Photo 18 - Adulte de Lindorus lophantae, coccinelle prédatrice d'Aonidiella aurantii.
(Photo A. Franck)

déterminer l'impact réel de ce nouvel auxiliaire. Sur cochenilles, les études ont visé à préciser le statut des principaux auxiliaires indigènes (parasitoïdes, prédateurs) de la principale espèce de diaspine nuisible aux agrumes, *Aonidiella aurantii* (pou rouge de Californie). Des battages et des échantillonnages ont ainsi été réalisés dans une série de vergers sélectionnés. Les principaux parasitoïdes de l'espèce sont les Aphelinidae *Aphytis lingnanensis* et *Encarsia perniciosi*, ainsi que l'Encyrtidae *Comperiella bifasciata* (Photo 17). Parmi les prédateurs, la coccinelle *Lindorus lophantae* (Photo 18) apparaît comme la plus fréquente dans les zones d'étude.

Serge QUILICI

Résistance des plantes aux "bio-agresseurs"

Etude du déterminisme génétique de la résistance aux maladies de la canne à sucre

L'échaudure des feuilles

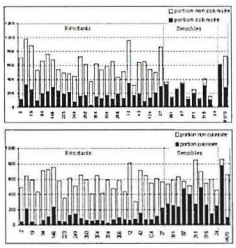

Figure 16 - *Caractérisation de la résistance de la canne à sucre à la maladie de l'échaudure des feuilles. Progression de Xanthomonas albilineans dans la partie située au dessus du point d'inoculation en terme de distance parcourue dans deux essais. En haut, essai réalisé en 1997, où l'expression de la maladie au niveau des symptômes était favorable. En bas, essai réalisé en 1998 sur les mêmes variétés, où l'expression de la maladie a été plus faible.*

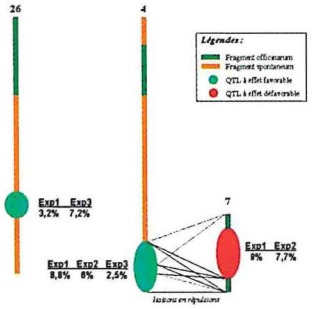

Figure 17 - *Analyse génétique de la résistance de la canne à sucre à la maladie de l'échaudure des feuilles. Positionnement sur la carte de R570 et effets de quelques uns des quantitative trait loci (QTL) identifiés comme liés à la résistance à Xanthomonas albilineans à l'issue de trois expériences indépendantes (Exp1-Exp3). Les chromosomes 4 et 7 s'apparient préférentiellement à la méiose.*

Cette étude menée dans le cadre d'une thèse a permis de progresser dans la caractérisation de la résistance de la canne vis à vis de l'échaudure des feuilles. Nous avons précisé que la symptomatologie fournit des paramètres dont la mesure, à l'intérieur d'une expérience, est fiable, mais que ceux-ci sont peu stables entre expériences. L'étude des densités des populations bactériennes a confirmé qu'une forte colonisation des tiges était nécessaire mais n'était pas suffisante pour qu'il y ait apparition des symptômes foliaires. L'étude de la distribution de la bactérie dans les tiges a permis de définir de nouveaux paramètres de résistance. Nous avons précisé que la résistance était associée à une faible progression de la bactérie dans les tiges (Figure 16). Ces paramètres de colonisation sont fiables et ont une bonne stabilité entre expériences. Certains résultats tendent à indiquer que l'expression de la maladie aurait un impact négatif sur l'élongation des entre-nœuds.

Dans le même temps, les marqueurs moléculaires AFLP ont été utilisés pour rechercher les QTL (quantitative trait loci) déterminant la résistance. La première étape de cette recherche a consisté à construire une carte génétique. Cette carte est longue de 5800 cM et couvre environ 50% du génome de la variété étudiée. Dans la deuxième étape de cette recherche, nous avons détecté des associations significatives entre marqueurs et QTL de résistance et avons précisé leurs localisations dans le génome de R570 (Figure 17). Ces QTL sont peu nombreux. Ils ont des effets individuels modestes mais le cumul de leurs effets explique dans certains cas jusqu'à 46% de la variation mesurée. Globalement les points de convergence entre les QTLs détectés lors des différentes expériences sont ténus.

B. Offmann

La rouille

Trois cent clones (augmentation de la population de R570 autofécondée) sélectionnés au stade seedling pour leur sensibilité à la rouille ont été de nouveau évalués au champ cette année et leur ADN a été extrait. Il servira à repérer les individus recombinants autour du gène de résistance à la rouille et affiner la carte génétique dans cette zone. Par ailleurs, une étude extensive de la ségrégation du caractère de résistance à la rouille dans les croisements du CERF a été entreprise en collaboration avec J.Y. Hoarau (sélectionneur CERF). Cette exploration vise à identifier les sources de résistance dans les géniteurs utilisés en création variétale.

Le charbon

Le croisement R570 castrée x MQ76/53 apparaît plus sensible en repousse que le croisement Nco376 x R570 (Figure 18) dans un essai préliminaire hébergé sur la station CERF du Gol. Cette observation est cohérente avec le niveau de sensibilité connu des parents MQ76/53 (très sensible) et Nco376 (sensible). Le croisement R570 castrée x

Figure 18 - *Cartographie des essais préliminaires "charbon" en 2000 (première repousse). Plus la parcelle élémentaire est foncée plus elle présentait de fouets. En haut , le croisement R570 castrée x MQ76/53 et en bas le croisement NCO376xR570. Les parcelles en noir sont hors-essai (bordures).*

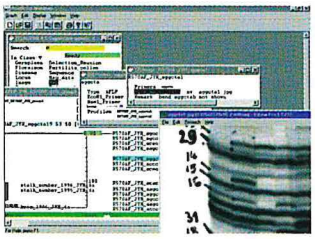

Figure 19 - *Capture d'écran de la base de données sur la génétique de la canne à sucre. Les marqueurs de la carte génétique sont interactifs. Il est notamment possible de visualiser les profils AFLP à partir desquels ils ont été codés.*

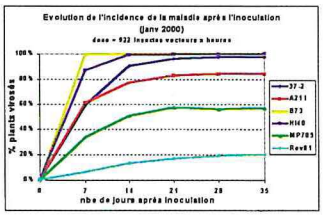

Figure 20 - *Test au champ des lignées résistantes au MStV face à l'inoculation d'une dose massive d'insectes infectieux.*

MQ76/53 a été choisi pour l'étude de cartographie des facteurs génétiques de la résistance au charbon car c'est le croisement qui présente la ségrégation la plus équilibrée entre résistants et sensibles. Deux nouveaux essais, avec inoculation artificielle, ont été mis en place cette année pour caractériser le niveau de résistance des clones issus du croisement R570 castrée x MQ76/53 : l'un en serre (La Bretagne) et l'autre en plein champ (Ligne Paradis). Dans ces essais, la sortie des fouets sera suivie régulièrement. Au champ, on effectuera en plus des mesures agronomiques (hauteur, tallage, diamètre des tiges, Brix). Les travaux de marquage moléculaire visant à établir les cartes génétiques des deux parents du croisement ont commencé. 12 combinaisons d'amorces AFLP ont été utilisées ce qui représente un potentiel de plus de 400 marqueurs polymorphes. Les profils génétiques générés sont en cours de codage.

L.M. Raboin

Appui méthodologique à l'amélioration variétale de la canne à sucre

La base de données sur la génétique de la canne continue à être alimentée. Elle rassemble des informations sur la floraison, la fertilité, la généalogie, la résistance aux maladies et les caractéristiques générales des variétés. On y trouve en plus maintenant la carte génétique AFLP interactive, les profils électrophorétiques AFLP scannés servant de référence pour le codage des marqueurs, l'information sur les QTLs des composantes du rendement ou encore les séquences des microsatellites de canne (Figure 19).
Cette année, 36 clones FR de la collection in vitro ont été sevrés puis mis sur le terrain au CERF pour être évalués. La vitrothèque contient encore environ 170 clones hybrides commerciaux, nobles, sauvages et numéros utilisés pour la réalisation des cartes génétiques.

L.M. Raboin

La résistance aux maladies virales transmises par insectes vecteurs chez le maïs

Nous avons entrepris l'analyse génétique de la résistance au maize stripe virus (MStV) sur des fonds génétiques différents originaires de la Réunion et d'Antigua. Le but est de cartographier les gènes de résistance et d'essayer de les relier à des mécanismes de défense de la plante, soit face au virus sensu stricto, soit face à l'insecte vecteur, *Peregrinus maidis*.

L'étude d'une gamme de lignées vis à vis du MMV et du MStV, mais également vis à vis de *P. maidis*, qui peut transmettre les deux virus, est un moyen intéressant de caractériser des lignées qui possèdent des gènes de résistance fixés pour l'un et / ou l'autre de ces deux mécanismes.
Deux approches sont utilisées : l'analyse de l'expression de la maladie sur les plants observés au champ, l'analyse du comportement alimentaire de l'insecte sur les plants au laboratoire par mesures d'électropénétrographie (EPG). L'analyse comparée des résultats obtenus selon ces deux approches permet d'émettre un certain nombre d'hypothèses concernant le type de résistance fixée dans nos lignées (résistance au virus, à l'insecte ou les deux à la fois) et d'orienter le choix des croisements à réaliser en vue des études de cartographie génétique. Deux catégories de lignées résistantes sont mises en évidence au champ (Figure 20) : les lignées montrant une résistance très forte, peu ou pas contournable par la dose d'insectes inoculés (DCI) (Hi40 vis à vis du MMV et Rev81 vis à vis du MStV) et, les lignées montrant une résistance partielle vis à vis des deux virus et dont le niveau varie en fonction de la DCI (37-2, MP705, A211).
Pour l'application de l'EPG au travaux de génétique, le travail méthodologique s'est donc poursuivi en 2000 par la création d'une nouvelle base d'apprentissage et l'ajout d'un nouveau paramètre discriminant.
Les résultats de classement des signaux de la base d'apprentissage ont été fortement améliorés par cette nouvelle version du programme de reconnaissance automatique. Les confusions importantes sont maintenant uniquement observées au sein de la classe 5 donc pour des signaux assez proches dont les différences au niveau biologique n'ont pas également été déterminées. La compilation des divers modules

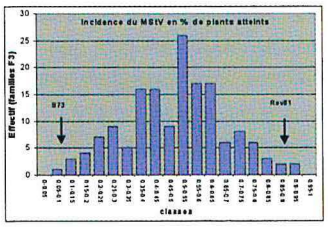

Figure 21 - *Distribution des familles F3 en fonction de leur niveau de résistance pour la composante incidence de la maladie.*

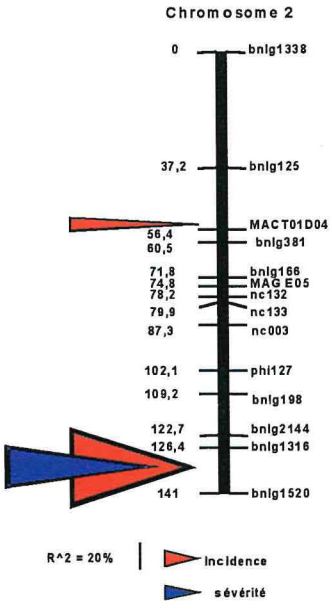

Figure 22 - *Extrait de la carte génétique avec la position sur le chromosome 2 du QTL majeur déterminé pour les composantes incidence et sévérité de la résistance au MStV.*

est bien avancée pour réaliser 3 programmes (acquisition des signaux EPG, reconnaissance automatique des signaux acquis, analyse statistique des résultats). Cette opération a nécessité la transposition des fonctionnalités matricielles de Matlab en langage C++ et la création de divers modules (composants ActiveX) permettant la réalisation de diverses taches, comme le pilotage de carte d'acquisition ou l'affichage de graphique en temps réel.

La version 2000 a déjà permis l'acquisition, le tri et traitement de plus de 300 enregistrements de 8H. L'analyse des résultats des mesures EPG sur ces mêmes lignées montre un effet hautement significatif du génotype sur le comportement alimentaire de l'insecte, celui-ci semblant le plus perturbé pour la lignée 37-2 qui, par ailleurs, montre une résistance partielle au MMV et au MStV contournable totalement par une dose massive d'insectes vecteurs.

Une première analyse génétique de la résistance au MStV a été réalisée sur une population F2 issue du croisement entre Rev81, supposée avoir fixé surtout des facteurs de résistance au virus sensu stricto, et B73, lignée américaine sensible. Les tests au champ des descendances F3 inoculées par des insectes vecteurs, menés au cours de 4 saisons différentes, confrontés à une carte génétique bâtie avec des marqueurs micro-satellites, ont permis une recherche QTL et l'analyse du déterminisme génétique de la résistance. Les composantes de la résistance mesurées au champ, incidence et sévérité de la maladie, sont des variables de type quantitatif comme le montrent les graphiques de distribution de fréquence (Figure 21). Les analyses de chaque test et sur une base multi-environnement ont montré que cette résistance est fortement héritable et sous contrôle polygénique. Un QTL majeur, détecté sur le chromosome 2, contrôlerait essentiellement la composante incidence de la résistance, et son action serait de type surtout additive (Figure 22). Au moins deux autres QTL à effet moyen à fort, sur les chromosomes 3 et 5, seraient impliqués respectivement plutôt dans l'incidence et la sévérité. Un certain nombre de QTL mineurs ont également pu être détectés sur les chromosomes 2, 3, 8 et 10. Le QTL majeur et les autres QTL impliqués dans la composante incidence de la résistance ne montrent pas d'interaction avec l'environnement pour les effets d'additivité et de dominance et sont donc stables pour ce caractère.

Une deuxième analyse génétique de la résistance au MStV est en cours sur une population de lignées recombinantes issue du croisement entre MP705, originaire d'une population d'Antigua et supposée avoir fixé surtout des facteurs génétiques de résistance à l'insecte, et B73, parent sensible. Cette population peut être testée vis à vis des deux virus avec pour objectif de voir si ce sont les mêmes QTL qui sont impliqués, auquel cas cela confirmerait le caractère "virus non spécifique" de la résistance à l'insecte que l'on suppose fixée dans MP705. La comparaison des QTL détectés dans cette population avec ceux de la population précédente permettra de confirmer ou d'infirmer l'hypothèse de deux contrôles génétiques différents, correspondant au deux grands niveaux de résistance possibles (virus et insecte). Cela permettra également de voir si certains QTL de résistance se conservent ou non entre fonds génétiques éloignés. Par ailleurs, la lignée MP705 a été sélectionnée dans une population d'Antigua pour la résistance à un défoliateur américain et la possibilité de profiter de l'établissement d'une carte génétique pour marquer parallèlement cette résistance ouvre d'autres perspectives intéressantes de valorisation de ce matériel.

J. Dintinger, B. Reynaud

La résistance au flétrissement bactérien chez les solanacées

L'introduction de gènes de résistance au flétrissement bactérien chez la pomme de terre, qui a fait l'objet de la thèse d'I. Fock, a conduit à créer des hybrides somatiques à partir de deux espèces sauvages, *S. phureja et S. stenotomum*. Ceux-ci ayant été caractérisés aux plans cytologique, morphologique et agronomique, il restait à évaluer leur comportement vis-à-vis des deux populations

Photo 19 - *Solanum tuberosum S. stenotomum est l'un des hybrides obtenus par électrofusion de protoplaste. Aspect général des plantes. Morphologie comparée des feuilles-fleurs.*
(Photo I. Fock)

réunionnaises de *R. solanacearum* selon la méthodologie mise au point au cours de la première partie de la thèse.

1) Les hybrides de *S. phureja* montrent un taux de flétrissement presque nul lorsque confrontés à la souche de race 1 ; en revanche, ils se révèlent moyennement sensibles, comme le parent sauvage d'ailleurs, en présence de la souche de race 3. Une exception, cependant, pour l'hybride amphiploïde BP9 qui ne développe que peu de symptômes et montre un taux de flétrissement faible, inférieur à celui de *S. phureja*.

Les hybrides issus de *S. stenotomum* ont un comportement homogène : pas de flétrissement avec la souche de race 1 et des taux faibles avec la souche de race 3 (Photo 19).

2) L'analyse des populations dans les tissus des vitroplants, racinaires ou appartenant au système aérien, indique que si dans tous les cas, parents sensibles ou résistants, la population dans les racines est toujours forte, supérieure à 10^6 ufc/g de tissu frais, son niveau varie significativement selon la combinaison clone-bactérie. Il est toujours élevé pour l'espèce cultivée quelle que soit la souche. Pour *S. phureja* et *S. stenotomum* et leurs hybrides, les populations de la souche de race 1 sont absentes des tissus aériens. En revanche, pour ce qui concerne les populations de la souche de race 3, les niveaux sont élevés (supérieurs à 10^6 ufc/g de tissu frais) chez *S. phureja* et ses hybrides, sauf BP 9 et compris entre 10^3 et 10^5 ufc/g de tissu frais pour BP 9, *S. stenotomum* et tous ses hybrides. Ces résultats confirment la sensibilité à la souche de race 3 de *S. tuberosum*, de *S. phureja* et de ses principaux hybrides, la tolérance de BP 9, de *S. stenotomum* et de ses hybrides à cette même souche et enfin la résistance des espèces sauvages et de tous leurs hybrides à la souche de race 1.

I. Fock, J. Luisetti

La recherche de sources de résistance à la race 3 de *Ralstonia solanacearum* chez la tomate est la première étape du travail de thèse d' Amandine Carmeille. Elle a porté sur une partie du matériel végétal collecté par - ou créé à - l' INRA de Guadeloupe. Les premiers résultats confirment que la presque totalité de ce matériel végétal est sensible voire très sensible aux souches réunionnaises de race.3.

J. Luisetti, A. Carmeille

Photo 20 - *Forêt mégatherme de basse altitude de Mare Longue.*
(Photo M. Attie)

Photo 21 - *Tente malaise en forêt régénérée à Mare Longue.*
(Photo M. Attie).

Connaissance de la bio-diversité pour une meilleure gestion des relations entre espaces cultivés et milieux naturels en zone tropicale

Evaluation de la richesse des milieux indigènes à l'aide d'insectes

Sites d'étude

Une étude sur l'entomofaune est réalisée dans la forêt mégatherme de basse altitude de Mare-Longue (270 m) et dans la forêt mégatherme de moyenne altitude de la Plaine des Fougères (750 à 850 m).

Ces deux formations végétales indigènes sont devenues rares à la Réunion (photo 20).

Dans chaque site, l'entomofaune d'un habitat intact est comparée qualitativement et quantitativement à celle des habitats voisins anthropisés (plantations forestières, milieu indigène exploité). Les habitats perturbés sont en général fortement envahis par des pestes végétales telles que le goyavier (*Psidium cattleianum* Sabine Myrtaceae), la vigne maronne (*Rubus alceifolius* Poir. Rosaceae) et le tabac bœuf (*Clidemia hirta* (L.) D. *Don Melastomataceae*). Les insectes sont échantillonnés avec des pièges au sol (tentes malaises) et des pièges placés au niveau de la frondaison (photo 21 et 22).