

Construire et diffuser des systèmes légumiers multi-performants

- La conception des « briques » du système: la génétique



Les principales équipes de recherche publique en France

- GAFL Avignon : **Tomate**, **Piment**, **Aubergine**, **Melon**, (**Laitue**)
- IRHS Angers : **Carotte**
- IGEPP Rennes : **Choux** et **Brassica**
- BFP Bordeaux: **Fraise**
- Plusieurs labos utilisent la tomate comme modèle pour le développement du fruit (BFP Bordeaux), sa maturation (GBF Toulouse), la parthénocarpie (IPS2 Orsay)

Résistances

Résistances et Qualité

Méthodes de pré-sélection des ressources génétiques en cultures légumières et exemples d'application

Mathilde BRIARD

AGROCAMPUS OUEST – ANGERS

Institut de Recherche en Horticulture et Semences

Définition (pré-sélection, pre-breeding):

Activités ayant pour but d'identifier des caractéristiques ou des gènes d'intérêt dans du matériel génétique non adapté aux marchés commerciaux (ancien, exotique ou sauvage) et d'amener ce matériel à être directement utilisable dans des programmes de sélection classiques

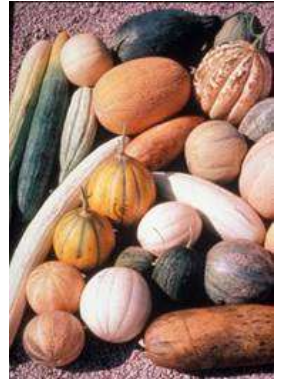
- **Collecte et caractérisation de Ressources génétiques**
- **Evaluation directe du caractère d'intérêt recherché**
- **Construction de populations d'introgression**
- **Construction de pools génétiques orientés**

- **Collecte et caractérisation de Ressources génétiques**
- **Evaluation directe du caractère d'intérêt recherché**
- **Construction de populations d'introgession**
- **Construction de pools génétiques orientés**

Les ressources Génétiques cultivées et sauvages



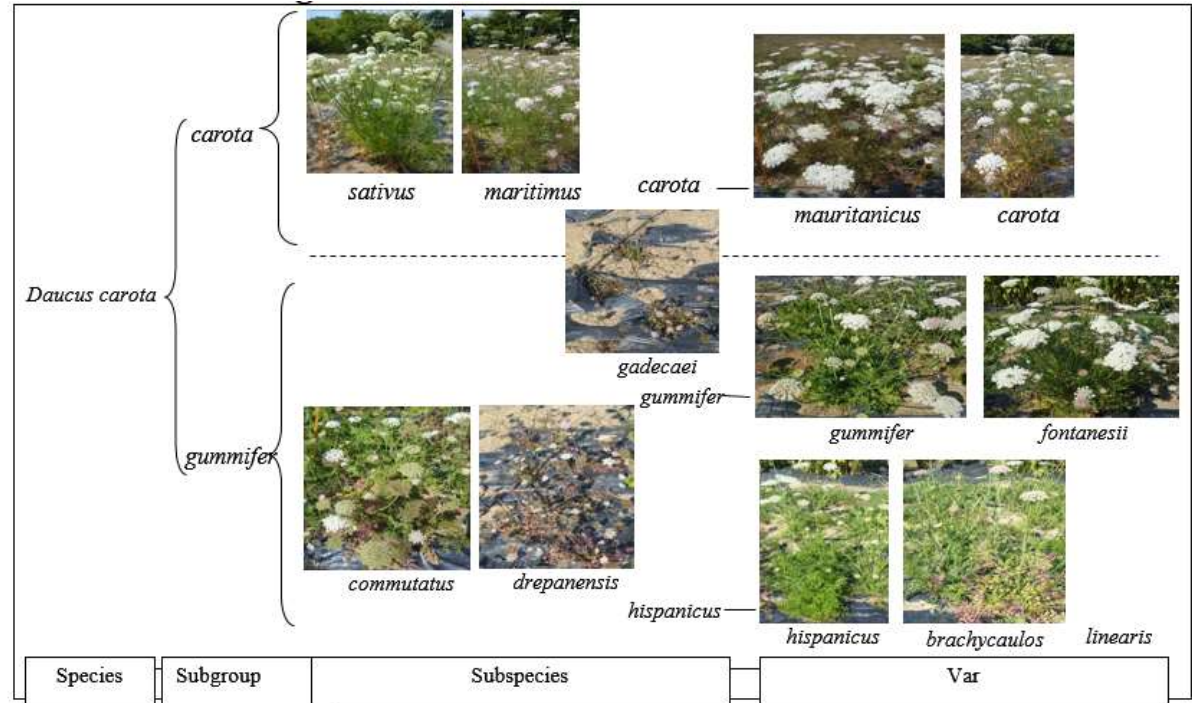
Les ressources Génétiques cultivées et sauvages



Les ressources Génétiques sauvages: caractérisation

Analyses morphologiques : identification taxonomique

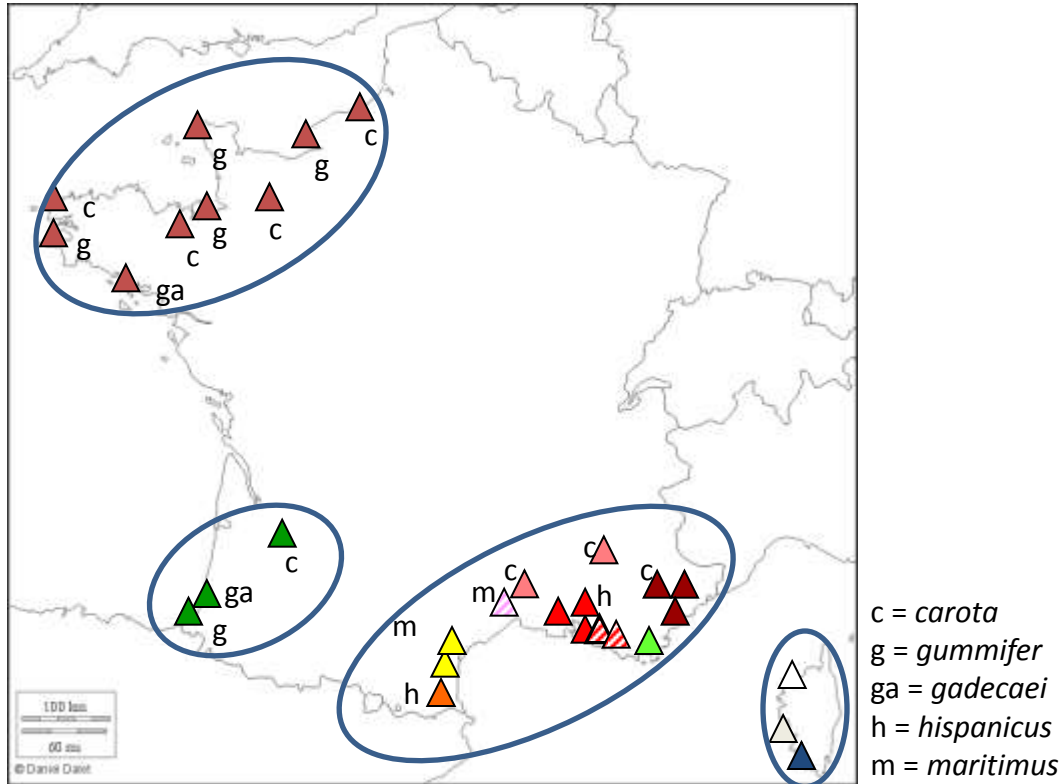
D. c. subsp *commutatus*



Taxonomical classification in the *Daucus carota* complex on the french territory (adapted from Reduron, 2007)

Les ressources Génétiques sauvages: caractérisation

Analyses génétiques : structure génétique dans l'espace



Les ressources Génétiques sauvages: caractérisation

Analyses des barrières reproductives : biologie florale

C. annuum



Pool Ire



C. frutescens

Fleur blanche



C. chacoense



C. chinense

Pool II^{re}

Spot jaune



C. baccatum



C. praetermissum

Pool II^{re}

Spot jaune



C. baccatum



C. praetermissum

Pool III^{re}



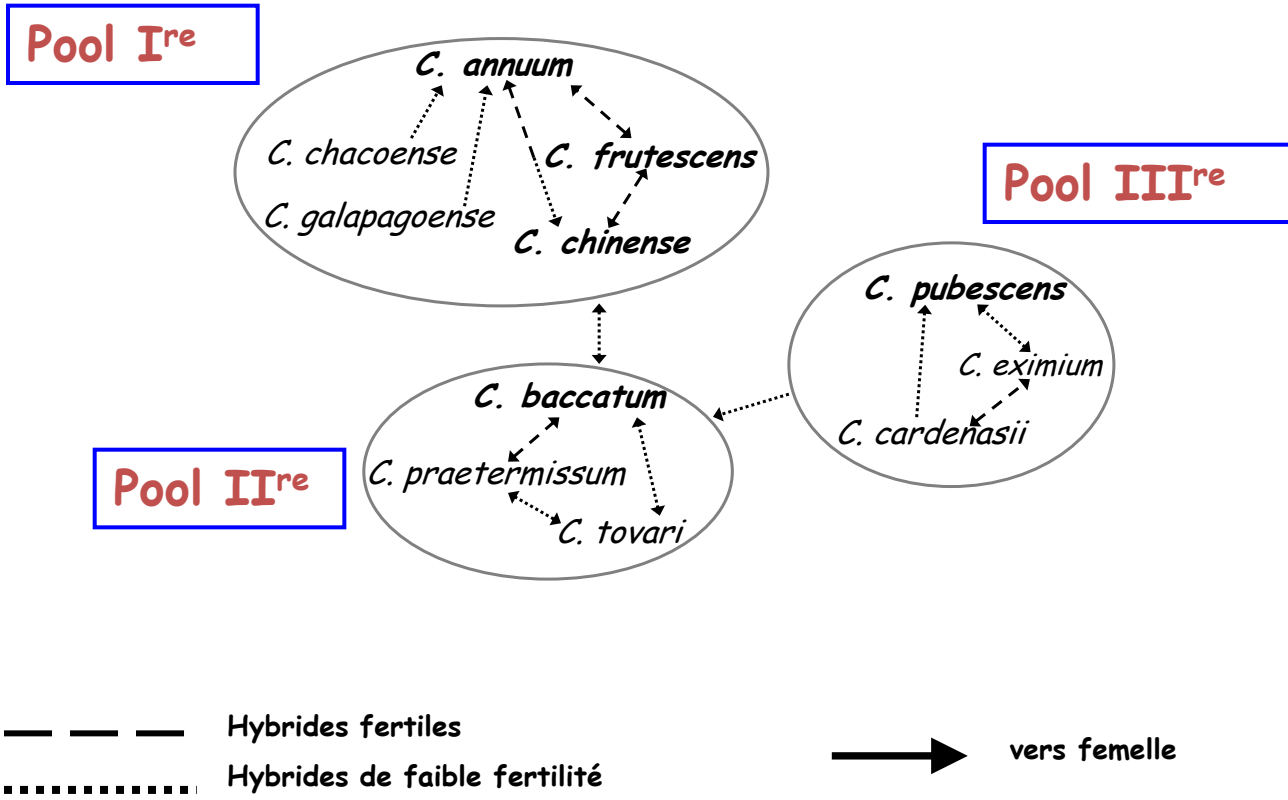
C. cardenasii



C. pubescens

Fleur violette

Différents pools et compatibilité / piment (Daubéze et al., 2005)



- **Collecte et caractérisation de Ressources génétiques**
- **Evaluation directe du caractère d'intérêt recherché**
- **Construction de populations d'introgression**
- **Construction de pools génétiques orientés**

Evaluation directe du caractère d'intérêt recherché



Daucus carota

Recherche directe de sources de résistances / Criblage direct des ressources génétiques
(ex: résistance nématode à galle)

Evaluation directe du caractère d'intérêt recherché

projet LactuMel

Rechercher des géniteurs de résistance aux *Meloidogyne* présents dans les cultures en France (2014-2016)

■ Recherche de géniteurs de résistance

➤ Tests en laboratoire : criblage des ressources génétiques

Résistance à *M. incognita* (2014-2015)

Résistance à *M. arenaria* (2015-2016)

➤ Contrôles en cultures en sols naturellement infestés

1 étude de 2 géniteurs et témoins x 3 sols (2014)

Etude de 10 géniteurs et 2 témoins sur 2 sols (2016-2017)



Criblage à INRA-UGAFL des RG *Lactuca* pour identifier des résistances à *M. incognita*

❖ Méthode de test

- Tests sur jeunes plantes en godets
- Inoculation avec une souche isolée en PACA (Calissane) avant 1999
- Comptage des galles et des masses d'œufs sur les racines



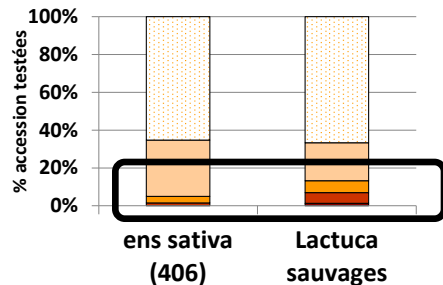
Nb galles à 25 et à 42 jpi



Nb masses d'œufs à 42 jpi

Criblage de *Lactuca* pour résistance à *M. incognita*

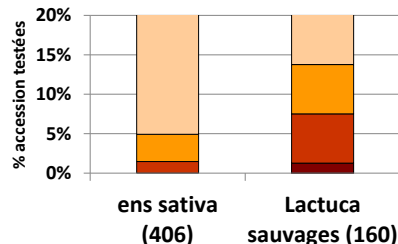
Nombre de galles (41-50 jpi)



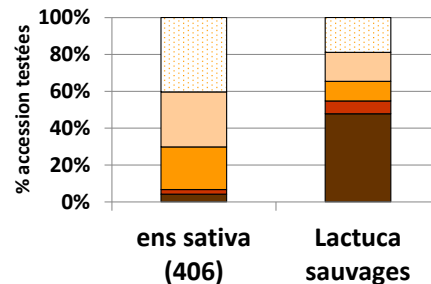
566 génotypes testés

■ >100 G ■]50-100] ■]30-50] ■]10-30] ■]0-10]

→ très peu de génotypes avec moins de 30 galles



Nombre de pontes (41-50 jpi)

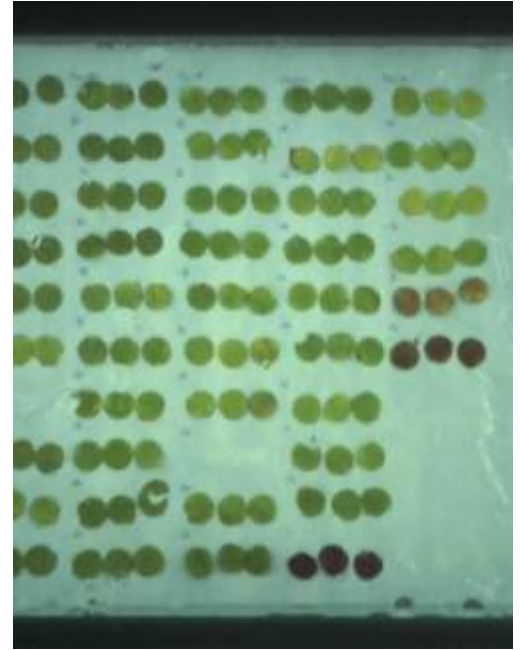
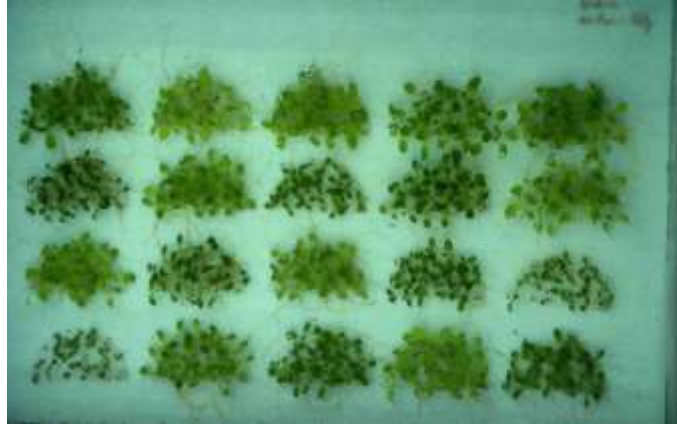


■ >50 P ■]30-50] ■]10-30] ■]5-10] ■]0-5]

→ nombreux génotypes de *Lactuca* sauvages avec peu de pontes

→ des génotypes avec une résistance partielle (très peu de pontes)
→ résistance *M. arenaria*

Bremia lactucae



Evaluation directe du caractère d'intérêt recherché



Mouche



Cavity spot



Rhizoctone violet



Analyse sensorielle

Construction de populations d'introgression

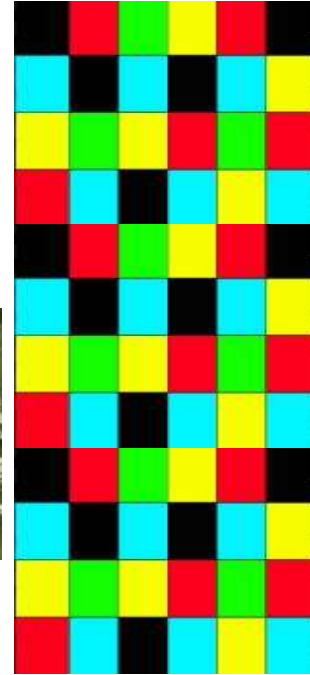
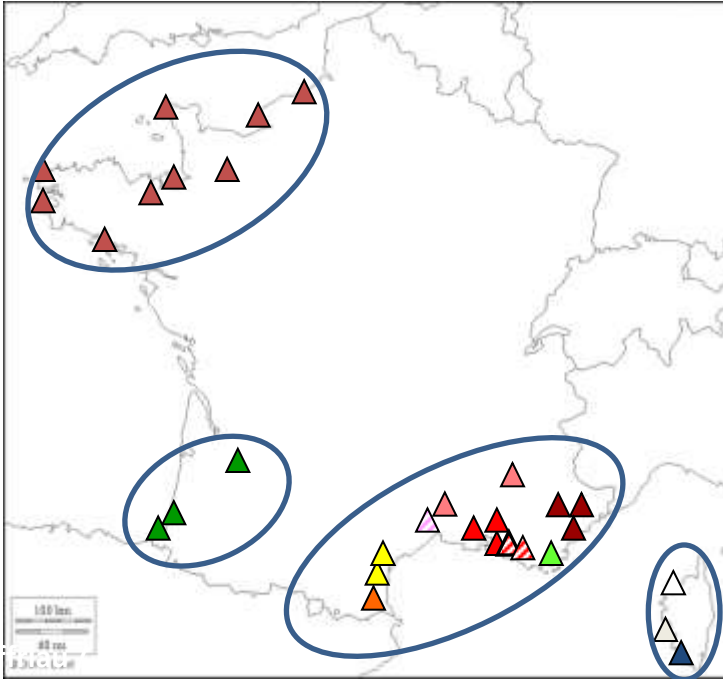


Racine plante sauvage :
blanchâtre
filandreuse,
non tubérisée



- **Collecte et caractérisation de Ressources génétiques**
- **Evaluation directe du caractère d'intérêt recherché**
- **Construction de populations d'introgession**
- **Construction de pools génétiques orientés**

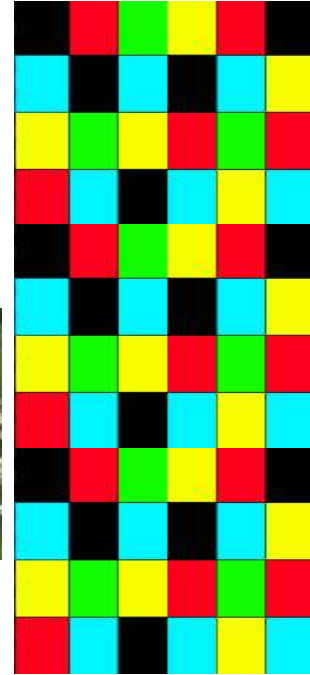
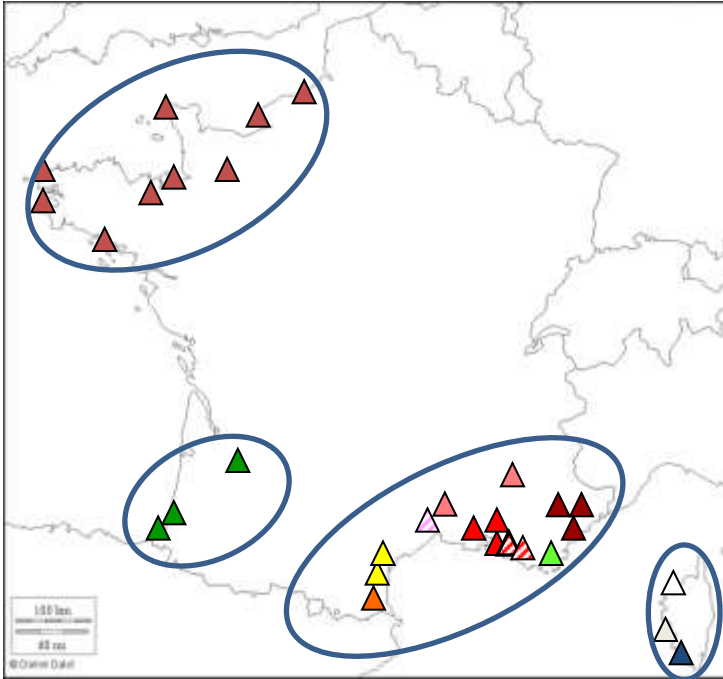
Construction de populations d'introgression



Sauvages + cultivées

→ Interpollinisation

Construction de populations d'introgression



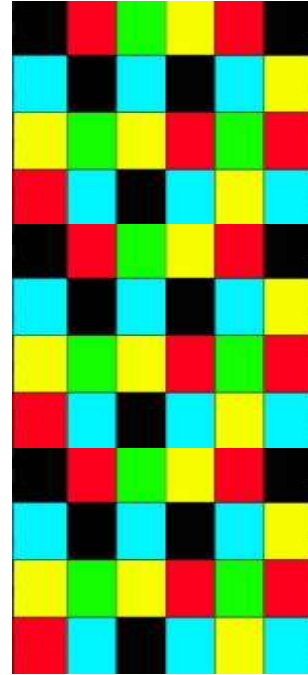
Sauvages + cultivées

→ Interpollinisation

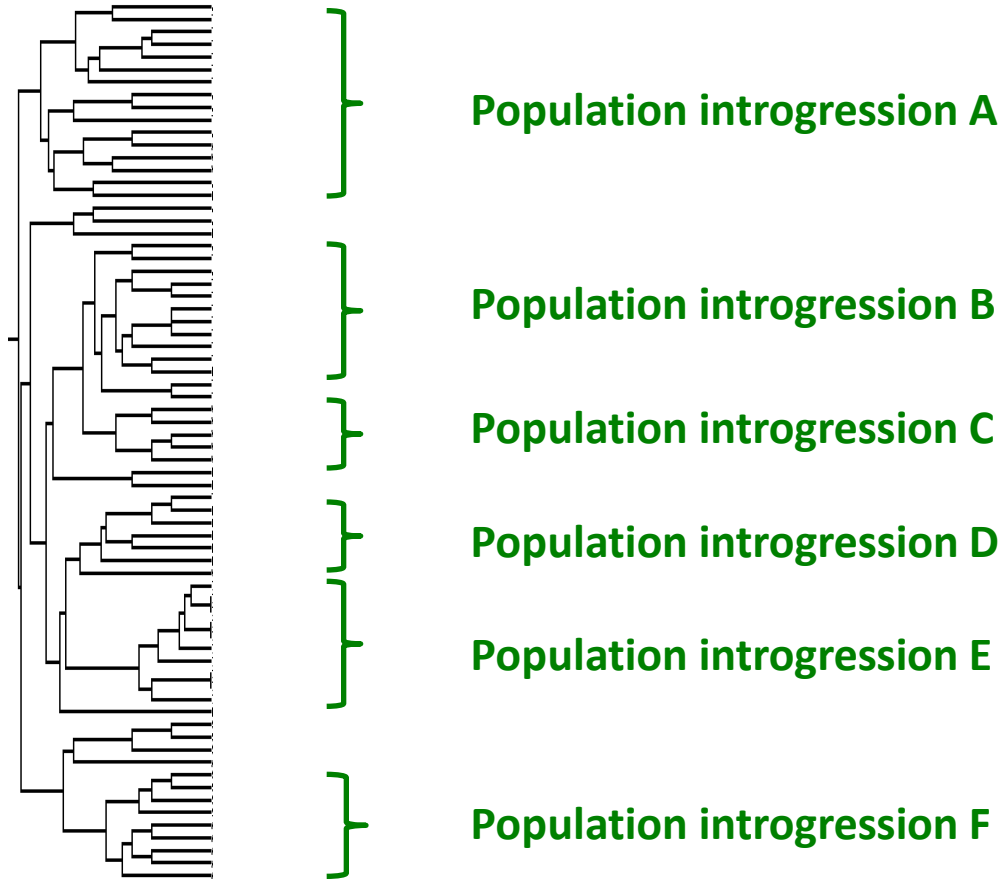
Construction de populations d'introgression



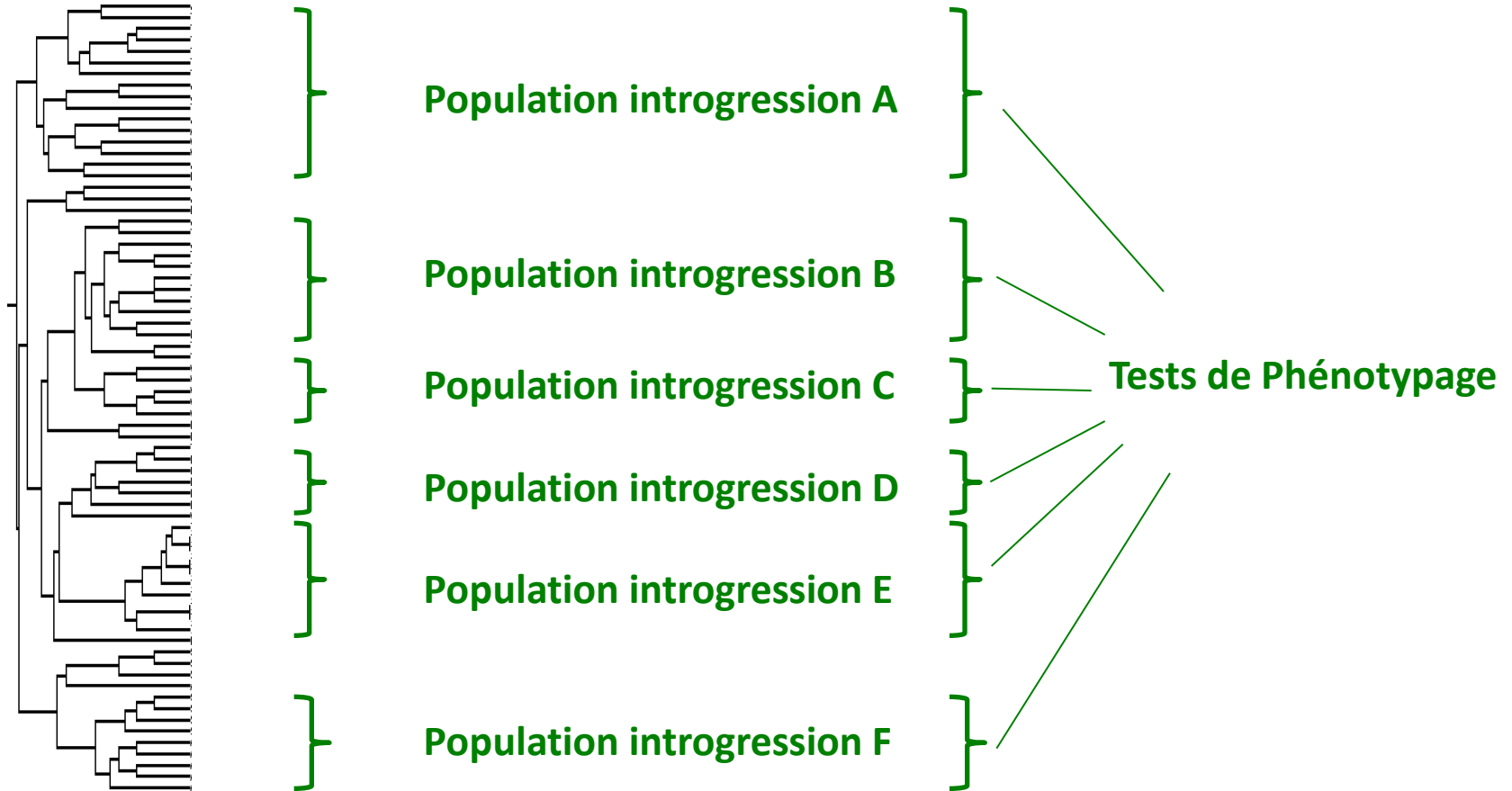
X



Evaluation indirecte du caractère d'intérêt recherché



Evaluation indirecte du caractère d'intérêt recherché



- **Collecte et caractérisation de Ressources génétiques**
- **Evaluation directe du caractère d'intérêt recherché**
- **Construction de populations d'introgression**
- **Construction de pools génétiques orientés**

Construction de pools génétiques orientés

Constitution de population sources vis-à-vis d'un caractère d'intérêt

Evaluation de 500 accessions de carotte/ *Alternaria dauci*

11 accessions retenues pour population source



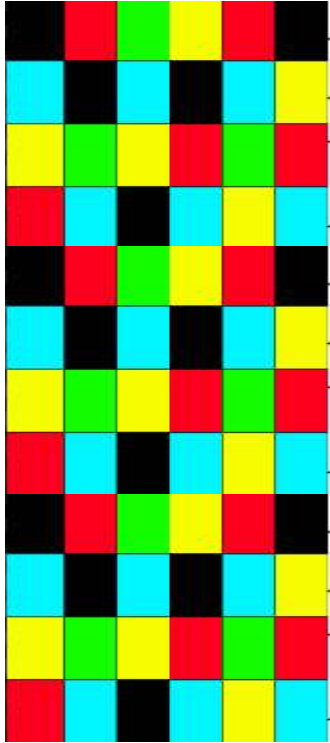
Sauvages + cultivées

Construction de pools génétiques orientés

Interpollinisation

Récolte maternelle

Génération successive



Construction de pools génétiques orientés

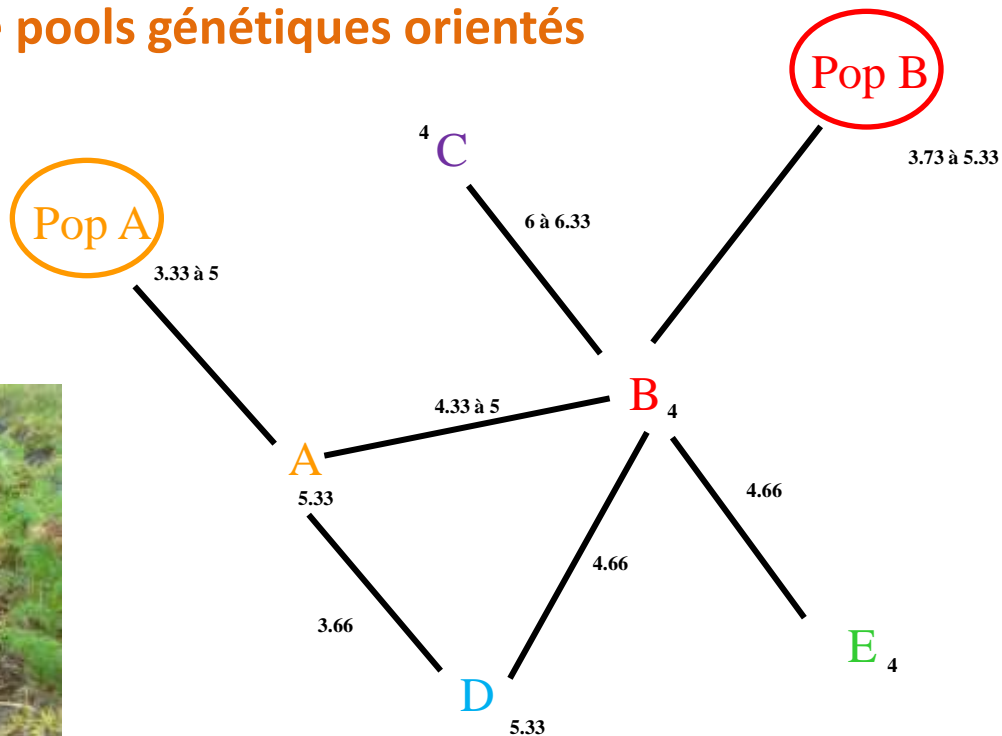


112 autofécondations parentales
117 croisements orientés
113 lignées maternelles

➔ nouveaux matériels génétiques à tester

Construction de pools génétiques orientés

Résistance *Alternaria dauci*



0: zéro symptôme
9: brûlé

Construction de populations destructurées



E. Geoffriau / IRHS

Suite du travail.....

- **Introgression des caractères d'intérêt dans du matériel élite (rétrocroisements, population en ségrégation, cartographie, SAM)**
- **Compréhension des mécanismes responsables de ce caractère d'intérêt (hérédité, recherche gènes candidats, validation fonctionnelle, ...)**
- **Etude de l'interaction génotype environnement**

Merci pour votre attention!



Equipe QuaRVeg

