vinetur

Une étude identifie des marqueurs génétiques de résistance à la rhynchosporiose chez l’orge de brasserie d’hiver

Des chercheurs ont analysé 14 789 SNP sur 374 lignées d’orge pour aider les sélectionneurs à identifier plus tôt les plants résistants.

mercredi 30 septembre 2026



JoVE Visualize a mis en avant, le 29 septembre, une étude d'association pangénomique qui a identifié des marqueurs génétiques liés à la résistance à la rhynchosporiose chez l'orge de brasserie d'hiver, offrant aux sélectionneurs une carte plus claire pour choisir des plants capables de mieux résister à l'une des maladies persistantes de la culture.

L'étude s'est concentrée sur une population multiparentale adaptée d'orge de brasserie d'hiver et a utilisé 14 789 polymorphismes mononucléotidiques, ou SNP, sur 374 lignées d'orge. Ces chiffres comptent, car l'analyse d'association pangénomique repose sur la comparaison d'un grand nombre de différences génétiques à travers un vaste ensemble de plantes afin de détecter quelles parties du génome sont systématiquement liées à un caractère. Dans ce cas, ce caractère était la résistance à la rhynchosporiose.

La rhynchosporiose est une maladie des plantes qui peut endommager la croissance de l'orge et la qualité du grain. Dans l'orge de brasserie, la pression de la maladie peut affecter à la fois les rendements à la ferme et l'homogénéité de la matière première entrant dans les malteries. Cela fait de la résistance aux maladies une question agricole et, potentiellement, une question d'approvisionnement pour les brasseurs qui dépendent d'une qualité d'orge stable pour la production de bière.

Le travail décrit par JoVE Visualize vise à aider les programmes de sélection à passer de l'observation de la résistance au champ à l'identification de signaux génétiques pouvant être suivis en laboratoire. Plutôt que d'attendre plusieurs saisons de culture pour voir quelles lignées résistent le mieux à la pression de la maladie, les sélectionneurs peuvent utiliser des marqueurs ADN pour cribler les plants plus tôt et plus efficacement. Cela ne remplace pas les essais au champ, mais peut réduire le nombre de lignées à faire progresser et le temps nécessaire au processus de sélection.

Les études d'association pangénomique sont largement utilisées en sciences des cultures, car elles permettent de relier la variation génétique naturelle à des caractères utiles sans exiger un simple schéma d'hérédité unique. Chez l'orge, comme dans d'autres cultures, la résistance aux maladies est souvent influencée par plusieurs régions du génome plutôt que par un seul gène. Une population multiparentale peut être particulièrement utile dans ce contexte, car elle capture davantage de diversité

génétique qu’une population issue de seulement deux parents. Une plus grande diversité peut améliorer les chances de trouver des marqueurs qui restent utiles dans le matériel de sélection.

L’ampleur de l’étude suggère aussi une volonté de trouver un équilibre entre profondeur d’analyse et pertinence pratique pour la sélection. Un panel de 374 lignées est assez important pour offrir une comparaison large entre des matériels apparentés, tandis que près de 15 000 marqueurs SNP donnent aux chercheurs une couverture dense du génome. Ensemble, ces données peuvent aider à identifier des régions chromosomiques associées à la résistance et à distinguer les signaux les plus forts du bruit de fond.

Pour les sélectionneurs, l’intérêt de ce type de résultat dépend de la possibilité de valider les marqueurs et de les utiliser dans la sélection courante. Un marqueur est d’autant plus utile qu’il prédit de manière fiable la résistance dans différents environnements et différentes populations de sélection. Les résultats mis en avant par JoVE Visualize signalent donc une étape dans la chaîne de sélection plutôt qu’un produit commercial abouti. Des tests supplémentaires sont généralement nécessaires avant qu’un marqueur n’entre dans les protocoles de sélection standard.

Cela dit, cette orientation est importante pour la filière orge. L’orge de brasserie d’hiver doit satisfaire aux exigences agronomiques du champ et aux exigences de qualité des industries du malt et de la bière. Une lignée qui se comporte bien face aux maladies mais échoue sur la qualité brassicole aura une valeur limitée. L’inverse est tout aussi vrai. Une recherche qui examine la résistance aux maladies au sein du germplasm d’orge de brasserie d’hiver est notable parce qu’elle travaille directement sur un matériel végétal plus proche des usages industriels, plutôt que sur une vaste collection à faible pertinence commerciale.

Cela pourrait avoir des conséquences pratiques au-delà de la station de sélection. Si les sélectionneurs d’orge sont en mesure d’utiliser des marqueurs validés pour améliorer plus efficacement la résistance à la rhynchosporiose, les producteurs pourraient subir moins de pertes liées à la maladie dans les environnements touchés. À terme, cela pourrait soutenir des approvisionnements plus stables en orge de brasserie pour les

malteurs et les brasseurs, avec des avantages potentiels en matière de maîtrise des coûts et de planification. Ces effets dépendraient de l'adoption, des performances au champ et des conditions locales de pression de la maladie, mais l'objectif de sélection est étroitement lié à la chaîne d'approvisionnement de la bière.

L'étude reflète aussi un déplacement plus large de l'amélioration des cultures vers la combinaison de la sélection végétale classique et d'outils génomiques. La sélection traditionnelle reste centrale, car le rendement, la réaction aux maladies, la résistance à l'hiver et la qualité de maltage doivent tous être mesurés en conditions réelles. Mais les approches d'aide à la sélection par marqueurs peuvent rendre ces programmes plus ciblés. Lorsque les chercheurs peuvent identifier des régions génomiques associées à la résistance, ils peuvent sélectionner plus tôt des descendants prometteurs, combiner plus délibérément les caractères utiles et réduire le nombre de lignées moins performantes conservées pour la suite.

Chez l'orge, c'est important car les cycles de sélection sont longs et la pression des maladies peut changer d'une année à l'autre. Un outil génomique qui améliore les chances de sélectionner du matériel résistant peut rendre les programmes plus efficaces même sans supprimer l'incertitude. Il peut aussi aider les sélectionneurs à préserver d'autres caractères importants tout en améliorant la résistance, puisqu'ils peuvent suivre plusieurs marqueurs en même temps plutôt que de se baser uniquement sur la réponse visible à la maladie.

Le contenu de JoVE Visualize ne présente pas ce travail comme une réponse définitive à la rhynchosporiose de l'orge. Il met plutôt en avant un ensemble d'associations génétiques susceptibles d'étayer les décisions de sélection et les futurs travaux de validation. En recherche appliquée sur les cultures, c'est souvent ainsi que le progrès se fait : d'abord en localisant des signaux génomiques utiles, puis en les testant sur un matériel et dans des environnements plus larges, et enfin en les transformant en outils de routine pour les programmes de sélection qui cherchent à fournir une orge de brasserie plus résiliente.