

# GANDALF

Genomics and adaptation of fungal life history traits  
involved in host-pathogen interactions

---

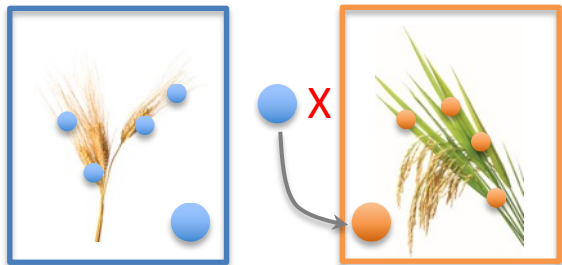
Elisabeth FOURNIER

DR INRA, BGPI, Montpellier

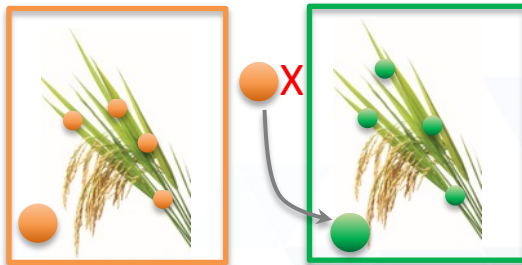


# Objectifs

Identifier et étudier la dynamique évolutive des facteurs génétiques responsables de l'adaptation des agents pathogènes fongiques à leurs plantes-hôtes



- Saut d'hôte



- Contournement résistances complètes



- Erosion résistances partielles

# Finalité

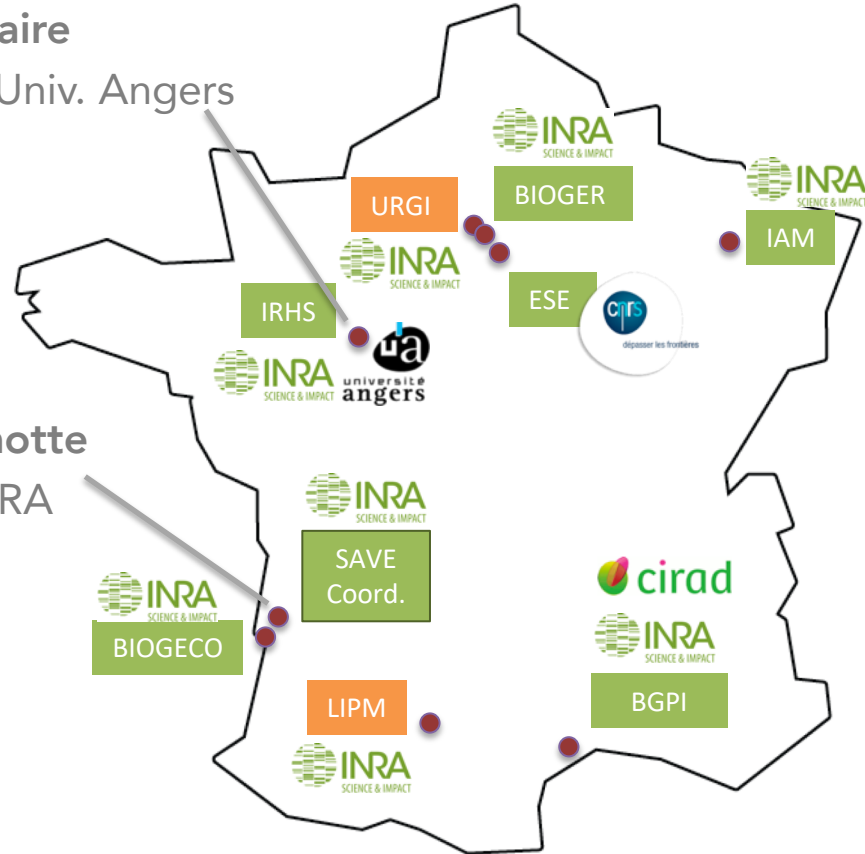
Contribuer à imaginer de nouvelles stratégies d'organisation des variétés résistantes pour rendre les paysages agricoles moins perméables à l'évolution des maladies fongiques



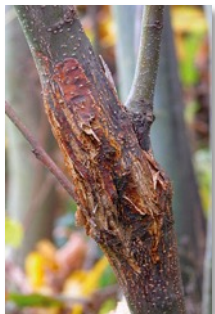


C. Lemaire  
MdC / Univ. Angers

F. Delmotte  
DR / INRA



# 9 modèles biologiques



le chancre du châtaignier  
(*Cryphonectria parasitica*)



la tavelure du pommier  
(*Venturia inaequalis*)



la pyriculariose  
(*Magnaporthe oryzae*)



les raies noires du bananier  
(*Mycosphaerella fijiensis*)



le charbon des silènes  
(*Microbotryum sp.*)



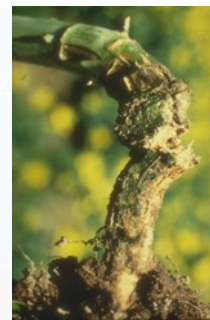
le mildiou de la vigne  
(*Plasmopara viticola*)



la rouille du peuplier  
(*Melampsora larici-populina*)



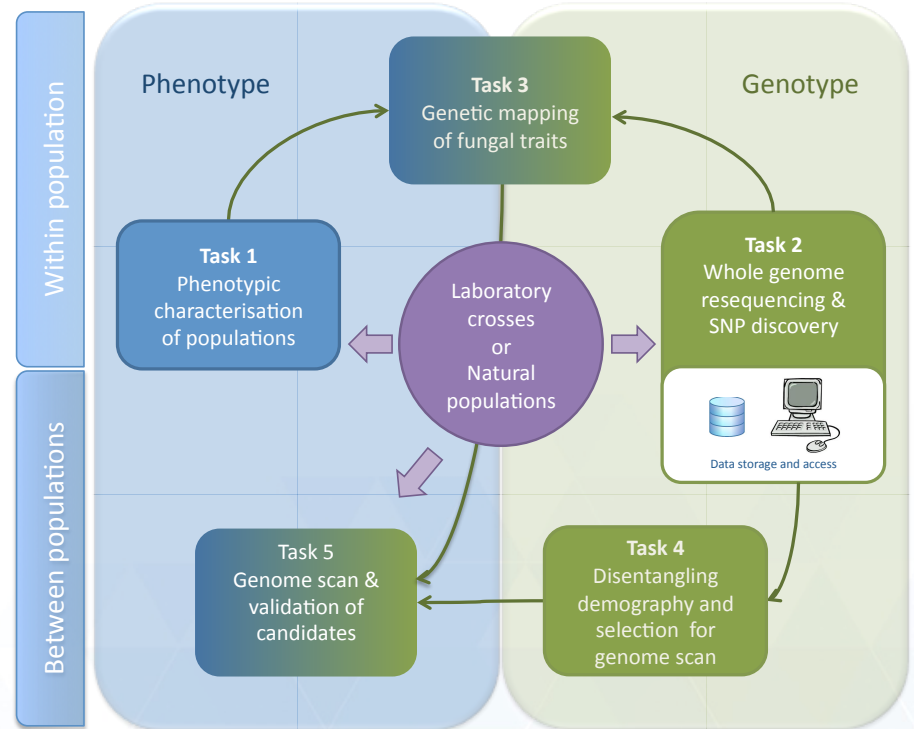
la septoriose du blé  
(*Zymospetoria tritici*)



le phoma du colza  
(*Leptosphaeria maculans*)

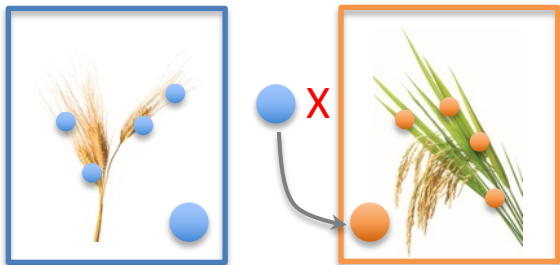
# Méthodologie

- Génomes de référence disponibles
- Reséquençage de souches
- Deux approches pour la détection des gènes sous sélection :
  - génétique d'association : GWAs ou cartographie QTL
  - génomique des populations



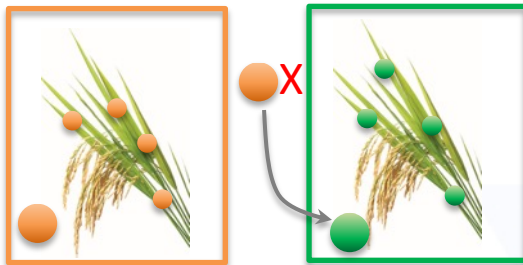
# Résultats

- *Microbotryum lychnis-dioicae*  
& *M. silenes-dioicae*
- *Cryphonectria parasitica*



- Saut d'hôte

- *Venturia inaequalis*
- *Melampsora larici-populina*
- *Zymospetoria tritici*



- Contournement  
résistances complètes

- *Mycosphaerella fijiensis*
- *Leptosphaeria maculans*
- *Magnaporthe oryzae*
- *Plasmopara viticola*



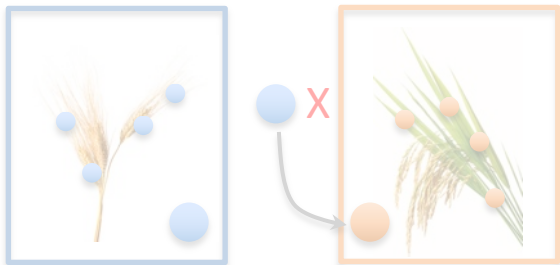
- Erosion résistances  
partielles

- Résultats secondaires : bases génétiques  
et évolution des types sexuels

- *Microbotryum* sp.
- *Plasmopara viticola*

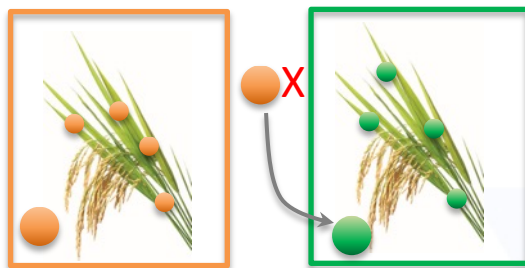
# Résultats

- *Microbotryum lychnis-dioicae*  
& *M. silenes-dioicae*
- *Cryphonectria parasitica*



- Saut d'hôte

- *Venturia inaequalis*
- *Melampsora larici-populina*
- ***Zymospetoria tritici***



- Contournement  
résistances complètes

- ***Mycosphaerella fijiensis***
- *Leptosphaeria maculans*
- *Magnaporthe oryzae*
- *Plasmopara viticola*



- Erosion résistances  
partielles

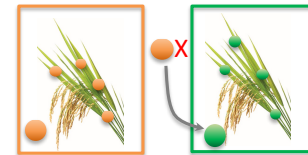
- Résultats secondaires : bases génétiques  
et évolution des types sexuels

- *Microbotryum sp.*
- ***Plasmopara viticola***

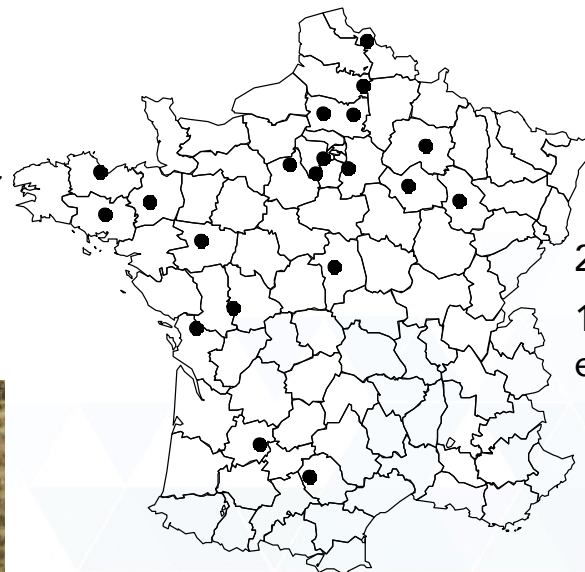
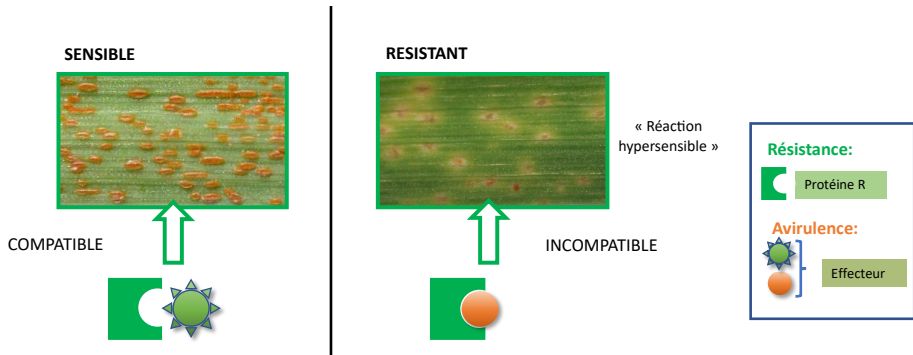


# Résultats

## 1. Contournement de la résistance complète *Stb6* du blé par *Z. tritici*, agent de la septoriose (T. Marcel, BIOGER)



- Contournement résistances complètes



2236 isolats

109 isolats génotypés  
et pathotypés

### Stade biotrophe (asymptomatique)

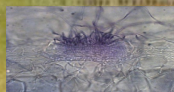
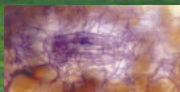
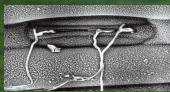
### Stade nécrotrophe

Pénétration par les stomates

Colonisation de la cavité sous-stomatique

Formation des pycnides

Maturation des pycnidiospores

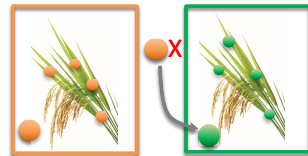


Interaction *Stb6*–*AvrStb6* (Brading et al. 2002)

→ déterminer le gène *AvrStb6* ?

# Résultats

## 1. Contournement de la résistance complète Stb6 du blé par *Z. tritici*, agent de la septoriose (T. Marcel, BIOGER)



- Contournement résistances complètes

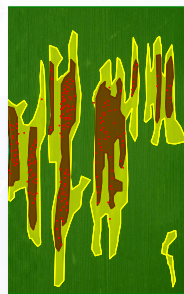
**Stratégie : génétique d'association génome-wide (GWAs)**

**Génotypage :**

- Reséquençage complet (Illumina pairés)
  - 2 662 249 SNPs au total
  - 947 977 SNPs utilisés
- (MAF > 5%, pas plus de 50% de données manquantes)

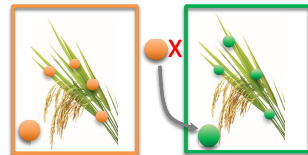
**Phénotypage en conditions contrôlées :**

- Inoculations manuelles sur 18 cultivars résistants portant les gènes de résistance STB1 à STB18
- Observations des symptômes à 21 jours :  
% de surface nécrosée, % de surface chlorosée,  
% de surface sporulante



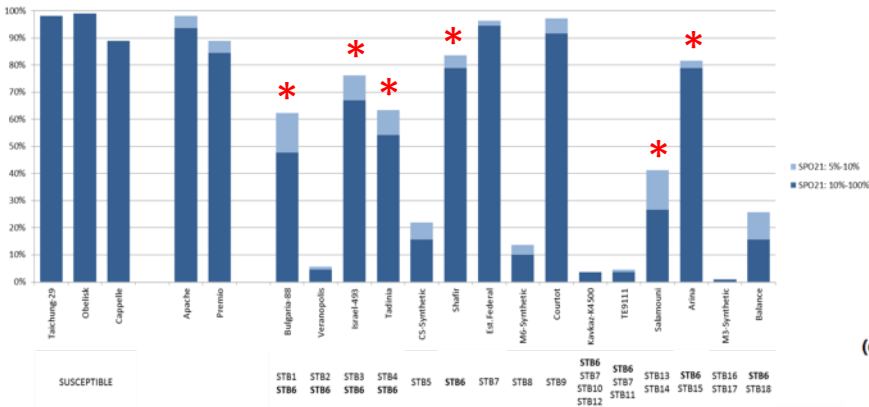
# Résultats

## 1. Contournement de la résistance complète *Stb6* du blé par *Z. tritici*, agent de la septoriose (T. Marcel, BIOGER)



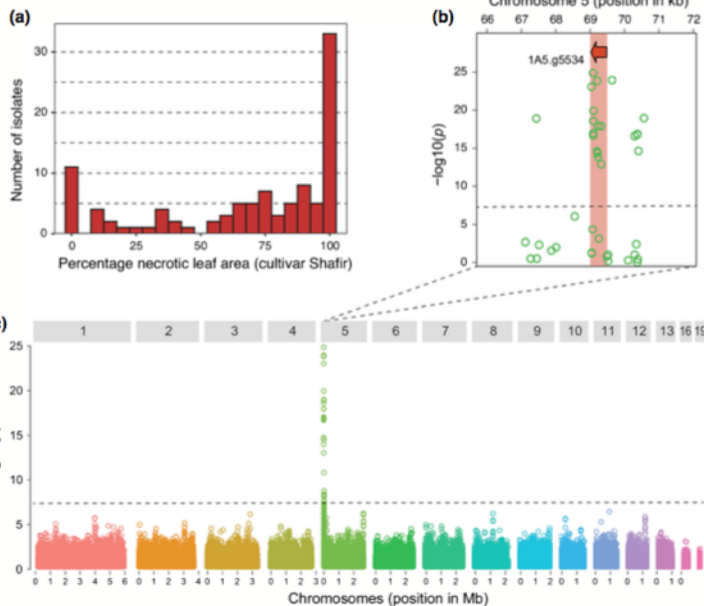
Contournement résistances complètes

Frequencies of virulence among 109 French *Z. tritici* isolates (2009-2010)



*AvrStb6* :

- détecté par GWAS dans 8 cultivars, et par QTL mapping
- code pour une petite protéine sécrétée
- validation fonctionnelle, induit durant la phase biotrophe



Zhong et al. 2017. New Phytologist

# Résultats

## 2. Erosion d'une résistance partielle du bananier par *M. fijiensis*, agent des raies noires (J. Carlier, BGPI)

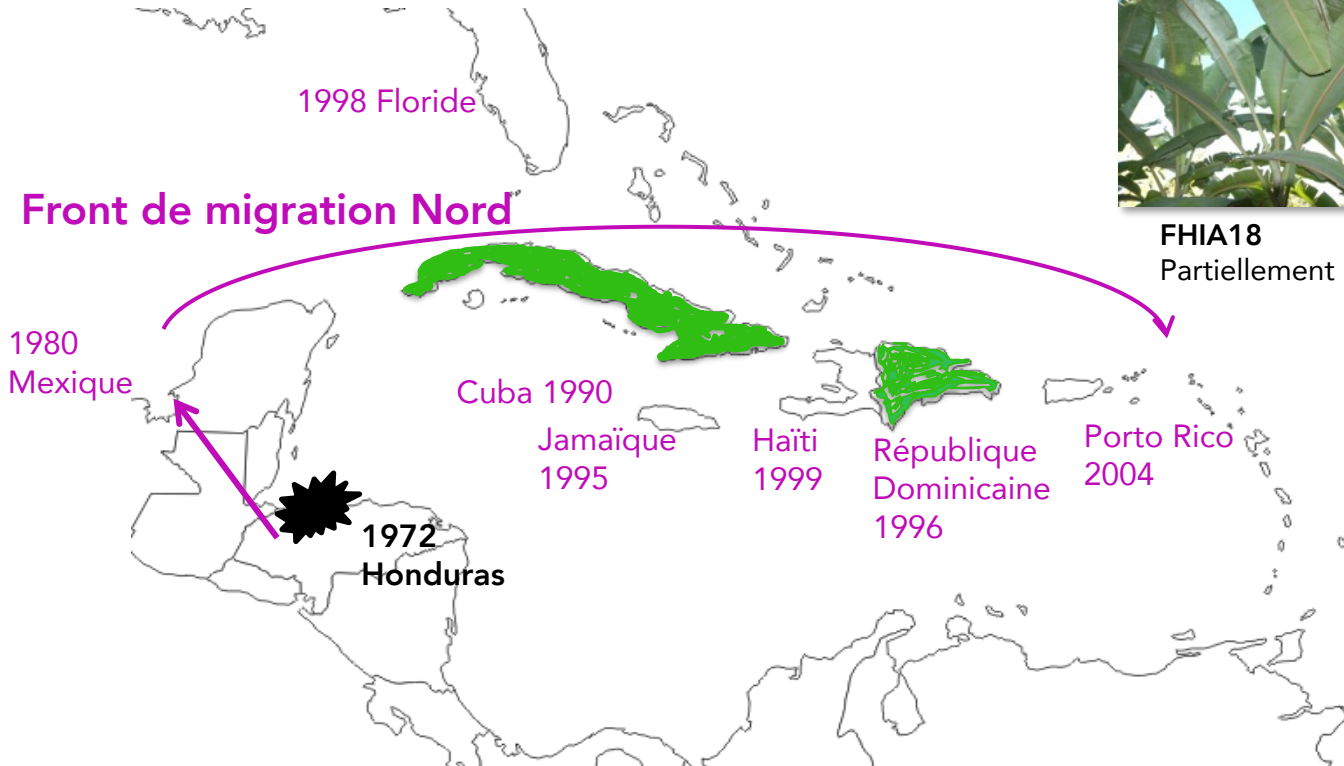
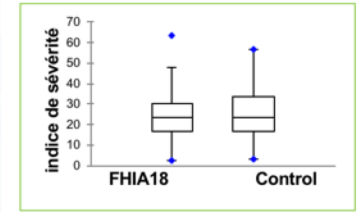


- Erosion résistances partielles

5-10 ans



FHIA18  
Partiellement résistant



# Résultats

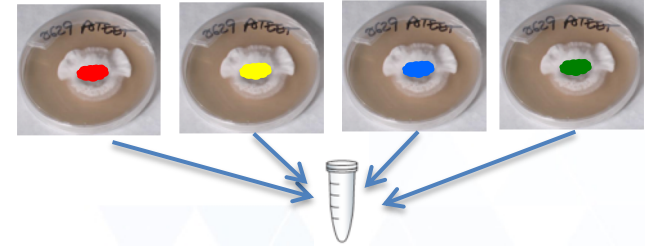
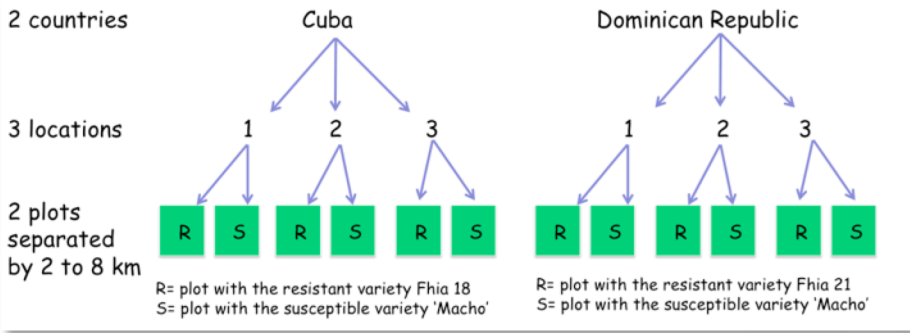
## 2. Erosion d'une résistance partielle du bananier par *M. fijiensis*, agent des raies noires (J. Carlier, BGPI)



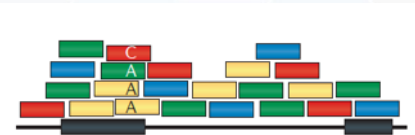
- Erosion résistances partielles

Stratégie : scan génomique sans a priori

Re-séquençage Illumina par pool



Séquençage du pool (Illumina pairé 100 bp, 80X)  
Mapping sur génome de référence + filtres (qualité mapping)  
SNP calling



700 000 à 1.2 10<sup>6</sup> SNPs  
> 1 SNP/100pb

3 populations de référence : Honduras

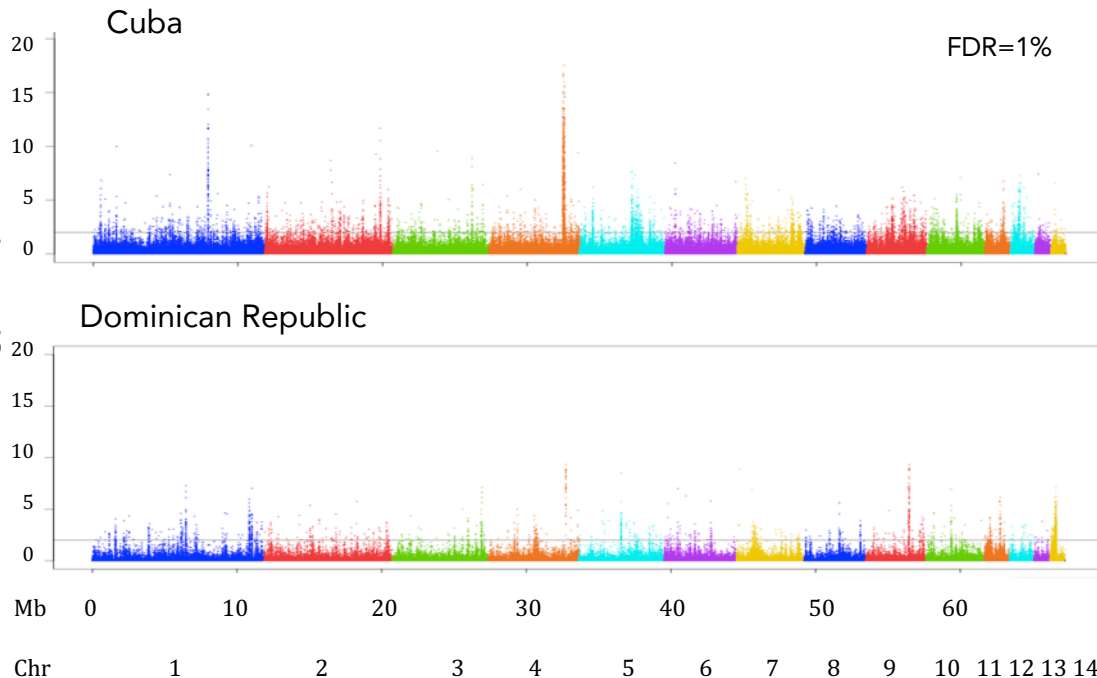
30-60 isolats / populations

# Résultats

## 2. Erosion d'une résistance partielle du bananier par *M. fijiensis*, agent des raies noires (J. Carlier, BGPI)



- Erosion résistances partielles



Detected in	Genomic region	Chr	Positions start/end	Size Kb	Nb of SNP	Nb of significant SNP		Annotation		
						CMH test	Bypas Aux model	Nb genes	Transcritome	Secretome
Cuba	1R2	1	7924395/7948801	24.41	125	100	102	12		1
	2R1	2	7951455/7964555	13.10	134	62	85	6		
	2R2	2	8504091/8518628	14.54	125	38	76	8	1	
	4R1	4	5074787/5098847	24.06	130	96	58	9	1	
	4R3	4	5221999/5233615	11.62	107	37	28	8		
	12R1	12	564600/574831	10.23	69	42	50	8	1	
Dominican Republic	1R3	1	6113616/6141970	28.35	105	24	44	15	1	1
Republic	1R4	1	11026833/11038658	11.82	90	33	29	5		
	5R3	5	2900095/2912155	12.06	82	53	49	2		
	14R1	14	309247	10.67	265	46	91	3		
Total								76	4	2

10 régions génomiques, 76 genes  
1 region candidate retrouvée par GWAs

# Résultats

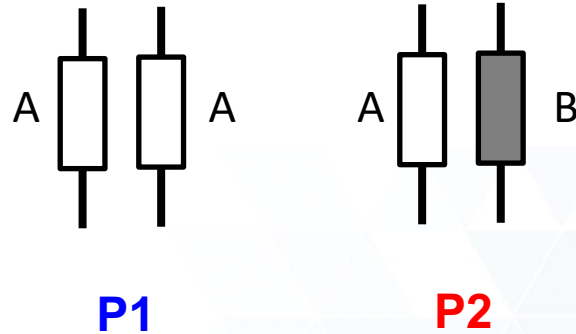
## 3. Types sexuels, agent du mildiou de la vigne (F. Delmotte, SAVE)

*Plasmopara viticola* (Oomycète) :

Diploïde

2 types sexuels P1 et P2

Espèce hétérothallique



Génome de référence

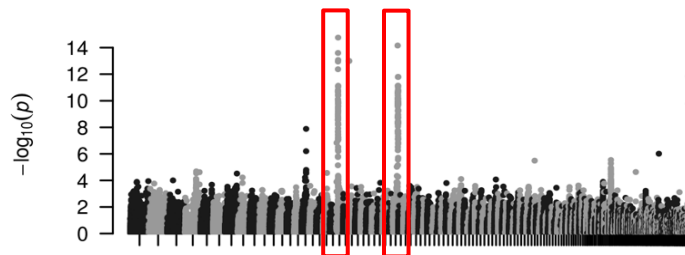
# Résultats

## 3. Types sexuels, agent du mildiou de la vigne (F. Delmotte, SAVE)

**Stratégie : association génétique genome-wide (GWAs)**

50 souches de mildiou  
phénotypées pour leur type  
sexuel

Génotypage par reséquençage  
Illumina



- Deux régions très fortement associées au type sexuel
- Déséquilibre liaison total → 1 seul « chromosome » mal assemblé
- Plusieurs gènes candidats : 3 protéines transmembranaires, 1 transporteur ABC



# Impacts

- **Méthodes et outils pour la communauté scientifique :**
  - Implémentation de méthodes d'analyse en génomique des populations – EGGLIB
  - Ateliers de formation, Ecole Chercheur INRA
- **Détection de gènes impliqués dans la virulence (R totale) et de l'agressivité (R partielle)**
  - meilleure compréhension des mécanismes d'interaction et de leur évolution
  - tester expérimentalement différentes stratégies de lutte
  - durabilité des résistances
- **Etudes d'autres traits : types sexuels chez pathogènes à reproduction sexuée obligatoire (*P. viticola*)**
  - disruption possible de la reproduction par « confusion sexuelle »

# LES APPORTS DE LA GÉNOMIQUE À L'AGROÉCOLOGIE

MARDI 27 MARS 2018

AGROPOLIS INTERNATIONAL  
MONTPELLIER



AGENCE NATIONALE DE LA RECHERCHE

ANR