

PERSIST

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



Date de début	Durée du programme	Budget proposé	Aides FSOV
1 ^{er} Octobre 2018	36 mois (3 ans)	434 966,33 €	295 231,58 € (68%)



► **Mots clefs** : Septoriose / Blé tendre / Résistance durable / *Stb16q* / Virulence

► Résumé du programme :

La septoriose du blé tendre, provoquée par le champignon *Zymoseptoria tritici*, est l'une des maladies les plus dommageables pour cette culture en France. La proportion grandissante de souches résistantes aux fongicides dans un contexte réglementaire de réduction des produits phytosanitaires nécessite de proposer des variétés de blé résistantes à ce champignon. Or, à l'instar des fongicides, la forte capacité adaptative de *Z. tritici* entraîne des contournements fréquents des résistances variétales mono-géniques. Il est ainsi urgent de mettre en place des stratégies de sélection de résistances qui sont efficaces et durables pour les variétés de blé de demain. En utilisant, comme modèle d'étude, le gène à large spectre de résistance *Stb16q*, identifié dans un précédent projet FSOV, nous proposons de comprendre comment préserver l'efficacité d'un gène R, mais également d'évaluer la possibilité de restaurer/modifier l'efficacité de gènes majeurs lorsqu'ils sont contournés par les populations de pathogènes.

Ainsi, nous évaluerons l'impact de différents fonds génétiques sur l'efficacité et la durabilité du gène *Stb16q* à travers l'implantation d'un panel de plusieurs dizaines d'accessions sous de fortes pressions naturelles de septoriose. Cette étude sera renforcée par l'analyse du comportement des variétés possédant *Stb16q* et présentes dans les réseaux Arvalis, Vigiculture et DEPHY sur des centaines de parcelles en France. De plus, nous cartographierons les facteurs de résistance autres que *Stb16q* qui permettent au blé synthétique TA4152-19 de ne pas être contourné à ce jour et dont l'association dans de nouvelles variétés pourrait permettre de mettre en place une résistance plus durable.

Afin de répondre au contournement rapide des gènes *Stb*, nous évaluerons le rôle de mutations aléatoires dans le gène *Stb16q* pour créer des allèles conférant une résistance à plus large spectre.

Enfin, afin de construire efficacement des résistances durables, il est indispensable de comprendre les mécanismes adaptatifs du champignon. Suite à l'introduction récente de *Stb16q* sur le territoire national, il est apparu des souches capables de contourner ce gène qui sont en cours d'expansion. Nous exploiterons cette situation unique de contournement récent de résistance en identifiant les déterminants génétiques fongiques à l'origine de

ce contournement et en étudiant leur dynamique d'évolution spatio-temporelle grâce à la mise en place d'un outil de diagnostic moléculaire.

► Perspectives de résultats ou de valorisation :

- Cartographie des gènes/QTLs de résistance présents chez le blé synthétique TA4152-19 et Nogal qui confèrent un large spectre de résistance à *Z. tritici*
- Identification de marqueurs finement associés à certains de ces gènes/QTLs.
- Identification de fonds génétiques complémentaires à *Stb16q* et conférant un large spectre de résistance.
- Identification d'itinéraires techniques améliorant la durabilité de la résistance à *Z. tritici* à travers l'étude des données des réseaux DEPHY.
- Identification du gène d'avirulence *AvrStb16q*.
- Identification des différentes versions alléliques du gène *AvrStb16q* et des SNP impliqués dans la virulence.
- Effet de la virulence *AvrStb16q* sur la fitness de l'agent pathogène.
- Distribution spatio-temporelle à l'échelle du territoire national des populations de *Z. tritici* virulentes sur le gène *Stb16q*.
- Mise en place d'un outil de diagnostic moléculaire pour suivre *AvrStb16q*.
- Evaluation de la transmission de l'allèle d'avirulence *AvrStb16q* lors de la reproduction sexuée du pathogène
- Génération de mutations aléatoires dans le gène *Stb16q* et étude de l'impact de ces mutations sur le spectre de résistance des nouveaux allèles.

► Comité de pilotage :

- **Cyrille Saintenac** (Coordinateur) - INRA GDEC
- **Marc-Henri LEBRUN** - INRA BIOGER
- **Ellen GOUEMAND DUGUE** - FLORIMOND DESPREZ
- **Laure DUCHALAIS** - RAGT 2n
- **Romain VALADE** - ARVALIS Institut du végétal
- **Gert KEMA** - Wageningen Plant Research
- Un représentant du GNIS pour le FSOV