques de recherche abordée dans ce programme avec comme méthodologie d'approche une étude de génétique d'association (GWAS) sur un panel variétal de 220 variétés.

Cette étude a impliqué la mise en place d'un dispositif expérimental visant à caractériser les variétés vis-à-vis de leur sensibilité à FHB, ce qui constitue les données de phénotypage. La conduite du dispositif a nécessité l'installation d'un système de brumisation afin de favoriser le développement du champignon, mais également de réaliser une contamination artificielle par aspersion pour garantir la présence de l'espèce *F. graminearum*, responsable des symptômes notés en cours de culture. Dépendantes de la précocité des variétés, les notations enregistrées ont été transformées par la méthode de cotation, permettant ainsi la comparaison de la sensibilité des variétés entre elles. L'analyse de ce dispositif nous a permis de voir que les réponses aux attaques de *F. graminearum* sont très variables d'une variété à l'autre, avec une étendue très importante de sensibilité, ce qui a confirmé le caractère quantitatif de la maladie.

Pour relier ce caractère quantitatif à une variabilité génétique dans une approche GWAS, la structuration de la population d'étude est importante à considérer. L'ACP et le dendrogramme nous ont permis d'exclure deux groupes génétiquement distincts de la majorité des variétés du panel. En effet, les variétés du premier groupe « Exotiques » ont une variabilité génétique liée à l'origine syrienne des individus et les variétés du deuxième groupe ont une variabilité génétique corrélée avec le parent fondateur SOISSONS, d'origine américaine. Ainsi, le panel variétal a été réduit à 189 variétés au lieu de 220 au départ.

Les résultats des associations obtenues entre les données de phénotypage et de génotypage sur les chromosomes 3B et 4B ont permis de mettre en évidence respectivement 247 et 127 associations significatives. Les régions associées du chromosome 3B sont



similaires entre les résultats obtenus avec les données de l'INRA de Clermont Ferrand et ceux de l'essai de Maule, ce qui n'est pas le cas pour le chromosome 4B. En effet, les résultats divergents entre les deux lieux ce qui a soulevé l'hypothèse de la co-localisation du gène de nanisme Rht-B1, situé sur le chromosome 4B, pourrait avoir un effet sur le résultat des associations obtenues.

A ce jour, il est difficile de savoir si les régions chromosomiques obtenues correspondent à des QTLs identifiées dans la littérature scientifique, car l'ordonnancement des marqueurs employés sur les chromosomes n'est pas connu. Il est donc nécessaire de vérifier cette information et connaître éventuellement les fonctions biologiques assignées aux marqueurs pour d'affirmer ou non la significativité des associations obtenues.

Lors de l'analyse, nous avons pu remarquer que les prédictions les plus pertinentes étaient données par deux modèles statistiques différents. Sur le chromosome 3B, le modèle GLM est plus adapté que le modèle MLM et inversement pour le chromosome 4B. Cette différence nous amène à réfléchir aux paramètres des modèles statistiques utilisés. Il semble évident qu'il faut ajuster les modèles, notamment par la structuration de la population qui n'a pas été prise en compte comme facteur fixe dans les modèles utilisés. Ces modifications devraient permettre d'éviter les faux positifs et de conforter les résultats.

Un point important est à souligné dans cette étude, c'est la taille de la population jugée trop petite. En effet, la réduction de la population à 189 individus a un impact direct sur la puissance des analyses réalisées. Ainsi, il serait intéressant de mener la même étude sur une population plus grande, comportant 300 à 1000 individus pour augmenter le niveau de significativité des associations et limiter les faux positifs.

Toutefois, pour certains marqueurs associés, la proportion de la variance phénotypique expliquée est supérieure à 5%. Ces marqueurs semblent intéressants dans une perspective d'approche de gène candidat.

Nous avons également constaté que parmi les marqueurs associés, l'effet allélique sur la résistance à FHB est majoritairement négatif, et peut varier de -0,3 à -2,5%. Parmi ces effets, certains allèles sont associés favorablement à la résistance à FHB. Quelques-uns ont un effet pouvant atteindre jusqu'à 2,5% de la variance phénotypique.

L'ensemble de ces résultats montre qu'il est évident d'améliorer les prédictions afin d'aboutir à des associations fiables. Le maniement des jeux de données sur ces deux premiers chromosomes va permettre l'analyse des 5 autres de manière plus sûre. De plus, les données phénotypiques de l'essai de Bayer CropScience situé à Milly la Forêt (91) devraient ou non renforcer les prédictions établies. Il semble donc possible de sélectionner des segments chromosomiques aux effets favorables à la résistance génétique à FHB, et qu'une application en sélection assistée par marqueurs au sein des programmes de sélection est envisageable, sous réserve de confirmation des régions chromosomiques impliquées par d'autres études d'association réalisée sur de grandes populations.



## Références Bibliographiques

**Ballois, N.** (2012) Caractérisation de la diversité des espèces de Fusarium et de leur potentiel mycotoxicogène sur les céréales françaises., Nancy: Université de Lorraine. 33p.

**Bily, A.C., Burt, A.J., Ramputh, A.-I., Livesey, J., Regnault-Roger, C., Philogène, B.R. and Arnason, J.T.** (2004) HPLC-PAD-APCI/MS assay of phenylpropanoids in cereals. *Phytochem. Anal.*, **15**, 9–15.

**Bordes, J., Goudemand, E., Duchalais, L., et al.** (2014) Genome-wide association mapping of three important traits using bread wheat elite breeding populations. *Mol. Breed.*, **33**, 755–768.

**Bottalico, A. and Perrone, G.** (2002) Toxigenic Fusarium species and Mycotoxins Associated with Head Blight in Small-Grain Cereals in Europe. *Eur. J. Plant Pathol.*, **108**, 611–624.

**Buerstmayr, H., Ban, T. and Anderson, J.A.** (2009) QTL mapping and marker-assisted selection for Fusarium head blight resistance in wheat: a review. *Plant Breed.*, **128**, 1–26.

**Dean, R., Kan, J.A.L. Van, Pretorius, Z.A., et al.** (2012) The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. *Mol. Plant Pathol.*, **13**, 414–430.

**Desmond, O.J., Manners, J.M., Stephens, A.E., Maclean, D.J., Schenk, P.M., Gardiner, D.M., Munn, A.L. and Kazan, K.** (2008) The Fusarium mycotoxin deoxynivalenol elicits hydrogen peroxide production, programmed cell death and defence responses in wheat. *Mol. Plant Pathol.*, **9**, 435–445.

**Goswami, R.S. and Kistler, H.C.** (2004) Heading for disaster: *Fusarium graminearum* on cereal crops. *Mol. Plant Pathol.*, **5**, 515–525.

**Hao, C., Wang, Y., Hou, J., Feuillet, C., Balfourier, F. and Zhang, X.** (2012) Association Mapping and Haplotype Analysis of a 3.1-Mb Genomic Region Involved in Fusarium Head Blight Resistance on Wheat Chromosome 3BS. *PLoS ONE*, **7**.

**Kollers, S., Rodemann, B., Ling, J., et al.** (2013) Whole Genome Association Mapping of Fusarium Head Blight Resistance in European Winter Wheat (*Triticum aestivum* L.). *PLoS ONE*, **8**.

**Li, G. and Yen, Y.** (2008) Jasmonate and Ethylene Signaling Pathway May Mediate Fusarium Head Blight Resistance in Wheat. *Crop Sci.*, **48**, 1888.

**Löffler, M., Schön, C.-C. and Miedaner, T.** (2009) Revealing the genetic architecture of FHB resistance in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) by QTL meta-analysis. *Mol. Breed.*, **23**, 473–488.

**Miedaner, T., Würschum, T., Maurer, H.P., Korzun, V., Ebmeyer, E. and Reif, J.C.** (2011) Association mapping for Fusarium head blight resistance in European soft winter wheat. *Mol. Breed.*, **28**, 647–655.



**Montibus, M.** (2013) *Mécanismes moléculaires impliqués dans la modulation de la production de trichothécènes de type B par Fusarium graminearum en réponse au stress oxydant*. Doctorat. Université Sciences et Technologies - Bordeaux I. 424p

**Osborne, L.E. and Stein, J.M.** (2007) Epidemiology of Fusarium head blight on small-grain cereals. *Int. J. Food Microbiol.*, **119**, 103–108.

**Parry, D.W., Jenkinson, P. and McLEOD, L.** (1995) Fusarium ear blight (scab) in small grain cereals—a review. *Plant Pathol.*, **44**, 207–238.

**Pestka, J.J. and Smolinski, A.T.** (2005) Deoxynivalenol: toxicology and potential effects on humans. *J. Toxicol. Environ. Health B Crit. Rev.*, **8**, 39–69.

**Rocha, O., Ansari, K. and Doohan, F.M.** (2005) Effects of trichothecene mycotoxins on eukaryotic cells: A review. *Food Addit. Contam.*, **22**, 369–378.

**Srinivasachary, Gosman, N., Steed, A., Hollins, T.W., Bayles, R., Jennings, P. and Nicholson, P.** (2009) Semi-dwarfing Rht-B1 and Rht-D1 loci of wheat differ significantly in their influence on resistance to Fusarium head blight. *Theor. Appl. Genet.*, **118**, 695–702.

**Trail, F.** (2009) For Blighted Waves of Grain: Fusarium graminearum in the Postgenomics Era. *Plant Physiol.*, **149**, 103–110.

**Wang, W.Y.S., Barratt, B.J., Clayton, D.G. and Todd, J.A.** (2005) Genome-wide association studies: theoretical and practical concerns. *Nat. Rev. Genet.*, **6**, 109–118.

### Site Internet

**Arvalis** (2013) Fusariooses 2013. [http://www.arvalisinstitutduvegetal.fr/\\_plugins/WMS\\_BO\\_Gallery/page/getElementStream.jspz?id=23553&prop=file](http://www.arvalisinstitutduvegetal.fr/_plugins/WMS_BO_Gallery/page/getElementStream.jspz?id=23553&prop=file) (consulté le 20 avril 2014)

**Choulet, F.** (2014) Marqueurs moléculaires. <https://www6.clermont.inra.fr/umr1095/Equipes/Recherches/SEVEN/Marqueurs-moleculaires> (consulté le 20 août 2014)

**Cuziat, J.** (2011) Cellule de Nageotte - BIOLTROP. *Biol. Trop.* <http://www.bioltrop.fr/spip.php?article359> (consulté le 4 avril 2014)

**Donnat, E.** (2011) Mycotoxines. Comment prévenir et gérer afin de respecter les limites règlementaires. <http://www.acta.asso.fr/apps/accesbase/bindocload.asp?d=7685&identobj=u4OkjOAQ> (consulté le 8 avril 2014)

**Laboratoire National de la Protection des Végétaux** (2008) Toutes Céréales, Détection et Identification des espèces de Fusarium spp. et Microdochium Nivale sur grains de céréales par isolement mycologique semi-selectif et étude microbiologique. [http://draaf.lorraine.agriculture.gouv.fr/IMG/pdf/55\\_02\\_MH-03-16\\_vb\\_cle07c29a.pdf](http://draaf.lorraine.agriculture.gouv.fr/IMG/pdf/55_02_MH-03-16_vb_cle07c29a.pdf) (consulté le 14 avril 2014)

**Renaud, A.** (2010) Exportation records pour les Etats-Unis et la France, en l'absence de la Russie sur le marché du blé tendre. *Agreste Synthèses*. [http://agreste.agriculture.gouv.fr/IMG/pdf\\_synthese1291010.pdf](http://agreste.agriculture.gouv.fr/IMG/pdf_synthese1291010.pdf). (consulté le 8 avril 2014)



**Schaller N.** (2014) Une méta-analyse des prédictions des effets du changement climatique sur les rendements du blé dans le monde. <http://veilleagri.hautetfort.com/archive/2014/04/24/une-méta-analyse-des-predictions-des-effets-du-changement-cl-5358271.html> (consulté le 27 avril 2014)

**Savini, I.** (2009) Les rendements des grandes cultures stagnent-ils? <http://prodinra.inra.fr/ft?id=D5F3F12A-4C52-4862-8568-0237EE064CF4> (consulté le 8avril 2014)



# ANNEXES



# ANNEXE I : Panel variétal du projet « Breedwheat »

| Code BW | Nom de la variété | Année d'inscription | Obtenteur        | Abréviation | Code BW | Nom de la variété | Année d'inscription | Obtenteur         | Abréviation |
|---------|-------------------|---------------------|------------------|-------------|---------|-------------------|---------------------|-------------------|-------------|
| BW001   | APACHE            | 1998                | Limagrain Europe | APA_1       | BW061   | RACINE            | 2010                | Secobra           | RAC_61      |
| BW002   | ALTIGO            | 2007                | Limagrain Europe | ALTi_2      | BW062   | SANKARA           | 2004                | Desprez           | SAN_62      |
| BW003   | BERMUDE           | 2007                | Desprez          | BER_3       | BW063   | SCOR              | 2009                | Arvalis           | SCOR_63     |
| BW004   | PREMIO            | 2007                | RAGT             | PREM_4      | BW064   | SOGOOD            | 2006                | Caussade Semences | SOG_64      |
| BW005   | EINSTEIN          | UK 2002             | Limagrain Europe | EINS_5      | BW065   | SPONSOR           | 1995                | Arvalis           | SPO_65      |
| BW006   | CENTENAIRE        | Belgium 2002        | Arvalis          | CENT_6      | BW066   | SY EPSON          | UK 2011             | Syngenta          | EPS_66      |
| BW007   | KWS PODIUM        | UK 2010             | Momont           | KWS_7       | BW067   | TRAPEZ            | 2009                | Arvalis           | TRA_67      |
| BW008   | AMBITION          | Danemark 2004       | Arvalis          | AMBI_8      | BW068   | ALIZEO            | 2010                | RAGT              | ALI_68      |
| BW009   | CORVUS            | Belgium 1998        | Momont           | CORV_9      | BW069   | ALLEZ Y           | 2010                | Limagrain Europe  | ALY_69      |
| BW010   | HEREWARD          | UK 1989             | RAGT             | HER_10      | BW070   | ARISTOTE          | 2010                | Limagrain Europe  | ARI_70      |
| BW011   | LEAR              | UK 2007             | Limagrain Europe | LEA_11      | BW071   | ATTITUDE          | 2009                | Limagrain Europe  | ATT_71      |
| BW012   | OAKLEY            | UK 2006             | Momont           | OAK_12      | BW072   | ATTLASS           | 2005                | Arvalis           | ATT_72      |
| BW013   | ALCHEMY           | UK 2005             | Limagrain Europe | ALC_13      | BW073   | AZZERTI           | 2010                | RAGT/SERASEM      | AZZE_73     |
| BW014   | AMUNDSEN          | 2007                | Limagrain Europe | AMU_14      | BW074   | BAROK             | 2009                | Agri-Obtentions   | BAR_74      |
| BW015   | CLAIRE            | UK 1997             | Limagrain Europe | CLA_15      | BW075   | BOISSEAU          | 2007                | Arvalis           | BOI_75      |
| BW016   | ESKET             | Germany 2007        | RAGT             | ESK_16      | BW076   | BOREGAR           | 2007                | RAGT/SERASEM      | BOR_76      |
| BW017   | GALVANO           | Danemark 2008       | Momont           | GALV_17     | BW077   | CAMP REMY         | 1980                | Arvalis           | CRE_77      |
| BW018   | GARANTUS          | Poland 2007         | RAGT/SERASEM     | GARA_18     | BW078   | CH NARA           | Switzerland 2009    | Arvalis           | CNAR_78     |
| BW019   | HAUSSMANN         | 2006                | Desprez          | HAU_19      | BW079   | CHARGER           | 1997                | RAGT              | CHA_79      |
| BW020   | ISTABRAQ          | UK 2003             | Limagrain Europe | IST_20      | BW080   | CHEVALIER         | Austria 2006        | Arvalis           | CHE_80      |
| BW021   | JB DIEGO          | UK 2006             | Arvalis          | DIE_21      | BW081   | CORDIALE          | 2005                | RAGT/SERASEM      | COR_81      |
| BW022   | LIMES             | 2002                | Limagrain Europe | LIM_22      | BW082   | CROUSTY           | 1995                | Secobra           | CRO_82      |
| BW023   | MANAGER           | 2006                | Secobra          | MAN_23      | BW083   | DIALOG            | 2007                | Momont            | DIA_83      |
| BW024   | OXEBO             | 2010                | Secobra          | OXE_24      | BW084   | DINOSOR           | 2005                | Arvalis           | DIN_84      |
| BW025   | PAJERO            | Belgium 1995        | Arvalis          | PAJ_25      | BW085   | FOLKLOR           | 2010                | Agri-Obtentions   | FOL_85      |
| BW026   | SY TOLBIAC        | 2012                | Syngenta         | TOL_26      | BW086   | INSTINCT          | 2006                | Syngenta          | INS_86      |
| BW027   | PIERROT           | Danemark 2009       | Arvalis          | PIE_27      | BW087   | INTERET           | 2008                | Syngenta          | INT_87      |
| BW028   | PR22R20           | 2002                | Syngenta         | PR20_28     | BW088   | MARCELIN          | 2009                | Desprez           | MARCE_88    |
| BW029   | RAZZANO           | 2010                | RAGT             | RAZ_29      | BW089   | NIRVANA           | 2001                | RAGT              | NIR_89      |
| BW030   | ROBIGUS           | UK 2002             | Momont           | ROB_30      | BW090   | ORCAS             | Germany 2010        | Secobra           | ORCS_90     |
| BW031   | ROSARIO           | 2004                | Secobra          | ROS_31      | BW091   | PAPAGENO          | Austria 2007        | Caussade Semences | PAPA_91     |
| BW032   | SAMURAI           | 2005                | Arvalis          | SAM_32      | BW092   | PHARE             | 2007                | Desprez           | PHA_92      |
| BW033   | FAIRPLAY          | 2012                | Secobra          | FAY_33      | BW093   | PLAYER            | 2010                | Syngenta          | PLAY_93     |
| BW034   | SELEKT            | 2007                | Momont           | SEL_34      | BW094   | RENAN             | 1989                | Agri-Obtentions   | REN_94      |
| BW035   | SEYRAC            | 2006                | RAGT/SERASEM     | SEYC_35     | BW095   | SEBASTO           | 2007                | RAGT/SERASEM      | SEB_95      |
| BW036   | SOPHYTRA          | 2007                | Limagrain Europe | SOP_36      | BW096   | SOLUTION          | 2007                | Caussade Semences | SOLU_96     |
| BW037   | TIMING            | 2010                | Arvalis          | TIM_37      | BW097   | TAPIDOR           | 2001                | RAGT/SERASEM      | TAP_97      |
| BW038   | VISCOUNT          | UK 2007             | Momont           | VIS_38      | BW098   | TOISONDOR         | 2004                | RAGT/SERASEM      | TOI_98      |
| BW039   | WARRIOR           | UK 2009             | RAGT             | WAR_39      | BW099   | ODYSSEE           | 2012                | Arvalis           | ODY_99      |
| BW040   | XI19              | UK 2001             | Limagrain Europe | XI19_40     | BW100   | ALDRIC            | 2007                | Desprez           | AL_100      |
| BW041   | ALCAZAR           | 2004                | Secobra          | ALCA_41     | BW101   | ALIXAN            | 2005                | Limagrain Europe  | ALIX_101    |
| BW042   | ANTONIUS          | 2006                | Syngenta         | ANT_42      | BW102   | AMBELLO           | 2010                | RAGT              | AMB_102     |
| BW043   | RONSARD           | 2012                | Secobra          | RON_43      | BW103   | BAGOU             | 2007                | Arvalis           | BAG_103     |
| BW044   | EPHOROS           | 2004                | Agri-Obtentions  | EPH_44      | BW104   | BIANCOR           | 2010                | Limagrain Europe  | BIA_104     |
| BW045   | EXPERT            | 2007                | Syngenta         | EXP_45      | BW105   | CAMPERO           | 2006                | Secobra           | CAM_105     |
| BW046   | FLAUBERT          | 2010                | Secobra          | FLA_46      | BW106   | CAPHORN           | 2000                | Desprez           | CAP_106     |
| BW047   | GALLANT           | UK 2007             | Syngenta         | GALL_47     | BW107   | CATALAN           | 2002                | Momont            | CAT_107     |
| BW048   | GLADIATOR         | UK 2002             | RAGT             | GLA_48      | BW108   | COMPIL            | 2010                | Desprez           | COMP_108    |
| BW049   | GLASGOW           | UK 2004             | Arvalis          | GLAS_49     | BW109   | FLUOR             | 2010                | Arvalis           | FLU_109     |
| BW050   | IRIDIUM           | 2007                | Momont           | IRI_50      | BW110   | FORBLANC          | 2009                | Momont            | FOR_110     |
| BW051   | KALAHARI          | Germany 2010        | Limagrain Europe | KAHA_51     | BW111   | FRELON            | 2000                | RAGT              | FRE_111     |
| BW052   | KALYSTAR          | 2010                | Momont           | KALY_52     | BW112   | GALACTIC          | 2007                | Secobra           | GALA_112    |
| BW053   | KOMETUS           | Germany 2011        | Secobra          | KOM_53      | BW113   | HEKTO             | 2009                | RAGT              | HEK_113     |
| BW054   | KORELI            | 2007                | Agri-Obtentions  | KOR_54      | BW114   | KARILLON          | 2010                | Agri-Obtentions   | KAR_114     |
| BW055   | MARKSMAN          | UK 2006             | RAGT             | MAR_55      | BW115   | LORD              | 2009                | Syngenta          | LAU_115     |
| BW056   | PARADOR           | 2000                | Secobra          | PAR_56      | BW116   | LAURIER           | 2012                | Desprez           | LOR_116     |
| BW057   | PEPIDOR           | 2007                | RAGT/SERASEM     | PEP_57      | BW117   | MERCATO           | 2005                | Desprez           | MER_117     |
| BW058   | PERFECTOR         | 2004                | Arvalis          | PER_58      | BW118   | NUCLEO            | 2010                | RAGT              | NUC_118     |
| BW059   | PIRENEO           | Austria 2005        | Arvalis          | PIR_59      | BW119   | ORATORIO          | 1996                | Syngenta          | ORA_119     |
| BW060   | BERGAMO           | 2012                | RAGT             | BERG_60     |         |                   |                     |                   |             |



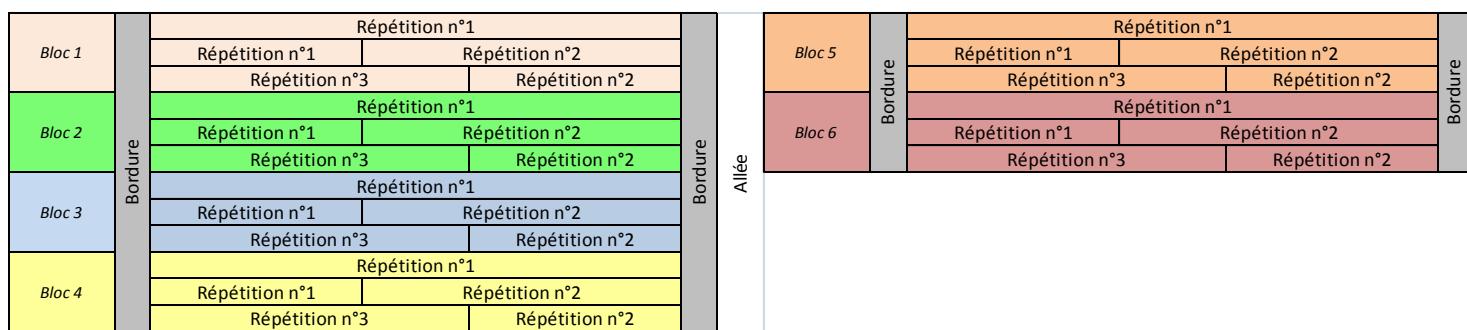
| Code BW | Nom de la variété | Année d'inscription | Obtenteur         | Abréviation |
|---------|-------------------|---------------------|-------------------|-------------|
| BW120   | ORVANTIS          | 2000                | Syngenta          | ORV_120     |
| BW121   | PAKITO            | 2010                | RAGT              | PAK_121     |
| BW122   | PREVERT           | 2010                | Secobra           | PRE_122     |
| BW123   | BLINI             | inconnu             | Desprez           | BLI_123     |
| BW124   | RUSTIC            | Belgium 2005        | Momont            | RUS_124     |
| BW125   | MOSKITO           | 2012                | Arvalis           | MOS_125     |
| BW126   | SOKAL             | 2010                | Caussade Semences | SOK_126     |
| BW127   | SORRIAL           | 2009                | Caussade Semences | SOR_127     |
| BW128   | SWEET             | 2010                | Momont            | SWE_128     |
| BW129   | SWINGGY           | 2009                | Agri-Obtentions   | SWI_129     |
| BW130   | SY MATTIS         | 2010                | Syngenta          | MAT_130     |
| BW131   | FIGARO            | 2011                | Momont            | FIG_131     |
| BW132   | ACOUSTIC          | 2010                | Arvalis           | ACOU_132    |
| BW133   | ADAGIO            | 2009                | RAGT              | ADA_133     |
| BW134   | AEROBIC           | 2009                | Arvalis           | AER_134     |
| BW135   | ALIGATOR          | 2010                | Arvalis           | ALIG_135    |
| BW136   | ALTAMIRA          | 2009                | Limagrain Europe  | ALT_136     |
| BW137   | AMADOR            | 2010                | Arvalis           | AMA_137     |
| BW138   | APRILIO           | 2010                | Limagrain Europe  | APR_138     |
| BW139   | ARAMIS            | 2009                | Limagrain Europe  | ARA_139     |
| BW140   | AREZZO            | 2007                | RAGT              | ARE_140     |
| BW141   | ARKEOS            | 2010                | Limagrain Europe  | ARK_141     |
| BW142   | ARLEQUIN          | 2007                | Limagrain Europe  | ARL_142     |
| BW143   | ATHLON            | 2010                | Arvalis           | ATH_143     |
| BW144   | AUBUSSON          | 2001                | Limagrain Europe  | AUB_144     |
| BW145   | BASTIDE           | 2002                | Secobra           | BAS_145     |
| BW146   | BUENNO            | 2007                | Syngenta          | BUE_146     |
| BW147   | SY MOISSON        | 2012                | Syngenta          | MOI_147     |
| BW148   | CELESTIN          | 2010                | RAGT/SERASEM      | CEL_148     |
| BW149   | CROISADE          | 2010                | Desprez           | CROI_149    |
| BW150   | EPIDOC            | 2006                | RAGT/SERASEM      | EPI_150     |
| BW151   | EUCLIDE           | 2007                | Desprez           | EU_151      |
| BW152   | EXELCIOR          | 2007                | Arvalis           | EXEL_152    |
| BW153   | FARINELLI         | 2010                | Momont            | FAR_153     |
| BW154   | OREGRAIN          | 2012                | Desprez           | OR_154      |
| BW155   | CELLULE           | 2012                | Desprez           | CELL_155    |
| BW156   | FLAMENKO          | 2010                | Agri-Obtentions   | FLAM_156    |
| BW157   | GALPINO           | Spain 2010          | RAGT              | GALP_157    |
| BW158   | GONCOURT          | 2009                | RAGT/SERASEM      | GON_158     |
| BW159   | GRAINDOR          | 2006                | Arvalis           | GRAIN_159   |
| BW160   | HISSEO            | Italy 2010          | Momont            | HISS_160    |
| BW161   | ILLICO            | 2010                | Syngenta          | ILL_161     |
| BW162   | INNOV             | 2005                | Syngenta          | IN_162      |
| BW163   | ISENGRAIN         | 1997                | Desprez           | ISEN_163    |
| BW164   | KALANGO           | Italy 2002          | Desprez           | KAL_164     |
| BW165   | GALIBIER          | inconnu             |                   | GALI_165    |
| BW166   | MH 09-17          | inconnu             | Momont            | MH_166      |
| BW167   | MUSIK             | 2010                | Agri-Obtentions   | MUS_167     |
| BW168   | ASCOTT            | 2012                | Limagrain Europe  | ASC_168     |
| BW169   | PALEDOR           | 2005                | Secobra           | PAL_169     |
| BW170   | RUBISKO           | 2012                | RAGT              | RUB_170     |
| BW171   | SAINT EX          | 2010                | Secobra           | SAI_171     |
| BW172   | SCENARIO          | 2010                | RAGT              | SCE_172     |
| BW173   | SOISSONS          | 1988                | Desprez           | SOI_173     |
| BW174   | SOLEHIO           | 2009                | Momont            | SOL_174     |
| BW175   | SY ALTEO          | 2010                | Syngenta          | ALTE_175    |
| BW176   | TREMIE            | 1992                | RAGT/SERASEM      | TRE_176     |
| BW177   | TULIP             | 2010                | Arvalis           | TUL_177     |
| BW178   | USKI              | 2009                | Momont            | US_178      |
| BW179   | VALODOR           | 2007                | RAGT/SERASEM      | VAL_179     |

| Code BW | Nom de la variété | Année d'inscription | Obtenteur         | Abréviation |
|---------|-------------------|---------------------|-------------------|-------------|
| BW180   | ACCOR             | 2007                | RAGT/SERASEM      | ACC_180     |
| BW181   | ACCROC            | 2010                | RAGT/SERASEM      | ACRO_181    |
| BW182   | ACIENDA           | 2004                | Secobra           | ACIE_182    |
| BW183   | ADHOC             | 2010                | Momont            | ADH_183     |
| BW184   | ALTRIA            | 1996                | RAGT/SERASEM      | ALTR_184    |
| BW185   | ANDALOU           | 2001                | Momont            | AND_185     |
| BW186   | AUTAN             | 2000                | Limagrain Europe  | AUT_186     |
| BW187   | AZIMUT            | 2004                | Limagrain Europe  | AZI_187     |
| BW188   | BOLOGNA           | Spain 2002          | Syngenta          | BOLO_188    |
| BW189   | CCB INGENIO       | Spain 2006          | Syngenta          | INGE_189    |
| BW190   | CEZANNE           | 1998                | Limagrain Europe  | CEZ_190     |
| BW191   | COURTOT           | 1974                | Agri-Obtentions   | COU_191     |
| BW192   | EUREKA            | 1992                | Agri-Obtentions   | EUR_192     |
| BW193   | EXOTIC            | 2005                | Momont            | EXO_193     |
| BW194   | GALOPAIN          | 2009                | Secobra           | GALO_194    |
| BW195   | GARCIA            | 2005                | Secobra           | GAR_195     |
| BW196   | JAGUAR            | Italy 2009          | Agri-Obtentions   | JAG_196     |
| BW197   | MIROIR            | 2010                | Arvalis           | MIR_197     |
| BW198   | ARTDECO           | 2012                | Limagrain Europe  | ART_198     |
| BW199   | PR22R58           | Italy 2002          | Syngenta          | PR58_199    |
| BW200   | PRIMO             | Italy 2009          | Agri-Obtentions   | PRI_200     |
| BW201   | QUALITY           | Italy 2002          | Momont            | QUA_201     |
| BW202   | RIMBAUD           | 2010                | Secobra           | RIM_202     |
| BW203   | ROYSSAC           | 2002                | RAGT/SERASEM      | ROY_203     |
| BW204   | SIRTAKI           | Italy 2008          | Momont            | SIR_204     |
| BW205   | SOBBEL            | 2009                | Caussade Semences | SOB_205     |
| BW206   | SOLEDAD           | Italy 2008          | Caussade Semences | SOLE_206    |
| BW207   | SOLLARIO          | 2007                | Caussade Semences | SOLL_207    |
| BW208   | BOKARO            | Italy 2002          | Desprez           | BOKA_208    |
| BW209   | ESPERIA           | Italy 2002          | Momont            | ESPE_209    |
| BW210   | BASMATI           | Italy 2011          | Momont            | BASM_210    |
| BW211   | NOGAL             | Spain 2006          | Desprez           | NO_211      |
| BW212   | RECITAL           | 1986                | Syngenta          | RECI_212    |
| BW213   | FADELA            | Morocco 2008        | Desprez           | FADE_213    |
| BW214   | Icarda 1          | inconnu             | ICARDA            | ICA1_214    |
| BW215   | Icarda 2          | inconnu             | ICARDA            | ICA2_215    |
| BW216   | Icarda 3          | inconnu             | ICARDA            | ICA3_216    |
| BW217   | Icarda 4          | inconnu             | ICARDA            | ICA4_217    |
| BW218   | Icarda 5          | inconnu             | ICARDA            | ICA5_218    |
| BW219   | Icarda 6          | inconnu             | ICARDA            | ICA6_219    |
| BW220   | AVENUE            | Serbia 2011         | Limagrain Europe  | AV_220      |



## ANNEXE II: Dispositif expérimental du panel

### « Breedwheat »



Chaque répétition comporte 40 variétés randomisées. La surface totale du dispositif est de 945m<sup>2</sup>.



## **ANNEXE III : Vérification des conditions d'applications**

### **I. Analyse du taux d'infection des 3 témoins sur les 6 blocs du dispositif:**

Vérification de la normalité de la distribution

#### Shapiro-Wilk normality test

$W = 0.9486$ , p-value = 0.0565

Vérification de l'homoscédasticité

#### Bartlett test of homogeneity of variances

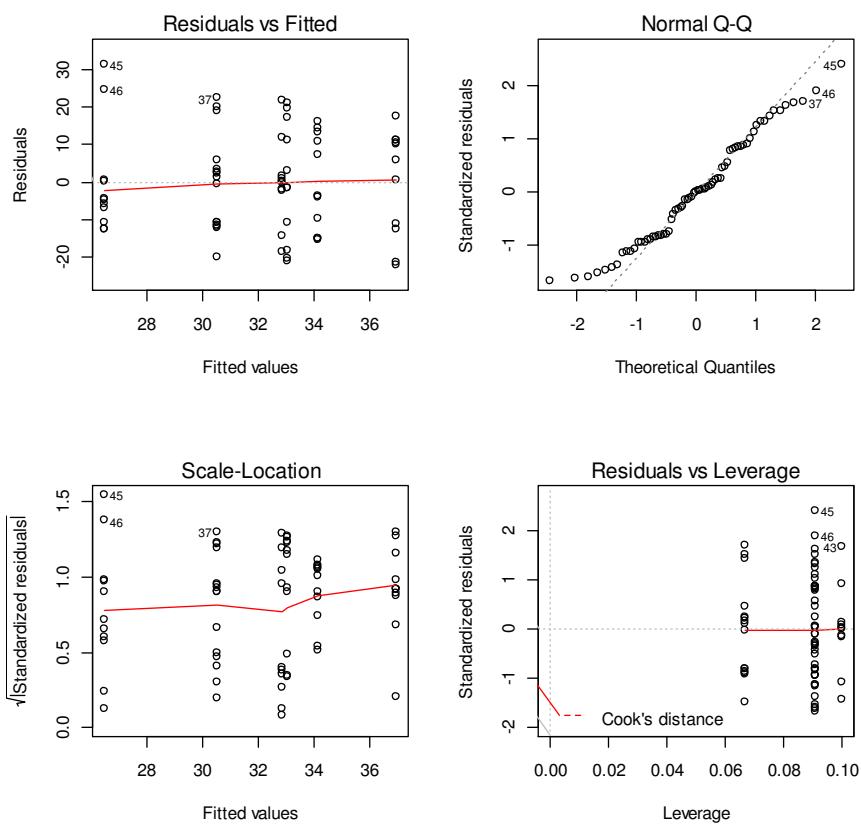
Bartlett's K-squared = 4.0948, df = 3, p-value = 0.2514

Independence des residues

#### Durbin-Watson test

$DW = 0.1318$ , p-value < 2.2e-16

alternative hypothesis: true autocorrelation is not 0





## **II. Analyse de la date de notation sur le taux d'infection de chaque témoin du dispositif**

Vérification de la normalité

### Shapiro-Wilk normality test

RENAN :  $W = 0.9843$ , p-value = 0.9859

CHARGER :  $W = 0.9913$ , p-value = 0.9996

APACHE :  $W = 0.9367$ , p-value = 0.2076

Vérification de l'homoscédasticité

### Bartlett test of homogeneity of variances

RENAN: Bartlett's K-squared = 4.7355, df = 5, p-value = 0.449

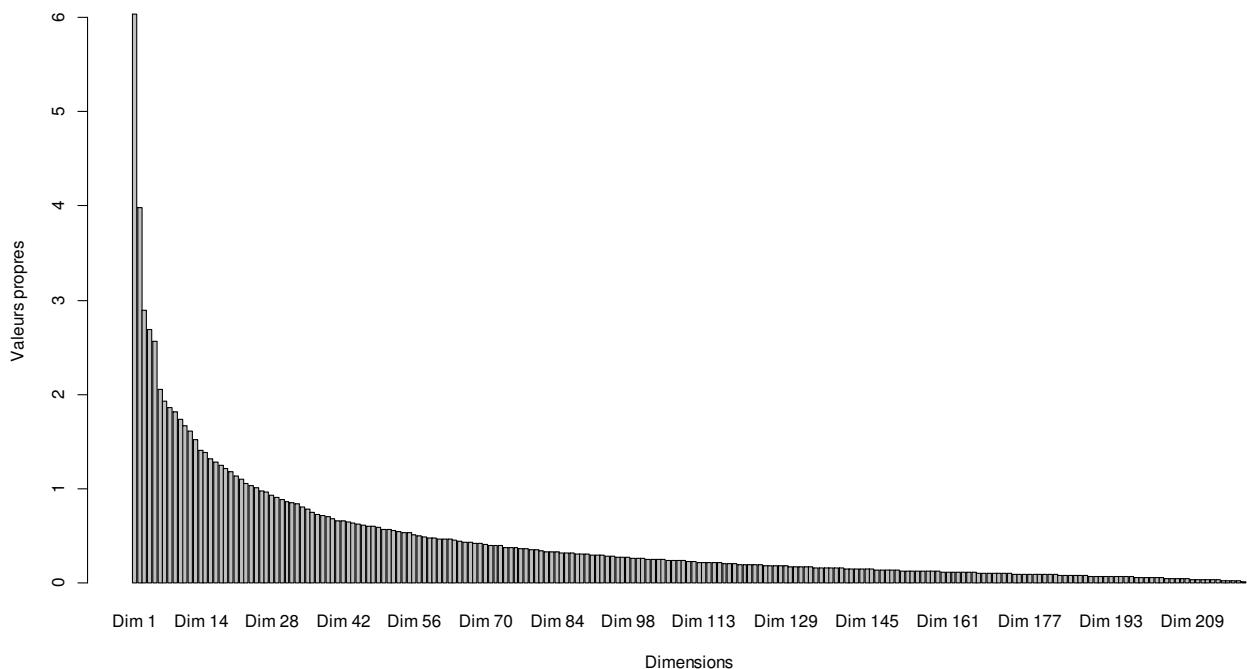
CHARGER: Bartlett's K-squared = 4.0274, df = 1, p-value = 0.04977

APACHE: Bartlett's K-squared = 7.9175, df = 1, p-value = 0.0523



## **ANNEXE IV : Valeur d'inertie des dix premières composantes de l'ACP et leurs représentation graphique**

| Composantes | Valeurs propres | Pourcentage d'inertie |
|-------------|-----------------|-----------------------|
| comp 1      | 845.16          | 6.03                  |
| comp 2      | 557.5           | 3.98                  |
| comp 3      | 405.78          | 2.89                  |
| comp 4      | 376.47          | 2.69                  |
| comp 5      | 360.18          | 2.57                  |
| comp 6      | 288.26          | 2.06                  |
| comp 7      | 270.47          | 1.93                  |
| comp 8      | 260.89          | 1.86                  |
| comp 9      | 254.45          | 1.82                  |
| comp 10     | 242.85          | 1.73                  |





## ANNEXE V: Cotation du panel variétal « Breedwheat »

| Groupe de notation | Nom de la variété | Abréviation | Taux d'infection moyen | Classement (Test de Tukey) | Cotation attribuée | Cotation officielle du CTPS |
|--------------------|-------------------|-------------|------------------------|----------------------------|--------------------|-----------------------------|
| Groupe1            | NOGAL             | NO_211      | 56,83                  | a                          | 3                  | 4                           |
| Groupe1            | AVENUE            | AV_220      | 46,27                  | b                          | 3,5                | NA                          |
| Groupe1            | RECITAL           | RECI_212    | 39,78                  | b                          | 4                  | 3                           |
| Groupe1            | FADELA            | FADE_213    | 27,38                  | c                          | 5                  | NA                          |
| Groupe1            | INGENIO           | INGE_189    | 23,67                  | cd                         | 5,5                | 4,5                         |
| Groupe1            | ESPERIA           | ESPE_209    | 22,82                  | cd                         | 5,5                | 4                           |
| Groupe1            | ICARDA 4          | ICA4_217    | 15,98                  | d                          | 6                  | NA                          |
| Groupe1            | ICARDA 6          | ICA6_219    | 18,10                  | d                          | 6                  | NA                          |
| Groupe1            | MIROIR            | MIR_197     | 15,01                  | d                          | 6                  | 5                           |
| Groupe2            | BLINI             | BLI_123     | 81,03                  | a                          | 2                  | NA                          |
| Groupe2            | ACCOR             | ACC_180     | 70,67                  | ab                         | 2,5                | 4                           |
| Groupe2            | KALANGO           | KAL_164     | 64,40                  | bc                         | 3                  | 4                           |
| Groupe2            | GARCIA            | GAR_195     | 54,00                  | cd                         | 3,5                | 3,5                         |
| Groupe2            | NOGAL             | NO_211      | 54,33                  | cd                         | 3,5                | 4                           |
| Groupe2            | QUALITY           | QUA_201     | 46,48                  | de                         | 4                  | 6                           |
| Groupe2            | SOLEDAD           | SOLE_206    | 45,01                  | de                         | 4                  | 4                           |
| Groupe2            | EUREKA            | EUR_192     | 41,53                  | ef                         | 4,5                | 4                           |
| Groupe2            | ICARDA 3          | ICA3_216    | 41,99                  | ef                         | 4,5                | NA                          |
| Groupe2            | AZIMUT            | AZI_187     | 36,29                  | fg                         | 5                  | 5                           |
| Groupe2            | EXOTIC            | EXO_193     | 34,39                  | fg                         | 5                  | 3,5                         |
| Groupe2            | ADAGIO            | ADA_133     | 30,82                  | fgh                        | 5,5                | 5,5                         |
| Groupe2            | ICARDA 2          | ICA2_215    | 29,20                  | gh                         | 5,5                | NA                          |
| Groupe2            | BOLOGNA           | BOLO_188    | 21,84                  | h                          | 6                  | NA                          |
| Groupe2            | INGENIO           | INGE_189    | 20,58                  | h                          | 6                  | 4,5                         |
| Groupe2            | ICARDA 5          | ICA5_218    | 23,35                  | h                          | 6                  | NA                          |
| Groupe2            | SOLEHIO           | SOL_174     | 22,53                  | h                          | 6                  | 5                           |
| Groupe3            | ACCOR             | ACC_180     | 73,30                  | a                          | 2,5                | 4                           |
| Groupe3            | ACIENDA           | ACIE_182    | 75,27                  | a                          | 2,5                | 4                           |
| Groupe3            | GALIBIER          | GALI_165    | 74,22                  | a                          | 2,5                | 6                           |
| Groupe3            | ALTRIA            | ALTR_184    | 62,31                  | bc                         | 3                  | 4                           |
| Groupe3            | AUTAN             | AUT_186     | 67,13                  | ab                         | 3                  | 4                           |
| Groupe3            | KALANGO           | KAL_164     | 68,00                  | ab                         | 3                  | 4                           |
| Groupe3            | ACCROC            | ACRO_181    | 55,36                  | cd                         | 3,5                | 4                           |
| Groupe3            | ALTAMIRA          | ALT_136     | 52,87                  | de                         | 3,5                | 3,5                         |
| Groupe3            | ARTDECO           | ART_198     | 54,21                  | cd                         | 3,5                | 5                           |
| Groupe3            | EPIDOC            | EPI_150     | 56,54                  | bcd                        | 3,5                | 4                           |
| Groupe3            | GALOPAIN          | GALO_194    | 53,55                  | d                          | 3,5                | 3,5                         |
| Groupe3            | GARCIA            | GAR_195     | 50,93                  | def                        | 3,5                | 3,5                         |
| Groupe3            | BOKARO            | BOKA_208    | 43,47                  | efg                        | 4                  | NA                          |
| Groupe3            | PR22R58           | PR58_199    | 44,58                  | ef                         | 4                  | 2                           |
| Groupe3            | SAINT EX          | SAI_171     | 40,73                  | efgh                       | 4,5                | 5                           |
| Groupe3            | SIRTAKI           | SIR_204     | 41,13                  | efgh                       | 4,5                | 4                           |
| Groupe3            | ADAGIO            | ADA_133     | 33,14                  | hi                         | 5                  | 5,5                         |
| Groupe3            | ANDALOU           | AND_185     | 34,19                  | hi                         | 5                  | 5                           |
| Groupe3            | BUENNO            | BUE_146     | 34,27                  | hi                         | 5                  | 4,5                         |
| Groupe3            | EXOTIC            | EXO_193     | 37,47                  | fghi                       | 5                  | 3,5                         |
| Groupe3            | PRIMO             | PRI_200     | 34,98                  | ghi                        | 5                  | NA                          |
| Groupe3            | RIMBAUD           | RIM_202     | 34,90                  | ghi                        | 5                  | 4,5                         |
| Groupe3            | APRILIO           | APR_138     | 29,29                  | hij                        | 5,5                | 4,5                         |
| Groupe3            | OREGRAIN          | OR_154      | 29,40                  | hij                        | 5,5                | 5,5                         |
| Groupe3            | ADHOC             | ADH_183     | 22,75                  | jk                         | 6                  | 4                           |
| Groupe3            | CELESTIN          | CEL_148     | 23,44                  | ijk                        | 6                  | 5,5                         |
| Groupe3            | JAGUAR            | JAG_196     | 26,24                  | ijk                        | 6                  | 4                           |
| Groupe3            | SOLEHIO           | SOL_174     | 24,90                  | ijk                        | 6                  | 5                           |
| Groupe3            | SY ALTEO          | ALTE_175    | 20,53                  | jk                         | 6                  | 5                           |
| Groupe3            | SOLLARIO          | SOLL_207    | 17,13                  | k                          | 6,5                | 4,5                         |



| Groupe de notation | Nom de la variété | Abréviation | Taux d'infection moyen | Classement (Test de Tukey) | Cotation attribuée | Cotation officielle du CTPS |
|--------------------|-------------------|-------------|------------------------|----------------------------|--------------------|-----------------------------|
| Groupe4            | AUBUSSON          | AUB_144     | 80,71                  | a                          | 2,5                | 4                           |
| Groupe4            | MUSIK             | MUS_167     | 79,02                  | a                          | 2,5                | 4                           |
| Groupe4            | ACIENDA           | ACIE_182    | 73,60                  | abcd                       | 3                  | 4                           |
| Groupe4            | ARKEOS            | ARK_141     | 72,99                  | abcd                       | 3                  | 3,5                         |
| Groupe4            | BASMATI           | BASM_210    | 75,67                  | abc                        | 3                  | 4,5                         |
| Groupe4            | CEZANNE           | CEZ_190     | 76,13                  | ab                         | 3                  | 4                           |
| Groupe4            | COURTOT           | COU_191     | 74,44                  | abc                        | 3                  | 4                           |
| Groupe4            | USKI              | US_178      | 68,78                  | bcde                       | 3                  | 4                           |
| Groupe4            | ACOUSTIC          | ACOU_132    | 58,93                  | efghi                      | 3,5                | 3,5                         |
| Groupe4            | ALDRIC            | AL_100      | 53,83                  | hijkl                      | 3,5                | 4                           |
| Groupe4            | AMADOR            | AMA_137     | 62,12                  | cdefghi                    | 3,5                | 5                           |
| Groupe4            | ARLEQUIN          | ARL_142     | 56,11                  | fghijk                     | 3,5                | 6                           |
| Groupe4            | EPIDOC            | EPI_150     | 57,00                  | efghij                     | 3,5                | 4                           |
| Groupe4            | EUCLIDE           | EU_151      | 53,40                  | hijkl                      | 3,5                | 5                           |
| Groupe4            | GONCOURT          | GON_158     | 56,33                  | efghijk                    | 3,5                | 4                           |
| Groupe4            | GRAINDOR          | GRAIN_159   | 55,59                  | fghijkl                    | 3,5                | 7                           |
| Groupe4            | KALANGO           | KAL_164     | 65,33                  | bcddefgh                   | 3,5                | 4                           |
| Groupe4            | LAURIER           | LAU_115     | 56,04                  | fghijkl                    | 3,5                | 4                           |
| Groupe4            | PAKITO            | PAK_121     | 65,40                  | bcdefg                     | 3,5                | 5                           |
| Groupe4            | PREMIO            | PREM_4      | 54,11                  | ghijkl                     | 3,5                | 3,5                         |
| Groupe4            | SAINT EX          | SAI_171     | 65,82                  | bcd                        | 3,5                | 5                           |
| Groupe4            | SOISSONS          | SOI_173     | 60,67                  | defghi                     | 3,5                | 5                           |
| Groupe4            | ALTAMIRA          | ALT_136     | 45,54                  | jklmnop                    | 4                  | 3,5                         |
| Groupe4            | ARAMIS            | ARA_139     | 46,08                  | jklnm                      | 4                  | 4,5                         |
| Groupe4            | BASTIDE           | BAS_145     | 44,68                  | jklmnopq                   | 4                  | 3                           |
| Groupe4            | CAPHORN           | CAP_106     | 43,08                  | jklmnopqr                  | 4                  | 3                           |
| Groupe4            | FLAMENKO          | FLAM_156    | 42,72                  | jklmnopqr                  | 4                  | 4                           |
| Groupe4            | GALACTIC          | GALA_112    | 45,88                  | jklnmo                     | 4                  | 4                           |
| Groupe4            | HISSEO            | HISS_160    | 43,29                  | jklnopq                    | 4                  | NA                          |
| Groupe4            | ISENGRAIN         | ISEN_163    | 42,64                  | jklnopqr                   | 4                  | 3                           |
| Groupe4            | MERCATO           | MER_117     | 49,90                  | ijklm                      | 4                  | 5                           |
| Groupe4            | ORATORIO          | ORA_119     | 43,48                  | jklnopq                    | 4                  | 4                           |
| Groupe4            | SOBBEL            | SOB_205     | 45,31                  | jklnop                     | 4                  | 4                           |
| Groupe4            | SWINGGY           | SWI_129     | 45,12                  | jklnopq                    | 4                  | 3,5                         |
| Groupe4            | AEROBIC           | AER_134     | 39,92                  | mnopqrst                   | 4,5                | 4                           |
| Groupe4            | APRILIO           | APR_138     | 40,08                  | lmnopqrst                  | 4,5                | 4,5                         |
| Groupe4            | COMPIL            | COMP_108    | 42,05                  | klmnpqrs                   | 4,5                | 4                           |
| Groupe4            | FARINELLI         | FAR_153     | 42,12                  | jklnopqrs                  | 4,5                | 4,5                         |
| Groupe4            | ILLICO            | ILL_161     | 41,86                  | lmnopqrs                   | 4,5                | 6                           |
| Groupe4            | SIRTAKI           | SIR_204     | 41,02                  | lmnopqrs                   | 4,5                | 4                           |
| Groupe4            | ASCOTT            | ASC_168     | 34,92                  | pqrstu                     | 5                  | 4                           |
| Groupe4            | BAGOU             | BAG_103     | 31,92                  | qrstu                      | 5                  | 4                           |
| Groupe4            | CROISADE          | CROI_149    | 36,45                  | nopqrstu                   | 5                  | 5                           |
| Groupe4            | EXELCIOR          | EXEL_152    | 34,75                  | pqrstu                     | 5                  | 4,5                         |
| Groupe4            | RONSARD           | RON_43      | 32,55                  | qrstu                      | 5                  | 5,5                         |
| Groupe4            | SY MATTIS         | MAT_130     | 38,40                  | mnopqrstu                  | 5                  | 5,5                         |
| Groupe4            | TULIP             | TUL_177     | 33,63                  | qrstu                      | 5                  | 5                           |
| Groupe4            | VALODOR           | VAL_179     | 35,83                  | opqrstu                    | 5                  | 4                           |
| Groupe4            | ALIXAN            | ALIX_101    | 28,12                  | rstuvwxyz                  | 5,5                | 5,5                         |
| Groupe4            | BIANCOR           | BIA_104     | 29,80                  | rstuvwxyz                  | 5,5                | 3,5                         |
| Groupe4            | CAMPERO           | CAM_105     | 29,12                  | rstuvwxyz                  | 5,5                | 4                           |
| Groupe4            | JAGUAR            | JAG_196     | 29,93                  | qrstuvwxyz                 | 5,5                | 4                           |
| Groupe4            | OREGRAIN          | OR_154      | 30,36                  | qrstuv                     | 5,5                | 5,5                         |
| Groupe4            | CATALAN           | CAT_107     | 24,79                  | uvw                        | 6                  | 6                           |
| Groupe4            | CELESTIN          | CEL_148     | 23,70                  | uvwx                       | 6                  | 5,5                         |
| Groupe4            | CELLULE           | CELL_155    | 23,04                  | uvwx                       | 6                  | 5                           |



| Groupe de notation | Nom de la variété | Abréviation | Taux d'infection moyen | Classement (Test de Tukey) | Cotation attribuée | Cotation officielle du CTPS |
|--------------------|-------------------|-------------|------------------------|----------------------------|--------------------|-----------------------------|
| Groupe4            | FORBLANC          | FOR_110     | 24,44                  | uvwxyz                     | 6                  | 4                           |
| Groupe4            | GALPINO           | GALP_157    | 27,84                  | stuvw                      | 6                  | 4,5                         |
| Groupe4            | PALEDOR           | PAL_169     | 27,07                  | tuvw                       | 6                  | 4,5                         |
| Groupe4            | RUBISKO           | RUB_170     | 24,32                  | uvwxyz                     | 6                  | 5,5                         |
| Groupe4            | SCENARIO          | SCE_172     | 26,48                  | tuvw                       | 6                  | 3,5                         |
| Groupe4            | ICARDA 1          | ICA1_214    | 18,22                  | wx                         | 6,5                | NA                          |
| Groupe4            | SY ALTEO          | ALTE_175    | 20,40                  | vwx                        | 6,5                | 5                           |
| Groupe4            | SY MOISSON        | MOI_147     | 20,31                  | vwx                        | 6,5                | 6                           |
| Groupe4            | ALIGATOR          | ALIG_135    | 14,16                  | x                          | 7                  | 5                           |
| Groupe5            | BASMATI           | BASM_210    | 90,00                  | a                          | 2                  | 4,5                         |
| Groupe5            | TOISONDOR         | TOI_98      | 89,61                  | a                          | 2                  | 3                           |
| Groupe5            | FARINELLI         | FAR_153     | 81,40                  | ab                         | 2,5                | 4,5                         |
| Groupe5            | GONCOURT          | GON_158     | 78,50                  | abc                        | 2,5                | 4                           |
| Groupe5            | ISENGRAIN         | ISEN_163    | 75,67                  | bc                         | 2,5                | 3                           |
| Groupe5            | MERCATO           | MER_117     | 78,68                  | abc                        | 2,5                | 5                           |
| Groupe5            | TREMIE            | TRE_176     | 76,62                  | bc                         | 2,5                | 4                           |
| Groupe5            | ALTIGO            | ALTI_2      | 67,89                  | cd                         | 3                  | 4                           |
| Groupe5            | AMADOR            | AMA_137     | 67,20                  | cde                        | 3                  | 5                           |
| Groupe5            | ALIZEO            | ALI_68      | 64,03                  | de                         | 3,5                | 4                           |
| Groupe5            | ATTLASS           | ATTL_72     | 61,16                  | defg                       | 3,5                | 4,5                         |
| Groupe5            | FRELON            | FRE_111     | 60,85                  | defg                       | 3,5                | 6                           |
| Groupe5            | INNOV             | IN_162      | 64,14                  | cde                        | 3,5                | NA                          |
| Groupe5            | ORVANTIS          | ORV_120     | 64,83                  | cde                        | 3,5                | 3,5                         |
| Groupe5            | SEBASTO           | SEB_95      | 62,54                  | def                        | 3,5                | 4,5                         |
| Groupe5            | TAPIDOR           | TAP_97      | 62,72                  | de                         | 3,5                | 3                           |
| Groupe5            | AMBELLO           | AMB_102     | 54,68                  | efgh                       | 4                  | 5,5                         |
| Groupe5            | HEKTO             | HEK_113     | 58,39                  | defgh                      | 4                  | 4,5                         |
| Groupe5            | LAURIER           | LAU_115     | 57,92                  | defgh                      | 4                  | 4                           |
| Groupe5            | PAKITO            | PAK_121     | 59,76                  | defgh                      | 4                  | 5                           |
| Groupe5            | BASTIDE           | BAS_145     | 48,46                  | ghij                       | 4,5                | 3                           |
| Groupe5            | CAPHORN           | CAP_106     | 45,88                  | hijk                       | 4,5                | 3                           |
| Groupe5            | CHARGER           | CHA_79      | 49,65                  | fghij                      | 4,5                | 2                           |
| Groupe5            | FLAMENKO          | FLAM_156    | 46,33                  | ghijk                      | 4,5                | 4                           |
| Groupe5            | MH 09-17          | MH_166      | 51,13                  | fghi                       | 4,5                | NA                          |
| Groupe5            | NUCLEO            | NUC_118     | 46,55                  | ghij                       | 4,5                | 4                           |
| Groupe5            | PREVERT           | PRE_122     | 47,08                  | ghij                       | 4,5                | 3,5                         |
| Groupe5            | SORRIAL           | SOR_127     | 52,31                  | fghi                       | 4,5                | 3                           |
| Groupe5            | SWEET             | SWE_128     | 46,01                  | hijk                       | 4,5                | 4                           |
| Groupe5            | SWINGGY           | SWI_129     | 48,34                  | ghij                       | 4,5                | 3,5                         |
| Groupe5            | LORD              | LOR_116     | 43,68                  | ijk                        | 5                  | 4                           |
| Groupe5            | RUSTIC            | RUS_124     | 43,96                  | ijk                        | 5                  | 5                           |
| Groupe5            | SOKAL             | SOK_126     | 43,13                  | ijk                        | 5                  | 6                           |
| Groupe5            | ATHLON            | ATH_143     | 36,13                  | jkl                        | 5,5                | 5,5                         |
| Groupe5            | BOREGAR           | BOR_76      | 34,21                  | jklm                       | 5,5                | 4                           |
| Groupe5            | INSTINCT          | INS_86      | 37,14                  | jkl                        | 5,5                | 4,5                         |
| Groupe5            | SY MATTIS         | MAT_130     | 36,44                  | jkl                        | 5,5                | 5,5                         |
| Groupe5            | ALIXAN            | ALIX_101    | 29,28                  | lmno                       | 6                  | 5,5                         |
| Groupe5            | ARISTOTE          | ARI_70      | 31,66                  | klm                        | 6                  | 4                           |
| Groupe5            | AZZERTI           | AZZE_73     | 31,08                  | klmn                       | 6                  | 3                           |
| Groupe5            | CAMPERO           | CAM_105     | 29,68                  | lmn                        | 6                  | 4                           |
| Groupe5            | CELLULE           | CELL_155    | 27,86                  | lmno                       | 6                  | 5                           |
| Groupe5            | DIALOG            | DIA_83      | 25,88                  | lmnop                      | 6                  | 4                           |
| Groupe5            | FORBLANC          | FOR_110     | 29,00                  | lmno                       | 6                  | 4                           |
| Groupe5            | KARILLON          | KAR_114     | 30,24                  | lmn                        | 6                  | 4                           |
| Groupe5            | PAJERO            | PAJ_25      | 26,08                  | lmnop                      | 6                  | 6                           |
| Groupe5            | AREZZO            | ARE_140     | 21,47                  | mnop                       | 6,5                | 5,5                         |



| Groupe de notation | Nom de la variété | Abréviation | Taux d'infection moyen | Classement (Test de Tukey) | Cotation attribuée | Cotation officielle du CTPS |
|--------------------|-------------------|-------------|------------------------|----------------------------|--------------------|-----------------------------|
| Groupe5            | FLUOR             | FLU_109     | 20,99                  | mnop                       | 6,5                | 5,5                         |
| Groupe5            | NIRVANA           | NIR_89      | 21,89                  | mnop                       | 6,5                | 4,5                         |
| Groupe5            | PIRENEO           | PIR_59      | 18,68                  | nop                        | 6,5                | 7                           |
| Groupe5            | CROUSTY           | CRO_82      | 16,08                  | op                         | 7                  | 5                           |
| Groupe5            | RENAN             | REN_94      | 16,35                  | nop                        | 7                  | 6,5                         |
| Groupe5            | ANTONIUS          | ANT_42      | 12,65                  | p                          | 7,5                | 6                           |
| Groupe5            | FIGARO            | FIG_131     | 12,21                  | p                          | 7,5                | 5,5                         |
| Groupe6            | DINOSOR           | DIN_84      | 91,00                  | a                          | 1,5                | 3,5                         |
| Groupe6            | INSTINCT          | INS_86      | 90,00                  | ab                         | 1,5                | 4,5                         |
| Groupe6            | MOSKITO           | MOS_125     | 86,08                  | ab                         | 2                  | 4                           |
| Groupe6            | SANKARA           | SAN_62      | 87,33                  | ab                         | 2                  | 3,5                         |
| Groupe6            | ATTITUDE          | ATT_71      | 80,33                  | bcd                        | 2,5                | 5                           |
| Groupe6            | GLASGOW           | GLAS_49     | 81,07                  | bcd                        | 2,5                | 3                           |
| Groupe6            | MARKSMAN          | MAR_55      | 83,50                  | abc                        | 2,5                | 2,5                         |
| Groupe6            | TRAPEZ            | TRA_67      | 82,20                  | abcd                       | 2,5                | 3                           |
| Groupe6            | EINSTEIN          | EINS_5      | 72,71                  | defgh                      | 3                  | NA                          |
| Groupe6            | GLADIATOR         | GLA_48      | 72,93                  | cdefgh                     | 3                  | (5)                         |
| Groupe6            | MARCELIN          | MARCE_88    | 74,73                  | cdef                       | 3                  | 4,5                         |
| Groupe6            | OAKLEY            | OAK_12      | 77,90                  | bcde                       | 3                  | 2,5                         |
| Groupe6            | PHARE             | PHA_92      | 74,07                  | cdefg                      | 3                  | 2                           |
| Groupe6            | SY TOLBIAC        | TOL_26      | 75,64                  | cde                        | 3                  | 3,5                         |
| Groupe6            | ALCAZAR           | ALCA_41     | 67,43                  | efghij                     | 3,5                | 4                           |
| Groupe6            | ALLEZ Y           | ALY_69      | 67,87                  | efghij                     | 3,5                | 3                           |
| Groupe6            | ATTLASS           | ATTL_72     | 68,20                  | defghij                    | 3,5                | 4,5                         |
| Groupe6            | DIALOG            | DIA_83      | 67,40                  | efghij                     | 3,5                | 4                           |
| Groupe6            | EXPERT            | EXP_45      | 70,47                  | defghi                     | 3,5                | 3                           |
| Groupe6            | INTERET           | INT_87      | 67,67                  | efghij                     | 3,5                | 3                           |
| Groupe6            | SEBASTO           | SEB_95      | 69,00                  | defghij                    | 3,5                | 4,5                         |
| Groupe6            | CH NARA           | CNAR_78     | 65,20                  | fghijk                     | 4                  | NA                          |
| Groupe6            | CORDIALE          | COR_81      | 65,87                  | fghijk                     | 4                  | 3,5                         |
| Groupe6            | IRIDIUM           | IRI_50      | 65,73                  | fghijk                     | 4                  | 4                           |
| Groupe6            | ODYSSEE           | ODY_99      | 65,87                  | fghijk                     | 4                  | 4                           |
| Groupe6            | ORCAS             | ORCS_90     | 65,69                  | fghijk                     | 4                  | 5                           |
| Groupe6            | VISCOUNT          | VIS_38      | 66,20                  | efghijk                    | 4                  | NA                          |
| Groupe6            | WARRIOR           | WAR_39      | 65,42                  | fghijk                     | 4                  | 3                           |
| Groupe6            | BAROK             | BAR_74      | 64,89                  | ghijk                      | 4,5                | 6,5                         |
| Groupe6            | BERMUDE           | BER_3       | 61,07                  | ijkl                       | 4,5                | 3,5                         |
| Groupe6            | CAMP REMY         | CRE_77      | 63,81                  | hijk                       | 4,5                | 5                           |
| Groupe6            | FLAUBERT          | FLA_46      | 62,66                  | hijk                       | 4,5                | 4,5                         |
| Groupe6            | GALLANT           | GALL_47     | 64,69                  | ghijk                      | 4,5                | (5)                         |
| Groupe6            | JB DIEGO          | DIE_21      | 64,02                  | ghijk                      | 4,5                | NA                          |
| Groupe6            | KALYSTAR          | KALY_52     | 64,70                  | ghijk                      | 4,5                | 5                           |
| Groupe6            | KORELI            | KOR_54      | 61,73                  | ijkl                       | 4,5                | (4)-5                       |
| Groupe6            | PLAYER            | PLAY_93     | 63,49                  | hijk                       | 4,5                | NA                          |
| Groupe6            | PR22R20           | PR20_28     | 62,36                  | hijkl                      | 4,5                | 3                           |
| Groupe6            | SOLUTION          | SOLU_96     | 65,00                  | ghijk                      | 4,5                | 4                           |
| Groupe6            | BOISSEAU          | BOI_75      | 51,00                  | klmn                       | 5                  | 3                           |
| Groupe6            | GALVANO           | GALV_17     | 54,69                  | klm                        | 5                  | NA                          |
| Groupe6            | PARADOR           | PAR_56      | 56,67                  | jklm                       | 5                  | 6                           |
| Groupe6            | PEPIDOR           | PEP_57      | 54,49                  | klm                        | 5                  | 4                           |
| Groupe6            | SEYRAC            | SEYC_35     | 52,80                  | klmn                       | 5                  | NA                          |
| Groupe6            | XI19              | XI19_40     | 50,20                  | lmn                        | 5                  | NA                          |
| Groupe6            | ARISTOTE          | ARI_70      | 44,60                  | mno                        | 5,5                | 4                           |
| Groupe6            | FOLKLOR           | FOL_85      | 44,13                  | no                         | 5,5                | 4                           |
| Groupe6            | PAPAGENO          | PAPA_91     | 47,07                  | mn                         | 5,5                | 6                           |
| Groupe6            | PERFECTOR         | PER_58      | 41,89                  | no                         | 5,5                | 4                           |

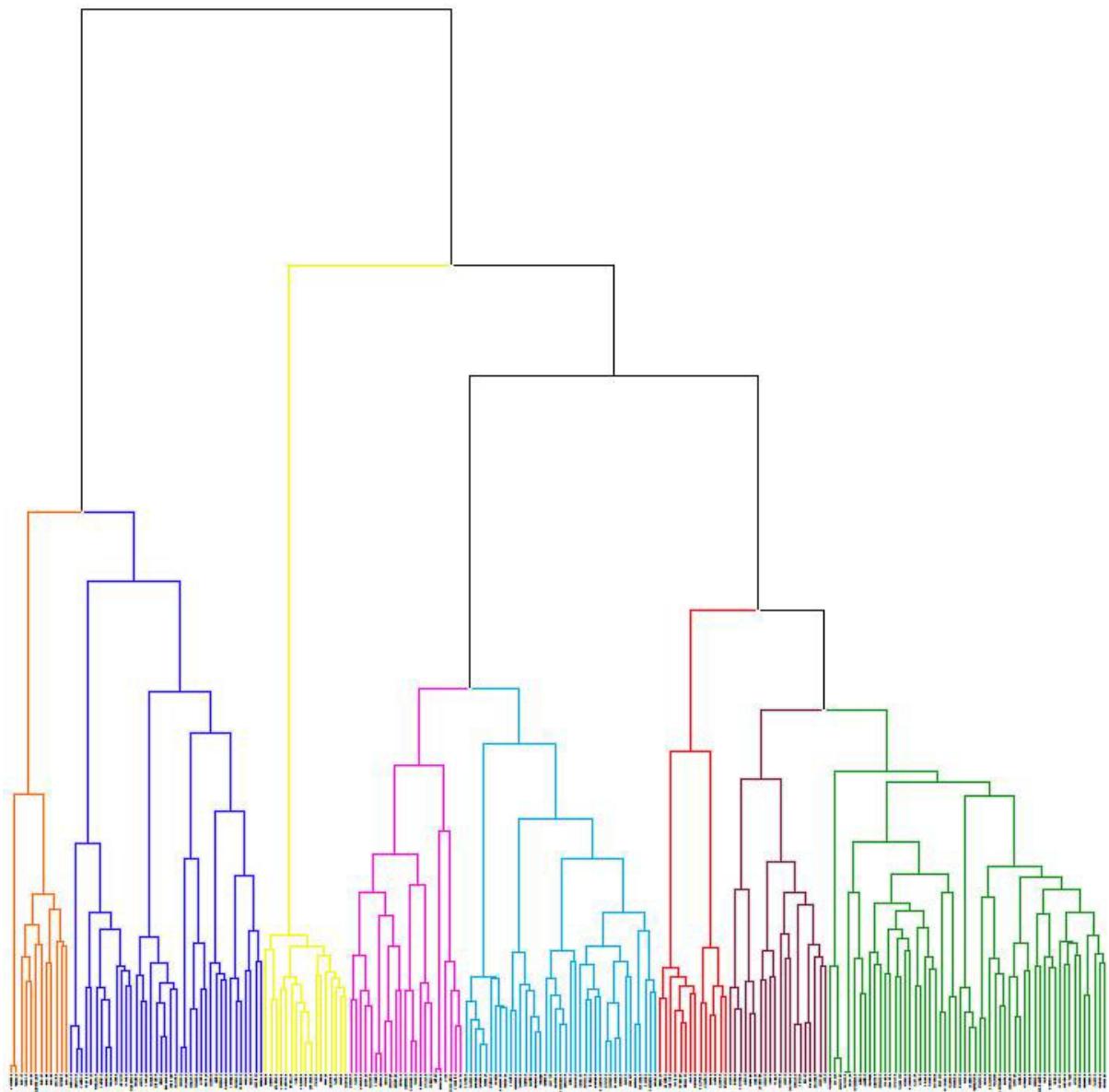


| Groupe de notation | Nom de la variété | Abréviation | Taux d'infection moyen | Classement (Test de Tukey) | Cotation attribuée | Cotation officielle du CTPS |
|--------------------|-------------------|-------------|------------------------|----------------------------|--------------------|-----------------------------|
| Groupe6            | SELEKT            | SEL_34      | 42,72                  | no                         | 5,5                | 4                           |
| Groupe6            | AZZERTI           | AZZE_73     | 35,94                  | op                         | 6                  | 3                           |
| Groupe6            | CORVUS            | CORV_9      | 31,40                  | opq                        | 6                  | 3,5                         |
| Groupe6            | KALAHARI          | KAHA_51     | 32,01                  | opq                        | 6                  | 6                           |
| Groupe6            | KWS PODIUM        | KWS_7       | 34,44                  | op                         | 6                  | 3,5                         |
| Groupe6            | LIMES             | LIM_22      | 32,48                  | opq                        | 6                  | 5                           |
| Groupe6            | MANAGER           | MAN_23      | 34,08                  | opq                        | 6                  | 6                           |
| Groupe6            | SOPHYTRA          | SOP_36      | 37,80                  | nop                        | 6                  | 7                           |
| Groupe6            | SPONSOR           | SPO_65      | 28,08                  | pq                         | 6                  | 5                           |
| Groupe6            | SY EPSON          | EPS_66      | 35,32                  | op                         | 6                  | (5)                         |
| Groupe6            | BERGAMO           | BERG_60     | 25,97                  | pq                         | 6,5                | 5,5                         |
| Groupe6            | CHEVALIER         | CHE_80      | 25,21                  | pq                         | 6,5                | 6                           |
| Groupe6            | EPHOROS           | EPH_44      | 21,43                  | q                          | 6,5                | 5                           |
| Groupe6            | OXEBO             | OXE_24      | 21,14                  | q                          | 6,5                | 5,5                         |
| Groupe6            | PAJERO            | PAJ_25      | 24,80                  | pq                         | 6,5                | 6                           |
| Groupe7            | MARKSMAN          | MAR_55      | 87,60                  | a                          | 2                  | 2,5                         |
| Groupe7            | TRAPEZ            | TRA_67      | 86,76                  | a                          | 2                  | 3                           |
| Groupe7            | SAMURAI           | SAM_32      | 82,89                  | ab                         | 2,5                | 3                           |
| Groupe7            | SOGOOD            | SOG_64      | 84,47                  | a                          | 2,5                | 3                           |
| Groupe7            | OAKLEY            | OAK_12      | 73,00                  | bcd                        | 3                  | 2,5                         |
| Groupe7            | PIERROT           | PIE_27      | 74,55                  | abc                        | 3                  | 3,5                         |
| Groupe7            | ROSARIO           | ROS_31      | 74,35                  | bc                         | 3                  | 3                           |
| Groupe7            | SCOR              | SCOR_63     | 74,60                  | abc                        | 3                  | 3,5                         |
| Groupe7            | FAIRPLAY          | FAY_33      | 70,60                  | cd                         | 3,5                | 4                           |
| Groupe7            | FLAUBERT          | FLA_46      | 66,60                  | cdef                       | 3,5                | 4,5                         |
| Groupe7            | JB DIEGO          | DIE_21      | 67,04                  | cdef                       | 3,5                | NA                          |
| Groupe7            | PR22R20           | PR20_28     | 67,20                  | cde                        | 3,5                | 3                           |
| Groupe7            | RAZZANO           | RAZ_29      | 68,16                  | cde                        | 3,5                | 2,5                         |
| Groupe7            | WARRIOR           | WAR_39      | 67,04                  | cdef                       | 3,5                | 3                           |
| Groupe7            | HAUSSMANN         | HAU_19      | 61,47                  | def                        | 4                  | 5                           |
| Groupe7            | KALYSTAR          | KALY_52     | 61,64                  | cdef                       | 4                  | 5                           |
| Groupe7            | VISCOUNT          | VIS_38      | 64,30                  | cdef                       | 4                  | NA                          |
| Groupe7            | BOISSEAU          | BOI_75      | 55,50                  | fg                         | 4,5                | 3                           |
| Groupe7            | HEREWARD          | HER_10      | 55,65                  | fg                         | 4,5                | NA                          |
| Groupe7            | SEYRAC            | SEYC_35     | 54,54                  | fg                         | 4,5                | NA                          |
| Groupe7            | SPONSOR           | SPO_65      | 56,80                  | efg                        | 4,5                | 5                           |
| Groupe7            | XI19              | XI19_40     | 53,96                  | fg                         | 4,5                | NA                          |
| Groupe7            | AMBITION          | AMBI_8      | 43,43                  | hi                         | 5                  | 3,5                         |
| Groupe7            | CLAIRe            | CLA_15      | 48,19                  | gh                         | 5                  | 4                           |
| Groupe7            | ISTABRAQ          | IST_20      | 43,57                  | hi                         | 5                  | 4,5                         |
| Groupe7            | ROBIGUS           | ROB_30      | 45,36                  | ghi                        | 5                  | 4,5                         |
| Groupe7            | TIMING            | TIM_37      | 43,84                  | ghi                        | 5                  | 3                           |
| Groupe7            | AMUNDSEN          | AMU_14      | 38,25                  | ij                         | 5,5                | 3                           |
| Groupe7            | LIMES             | LIM_22      | 37,20                  | ijk                        | 5,5                | 5                           |
| Groupe7            | MANAGER           | MAN_23      | 37,88                  | ijk                        | 5,5                | 6                           |
| Groupe7            | RACINE            | RAC_61      | 33,85                  | jkl                        | 5,5                | 4,5                         |
| Groupe7            | SOPHYTRA          | SOP_36      | 31,96                  | jkl                        | 5,5                | 7                           |
| Groupe7            | SY EPSON          | EPS_66      | 36,04                  | ijkl                       | 5,5                | (5)                         |
| Groupe7            | ALCHEMY           | ALC_13      | 25,93                  | lm                         | 6                  | NA                          |
| Groupe7            | CENTENAIRE        | CENT_6      | 24,88                  | lm                         | 6                  | 5,5                         |
| Groupe7            | CORVUS            | CORV_9      | 26,92                  | klm                        | 6                  | 3,5                         |
| Groupe7            | ESKET             | ESK_16      | 24,36                  | lm                         | 6                  | 3                           |
| Groupe7            | KOMETUS           | KOM_53      | 26,69                  | lm                         | 6                  | 5,5                         |
| Groupe7            | OXEBO             | OXE_24      | 26,52                  | lm                         | 6                  | 5,5                         |
| Groupe7            | GARANTUS          | GARA_18     | 18,93                  | m                          | 6,5                | 5                           |
| Groupe7            | LEAR              | LEA_11      | 17,40                  | m                          | 6,5                | 4,5                         |



## **ANNEXE VI : Dendrogramme du panel variétal**

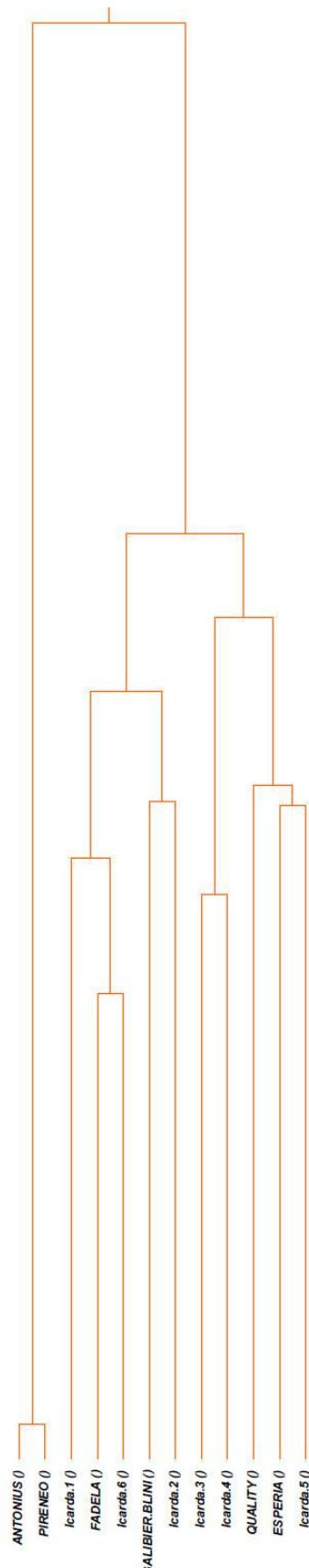
### **« Breedwheat »**



Arbre phylogénétique représentant l'ensemble des variétés du panel « Breedwheat »

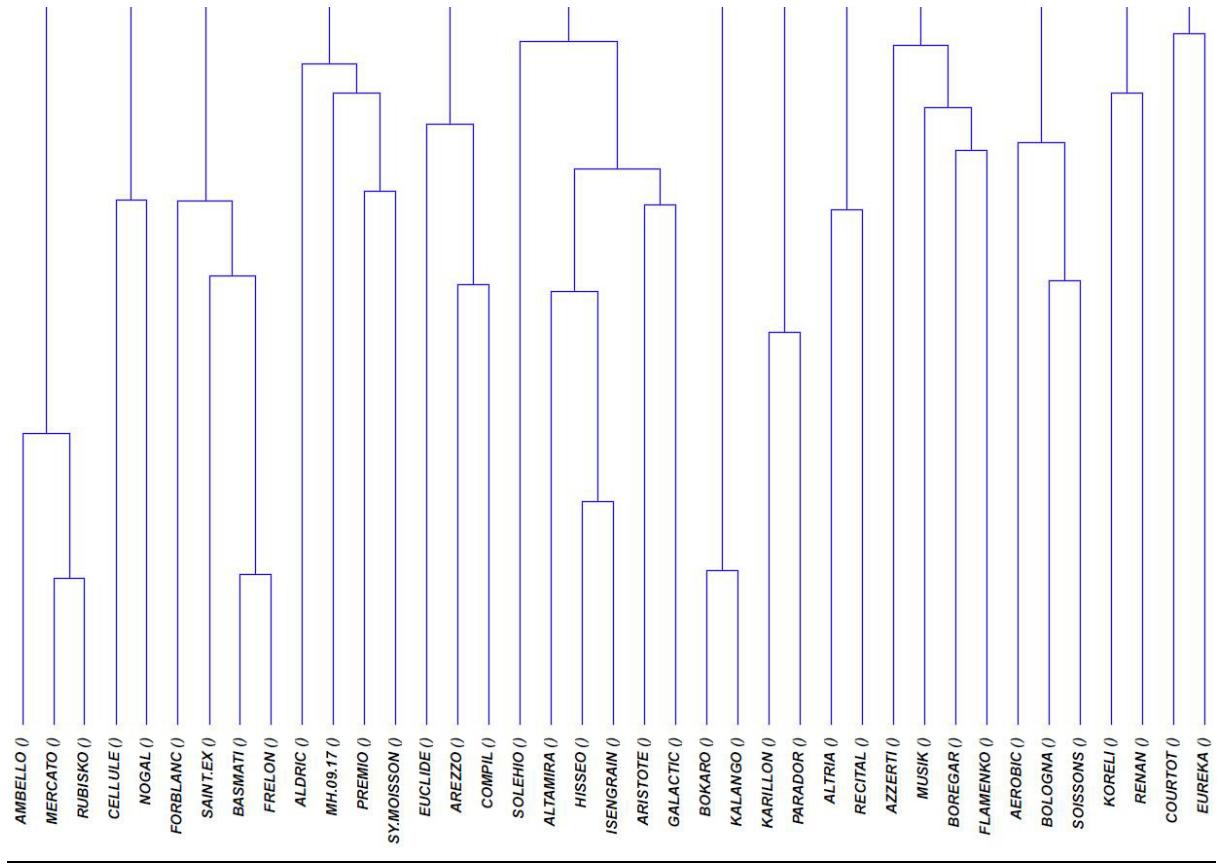
Ce dendrogramme est issu d'une matrice des fréquences alléliques de 220 variétés de blé tendre d'hiver. Chaque couleur représente une catégorie variétale aux caractéristiques communes.





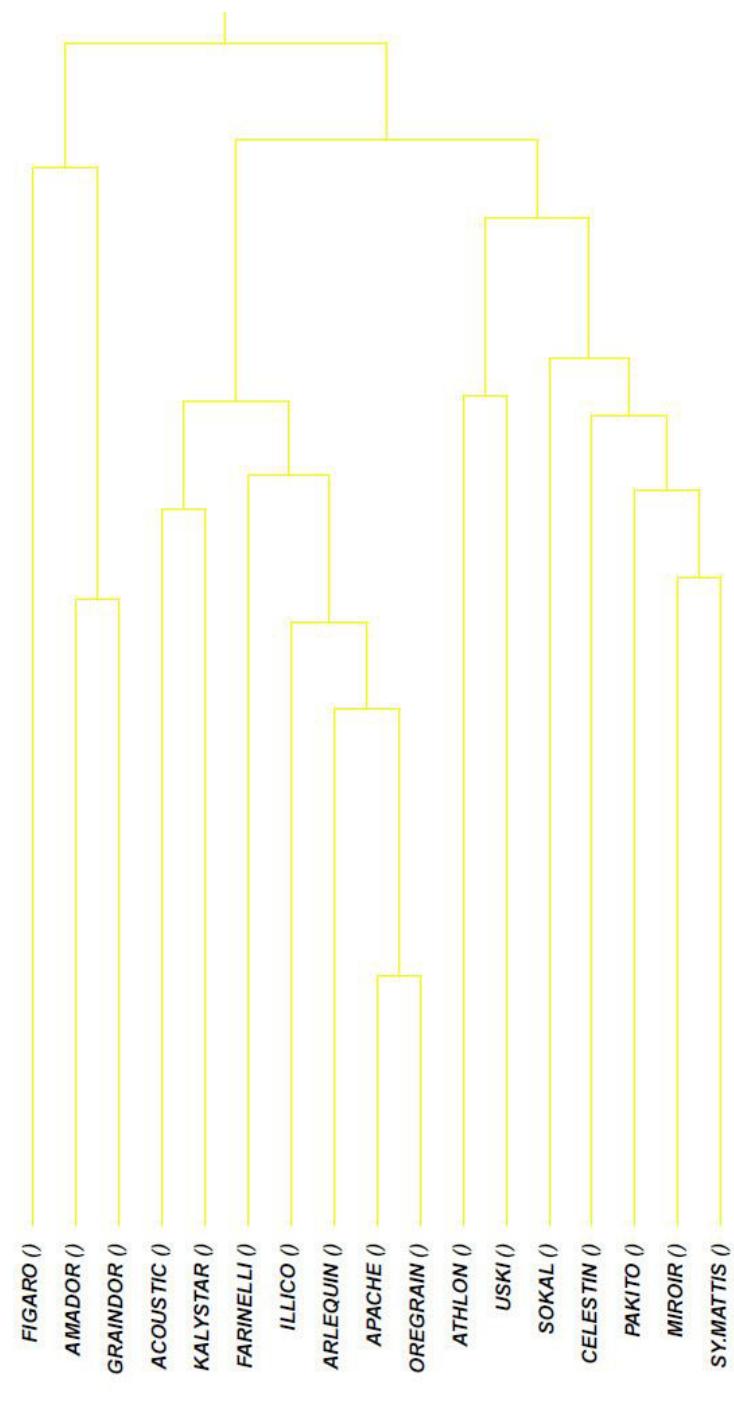
Ensemble des variétés constituant le groupe « Exotiques »





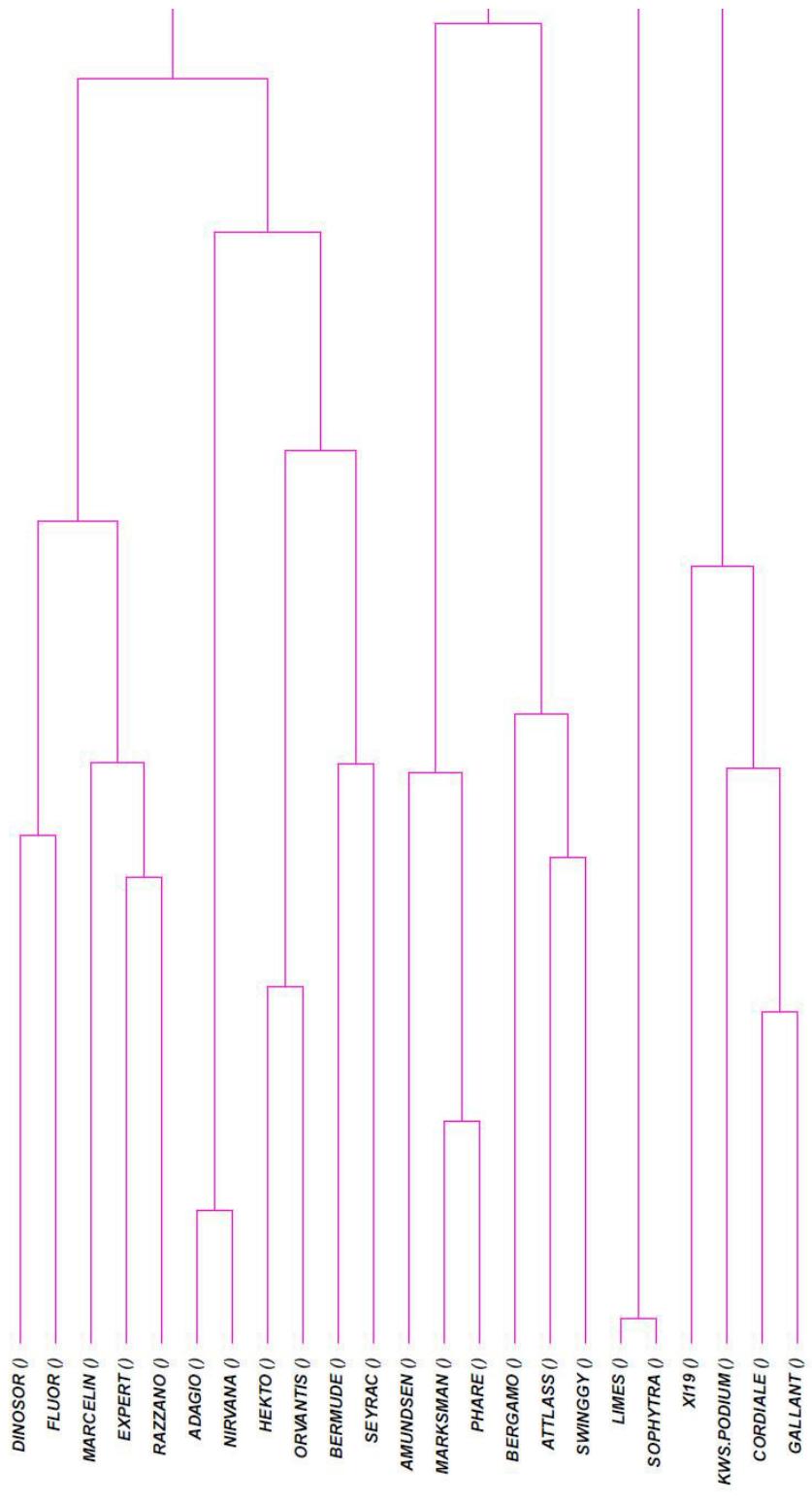
Ensemble des variétés constituant le groupe «SOISSONS»





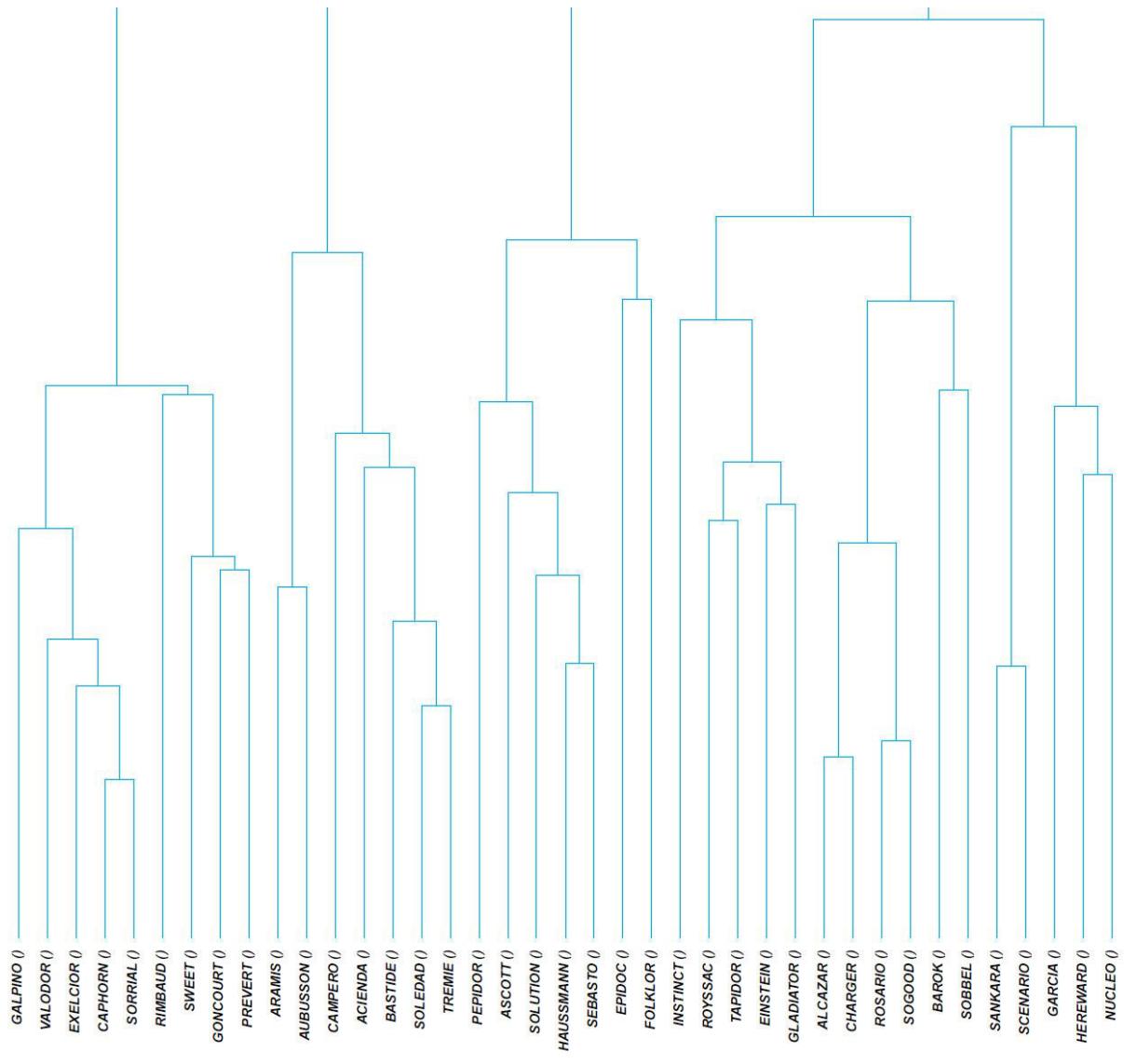
Ensemble des variétés constituant le groupe «APACHE»





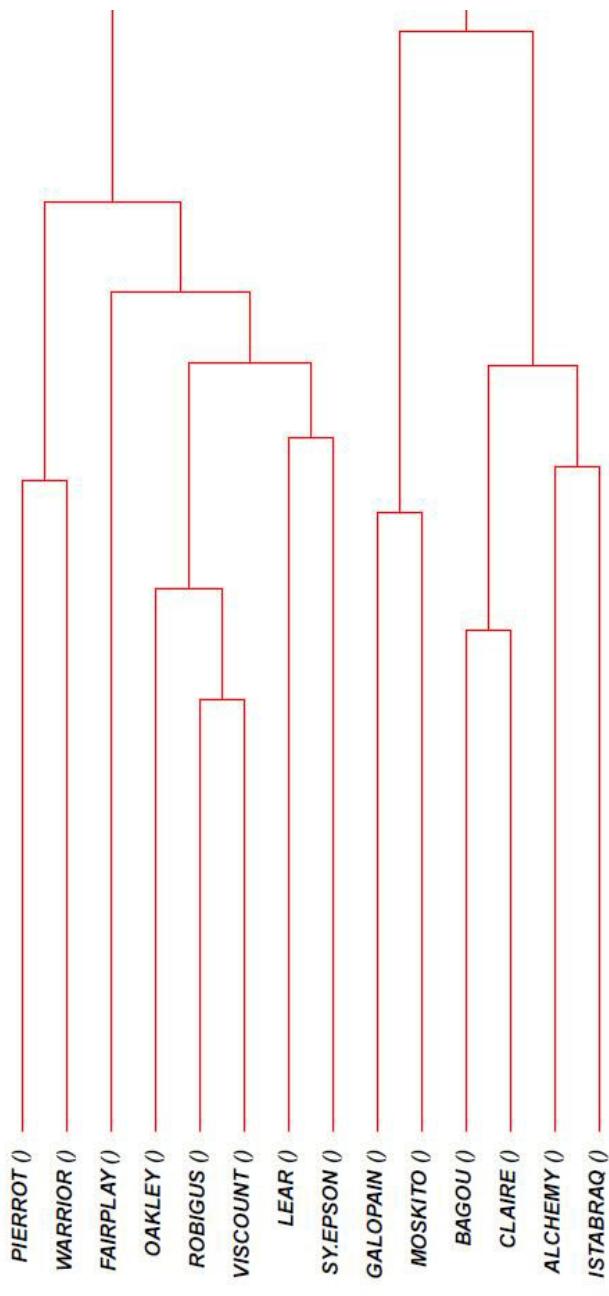
Ensemble des variétés constituant le groupe sensible à FHB





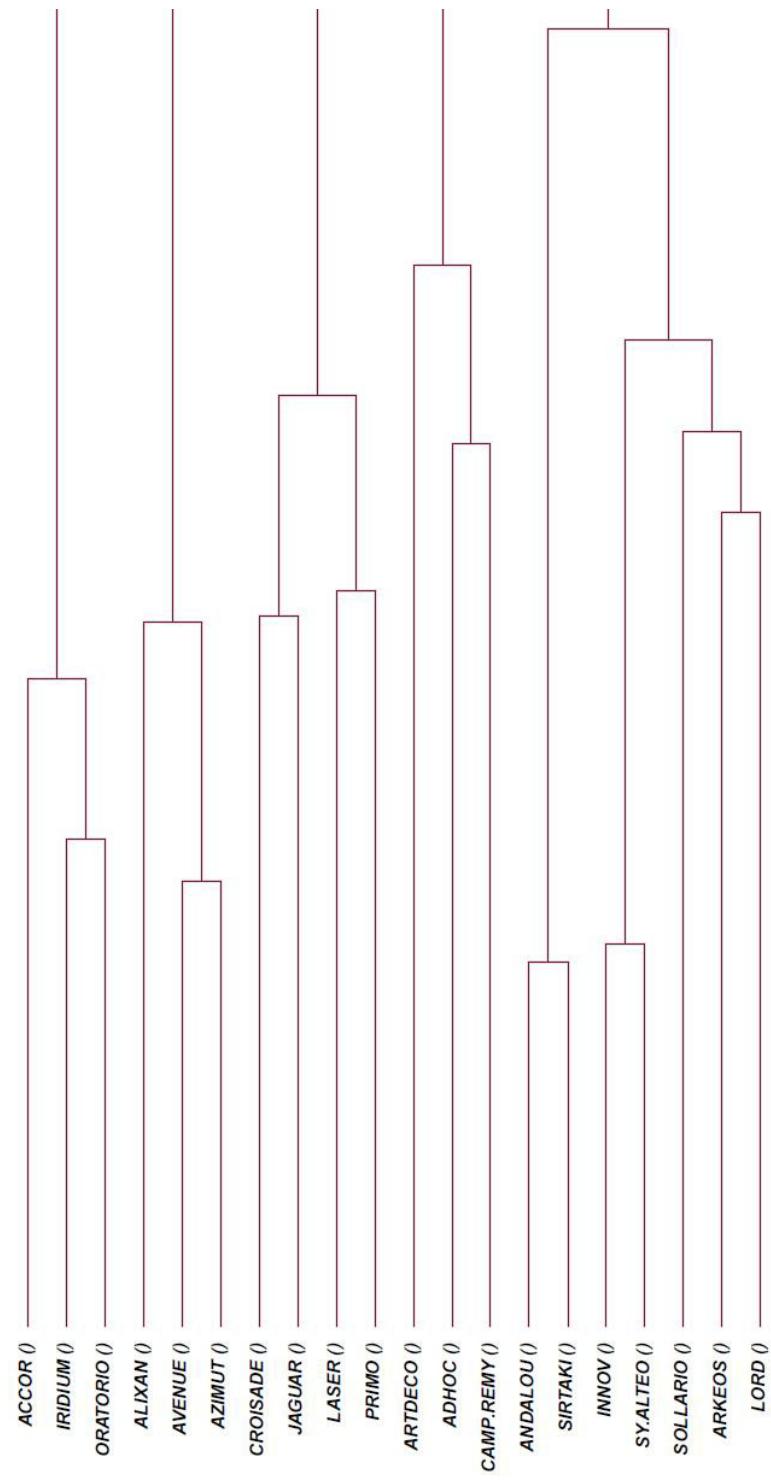
Ensemble des variétés constituant le groupe issu du parent fondateur MOULIN





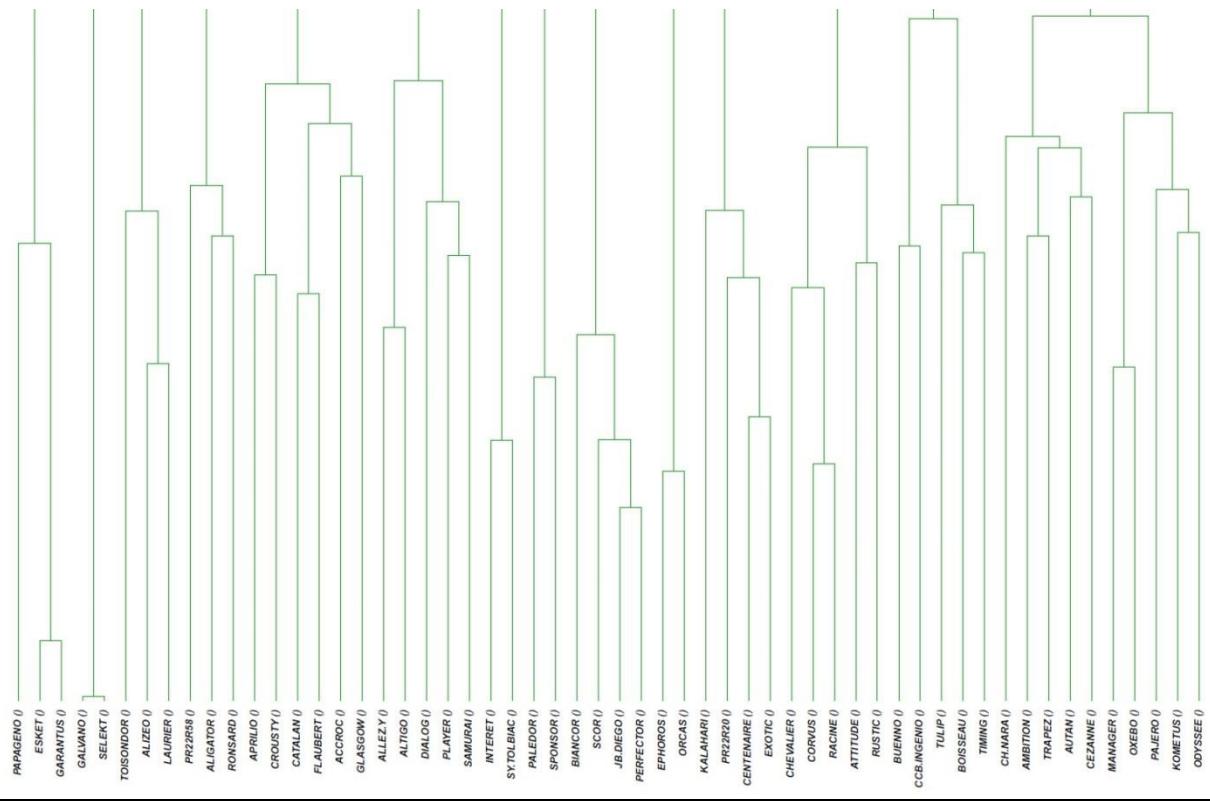
Ensemble des variétés constituant le groupe britannique





Ensemble des variétés constituant le groupe de « fond génétique français »





Ensemble des variétés constituant le groupe à fond génétique allemand, belge et de l'Europe de l'Est



|   |   |
|---|---|
|      | <p>Diplôme / Mention : Biologie et Technologie du Végétal<br/>     Spécialité : Production et Technologie du Végétal (ProTeV)<br/>     Parcours : Productions Végétales Spécialisées<br/>     Option : Semences et Plants</p> |
| Auteur(s) : ROQUES Caroline<br>Date de naissance : 05 mars 1986   | Organisme d'accueil : SECOBRA Recherches<br>Adresse : Centre de Bois-Henry 78580 MAULE  |
| Nb pages : 32      Annexe(s) : 20<br>Année de soutenance : 2014   | Maître de stage : Pascal GIRAUDEAU  |
| <p>Titre français : Analyse de la variabilité génétique du blé pour la résistance à la fusariose de l'épi<br/>         Titre anglais : Analysis of wheat genetic variability for resistance to <i>Fusarium</i> head blight</p>  |   |
| <p><b>Résumé:</b><br/>         La fusariose de l'épi (FHB) est une des maladies fongiques les plus importantes du blé pouvant entraîner jusqu'à 30% de pertes de rendement, et altérer la qualité boulangère de la farine. Parmi les champignons responsables de la fusariose, certains d'entre eux produisent des mycotoxines, notamment le désoxynivalénol (DON). Ces mycotoxines sont dangereuses pour la santé et sont réglementées dans la chaîne alimentaire. De nos jours, la lutte contre cette maladie est essentiellement variétale, mais le choix de l'agriculteur est très restreint en termes de variétés ayant une bonne résistance à la FHB. La génétique de cette maladie est de nature quantitative et semble impliquer de très nombreux QTL à effet mineur. De plus, il a été découvert que la présence de gènes de nanisme, présents dans 95% des blés français, conférait une plus forte sensibilité à la FHB. Enfin, le phénotypage de cette maladie est complexe, car la contamination par le champignon s'effectue à la floraison et le développement du champignon est fortement dépendant des conditions météorologiques. Au sein du programme de Recherche collaboratif Investissements d'Avenir « Breedwheat », la caractérisation de la résistance à FHB est une des thématiques abordées. L'objectif est d'analyser la variabilité génétique du blé pour la résistance à la FHB dans un panel de 220 variétés de blés françaises et européennes. Réalisé au sein de la société SECOBRA Recherches, partenaire du programme « Breedwheat », le stage a pour objectif de caractériser les variétés pour leur résistance à FHB à travers la mise en place d'un essai expérimental, mais également d'effectuer une analyse d'association entre le génotypage à très haute densité et le phénotypage effectué pour identifier des régions QTLs et les comparer à celles rapportées dans la littérature.</p> |   |
| <p><b>Abstract</b><br/>         The Fusarium Head Blight (FHB) is one of the most important wheat fungal diseases which may cause a loss of 30% of yield and affect the baking quality of the flour. Among the fungus responsible of the FHB, many produce mycotoxins including the desoxynivalenol (DON). These mycotoxins are dangerous to human health and strict mycotoxin rules apply in the food chain. Today, the control of this disease is mainly based on the choice of resistant varieties. However, the number of varieties with good resistance to FHB on the market is limited. The genetics of this disease is quantitative and seems to imply a lot of QTLs with minor effects. On the other hand, it has been discovered that dwarfing genes which are included in 95% of French wheat germplasm increase the FHB susceptibility. At last, phenotyping this disease is complex for two reasons: first, the fungal contamination occurs during flowering time; second, the fungal growth is highly dependent on the weather condition. Within "Breedwheat" collaborative research program, the characterization of resistance to FHB is one of the topics covered. The aim is to analyze the genetic variability of wheat for FHB resistance across a panel of 220 varieties of French and European wheat. The present study performed within the company SECOBRA Recherches, aims to : i) characterize FHB response of these varieties in an experimental field trial and ii) perform a genome wide association using high density genotyping and phenotyping data to eventually identify and compare QTLs regions with the literature.</p>  |   |
| <p>Mots-clés : Fusariose de l'épi ; Breedwheat, Génétique d'association, maladies fongiques sur blé<br/>         Key Words: Fusarium Head Blight (FHB), Genome Wide Association, wheat fungus diseases</p>  |   |

