

DivR : Des outils moléculaires pour la sélection de résistances diversifiées et efficaces contre la septoriose du blé

Thierry C. MARCEL^{1*}, Gwilherm GAZEAU¹, Hadjer BELLAH², Jean-Noël THAUVIN³, Sandrine GELISSE¹, Emmie DZIALO¹, Adeline SIMON¹, Reda AMEZROU¹, Ellen GOUEMAND⁴, Benoit FOUCAULT⁵, Nicholas BIRD⁶, Gemma MOLERO MILAN⁵, Sébastien CAIVEAU⁷, Alexander LOLADZE⁷, Andrea SÁNCHEZ-VALLET⁸, Daniel CROLL², Cyrille SAINTENAC³

1 - Univ Paris-Saclay, INRAE, UR BIOGER, Palaiseau, FR
 2 - Univ Neuchâtel, Lab Evol Genet, Neuchâtel, CH
 3 - UCA, INRAE, GDEC, Clermont-Ferrand, FR
 4 - Florimond-Desprez V&F SAS, Cappel-en-Pévèle, FR
 5 - KWS, Momont Recherche, Mons-en-Pévèle, FR

6 - KWS UK Ltd, Thriplow, Hertfordshire, UK
 7 - Syngenta France SAS, Chartres, FR
 8 - CBGP, UPM-INIA, Campus de Montegancedo UPM, Madrid, ES
 *Coordinateur: thierry.marcel@inrae.fr

La septoriose, causée par le champignon *Zyoseptoria tritici*, est une maladie très nuisible affectant la culture du blé. La sélection de nouvelles variétés résistantes à la septoriose est ralentie par notre méconnaissance des gènes de résistance présents dans nos variétés ainsi que par la complexité à surveiller l'évolution de l'efficacité de ces gènes vis-à-vis des populations de *Z. tritici* génétiquement très diversifiées. Le projet FSOV 2018 S DivR avait pour objectifs le développement d'outils de marquage moléculaire des gènes de résistance présents dans les variétés et de suivi des populations fongiques.

Efficacité des gènes de résistance *Stb*

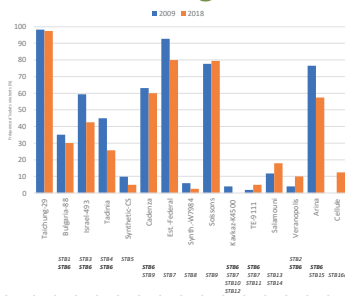


Figure 1. Fréquence de virulence d'isolats Français de *Z. tritici* collectés en 2009 (n=103) et en 2018 (n=40) sur des variétés de blé portant les gènes *Stb1* à *Stb16q*

- La fréquence d'isolats virulents est très variable d'une variété à une autre mais a globalement peu évolué entre 2009 et 2018.
- Des isolats virulents ont été identifiés sur toutes les variétés mais les gènes de résistance *Stb2*, *Stb5*, *Stb8*, *Stb11*, *Stb10* et *Stb12* restent les plus efficaces.

Identification des gènes *AvrStb* chez *Z. tritici*

Une étude GWAS a permis d'identifier 65 gènes candidats pour leur implication dans le pouvoir pathogène de *Z. tritici* sur 15 variétés de blé tendre différencielles pour les gènes de résistance *Stb* qu'elles portent.²

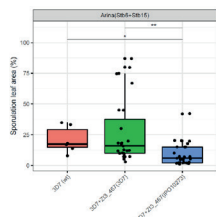


Figure 3. Pourcentage de surface foliaire sporulante sur la variété Arina après inoculation avec la souche ST99CH_3D7 (n=6), les mutants ectopiques portant l'allèle 3D7 (virulent) du gène *Zt3_00467* (n=27) et les mutants ectopiques portant l'allèle IPO10273 (avirulent) (n=27).

- Zt3_0467* encode une petite protéine sécrétée jouant un rôle dans le pouvoir pathogène de *Z. tritici* sur la variété Arina (*Stb6*, *Stb15*).

Articles en lien avec le projet:

¹Thauvin et al. En préparation; ²Amezrou et al. (2024). Nat. Comm. 15(1): 1933; ³Bellah et al. (2023). PLoS ONE 18(2): e0281181;

Identification des gènes *Stb* dans les variétés françaises

Une étude d'association à l'échelle du génome (GWAS) a été réalisée sur un panel de 285 variétés inoculé avec 10 isolats sur plantules en conditions contrôlées et 2 isolats sur plantes adultes au champ.¹

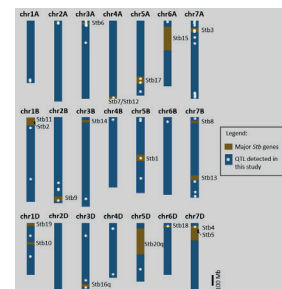


Figure 2. Comparaison entre la position des 57 QTL de résistance et des gènes *Stb* connus sur RefSeq v2.1.

- 57 régions génomiques impliquées dans la résistance, dont 10 nouveaux QTL détectés.
- Les QTL détectés sont fortement dépendants de l'isolat utilisé, du stade de développement du blé, et de l'environnement.

Suivi des populations de *Z. tritici* en France

Nous avons développé un test de séquençage d'amplicons, combinant séquençage à haut débit et PCR multiplexée³, ciblant des SNP associés à des gènes impliqués dans le pouvoir pathogène (65), la résistance aux fongicides (25), ou répartis aléatoirement le long du génome (691).

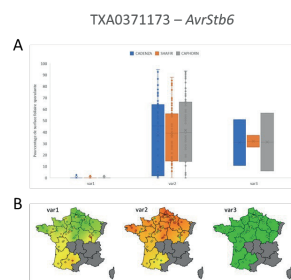


Figure 4. A) Association entre 3 variants identifiés pour l'amplicon TXA0371173 et la virulence sur des variétés portant *Stb6*, et B) répartition géographique des 3 variants.

- Capacité de suivre les fréquences alléliques dans les populations de *Z. tritici*.

FSOV 2018 S

