

ATTILA

Résistance stade adulte des variétés de blé françaises à *Zymoseptoria tritici*



- **Date de début** : 01/10/2023
- **Durée du Programme** : 36 mois
- **Budget proposé** : 474 618,70 € HT
- **Aides FSOV** : 331 992,09 € HT (70 %)

- **MOTS CLEFS** :
génétique / blé tendre / résistance / septoriose

RÉSUMÉ DU PROGRAMME

La septoriose, causée par le champignon *Zymoseptoria tritici* est une des maladies les plus dommageables pour le blé en France. Les méthodes de lutte actuelles contre cette maladie reposent principalement sur l'utilisation de produits phytosanitaires et de variétés résistantes. Dans le contexte actuel, sélectionner des variétés résistantes est ainsi une des priorités de la filière. Durant les dix dernières années, une augmentation continue mais lente du niveau de résistance des variétés de blé tendre a été observée vraisemblablement grâce à l'utilisation de résistances s'exprimant au stade adulte. A l'inverse des gènes de résistance majeurs à cette maladie, les déterminants génétiques de ces résistances adultes quantitatives plus durables ont été peu étudiés freinant le développement de variétés résistantes. Ainsi, il est nécessaire d'approfondir les connaissances sur ce type de résistance dans les variétés de blé Françaises pour développer des variétés durablement résistantes.

Dans le projet ATTILA, nous proposons de mettre en place un large réseau d'expérimentation au champ pour identifier les bases génétiques de la résistance à la septoriose chez les meilleures variétés de blé enregistrées ces cinq dernières années au catalogue officiel. Ainsi, nous réaliserons le phénotypage sur plusieurs sites de populations biparentales suivi d'analyses QTL. En parallèle, nous allons mettre au point un protocole de phénotypage à haut débit en chambre de culture pour évaluer la résistance des variétés au stade adulte. Cet outil permettra d'accélérer l'identification des QTL de résistance au stade adulte et de caractériser finement ce type de résistance. Enfin, grâce aux données acquises à partir des populations biparentales et de projets en cours chez les partenaires du projet, nous fournirons des outils et ressources pour déterminer plus rapidement les bases génétiques des résistances présentes dans les variétés nouvellement inscrites.

Le projet ATTILA permettra ainsi de déterminer les bases génétiques de la résistance à la septoriose au stade adulte au sein des blés tendres Français et des outils pour suivre ces résistances dans les futurs programmes de sélection.

PERSPECTIVES DE RÉSULTATS OU DE VALORISATION

Le principal livrable de la tâche 1 sera une liste de QTL présents dans les cultivars de blé français (D1_1) conférant une résistance à *Z. tritici* au stade adulte. Pour chaque QTL, seront fournis l'intervalle de confiance, l'héritabilité, le contenu génique, le chevauchement avec des QTL précédemment identifiés ainsi que le SNP le plus significatif. Par ailleurs, le contenu en QTL de chaque cultivar résistant sera précisé avec leurs interactions épistatiques. Cela permettra d'identifier des combinaisons de QTL efficaces contre les populations françaises de *Z. tritici*. Des génotypes présentant une résistance supérieure à celle des parents des populations de cartographie biparentale seront identifiés (D1_2) lors des évaluations au champ. Ces génotypes représentent des parents intéressants pour de futurs croisements.

Le livrable de la tâche 2 est un protocole de phénotypage (D2_1) permettant d'évaluer la résistance au stade adulte en chambre de culture, en reproduisant les conditions d'évaluation au champ. Ce protocole permettra d'accélérer la découverte de QTL de résistance dans les cultivars de blé français.

La tâche 3 produira une liste de SNP diagnostiques ou associés à la résistance à la septoriose (STB) dans les cultivars français (D3_1). Cette liste sera issue des gènes majeurs Stb, des QTL précédemment identifiés par analyses GWAS, ainsi que des QTL identifiés dans la tâche 1. Une collection de 16 isolats de *Z. tritici* avec un spectre d'avirulence connu sera fournie afin de postuler la présence de gènes majeurs Stb dans les cultivars de blé (D3_2). Des lignées isogéniques de *Z. tritici* portant un gène d'avirulence reconnu par la lignée Absalon seront produites (D3_3). Le livrable final de la tâche 3 est la détermination des gènes Stb et du contenu en QTL dans les nouveaux cultivars de blé enregistrés (D3_4).

Cette analyse à grande échelle des QTL, ainsi que potentiellement la validation d'un nouvel ensemble d'isolats différentiels de *Z. tritici* et de la peptidase sécrétée, feront l'objet de soumissions à des revues à comité de lecture.

Les principaux résultats du projet seront présentés à divers publics scientifiques, à la communauté du blé via le congrès international du blé (tous les deux ans) et à la communauté *Zymoseptoria* via le symposium international sur les maladies foliaires des céréales (tous les deux ans).

COMITÉ DE PILOTAGE

Cyrille Saintenac, Thierry Marcel, Matthieu Bogard, Laure Duchalais, Sébastien Cuvelier, Ellen Goudemand Dugue, Pierrick Varenne, Kostya Kanyuka, Gabriel Beudin, Alexis Oger, Guillaume Rouillet, Emeline Teissier Fremery



BIOGER Versailles Saclay
GDEC Clermont-Ferrand

