

RESISTAMICRO : Comprendre et Maîtriser les infections de *Microdochium* spp. pour améliorer la résistance du blé à la « Microdochiose »

Romain VALADE^{1*}, Christophe GIGOT¹, Cindy VITRY¹, Stéphanie Le PRIEUR¹, Marie-Anne GARCIA², Philippe MOMONT³, Anne-Charlotte LOMBART³, Romain LAMERAND³, Edouard PENEZ³, Julien RATET³, Sylvie VITRUEZ³, Sylvain CHOMBART⁴, Constance LAVERGNE⁵, Laure DUCHALAIS⁵, Auberi AVALLE⁷, Gabriel BEUDIN⁸, Hugo MUSSET⁸, Valérie CADOT¹⁰, Jean-Philippe MAIGNIEL¹⁰, Ludovic BONHOMME¹¹, Cyrille SAINTENAC¹¹, Marie FOULONGNE-ORIOU²

1 - ARVALIS - Station expérimentale, 91720 Boigneville

2 - INRAE - UR MYCSA, 33882 VILLENAVE d'ORNON, 3 - CETAC - 7, rue du Coq Heron, 75030 Paris

4 - FLORIMOND DESPREZ Veuve & Fils - 59242 Cappelle-en-Pévèle

5 - LIMAGRAIN Europe - 77390 Verneuil l'Étang

6 - AGRI-OBTENTIONS - 78660 Orsonville

7 - UNISIGMA - 60480 Froissy

8 - RAGT 2n - 28150 Louville-la-Chenard

9 - SYGENTA - 31790 Saint Sauveur

10 - GEVES - La Pouéze, 49370 Erdre-en-Anjou

11 - INRAE - UMR GDEC - Université Clermont Auvergne 63000 Clermont-Ferrand

*Coordinateur : Romain VALADE, r.valade@ARVALIS.fr

La fusariose de l'épi est une maladie causée par un complexe d'espèces fongiques toxigènes (*Fusarium* spp.) et non toxigènes (*Microdochium* spp.). Actuellement, la sélection variétale est principalement axée contre les espèces productrices de fusariotoxines notamment *F. graminearum* afin de limiter les pertes liées à la qualité sanitaire des grains. Néanmoins, depuis plusieurs années, les occurrences de deux espèces de *Microdochium* (*M. majus* et *M. nivale*) ne cessent d'augmenter sur les céréales françaises et leurs impacts dans les pertes de rendements deviennent de plus en plus préoccupants. Le projet « FSOV RESISTAMICRO » avait pour but de (i) caractériser génétiquement les populations de *Microdochium* spp et identifier les facteurs agro-climatiques à risque dans le développement de la maladie, (ii) mettre au point des protocoles d'évaluation de la sensibilité variétale (blé tendre) à *Microdochium* spp. au champ et en conditions contrôlées, (iii) caractériser le mode d'infection sur blé tendre, et rechercher des gènes impliqués dans l'interaction blé / *Microdochium* spp (non abordé dans ce poster).

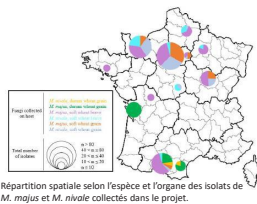
Caractérisation génétique de *Microdochium* spp.

➤ 2 génomes de référence ont été acquis

	M. nivale [MI18055]	M. majus [MI18056]
Taille génome (bp)	36 675 401	36 252 715
GC (%)	55	56
Nb scaffolds	36	13
Nb grands scaffolds (>1Mb)	10	13
Nb modèle de gènes avec séquences codantes	15 012	13 285
Nb SSR identifiés	5685	5877
Nb SSR/Mb	154.9	162.3

Caractéristiques des deux génomes (*M. majus* et *M. nivale*) acquis avec un séquençage PacBio (long read).

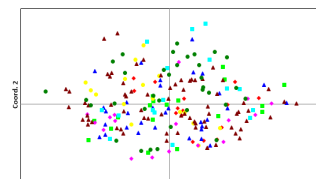
➤ Un important effort d'échantillonnage réalisé
➤ Des marqueurs SSR ont été développés pour chaque espèce



Espèce	Nombre d'individus génotypés	Nombre de SSR validés	Nombre moyen d'allèles par locus	Diversité génétique (h)
<i>M. majus</i>	450	22	5.7	0.378
<i>M. Nivale</i>	198	19	8.1	0.442

Caractéristiques des isolats génotypés avec les microsatellites (SSR)

➤ Analyses de structuration génétique des populations

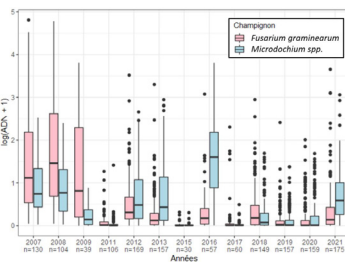


➔ Très forte synténie entre les deux espèces

➔ Diversité génétique plus importante chez *M. nivale*

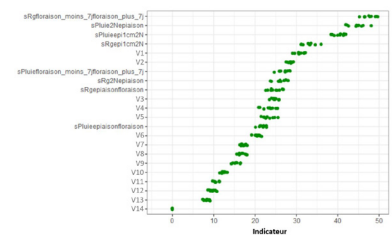
➔ Aucune structuration génétique selon la localité, l'hôte ou l'organe mise en évidence avec ce jeu de données

Epidémiologie de *Microdochium* spp. et facteurs agro-climatiques



Quantité d'ADN (log(x+1)) de *F. graminearum* et *Microdochium* spp. dans des grains de blé (tendre et dur) en fonction des années. En abscisse, est précisé pour chaque année le nombre d'échantillons analysés. *Microdochium* spp correspond à la somme des quantités d'ADN de *M. majus* et *M. nivale*.

- Prévalence significative de *Microdochium* spp. au cours des 15 dernières années en France avec une forte variabilité interannuelle
- Depuis 2016, année historique, seule 2021 a été une année assez favorable à *Microdochium* spp.
- Les facteurs agro-climatiques:
 - ✓ Parmi les facteurs agronomiques testés (en particulier précédent et travail du sol), aucun ne permet d'expliquer la présence de *Microdochium* spp.
 - ✓ La pluviométrie et le rayonnement global moyen sur différentes périodes (notamment autour de la floraison) ont été retrouvées parmi les principales variables explicatives de ce jeu de données



Graphique d'importance de variables pour prédire la quantité de *Microdochium* spp. La technique des forêts aléatoires a été mobilisée : ce graphique représente les classements des variables obtenus pour 30 forêts aléatoires. Plus la valeur de l'indicateur est importante et plus la variable correspondante permet d'expliquer la quantité de *M. spp.* mesurée. Afin d'alléger le visuel, les variables ne concernant pas uniquement la pluviométrie ou le rayonnement ont été anonymisées.

Mise au point de méthodes de phénotypage

➤ Conditions contrôlées



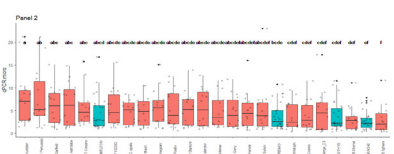
➤ Des méthodes développées sur feuilles détachées et épis mais complexes à mettre en œuvre pour une caractérisation à « haut-débit »

➤ Au Champ



- Les nombreux essais réalisés ont permis de définir un protocole préférentiel pour évaluer les variétés vis-à-vis de *Microdochium* spp.:
- 3 applications d'inoculum: Dernière feuille étalée, début floraison et fin floraison avec bûchage si possible
- Eviter un précédent maïs
- Utiliser un fongicide spécifique anti *F. graminearum*
- Apporter une hygrométrie très importante par aspersion/brumisation

➤ Caractérisation d'un panel de variétés au champ



- Mise en évidence de différences de sensibilité entre les variétés pour *Microdochium* spp.
- Pas de différences de sensibilité observées selon la présence de *M. majus* et/ou *M. nivale*
- Pas de corrélation forte avec la note de résistance à l'accumulation à la DON?

Le projet a permis d'acquies des ressources microbiologiques, génétiques et méthodologiques utiles pour l'ensemble des partenaires et acteurs de la lutte contre les maladies des épis du blé tendre. Nous avons pu mettre en évidence une probable absence de structure génétique des populations entre les deux espèces de *Microdochium* à l'échelle du territoire mais aussi des plantes hôtes et des organes testés. Des facteurs climatiques responsables de la « microdochiose » ont été identifiés. Des protocoles permettant de mieux évaluer les variétés sont disponibles et ont permis de démontrer que du progrès génétique est possible.

