

PERSIST : Préserver et améliorer l'efficacité des gènes de résistance à la septoriose : le cas du gène *Stb16q*

Jean-Noël THAUVIN¹, Gaele MARLIAC¹, Florence CAMBON¹, Carolina Orellana TORREJON², Benjamin NOWAK³, Madison VAN'T KLOOSTER², Ellen GOUEMAND-DUGUE⁴, Gabriel BEUDIN⁵, Laure DUCHALAIS⁶, Delphine HOURCADE⁷, Lilian GOUT², Gert KEMA⁸, Romain VALADE⁷, Anne GENISSEL², Frederic SUFFERT², Marc-Henri LEBRUN², Cyrille SAINTENAC^{1*}

1 - Université Clermont Auvergne, INRAE, GDEC, 5 chemin de beaulieu, 63000 Clermont-Ferrand, FRANCE
 2 - Université Paris-Saclay, INRAE, UR 1290 BIOGER, Palaiseau, FRANCE
 3 - Université Clermont Auvergne, INRAE, Territoires, 9 avenue Blaise Pascal, 63170 Aubière, FRANCE
 4 - Florimond-Desprez Veuve & Fils SAS, 3 rue Florimond-Desprez, BP 41, 59242 Cappelle-en-Pévèle, FRANCE

5 - RAGT, Rue Émile Singla, Site de Bourran, 12 000 Rodez
 6 - ancienne adresse : RAGT, Rue Émile Singla, Site de Bourran, 12 000 Rodez, adresse actuelle : AgriObtentions, Ferme de Gauvilliers, 78660 Orsonville, FRANCE
 7 - ARVALIS Institut du Végétal, Boigneville, FRANCE
 8 - Laboratory of Phytopathology, Wageningen University & Research, Wageningen, 6700 AA, THE NETHERLANDS
 *Coordinateur : Cyrille SAINTENAC, cyrille.saintenac@inrae.fr

Résumé: Le projet PERSIST avait pour objectif de mieux comprendre la dynamique de contournement des gènes de résistance à la septoriose dont le gène *Stb16q* et d'identifier des stratégies/solutions pour limiter ces contournements et améliorer l'efficacité de ces gènes. L'étude des réseaux Vigiculture® et Arvalis a montré une perte progressive de l'efficacité du gène *Stb16q* sur le territoire français variable en fonction des régions. Des analyses complémentaires ont permis d'identifier des candidats pour le gène d'avirulence *AvrStb16q*, de montrer que l'avirulence se transmet par reproduction sexuée sur des variétés portant le gène *Stb16q* et de montrer une forte structuration de la population virulente *Stb16q* suggérant la possibilité d'utiliser efficacement ce gène dans certains contextes de culture. De plus, ce projet a permis d'identifier des accessions de blé et des QTL de résistance permettant de conférer une résistance contre les isolats virulents vis-à-vis de *Stb16q*, ressources pouvant être utilisées pour développer de nouvelles variétés de blé résistantes vis-à-vis de la population de *Z. tritici* virulente sur *Stb16q*.

Introduction: La septoriose est l'une des maladies les plus dommageables pour la culture du blé en France (Figure 1). Chaque année, les pertes de rendement sont estimées entre 350 et 700 millions d'euros pour la France. Seulement 23 gènes majeurs de résistance ont été cartographiés génétiquement et tous sont contournés par la population française de *Z. tritici*. A titre d'exemple, le gène *Stb16q* utilisé récemment dans les variétés de blé françaises a perdu son efficacité suite à l'apparition de populations de *Z. tritici* virulentes contre ce gène. Afin de limiter ces contournements et préserver les résistances introduites dans les variétés Françaises, il est ainsi important de comprendre comment s'opère ces contournements mais il est également crucial d'étudier comment utiliser ces gènes même contournés pour construire des résistances efficaces. Le projet PERSIST avait pour objectif d'apporter des éléments de réponses en se focalisant sur l'étude du gène *Stb16q*.



Figure 1: Symptômes causés par le champignon *Z. tritici*

1 – Apparition et diffusion de la virulence *Stb16q* sur le territoire français

L'analyse des données des réseaux Vigiculture® et Arvalis a permis de montrer une adaptation progressive de la population de *Z. tritici* au gène *Stb16q* comme à d'autres résistances (Rubisko). Elle a également mis en avant que l'année 2016, une année à forte pression parasitaire, avait été charnière pour la diffusion de cette virulence (Figure 2). L'étude de croisement entre isolats de *Z. tritici* a montré que l'avirulence vis-à-vis du gène *Stb16q* pouvait se transmettre lors de la reproduction sexuée du champignon sur des blés portant le gène *Stb16q* (Figure 3) permettant de prolonger l'efficacité du gène de résistance.

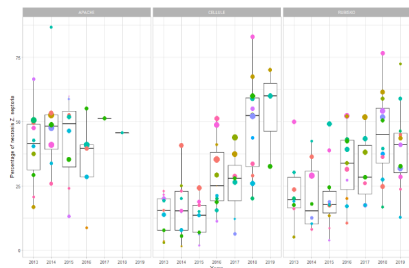


Figure 2: Evolution des sévérités de septoriose sur les variétés de blé Apache, Cellule (*Stb16q*) et Rubisko dans différentes régions de France entre 2012 et 2019

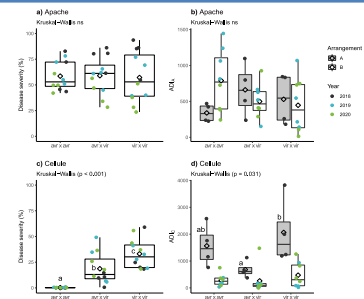


Figure 3: Impact de co-inoculation d'isolats de *Z. tritici* avirulents (avr) et/ou virulents (vir) sur le gène *Stb16q* sur la sévérité de maladies (a et c) et l'intensité de la reproduction sexuée (ADIC, b et d) sur les variétés Apache (sans *Stb16q*) et Cellule (avec *Stb16q*) sur trois années et avec deux protocoles différents (A et B).

2 – Identification du gène d'avirulence *AvrStb16q*

Deux approches de génétique ont été utilisées pour identifier le gène *AvrStb16q*. Une étude QTL à partir de la population bi-parentale issue du croisement entre l'isolat IPO323 avirulent vis-à-vis de *Stb16q* et l'isolat cfz008 prélevé sur la variété Cellule et virulent *Stb16q*. Cette analyse a permis de mettre en évidence un QTL majeur présent sur le chromosome 11 (Figure 4). Six gènes exprimés lors de l'infection de *Z. tritici* et codant de petites protéines secrétées ont été identifiés dans la région et sont en cours de validation fonctionnelle. Une analyse de génétique d'association à partir d'une collection d'isolats virulents et avirulents de *Z. tritici* vis-à-vis de *Stb16q* a révélé d'autres QTL impliqués dans la virulence de *Z. tritici*. L'identification du gène *AvrStb16q* permettra de mieux comprendre les événements moléculaires à l'origine du contournement mais également de suivre cette virulence dans les populations françaises afin d'adapter le déploiement de *Stb16q*.

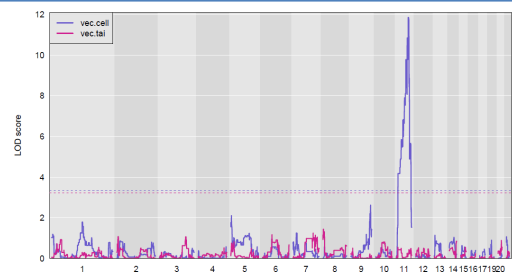


Figure 4: QTL impliqué dans la virulence *Stb16q* identifié suite au phénotypage de la variété Cellule (bleu) ou Taichung-29 (rose) avec les descendants du croisement entre l'isolat IPO323 et cfz008.

3 – Identification de géniteurs et de régions génomiques pour la résistance à la septoriose

Une collection de 75 variétés de blé comprenant notamment 17 variétés Françaises portant le gène *Stb16q* et 35 blés synthétiques ont été évalués pour leur résistance à la septoriose au cours de 12 essais au champ et lors de deux essais au stade plantule avec deux isolats virulents contre le gène *Stb16q*. Ces essais ont mis en évidence 20 accessions de blé résistantes à la septoriose sur l'ensemble des essais. L'analyse QTL de populations réalisées à partir du blé synthétique TA4152-19, résistant dans l'ensemble des essais au champ et pour lequel aucune souche virulente n'a été identifiée à ce jour, montre la présence de sept QTL de résistance présents chez cette accession, les deux gènes *Stb6*, *Stb16q*, trois QTL positionnés sur les gènes *Stb11*, *Stb18*, *Stb20q* et un QTL situé sur le chromosome 3D et un sur le 7B. De même, l'étude de deux populations produites à partir de la variété Nogal, résistante à plusieurs souches virulentes *Stb16q* montre la présence de trois QTL de résistance chez cette variété situés au niveau des gènes *Stb10*, *Stb16q* et *Stb18* (Figure 5). Ces combinaisons de QTL de résistance expliquant vraisemblablement la résistance large spectre observée chez ces accessions, pourrait être utilisées pour développer de nouvelles variétés résistantes.

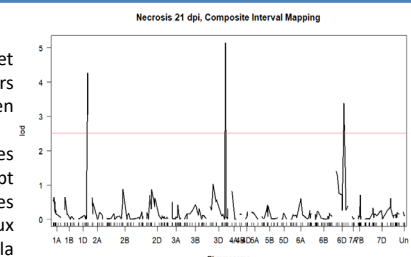


Figure 5: Un QTL sur le chromosome 1D (*Stb10*), sur le 3D (*Stb16q*) et sur le 6D (*Stb18*) ont été identifiés à partir de l'analyse de la population Nogal x Bio110.

