

Identification des pathogènes fongiques, du risque maladie et des facteurs génétiques de résistance pour une gestion intégrée et durable de l'helminthosporiose de l'orge

Romain VALADE^{1*}, Agathe JUNG¹, Cindy VITRY¹, Stéphanie LE PRIEUR¹, Eloïse METEIER¹, Faharidine MOHAMADI¹, Julie RAMIREZ², Thierry BOUTHILLIER³, Emmanuelle DYRSZKA⁴, Amélie GENTY⁵, Ellen GOUEMAN-DUGUE⁶, Guillaume ROULLET⁷, Mathieu TISON⁸, Clara SIMON⁹, Eric GILLARD¹⁰, Anne-Charlotte LOMBART¹⁰, Jean-François HERBOMMEZ¹¹, Doriane HAMERNIG^{±1}, Matthieu BOGARD^{±12}, Pierre GLADIEUX^{±2}

1 - ARVALIS, Institut du végétal, Station expérimentale, 91720 Boigneville, FRANCE

2 - Plant Health Institute Montpellier, INRAE, CIRAD, Institut Agro, IRD, Université de Montpellier, FRANCE

3 - ASUR PlantBreeding, 163 ter Avenue de Flandre, 60190 Estrées Saint Denis

4 - SYNGENTA, 1228 chemin de l'Hobit, 31790 Saint-Sauveur

5 - SECOBRA Recherches, Centre de bois-Henry, 78580 Maule

6 - FLORIMOND DESPREZ, 3 rue Florimond Desprez, 59242 Cappelle-en-Pévèle

7 - UNISIGMA, 2 rue du petit Sorri, 60480 Froissy

8 - RAGT2n, 615 rue Lavoisier, 59112 Annoeullin

9 - LIMAGRAIN Europe, Biopôle Clermont-Limagne, 63360 Saint-Beauzire

10 - LEMAIRE DEFFONTAINES, 180 rue du rossignol, 59310 Auchy les Orchies

11 - KWS MOMONT Recherche, 7 rue du Martinval, 59246 Mons-en-Pévèle

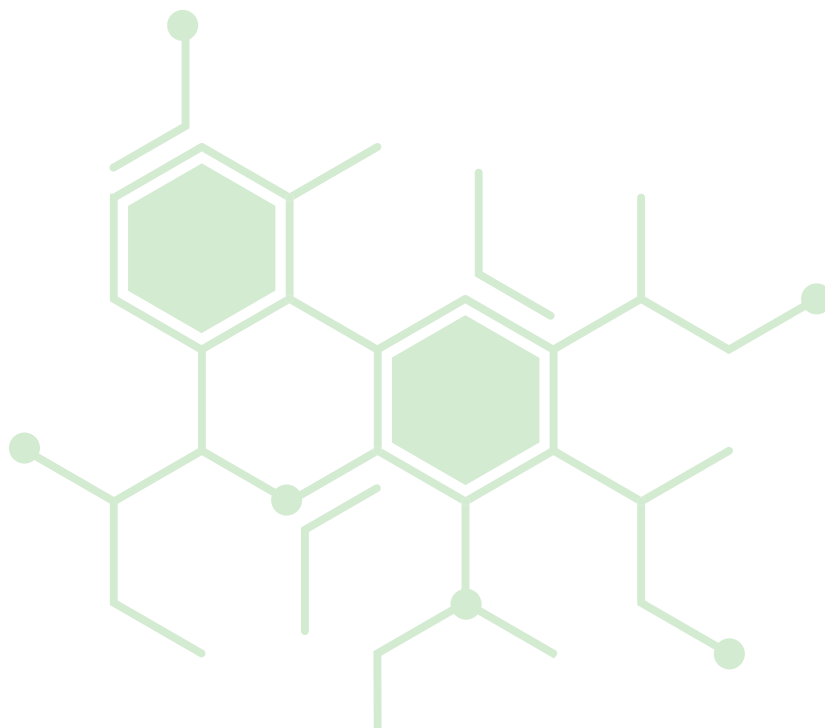
12 - Arvalis Institut du Végétal, 110 chemin de la côté vieille, 31450 Baziège, FRANCE

± responsables d'action

*Coordinateur du projet : Romain VALADE, r.valade@arvalis.fr

INTRODUCTION

L'orge est la seconde céréale à paille cultivée en France avec une surface d'environ 1.9 millions d'hectares et une production moyenne de 12 millions de tonnes. Cette céréale, aux nombreux débouchés et économiquement importante pour l'agriculture française, est soumise à différents stress abiotiques et biotiques qui limitent la production. **En France, la maladie fongique la plus fréquente et nuisible est l'helminthosporiose, notamment sur orge d'hiver.** Cette maladie est causée par un complexe d'espèces du genre *Pyrenophora* et *Cochliobolus*. Au sein du genre *Pyrenophora*, trois taxa sont responsables de l'helminthosporiose : *P. teres f. teres* (Ptt), *P. teres f. maculata* (Ptm), *P. graminea*. Une quatrième espèce, *C. sativus*, est également décrite comme agent causal de l'helminthosporiose. Hormis *P. graminea* qui est un agent pathogène transmis par la semence et causant des symptômes typiques, les trois autres taxa causent des symptômes assez proches et facilement confondus au champ. Même si *P. teres f. teres* est supposée être la forme prédominante en France, aucune étude n'a été conduite ni pour caractériser précisément le complexe d'espèces ni les ressources génétiques disponibles vis-à-vis de ces différentes espèces.

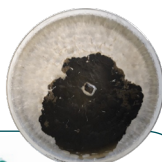


IDENTIFICATION ET CARACTÉRISATION GÉNÉTIQUE DES POPULATIONS

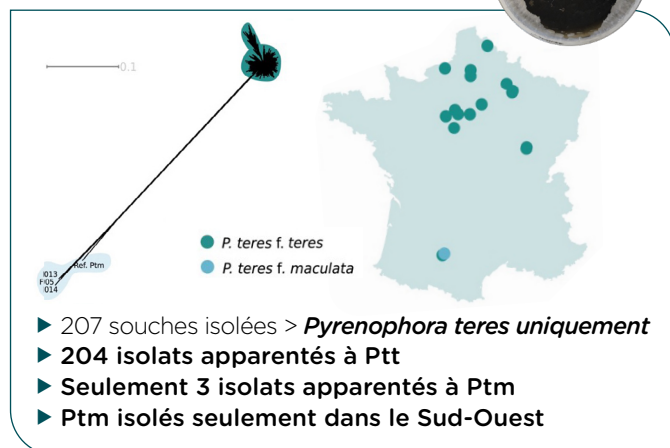


110 échantillons symptomatiques prélevés entre 2018 et 2023

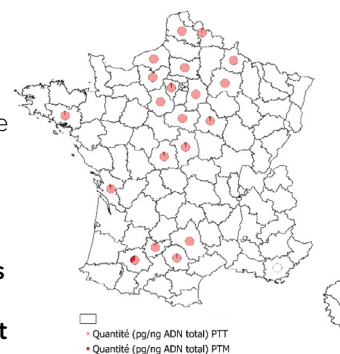
Isolement des agents pathogènes causaux et analyses génomiques



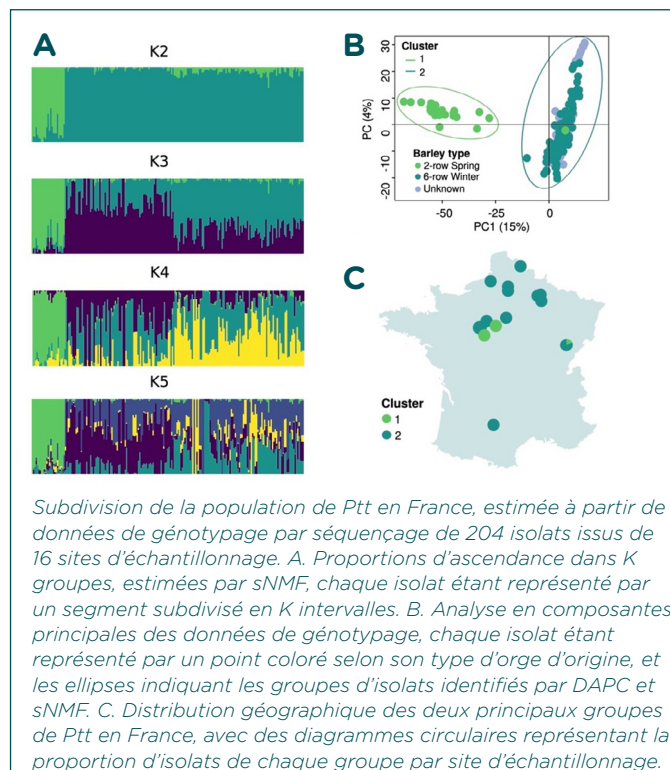
Analyses qPCR des formes Ptt et Ptm



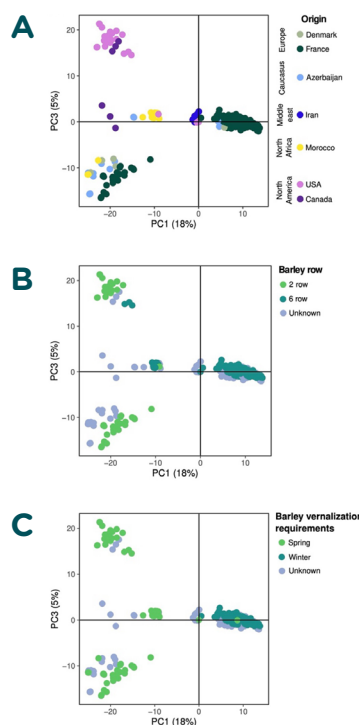
- Ptt forme largement prédominante : 98.65% de la biomasse fongique totale de *Pyrenophora teres*
- Co-occurrence de Ptt et Ptm dans 20 échantillons
- Ptm, en abondance relative, plus présent dans le Sud-Ouest
- Pas d'effet année sur le ratio Ptt/Ptm



Caractérisation de la structure génétique des populations de Ptt



- Deux groupes génétiques distincts au sein de Ptt en France (cluster 1 et cluster 2)
 - Cluster 1 associé aux orges de printemps à deux rangs
 - Cluster 2 associé aux orges d'hiver à 6 rangs
- À l'échelle mondiale, les deux clusters se différencient par la géographie et les besoins en vernalisation



Association entre la structure de la population des isolats de Ptt collectés dans le monde entier et les besoins en vernalisation de l'orge, visualisée à l'aide d'une analyse en composantes principales basée sur les SNP. Chaque point représente un isolat.

A. Isolats colorés par pays d'origine. B. Isolats colorés en fonction du nombre de rangs de la variété d'orge à partir de laquelle ils ont été obtenus. C. Isolats colorés en fonction des besoins de vernalisation de la variété d'orge d'origine.

Des populations différentes entre les orges d'hiver et les orges de printemps

CARACTÉRISATION DE SOURCES DE RÉSISTANCE



Panel 289 accessions (2 rangs et 6 rangs) (200 coll. Nat. / 80 cultivars hiver / 9 cultivars printemps)

Caractérisation de la sensibilité variétale en conditions contrôlées (4 souches de Ptt, 2 par cluster génétique)

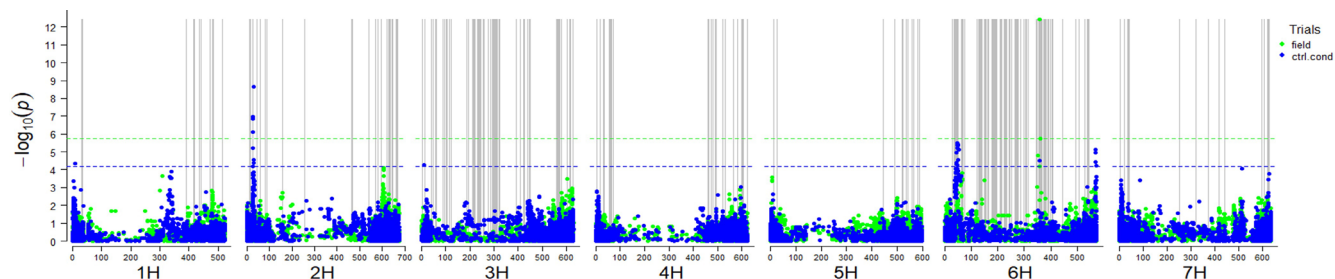


Caractérisation de la sensibilité variétale aux champs (20 essais)



Analyses de données par GWAS

Génotypage 50K SNPs

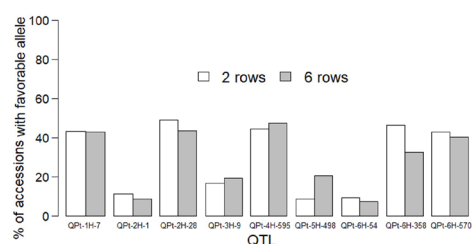


Le Manhattan plot montre les marqueurs significativement associés. Les lignes grisées en arrière-plan représentent les marqueurs identifiés comme significativement associés à la sensibilité à l'helminthosporiose de l'orge dans la littérature. Les lignes tiretées vertes et bleues indiquent le seuil de significativité pour les essais en conditions agronomiques et en conditions contrôlées, respectivement. Les marqueurs ont été cartographiés sur la version 2 du génome de Morex.

QTL ID	Chr.	Physical interval	Trial/Isolate	Most signif. marker	Most signif. marker position	Max -log10(p)	fav. allele
QPt-1H-7	1H	7254189 - 7254189		JHI-Hv50k-2016-8306	7254189	4.37	AA
QPt-2H-1	2H	880829 - 880829	FLO22	SCRI_RS_142851	880829	5.09	CC
QPt-2H-28	2H	23995925 - 28973874	FRA0042; HL20022	JHI-Hv50k-2016-74955	27655068	7.05	GG
QPt-3H-9	3H	8948624 - 8948624		JHI-Hv50k-2016-153661	8948624	4.26	AA
QPt-4H-595	4H	595307323 - 595307323	HL20055	JHI-Hv50k-2016-263864	595307323	5.05	CC
QPt-5H-498	5H	498131186 - 498138356	RAG23	JHI-Hv50k-2016-317808	498131186	5.21	CC
QPt-6H-54	6H	45758911 - 142433702	FRA0042; HL20022; RAG23	JHI-Hv50k-2016-386866	54240966	7.71	CC
QPt-6H-358	6H	358331457 - 360107398	HL20022; LEM18; RAG23; SEC17	JHI-Hv50k-2016-398720	358331457	8.72	CC
QPt-6H-570	6H	569815238 - 570637279	FRA0064	JHI-Hv50k-2016-432291	569815238	5.83	GG

QTL de sensibilité à l'helminthosporiose identifiés dans un panel de 280 orges d'hiver françaises testées dans 12 essais en conditions agronomiques valides et pour 4 souches en conditions contrôlées. Le nom des QTLs, le chromosome, l'intervalle du QTL établit selon le déséquilibre de liaison local, le nom des essais et/ou souches pour lesquels le QTL a été identifié, le marqueur le plus significatif, sa position, la $-\log_{10}(p)$ maximale, et l'allèle favorable sont indiqués.

- 9 QTL d'intérêts identifiés
- 2 QTL communs aux conditions contrôlées et aux essais agronomiques
- 1 QTL pour deux souches en conditions contrôlées (2 laboratoires différents et 2 isolats du cluster 2= orge hiver)



- Présence de l'allèle favorable variable selon les QTLs dans le panel
- 4 QTL peu représentés > sources intéressantes pour accroître la résistance ?
- Absence d'effets additifs des QTL > des combinaisons de QTL semblent plus intéressantes que d'autres (données non montrées)
- 1 marqueur KASPR développé pour le QTL 6h-358 et d'autres en cours
- Des gènes candidats identifiés pour de futures études fonctionnelles ?

Un panel d'orge d'hiver caractérisé pour sa sensibilité à l'helminthosporiose et des données génétiques qui permettront d'accompagner une sélection par marqueurs et développer des modèles de prédiction génomique

CONCLUSION

Le projet HELMO apporte des éléments nouveaux et déterminants pour la compréhension de la diversité, de la **structure génétique et de l'épidémiologie des agents causaux de l'helminthosporiose** de l'orge en France. Les analyses génomiques menées ont permis de clarifier la **phylogénie du genre *Pyrenophora*, confirmer que *Pyrenophora teres* est le taxon principal causant la maladie et démontrer une forte prédominance de *Ptt* par rapport à *Ptm***. La dynamique historique des formes *Ptt* et *Ptm* et la mise en évidence d'une structuration nette des populations de *Ptt* selon le type d'orge (printemps versus hiver) soulignent **l'importance de l'épidémiosurveillance pour gérer au mieux la résistance variétale**. L'identification de plusieurs QTLs associés à la résistance, dont certains déjà décrits dans la littérature, constitue un levier concret pour la **sélection assistée par marqueurs et pour l'amélioration génétique**.



Avec la contribution financière du compte d'affectation spéciale développement agricole et rural CASDAR

 **MINISTÈRE DE L'AGRICULTURE ET DE LA SOUVERAINETÉ ALIMENTAIRE**
Liberté
Égalité
Fraternité

