

## **Innovation en termes de protection des cultures et apports de l'amélioration génétique.**

Bruno DESPREZ

*Président de l'Association des Sélectionneurs Français,  
Président de Florimond Desprez Veuve & Fils*

La résistance des plantes cultivées a toujours été un sujet important et cet intérêt va en s'amplifiant. La création variétale et en particulier la résistance aux bioagresseurs est aujourd'hui un axe de recherche prioritaire dans le contexte de l'agroécologie.

Parmi les différents points à améliorer, il faut intensifier/optimiser la découverte de nouvelles sources de résistance/tolérance et que celles-ci se trouvent rapidement utilisables ou transférables. La durabilité des solutions proposées est également un souci majeur. Pour répondre à ces objectifs, de nouveaux outils sont à disposition, notamment ceux qui permettent de mieux identifier les gènes impliqués (séquençage haut-débit, puces, marqueurs...). Pour aboutir, le sélectionneur se doit d'effectuer des phénotypages plus fins, moins destructifs, plus précoces, offrant au final une vision plus précise de l'évaluation. C'est ainsi qu'il pourra assigner ses ressources génétiques.

A titre d'illustration (1), le programme AKER (PIA - ANR – 11 – BTBR – 0007 /2012-2020) a particulièrement contribué à ces innovations. Une des originalités est le développement de phénotypages dynamiques avec pour objectif de décortiquer les comportements de betteraves à sucre. La variabilité des réponses a permis de relier à des régions génomiques un nombre impressionnant de données cumulées, rendant possible la sélection dans des génomes déjà très performants. Pour éviter au mieux la cohabitation entre une ressource utile et un fardeau génétique et surtout pour cribler des ressources déjà plus proches d'un matériel dit élite et donc rapidement utilisable, une collection de référence performante a été constituée, permettant au sélectionneur d'y puiser de la variabilité utile. Pour soutenir ce processus, le phénotypage à la fois de haut débit et de précision a permis de cibler des zones génomiques fines. Grâce au séquençage complet des génomes et des croisements assistés par puce génétique, l'approche déployée permet d'atteindre à terme le ou les gène(s) impliqué(s) ouvrant d'autres perspectives. L'étude d'un gène de résistance à la Rhizomanie (utilisé dans les variétés commerciales) et sa distribution haplotypique au sein des accessions exotiques est ainsi un exemple de stratégie potentielle favorisant la recherche de nouvelles sources dans un contexte génétique proche variable. Connaître la séquence d'un gène peut aussi se révéler utile dans le cadre de la gestion spatio-temporelle des résistances. Une étude récente sur le gène *Stb16q* de résistance à la septoriose chez le blé montre ainsi que bien que contournée, cette ressource pourrait redevenir une source intéressante.

Les connaissances génétiques accumulées ont aussi permis le développement d'une autre approche innovante, la Génétique Paysagère. En combinant les descripteurs environnementaux et la génétique (fréquences alléliques), elle s'est ainsi révélée accompagner la présélection de plantes ressources aux variabilités plus durables.

### **Référence :**

1. Huyghe C., Desprez B., Laudinat V., La Betterave sucrière. L'innovation compétitive. Editions Quae, ISBN : 978-2-7592-3157-7, 152 pages, 2020.

**Mots Clés :** Création variétale, Protection des Plantes, Innovation, Génétique.