

FsoV

INRAE



UCA
UNIVERSITÉ
Clermont
Auvergne



FLORIMOND
DESPREZ



ARVALIS

Institut du végétal



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

Cyrille Saintenac

04/04/2024



La septoriose (*Septoria tritici* blotch, STB)

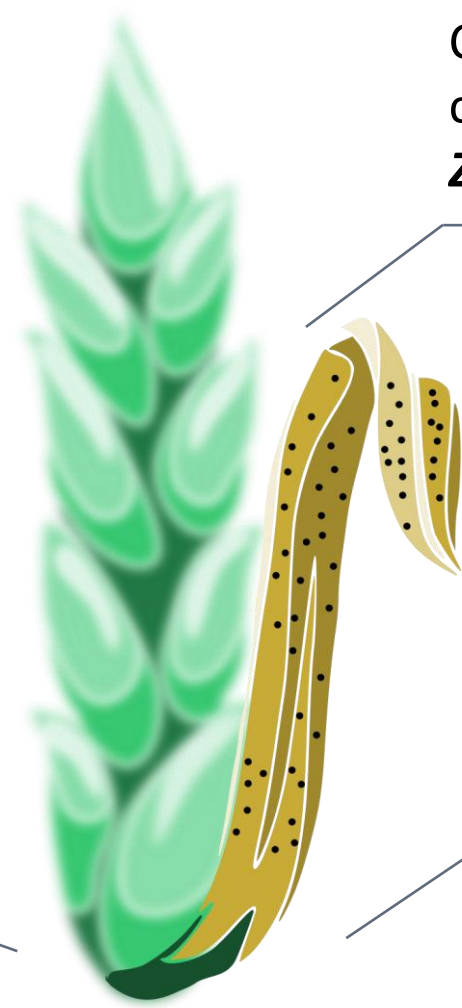


5-10% de pertes
annuelles

Causé par le
champignon
Zymoseptoria tritici

70% des
fongicides en
Europe

23 gènes *Stb* et des
dizaines de QTL



- Identification de l'accession de blé portant le gène *Stb16q* et cartographie du gène (FSOV 2004)
- Clonage du gène *Stb16q* (FSOV 2012)
- Introduction dans les variétés Françaises
- Contournement du gène par les populations de *Z. tritici* (2015/2016)



Objectifs du projet PERSIST

- Comment *Stb16q* a été contourné et comment son introduction a façonné les populations de *Z. tritici*?
- Comment utiliser un gène contourné pour combattre la septoriose?



Apparition et diffusion de la virulence *Stb16q*

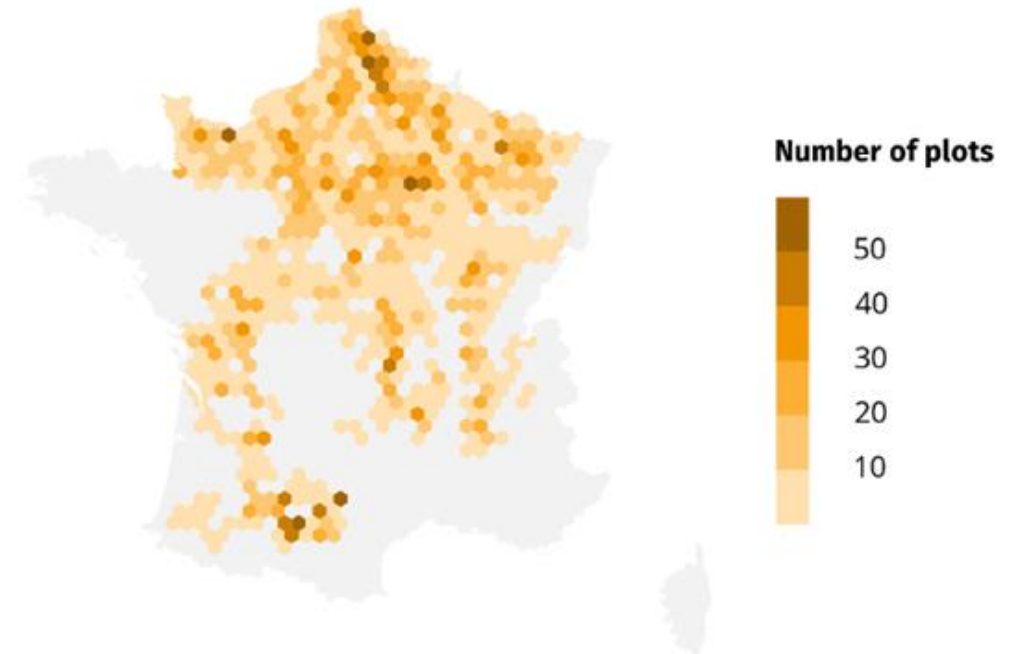
- Analyse des données réseaux Vigiculture et Arvalis
- Identification des facteurs d'avirulence vis-à-vis de *Stb16q* chez *Z. tritici*
- Comment est transmis l'avirulence/virulence lors de la reproduction sexuée du champignon?



Réseau Vigiculture

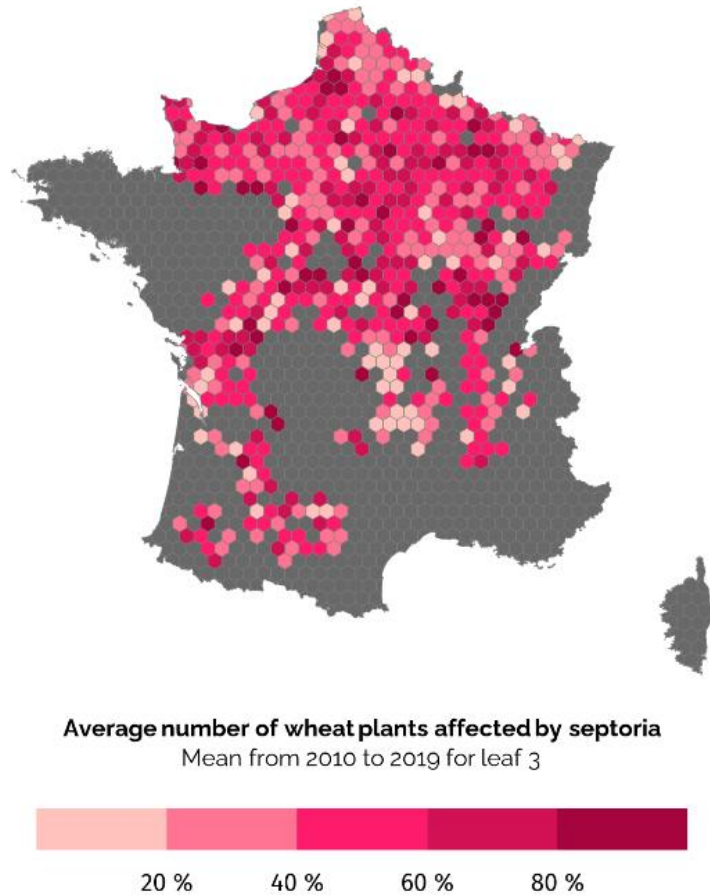
- ~700 parcelles/an
- ~100 variétés présentes
- 10 années (2010 à 2019)
- Réparties sur la France
- ~8 dates de notation en moyenne/parcelle/10 feuilles/trois étages foliaires

a. Number of wheat plots monitored

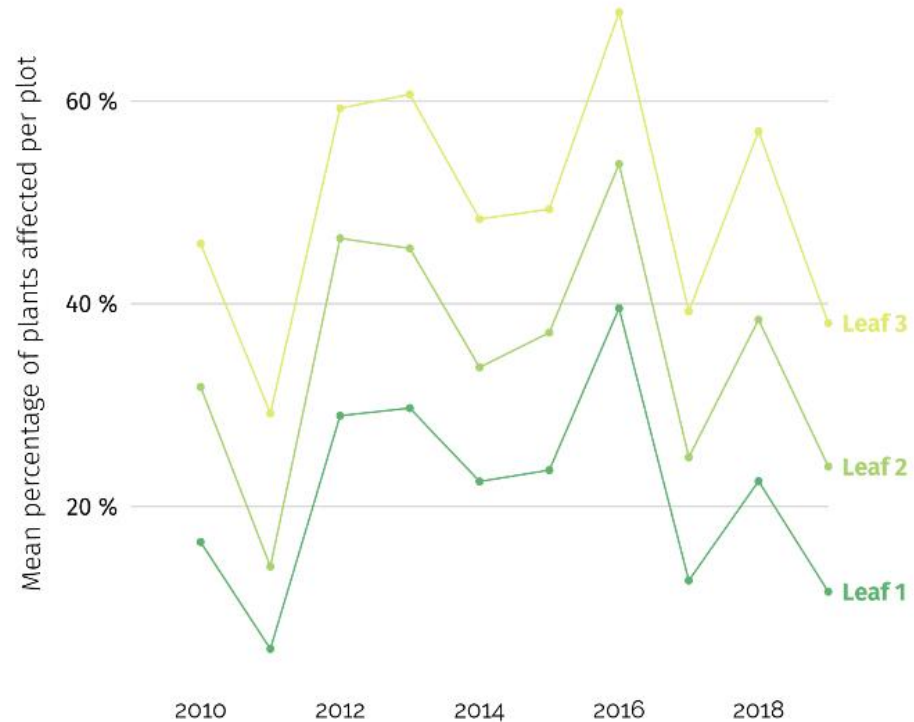


Pression Septoriose en France entre 2010 et 2019

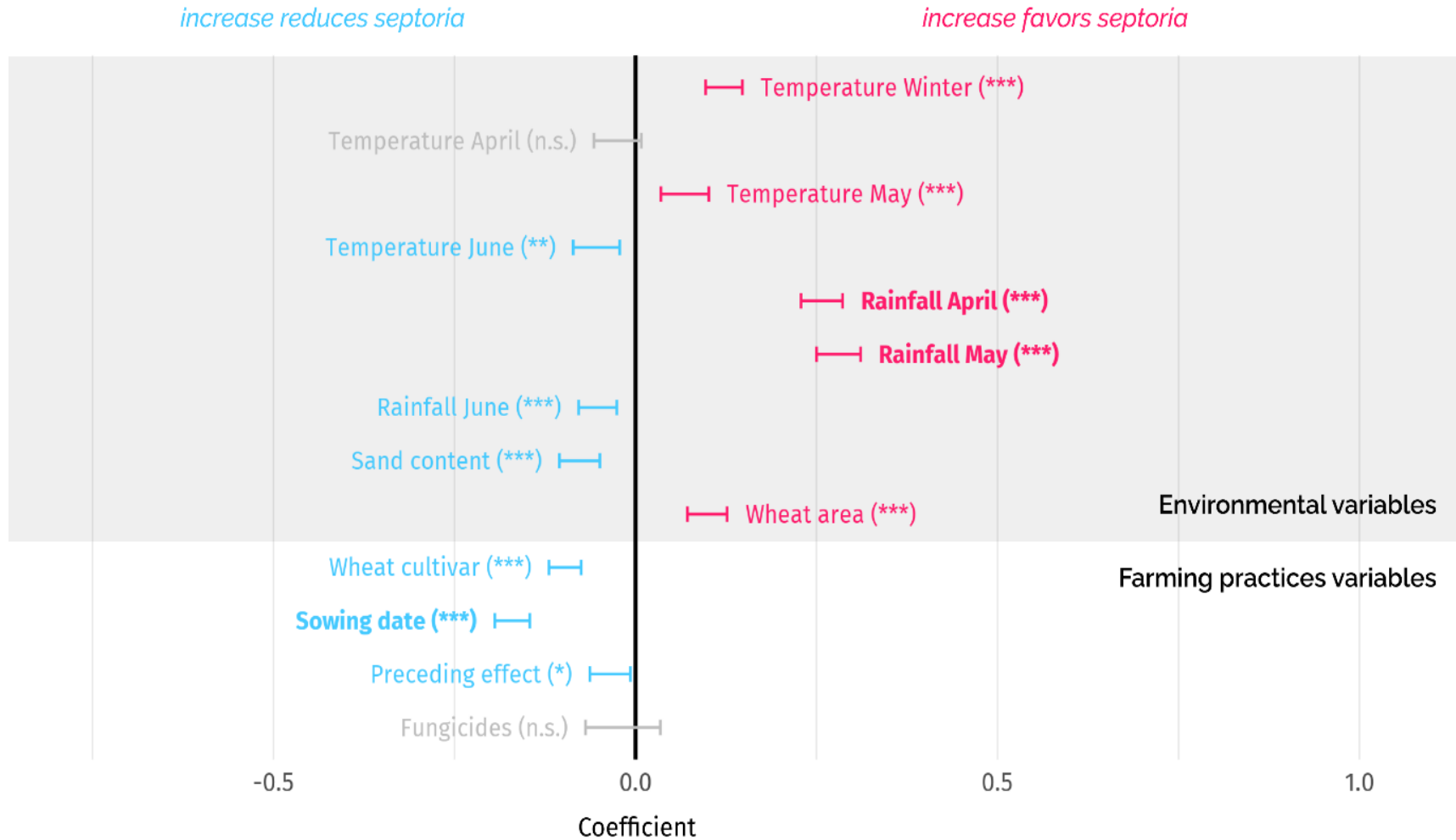
a. Spatial variability of septoria infection



b. Temporal variability of septoria infection

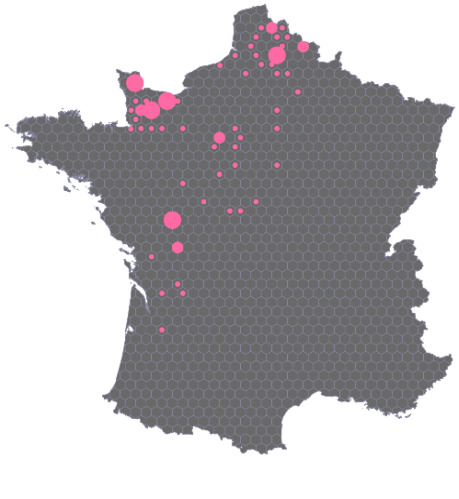


Impact de différents facteurs sur la pression Septoriose

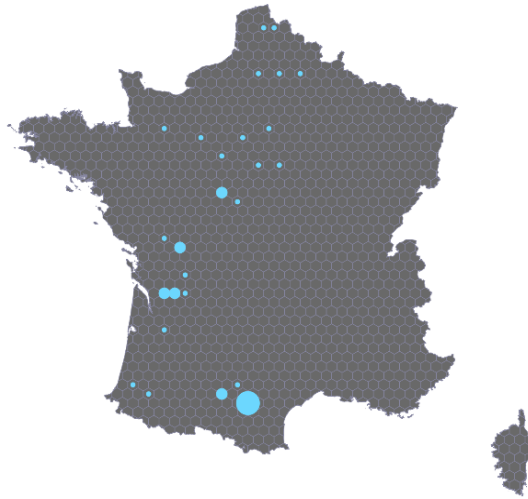


Contournement de la résistance *Stb16q*

a. Decreased resistance to septoria



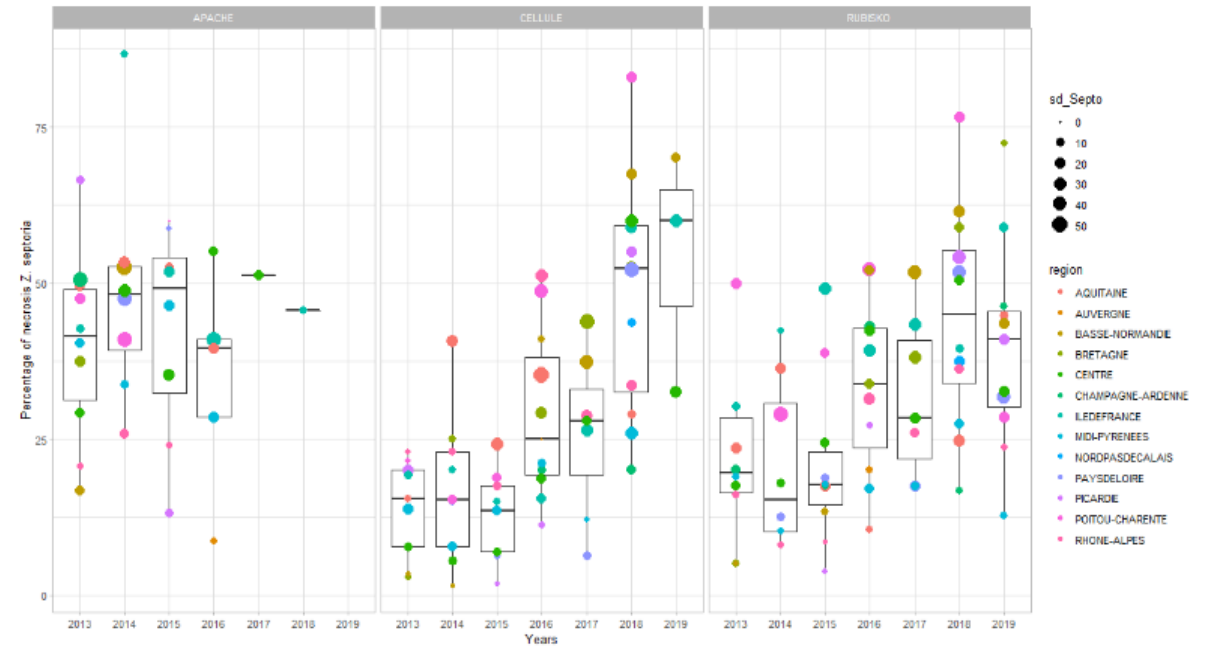
b. Stable resistance to septoria



Number of plots monitored

1 2 3 4

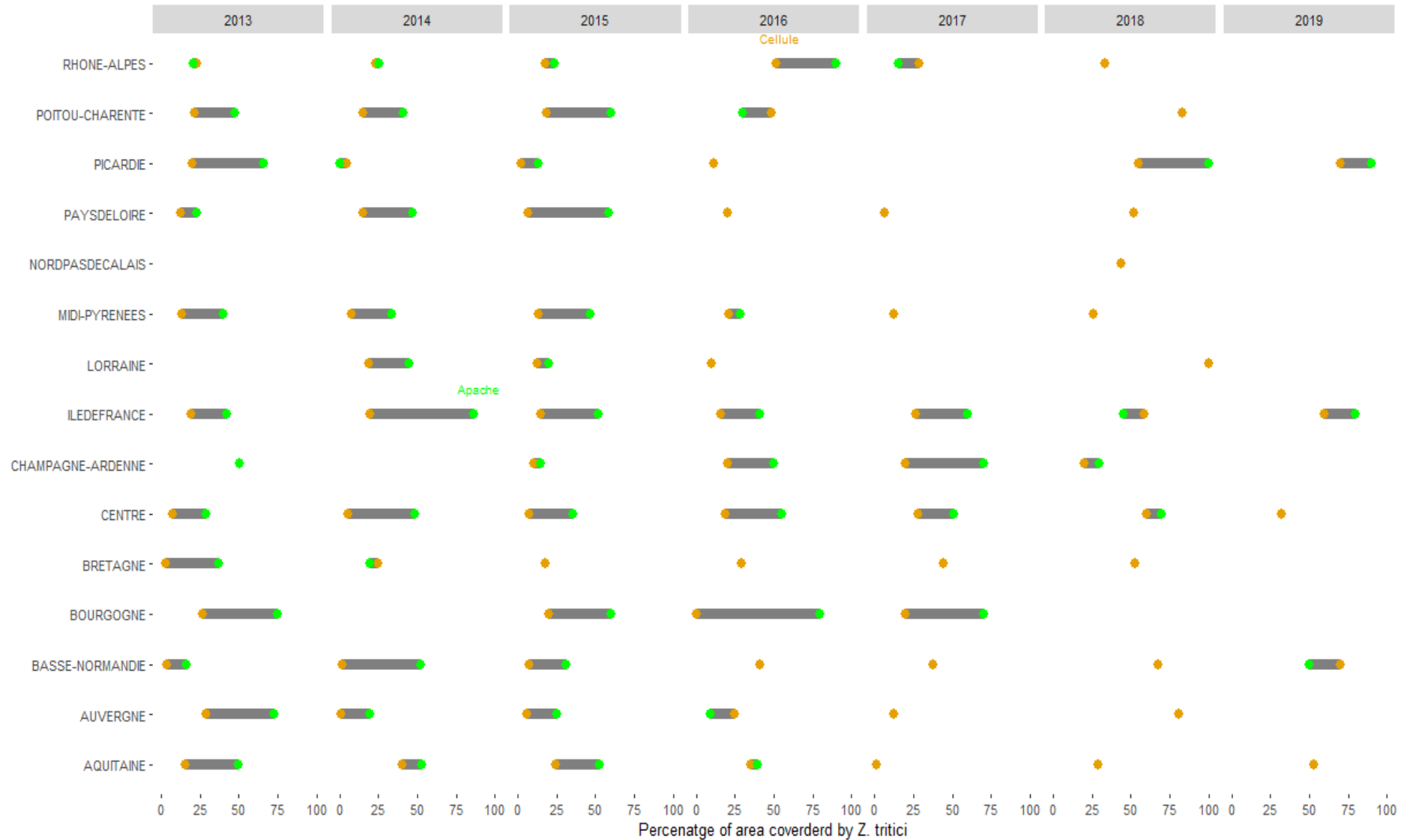
Contournement dans l'espace



... dans le temps



Contournement de la résistance *Stb16q*

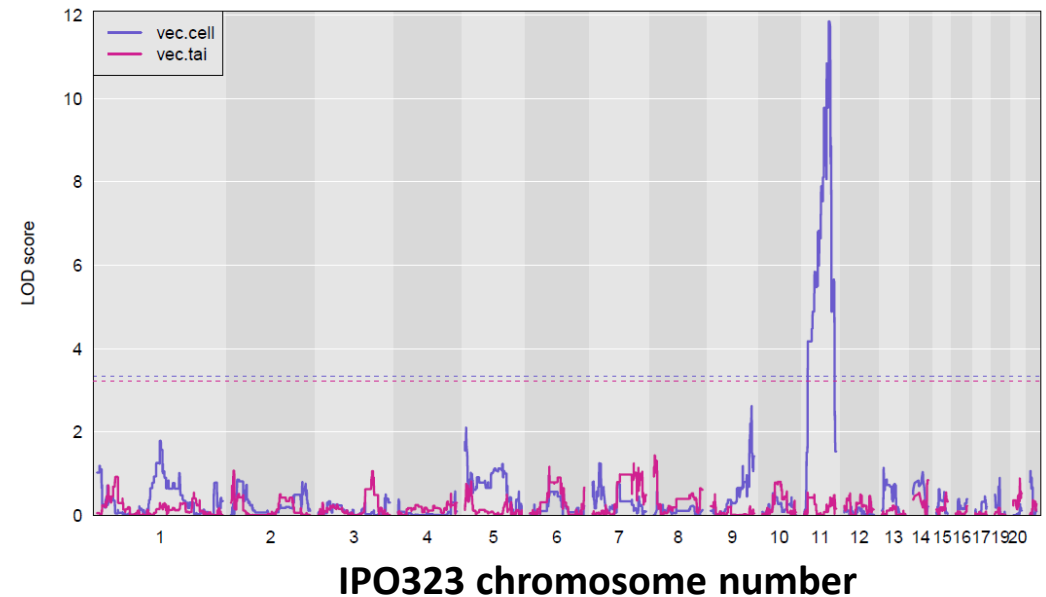


Identification du gène d'avirulence *AvrStb16q*

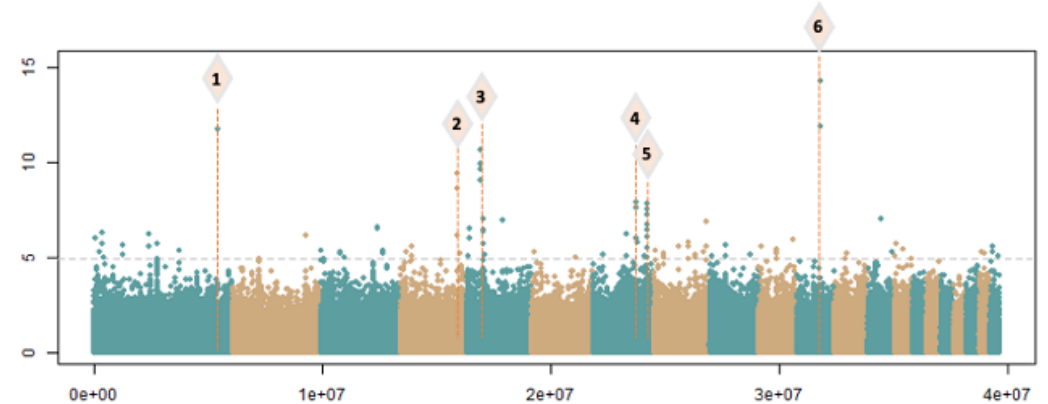
Deux approches de génétique:

- Analyse d'une population biparentale de 82 individus entre IPO323 (avirulent) et cfz008 (virulent) phénotypée sur Cellule et CS *Stb16q*
 - Une région de 76kb avec 6 protéines sécrétées
- GWAS (105 isolats)

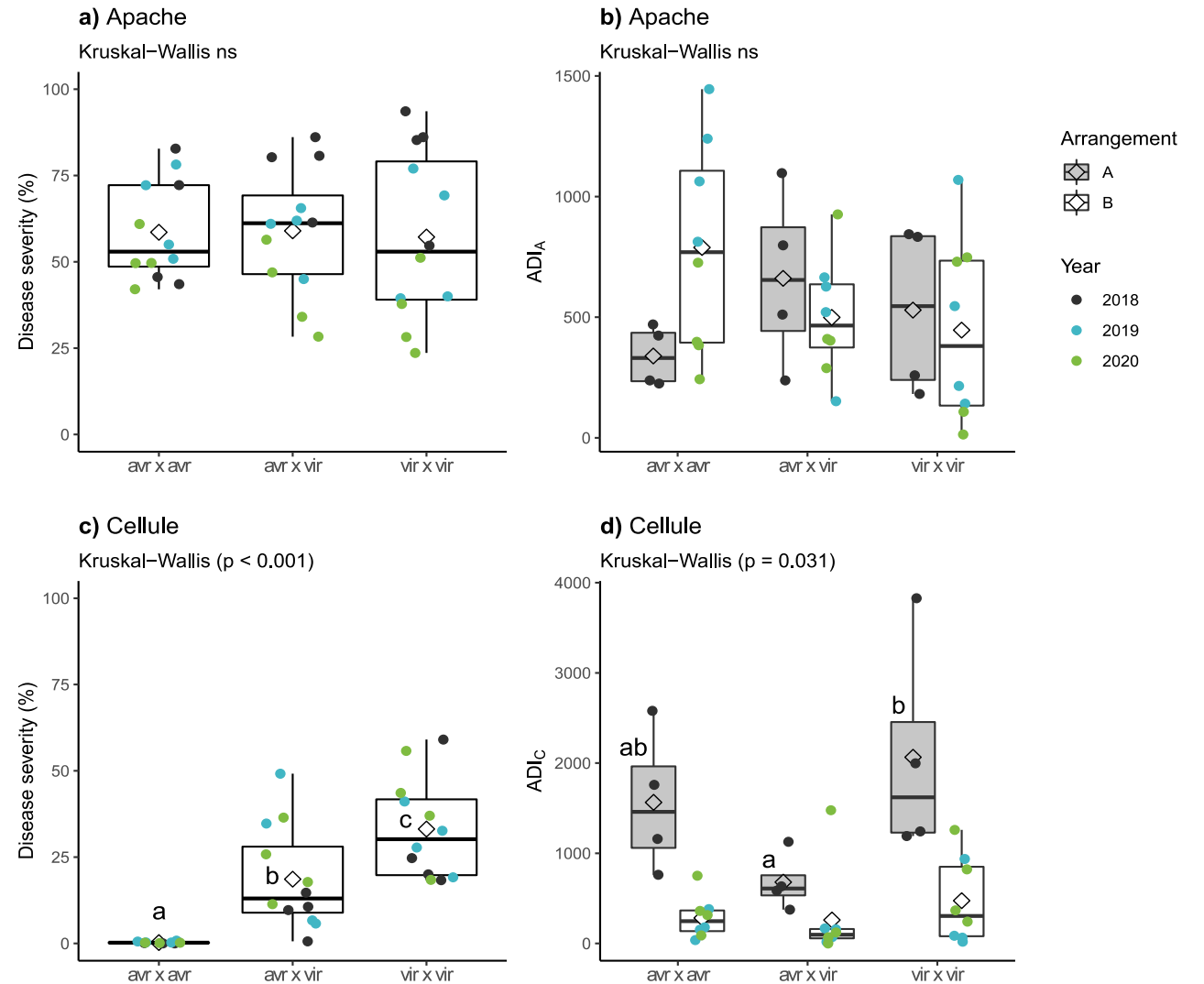
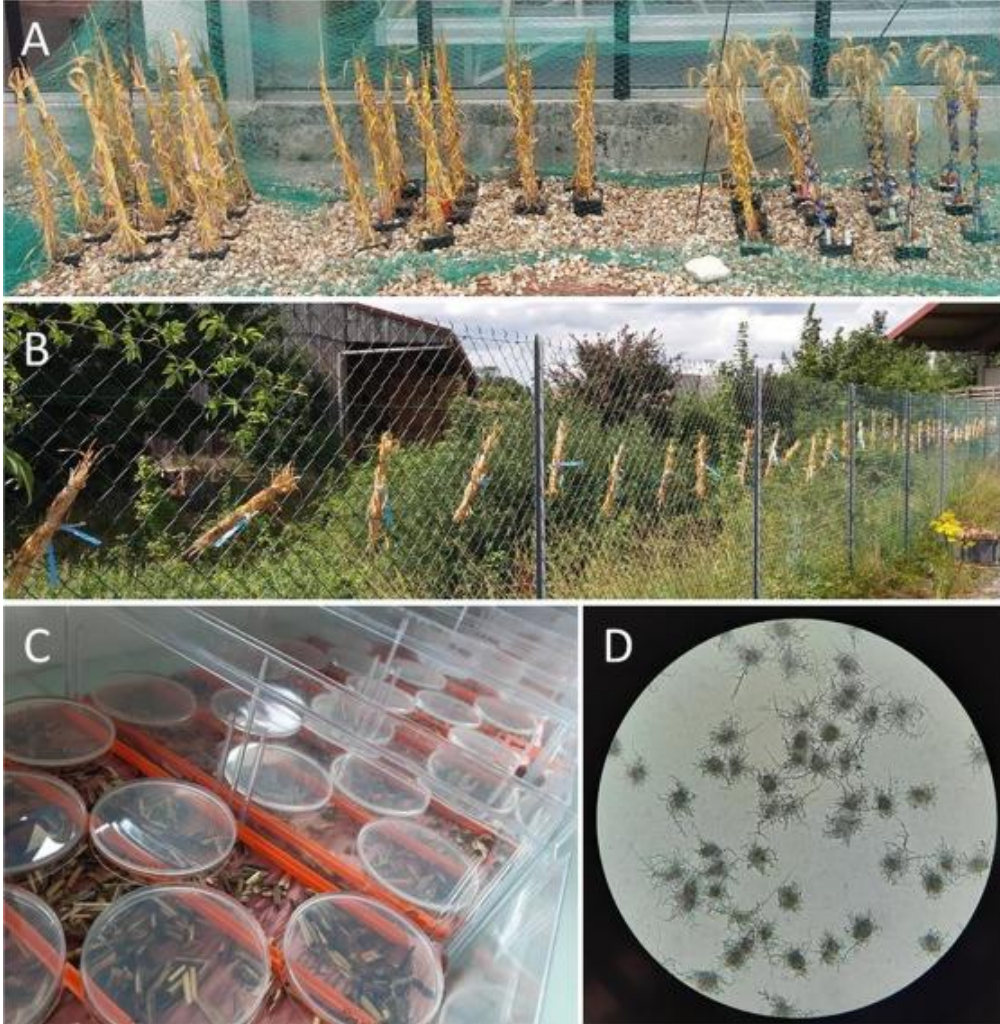
Prélèvement d'échantillons de feuilles de blé portant *Stb16q* sur ~10 sites en France sur 4 ans



$-\log_{10}$ P value



Maintien de l'avirulence lors de la reproduction sexuée

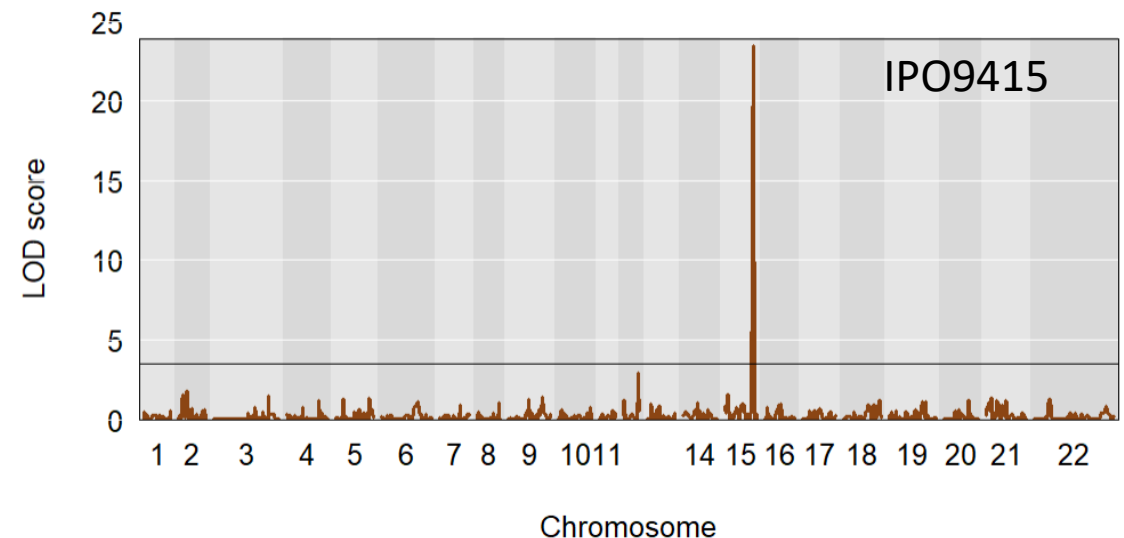


- 75 accessions de blé évaluées (17 variétés Françaises portant *Stb16q*, 38 blés synthétiques, 20 accessions diverses résistantes)
- 12 essais au champ en conditions naturelles, 2 essais au stade plantule avec des souches virulentes *Stb16q*
- Aucune variété résistante
- 2 variétés de pays et 18 synthétiques identifiés comme résistants au stade plantule et adulte dans l'ensemble des essais
- 5 blés synthétiques avec résistance stade adulte uniquement



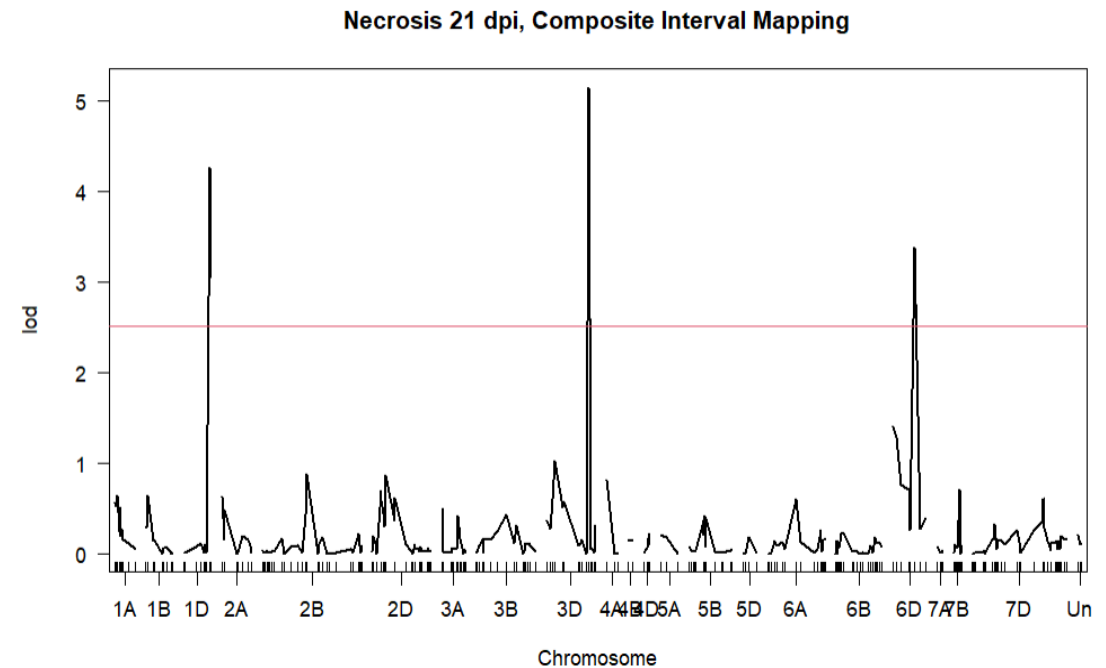
Déterminants génétiques de la résistance TA4152-19

- 156 HD TA4152-19 x ND495 (90K SNP assay, phénotypé avec cfz008 (Cappelle, Cellule, 2016) et cfz023 (Houville la branche, Mutic, 2017))
- 154 HD EMS 236 x Chinese spring (35K SNP, phénotypé avec IPO9415 and IPO92006)
- 7 régions impliquées dans la résistance: *Stb6*, *Stb11?*, *Stb16q*, *Stb18?*, *Stb20q?*, QTL3D et QTL7B



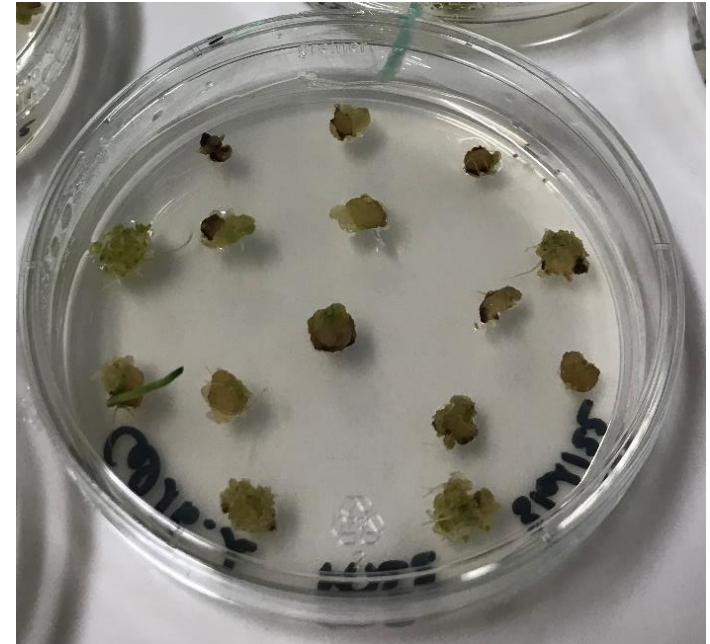
Déterminants génétiques de la résistance Nogal

- 68 HD Nogal x Bio110 (phénotypé avec 4 souches)
- 110 HD Cellule x Nogal (phénotypé avec une souche)
- Présence des gènes *Stb10?*, *Stb16q*, *Stb18?*
- 11 familles EMS sensibles à la souche avirulente *Stb10* identifiées à partir du criblage de 399 familles EMS Nogal
- L'introggression de la région *Stb10* Nogal dans Chinese spring ne confère pas de résistance ?



Création de nouveaux allèles de *Stb16q*

- Modification du domaine extracellulaire par le système CRISPR-Cas9 cytidine déaminase
- 12 guides (15 acide aminés ciblés)
- 3500 embryons de Cellule bombardés
- Forte nécrose des cals



Conclusion

- Mise en place d'une carte « pression septoriose » en France sur 10 ans
- Analyse du contournement de *Stb16q* dans le temps et l'espace (impact de l'année 2016 et adaptation locale des populations du champignon)
- Identification de gènes candidats pour *AvrStb16q* (meilleure suivi de la virulence sur le territoire)
- Identification de 20 accessions de blé résistantes à la septoriose
- Identification des régions génomiques (et des marqueurs) associés à la résistance des accessions TA4152-19 et Nogal





merci