

FsoV

INRAE

GDEC  
Génétique Diversité Ecophysiologie des Céréales



UCA  
UNIVERSITÉ  
Clermont  
Auvergne



FLORIMOND  
DESPREZ



ARVALIS  
Institut du végétal

WAGENINGEN  
UNIVERSITY & RESEARCH

# 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)

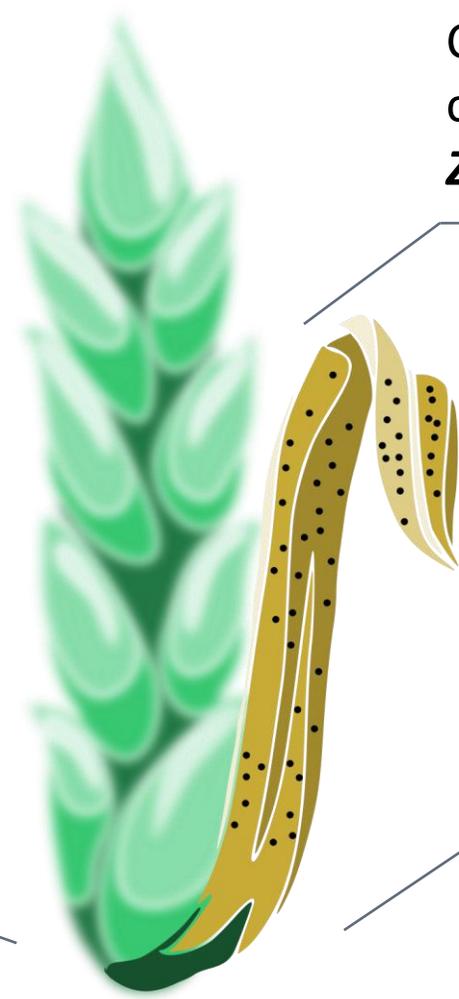


5-10% de pertes  
annuelles

Causé par le  
champignon  
*Zymoseptoria tritici*

70% des  
fongicides en  
Europe

23 gènes *Stb* et des  
dizaines de QTL



- Identification de l'accèsion 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*

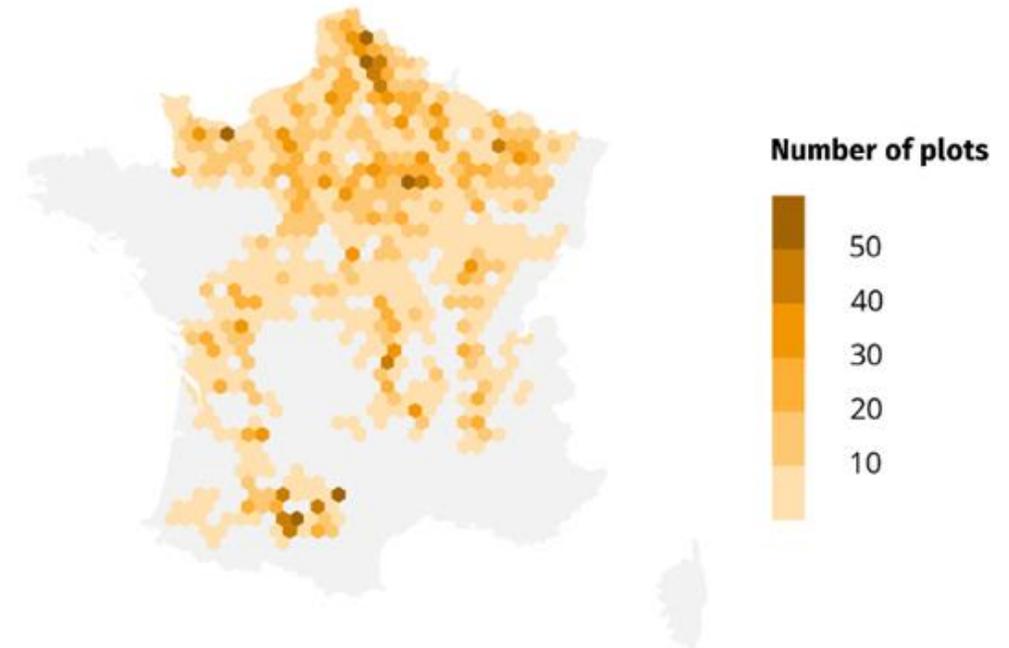
- Analyse des données réseaux Vigiculture et Arvalis
- Identification des facteurs d'avirulence vis-à-vis de *Stb16q* chez *Z. tritici*
- Comment est transmis l'avirulence/virulence lors de la reproduction sexuée du champignon?



# Réseau Vigiculture

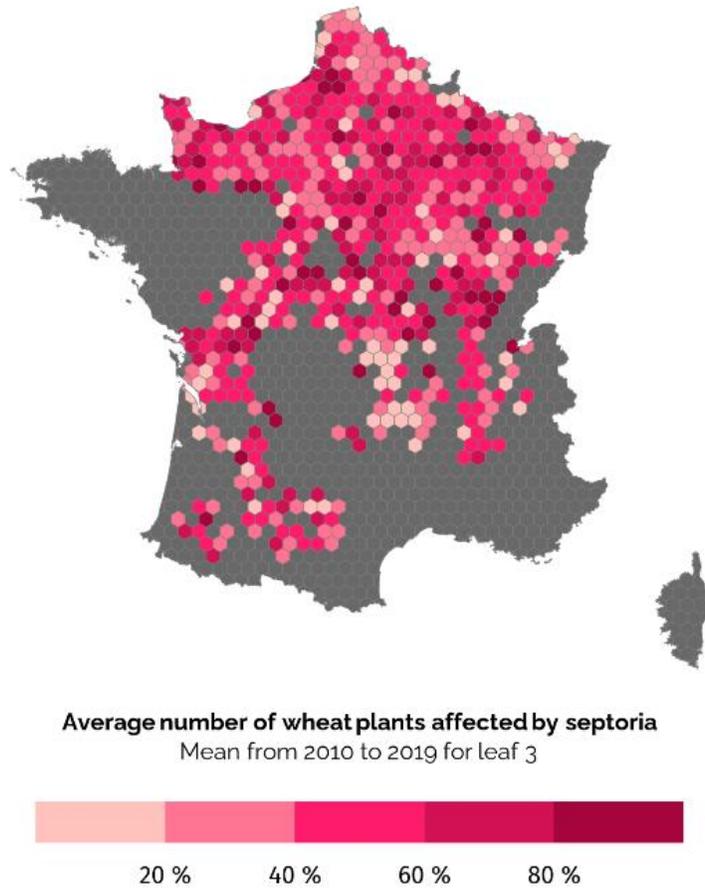
- ~700 parcelles/an
- ~100 variétés présentes
- 10 années (2010 à 2019)
- Réparties sur la France
- ~8 dates de notation en moyenne/parcelle/10 feuilles/trois étages foliaires

a. Number of wheat plots monitored

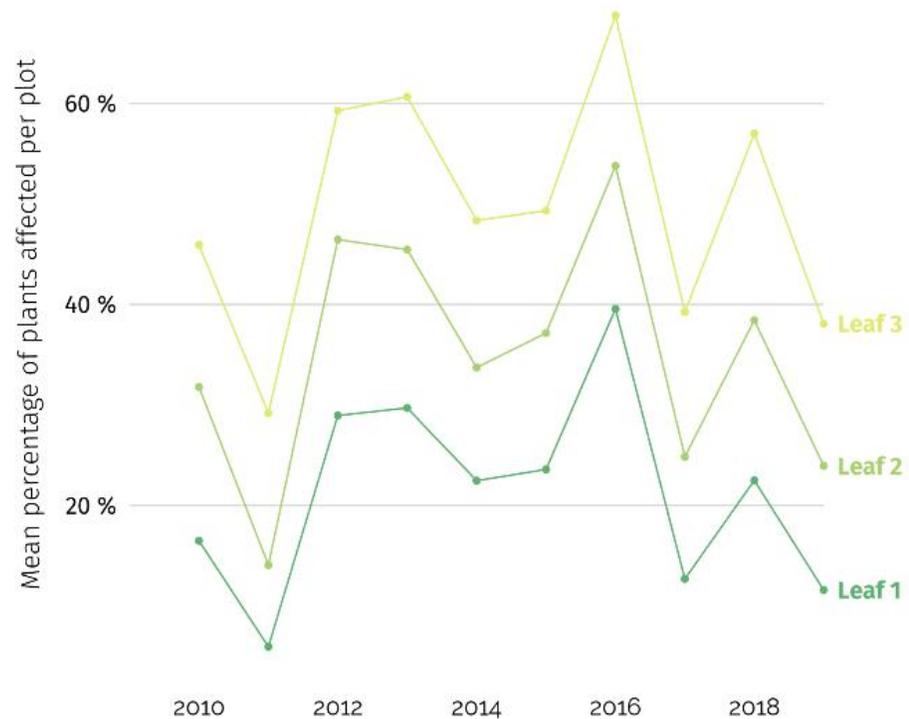


# Pression Septoriose en France entre 2010 et 2019

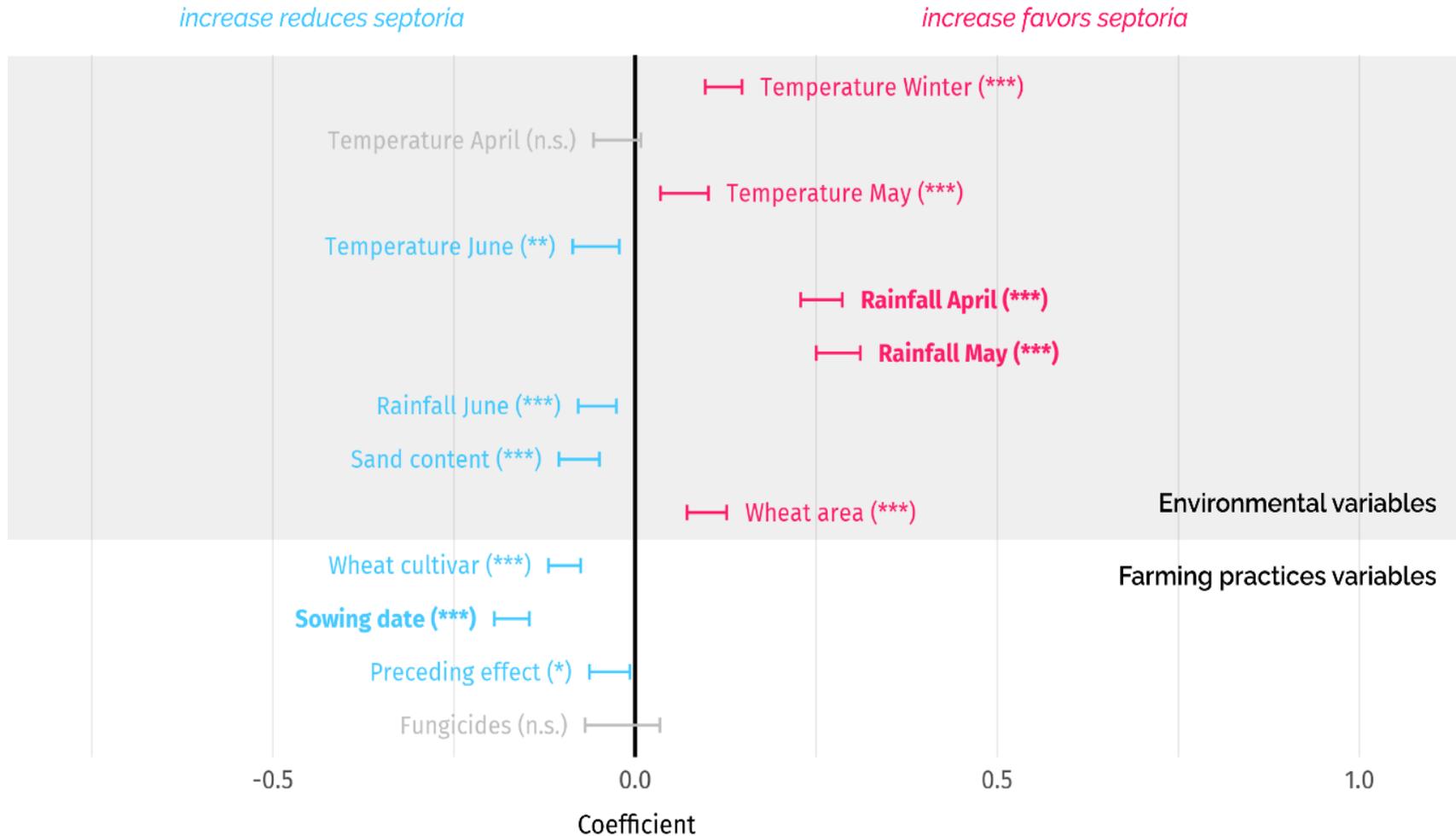
a. Spatial variability of septoria infection



b. Temporal variability of septoria infection

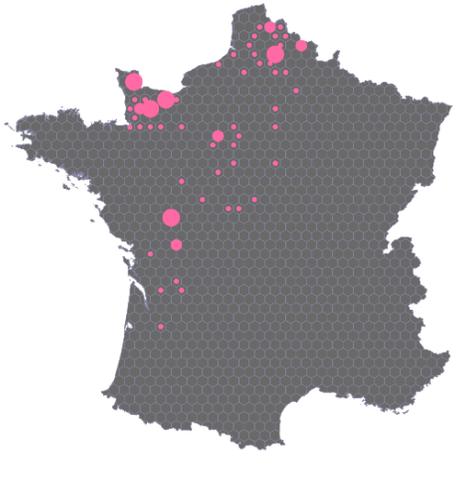


# Impact de différents facteurs sur la pression Septoriose

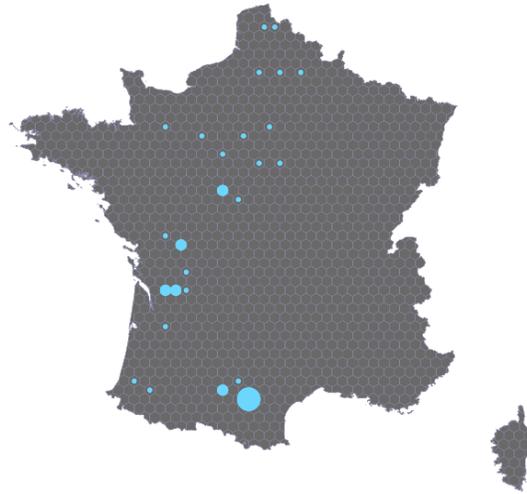


# Contournement de la résistance *Stb16q*

a. Decreased resistance to septoria



b. Stable resistance to septoria



Number of plots monitored

1 2 3 4

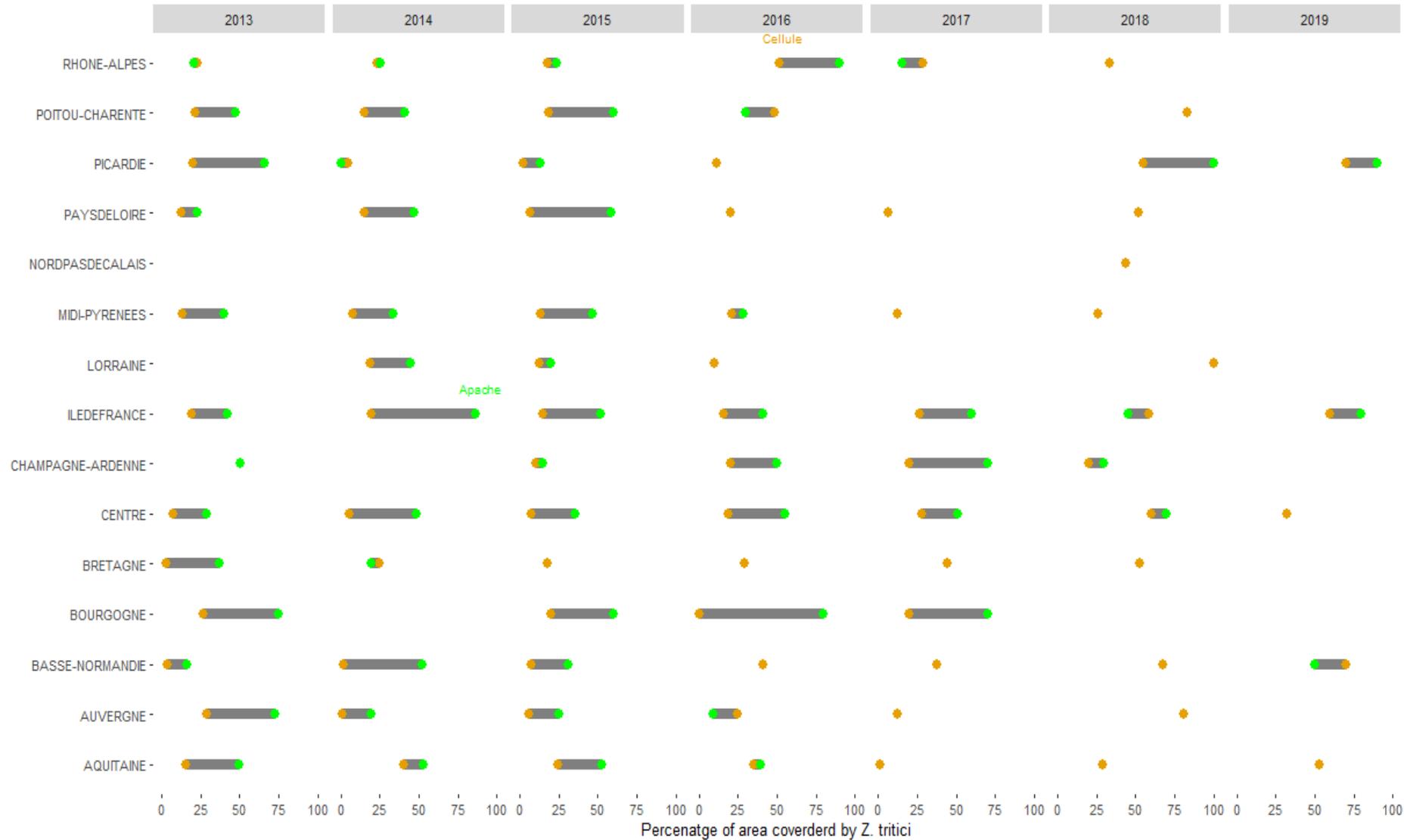


Contournement dans l'espace

... dans le temps



# Contournement de la résistance *Stb16q*

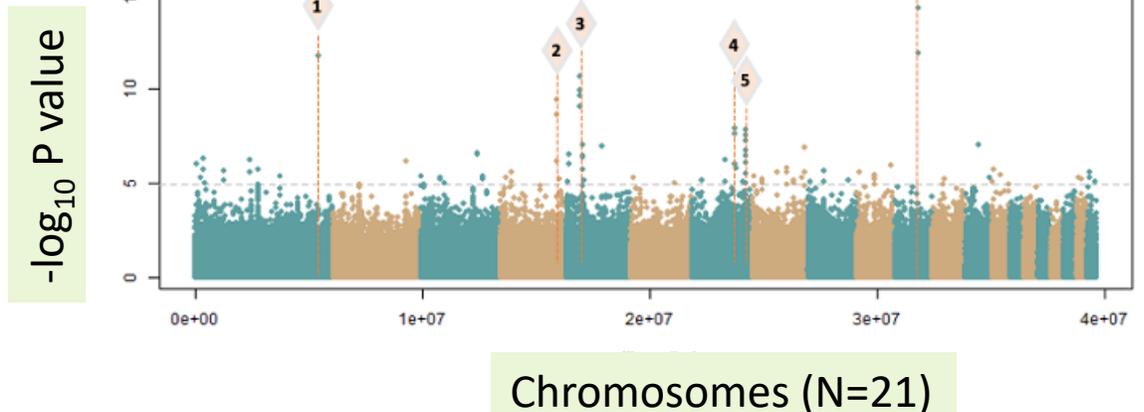
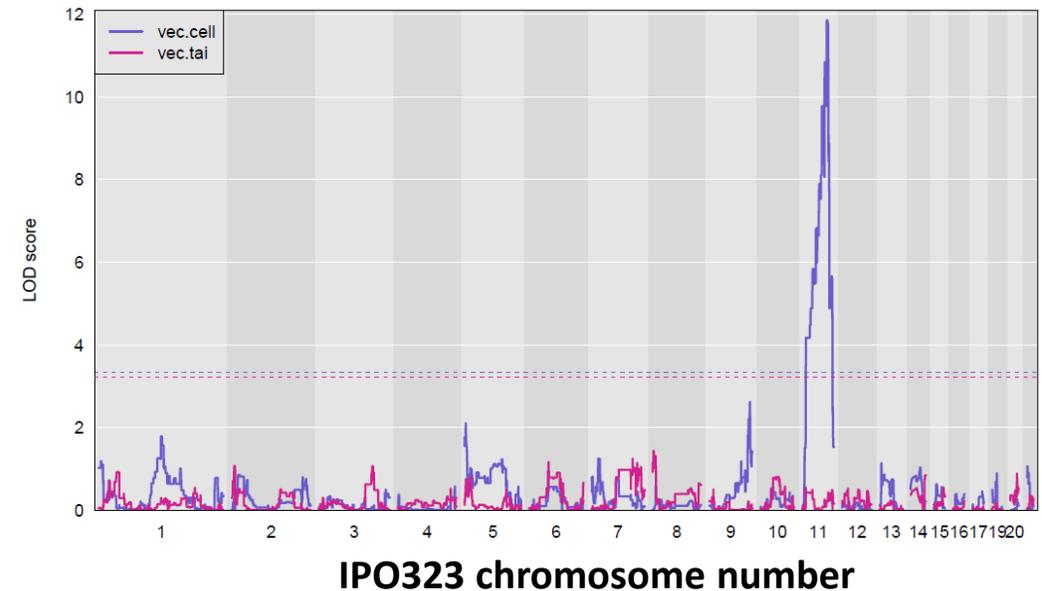


# Identification du gène d'avirulence *AvrStb16q*

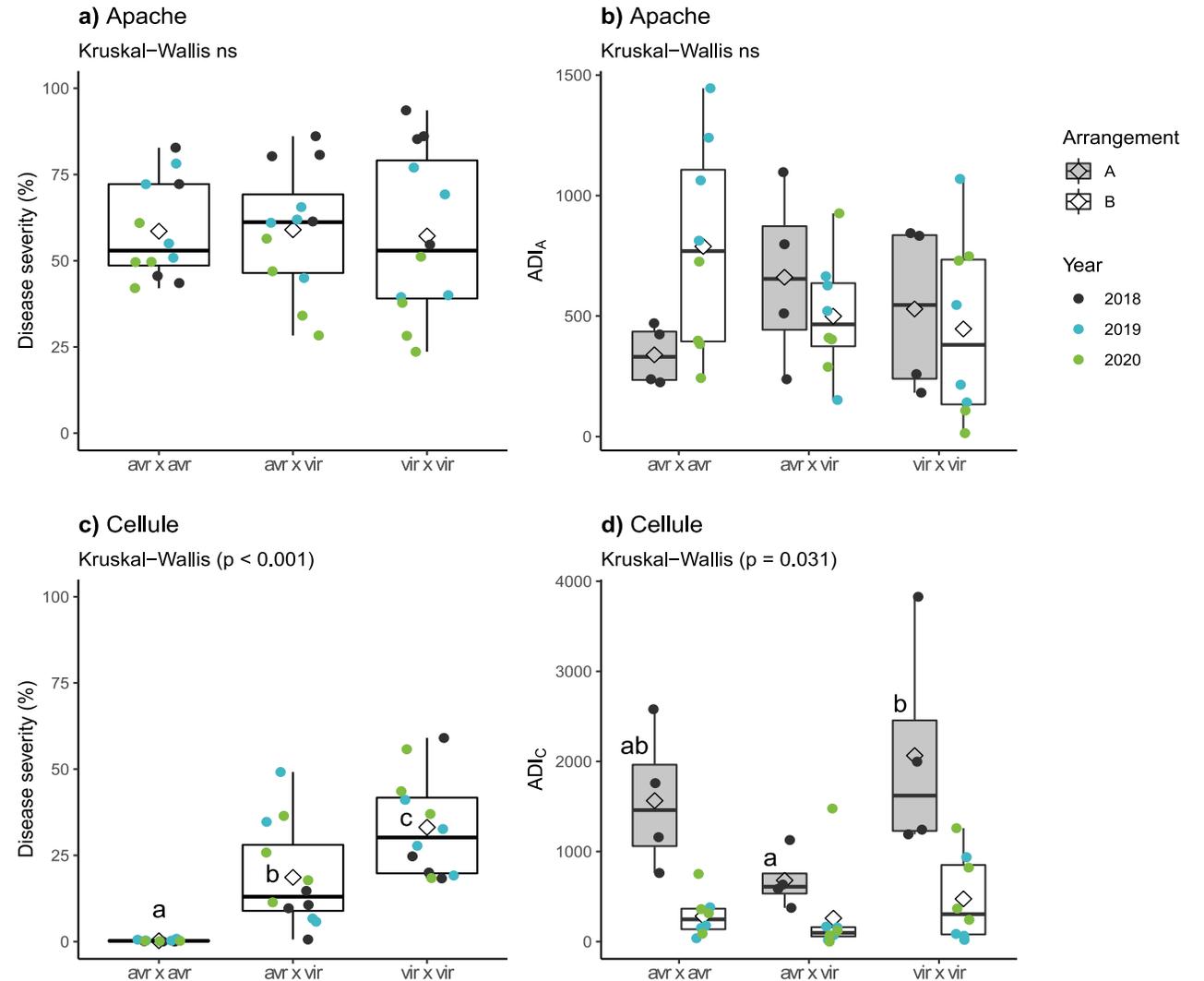
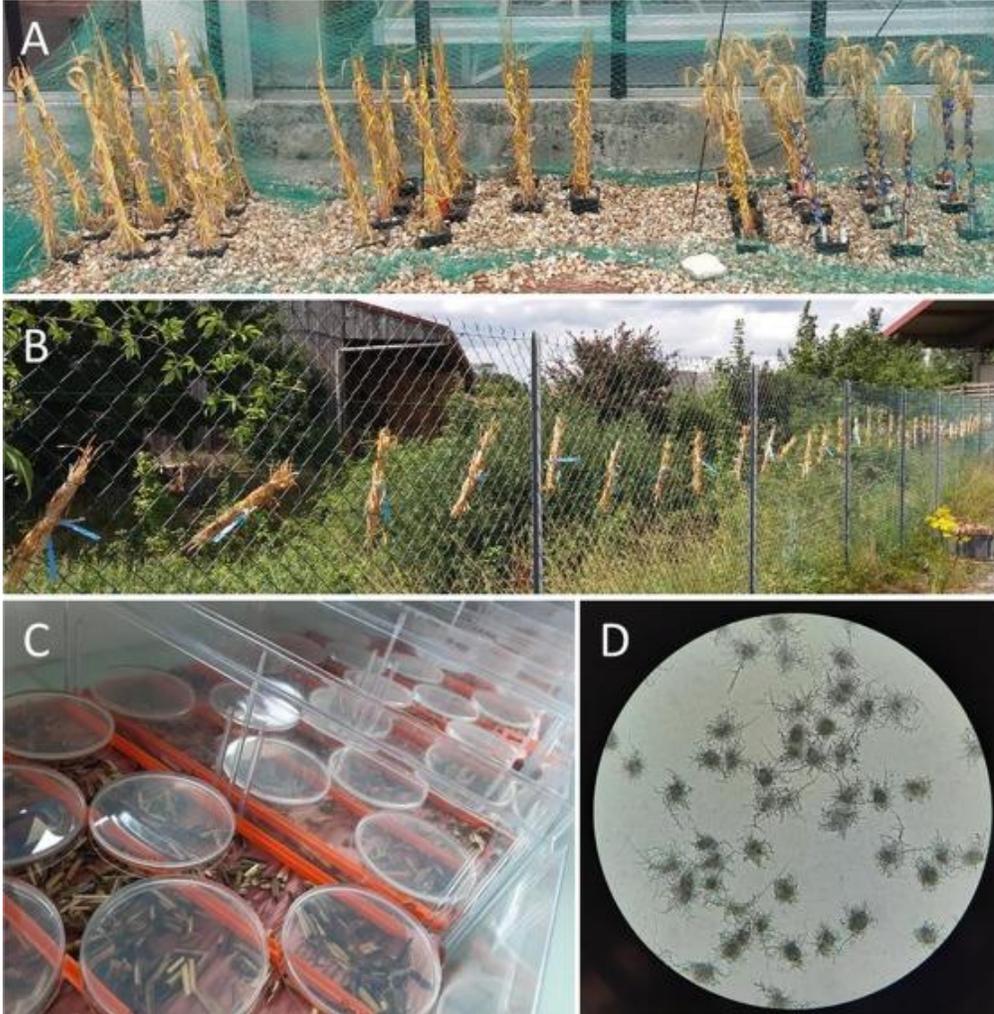
Deux approches de génétique:

- 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



# Maintien de l'avirulence lors de la reproduction sexuée



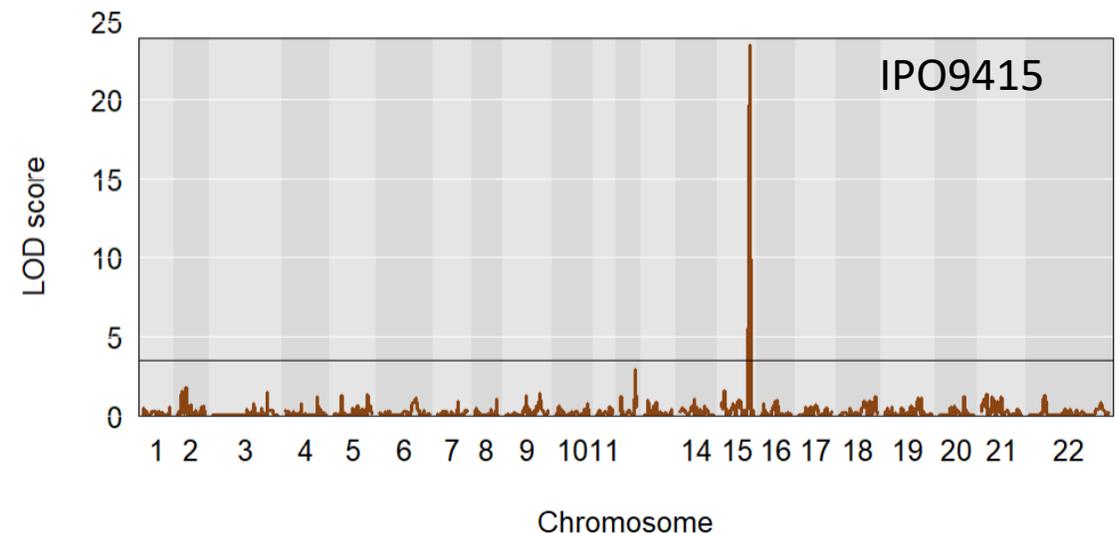
- 75 accessions de blé évaluées (17 variétés Françaises portant *Stb16q*, 38 blés synthétiques, 20 accessions diverses résistantes)
- 12 essais au champ en conditions naturelles, 2 essais au stade plantule avec des souches virulentes *Stb16q*
- Aucune variété résistante
- 2 variétés de pays et 18 synthétiques 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

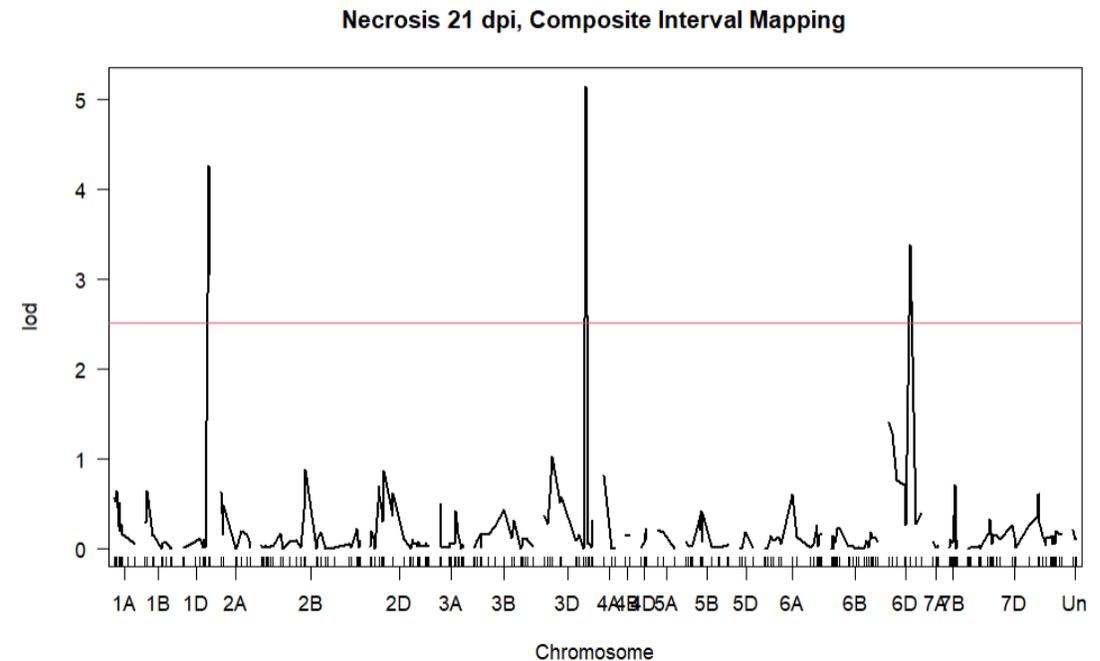
- 156 HD TA4152-19 x ND495 (90K SNP assay, phénotypé avec cfz008 (Cappelle, Cellule, 2016) et cfz023 (Houville la branche, Mutic, 2017))
- 154 HD EMS 236 x Chinese spring (35K SNP, phénotypé avec IPO9415 and IPO92006)

- 7 régions impliquées dans la résistance: *Stb6*, *Stb11?*, *Stb16q*, *Stb18?*, *Stb20q?*, QTL3D et QTL7B



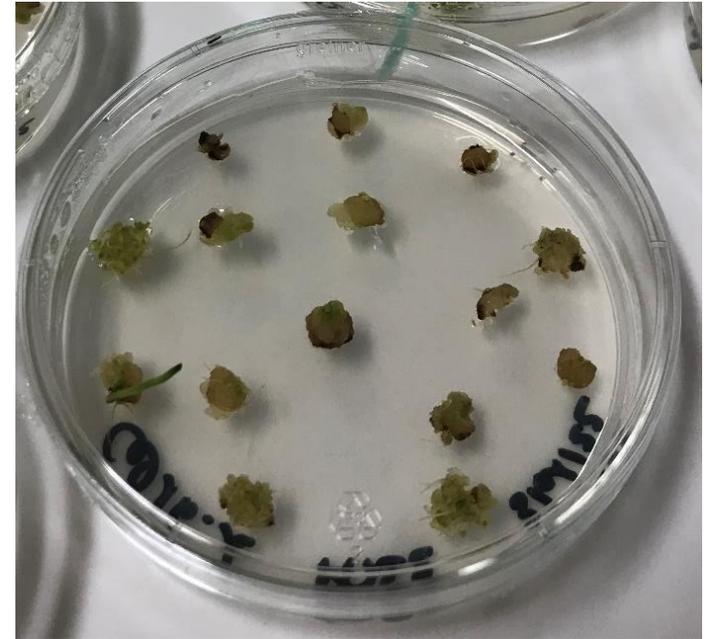
# Déterminants génétiques de la résistance Nogal

- 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*

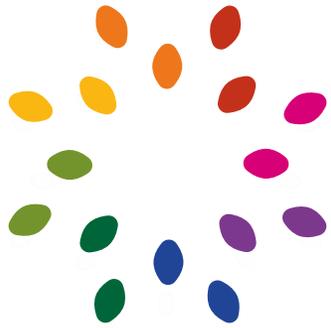
- Modification du domaine extracellulaire par le système CRISPR-Cas9 cytidine déaminase
- 12 guides (15 acide aminés ciblés)
- 3500 embryons de Cellule bombardés
- Forte nécrose des cals



# 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