



## Sélectionner des fonds génétiques favorables à la durabilité

Benoît Moury

### ► To cite this version:

Benoît Moury. Sélectionner des fonds génétiques favorables à la durabilité. GIS Biotechnologies Vertes, Résistance génétique et durabilité, Jun 2017, Paris, France. hal-03553358

**HAL Id: hal-03553358**

**<https://hal.inrae.fr/hal-03553358>**

Submitted on 3 Feb 2022

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

# Sélectionner des fonds génétiques favorables à la durabilité

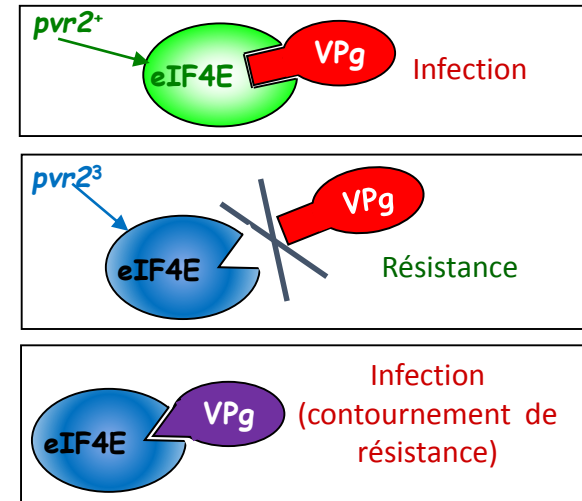
1. Effet protecteur du fond génétique: constats
2. Cet effet protecteur est-il polyvalent?
3. Comment ça marche? Forces évolutives impliquées
4. Comment ça marche? Hypothèses moléculaires

# Sélectionner des fonds génétiques favorables à la durabilité

## 1. Effet protecteur du fond génétique: constats

# Pathosystème piment et virus Y de la pomme de terre (PVY)

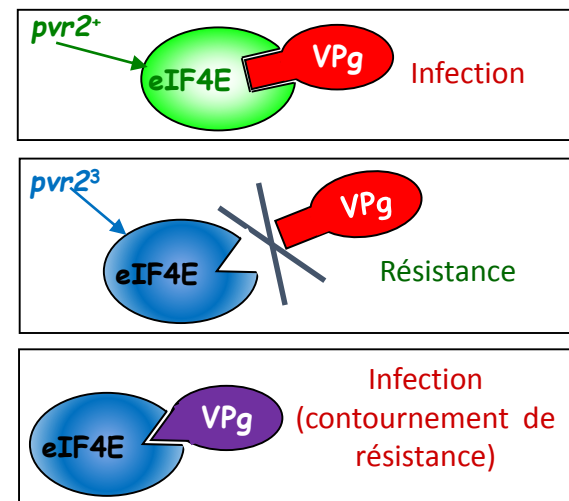
- Piment: allèle ***pvr2<sup>3</sup>*** (code **eIF4E**) contrôle une résistance récessive au PVY
- PVY: des mutations dans la protéine **VPg** responsables du contournement de *pvr2<sup>3</sup>*



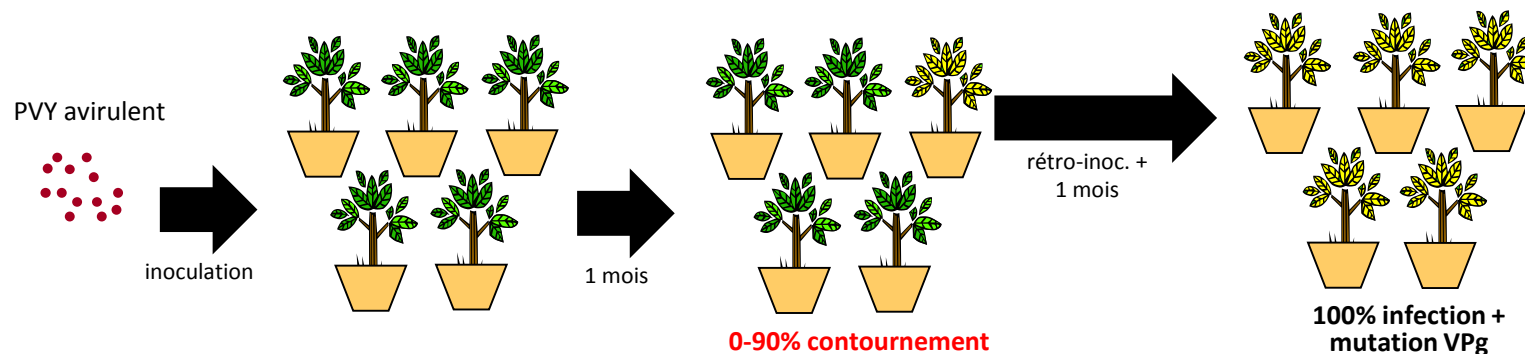
Ayme et al JGV 2006; Charron et al Plant J 2008

# Pathosystème piment et virus Y de la pomme de terre (PVY)

- Piment: allèle ***pvr2<sup>3</sup>*** (code **eIF4E**) contrôle une résistance récessive au PVY
- PVY: des mutations dans la protéine **VPg** responsables du contournement de *pvr2<sup>3</sup>*
- Evolution expérimentale en labo
- Mesure de la durabilité des résistances:
  - lignées haploïdes doublées (HD): *pvr2<sup>3</sup>* + fonds génétiques variés

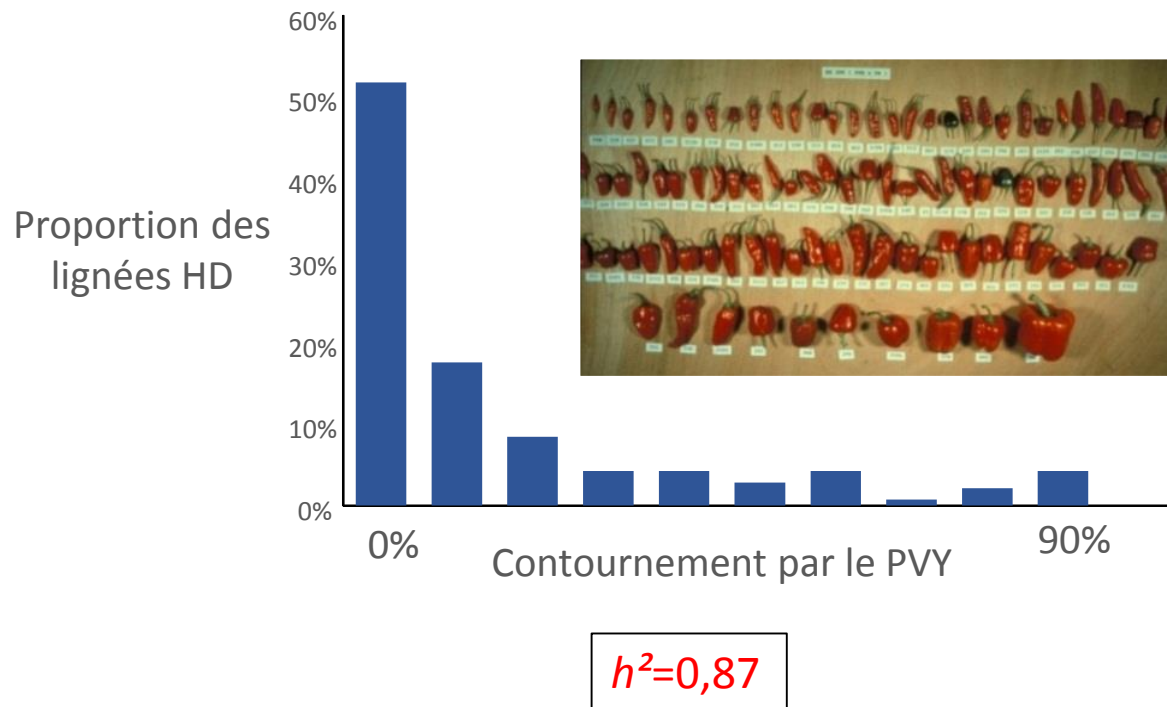


Ayme et al JGV 2006; Charron et al Plant J 2008



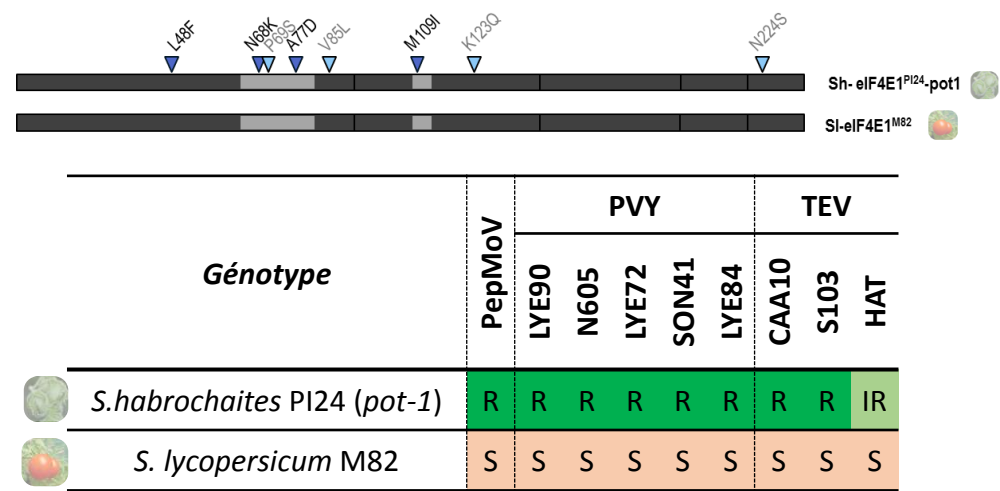
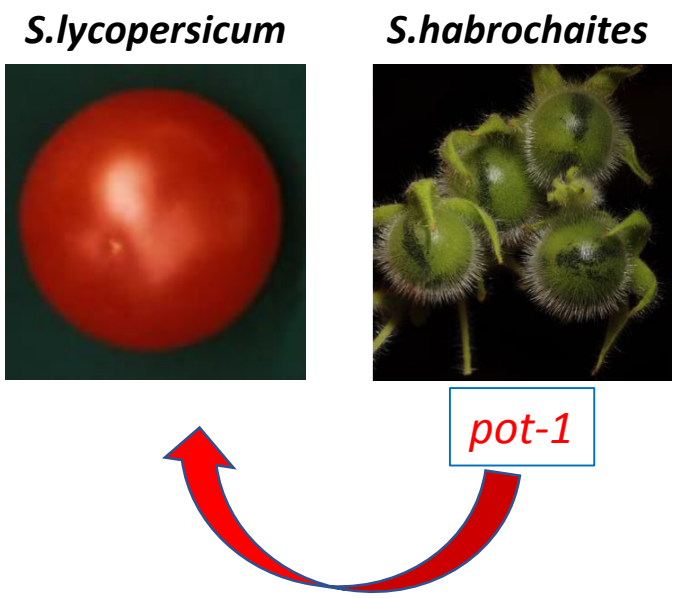
# Pathosystème piment et virus Y de la pomme de terre (PVY)

- 150 lignées HD porteuses de *pvr2*<sup>3</sup> + fonds génétiques variés



- Le caractère “taux de contournement” est très variable et fortement héritable (2 réplicats de 30 plantes)

# Introgression d'une résistance large aux potyvirus dans une lignée élite



## L'introgression de *pot-1* dans un fond « élite » réduit le spectre de résistance aux potyvirus

| Genotype                                                                                                     | PepMoV | PVY   |      |       |       |       | TEV   |      |     |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------|-------|------|-------|-------|-------|-------|------|-----|
|                                                                                                              |        | LYE90 | N605 | LYE72 | SON41 | LYE84 | CAA10 | S103 | HAT |
|  <i>S. habrochaites</i> PI24 | R      | R     | R    | R     | R     | R     | R     | R    | IR  |
|  Mospomorist                 | S      | S     | S    | S     | S     | S     | S     | S    | S   |
| <b>NILs-<i>pot1</i></b><br><b>(Mospomorist-<i>pot1</i>)</b>                                                  | R      | R     | R    | R     | R     | S?    | R     | R    | R   |

| NILs pot1 | n   | Resistant | Susceptible<br>(Overcoming) |
|-----------|-----|-----------|-----------------------------|
| 2.16      | 18  | 50%       | 50%                         |
| 2.17      | 20  | 20%       | 80%                         |
| 3.13      | 19  | 47%       | 53%                         |
| 3.20      | 137 | 13%       | 87%                         |

- La sensibilité au PVY-LYE84 est due à un contournement massif de la résistance *pot-1*

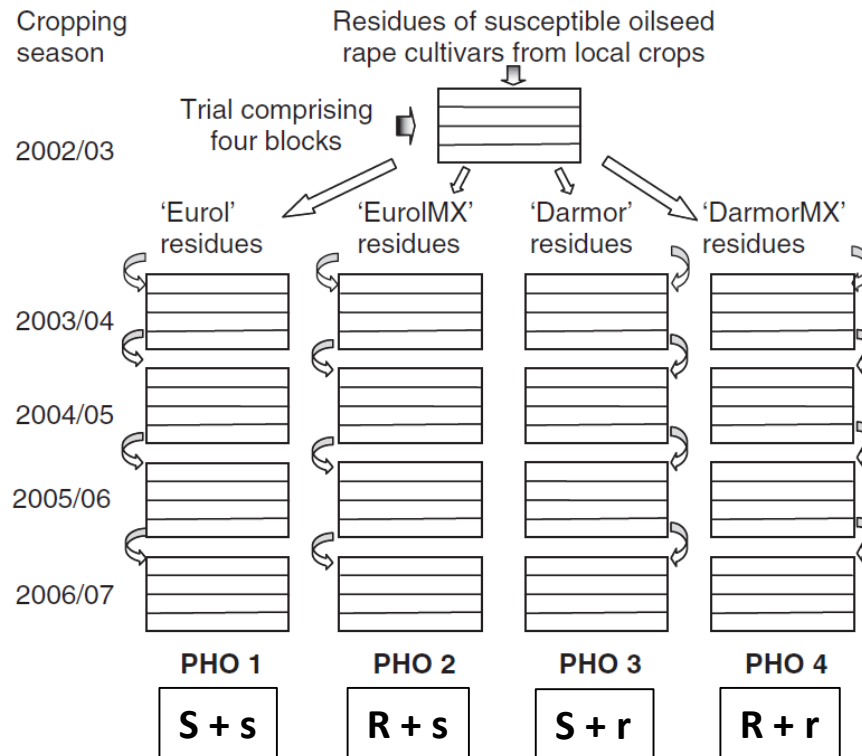
|       | 348                                                                                                                                                                           | 368 |
|-------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
|       | Partie centrale VPg                                                                                                                                                           |     |
| LYE84 | CAAGCCTTGCATAGCAACACG<br>Q..A..L..H..S..N..T..                                                                                                                                |     |
| Mospo | CAAGCCTTGCATAGCAACACG<br>Q..A..L..H..S..N..T..                                                                                                                                |     |
| NIL   | CAAGCCTTGTATAGCAACACG<br>Q..A..L..Y..S..N..T..<br>CAAGCCTTGYRTAGCAACACG<br>Q..A..L..H..S..N..T..<br>Q..A..L..Y..S..N..T..<br>Q..A..L..R..S..N..T..<br>(Q..A..L..C..S..N..T..) |     |

# Pathosystème colza et *Leptosphaeria maculans* (phoma)

## ■ Comparaison de 4 génotypes:

NILs avec et sans gène majeur (*Rlm6*) / avec et sans fond génétique résistant (Darmor)

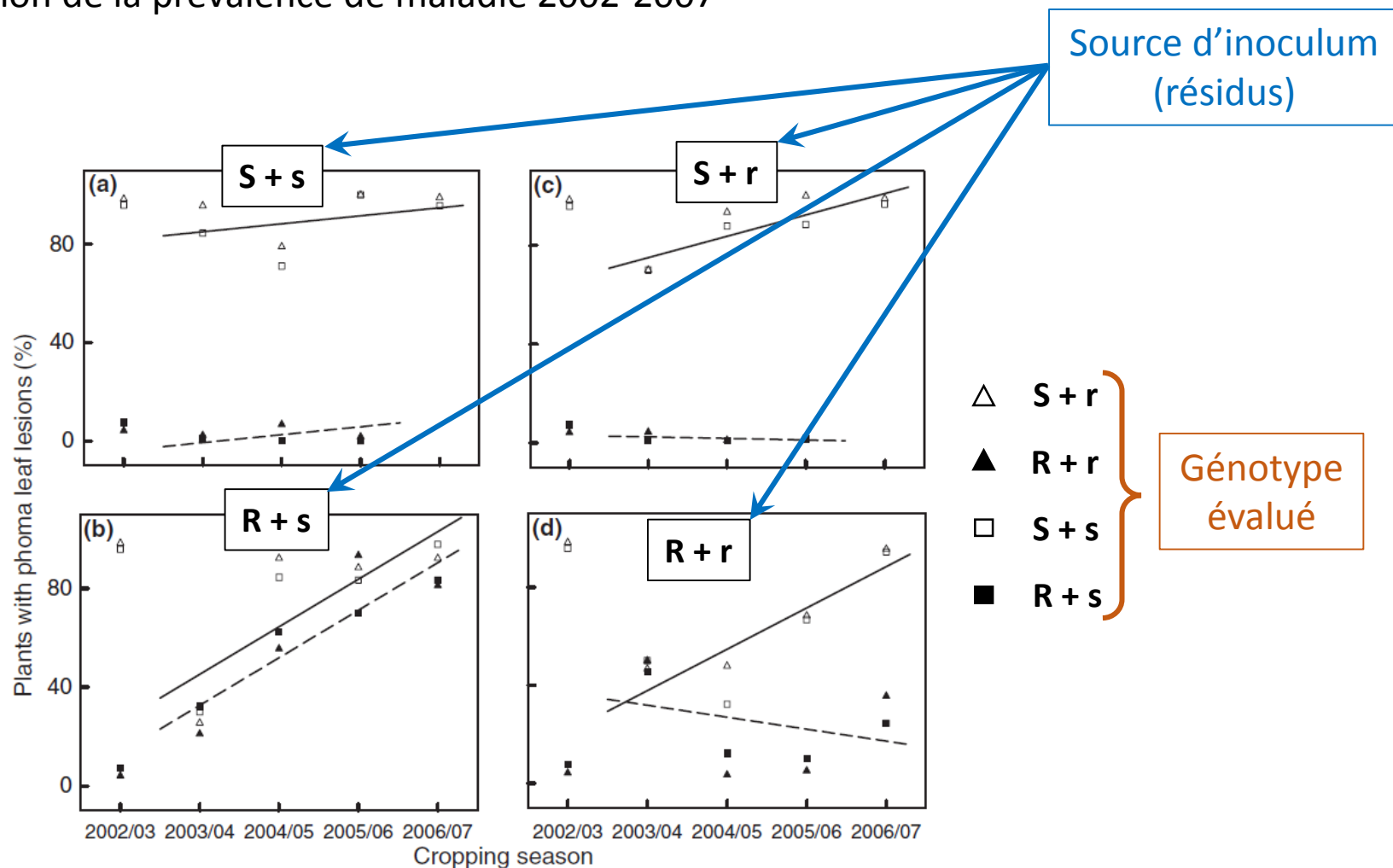
## ■ Evolution expérimentale au champ



## ■ Mesures de prévalence et sévérité de maladie

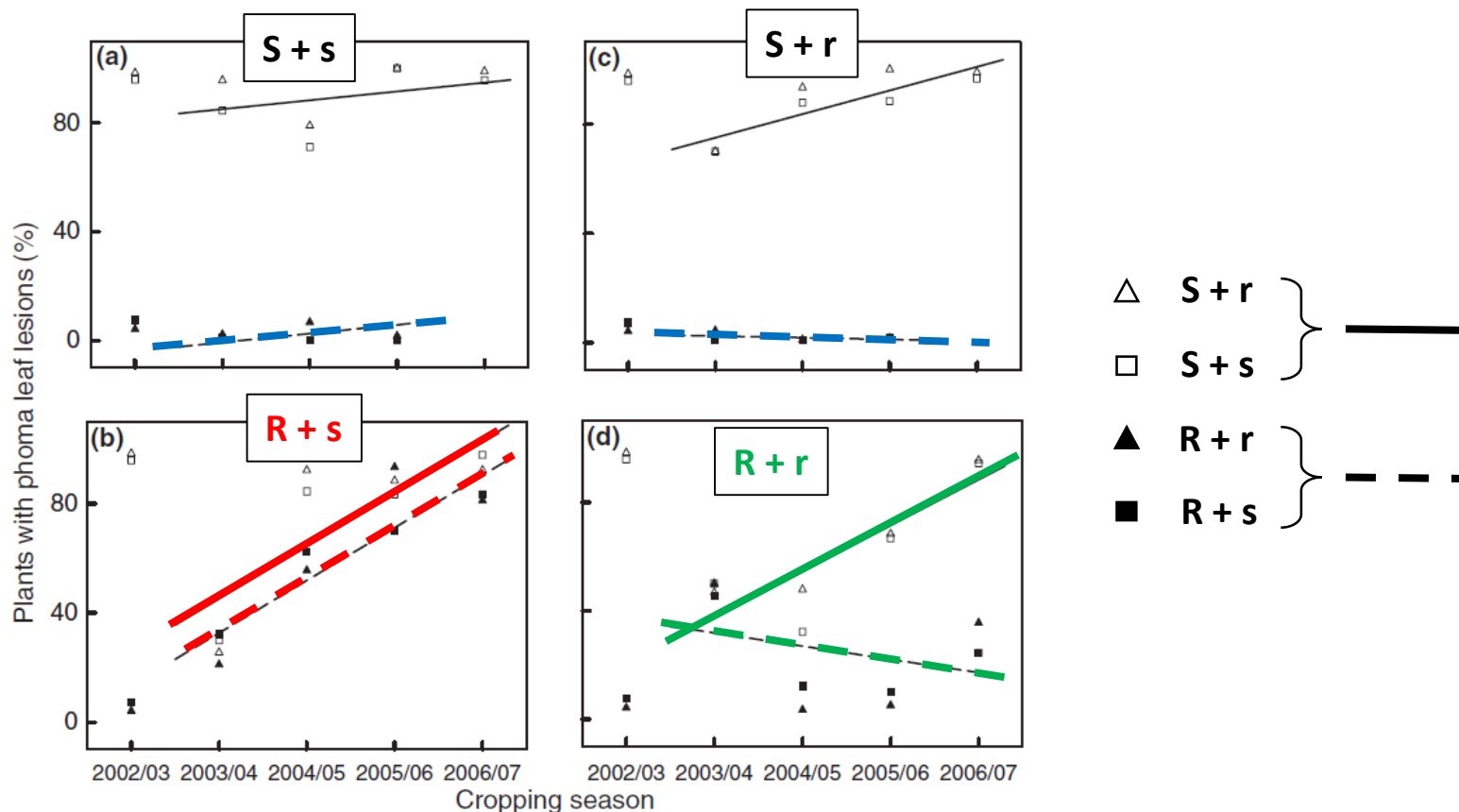
# Pathosystème colza et *Leptosphaeria maculans* (phoma)

## ■ Evolution de la prévalence de maladie 2002-2007



# Pathosystème colza et *Leptosphaeria maculans* (phoma)

## □ Evolution de la prévalence de maladie 2002-2007

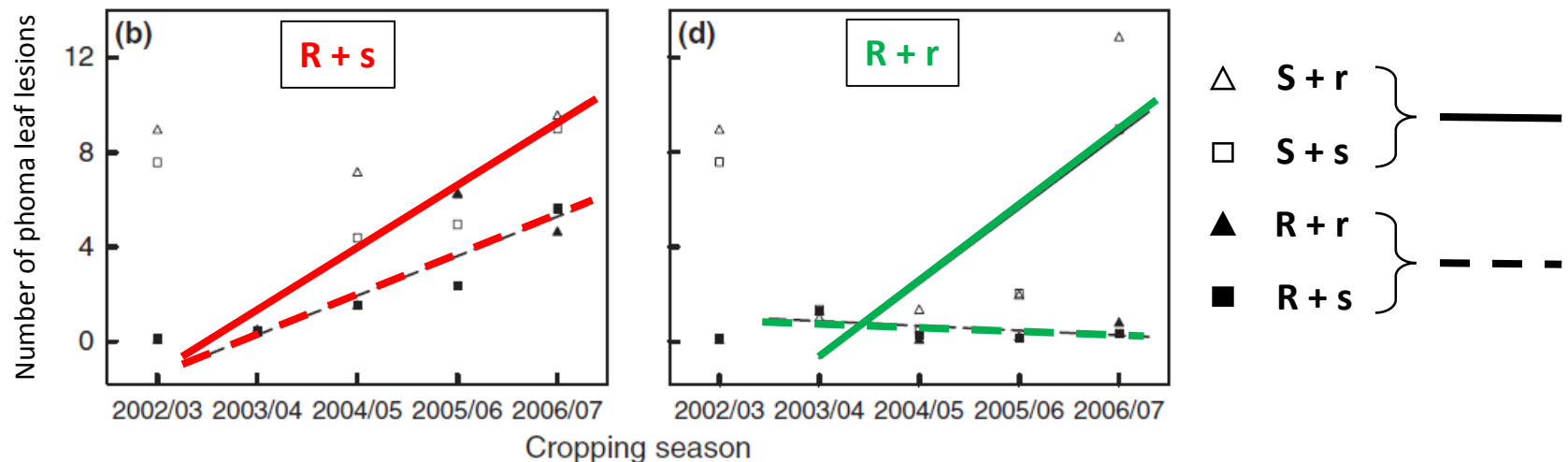


→ Les passages répétés sur la variété “**R + s**” favorisent le contournement

→ Pas d’augmentation de contournement lors des passages répétés sur la variété “**R + r**” ni sur les **variétés dépourvues du gène Rlm6**

# Pathosystème colza et *Leptosphaeria maculans* (phoma)

## □ Evolution de la sévérité de maladie 2002-2007

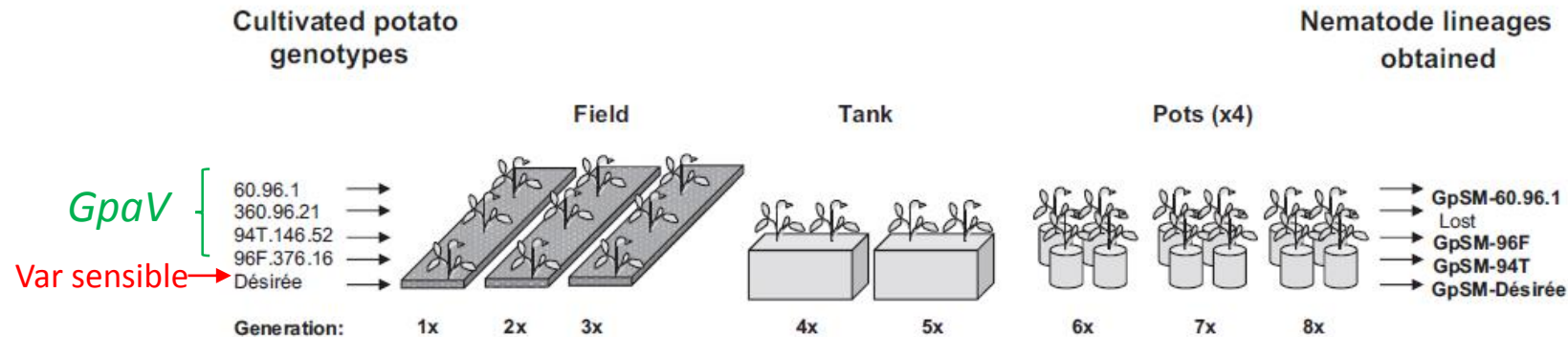


→ Les passages répétés sur la variété “**R + s**” favorisent le contournement

→ Pas d’augmentation de contournement lors des passages répétés sur la variété “**R + r**” (ni sur les **variétés dépourvues du gène *Rlm6***)

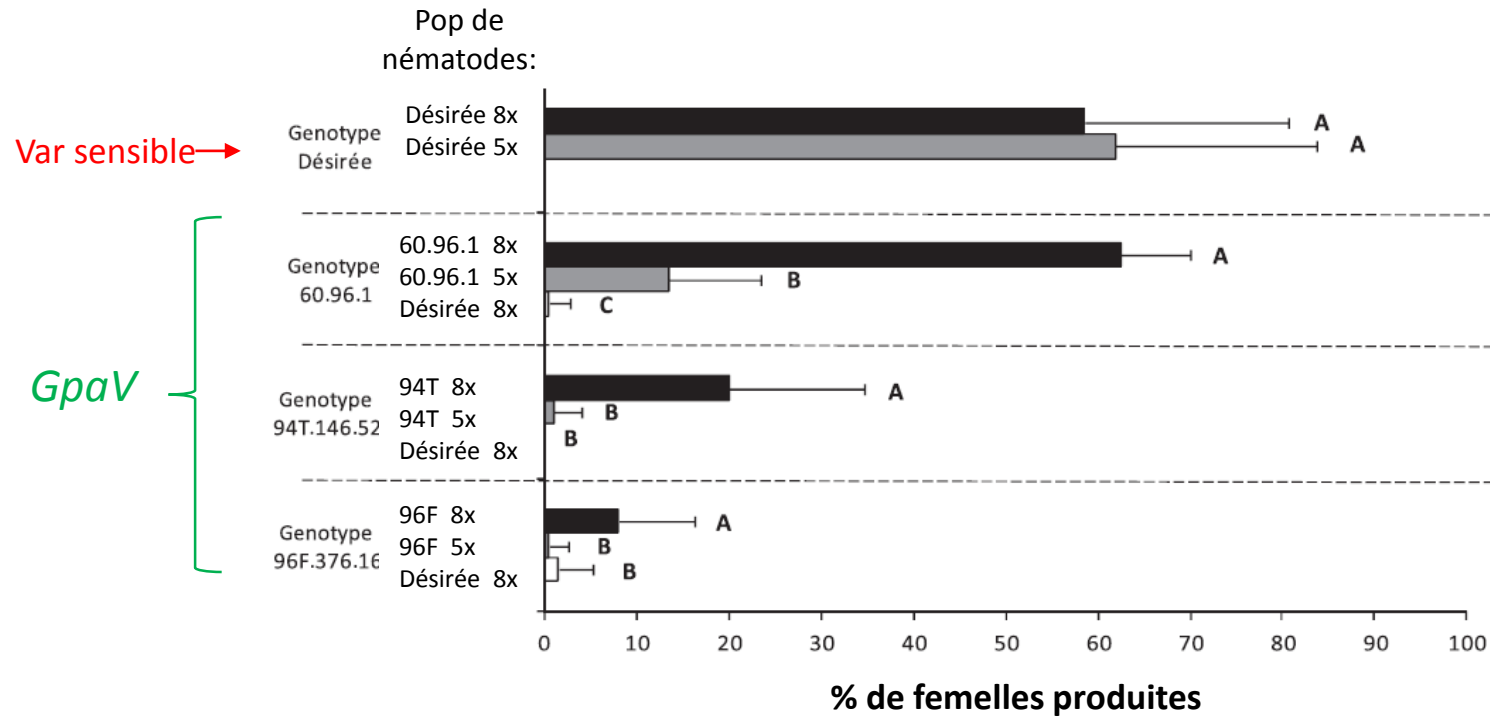
# Pathosystème pomme de terre et *Globodera pallida* (nématode)

- Comparaison de 4 génotypes avec QTL majeur ( $GpaV_{vrn}$ ) et fond génétique variable
- Evolution expérimentale au champ/en serre à partir d'un inoculum naturel de nématodes



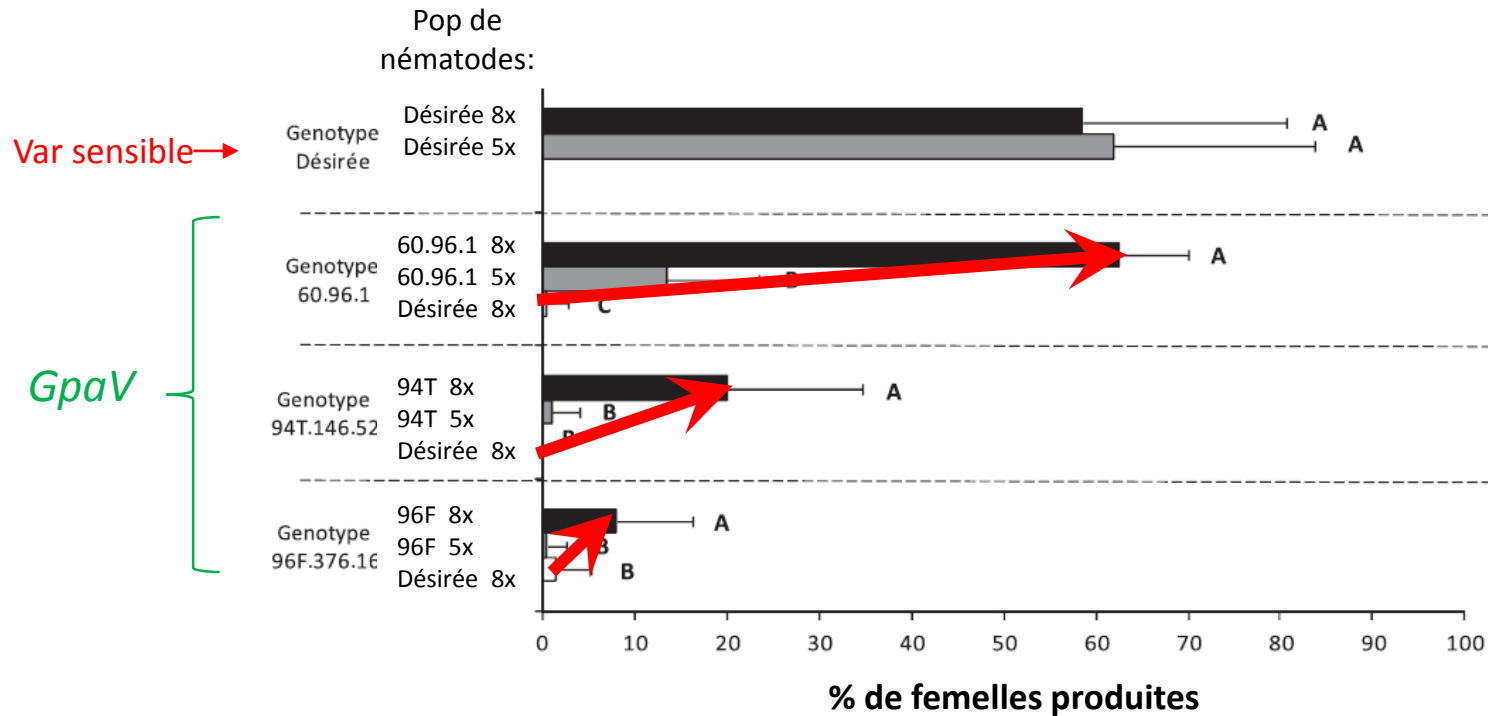
# Pathosystème pomme de terre et *Globodera pallida* (nématode)

## ■ Evolution du contournement de la résistance (% de femelles produites)



# Pathosystème pomme de terre et *Globodera pallida* (nématode)

## ■ Evolution du contournement de la résistance (% de femelles produites)

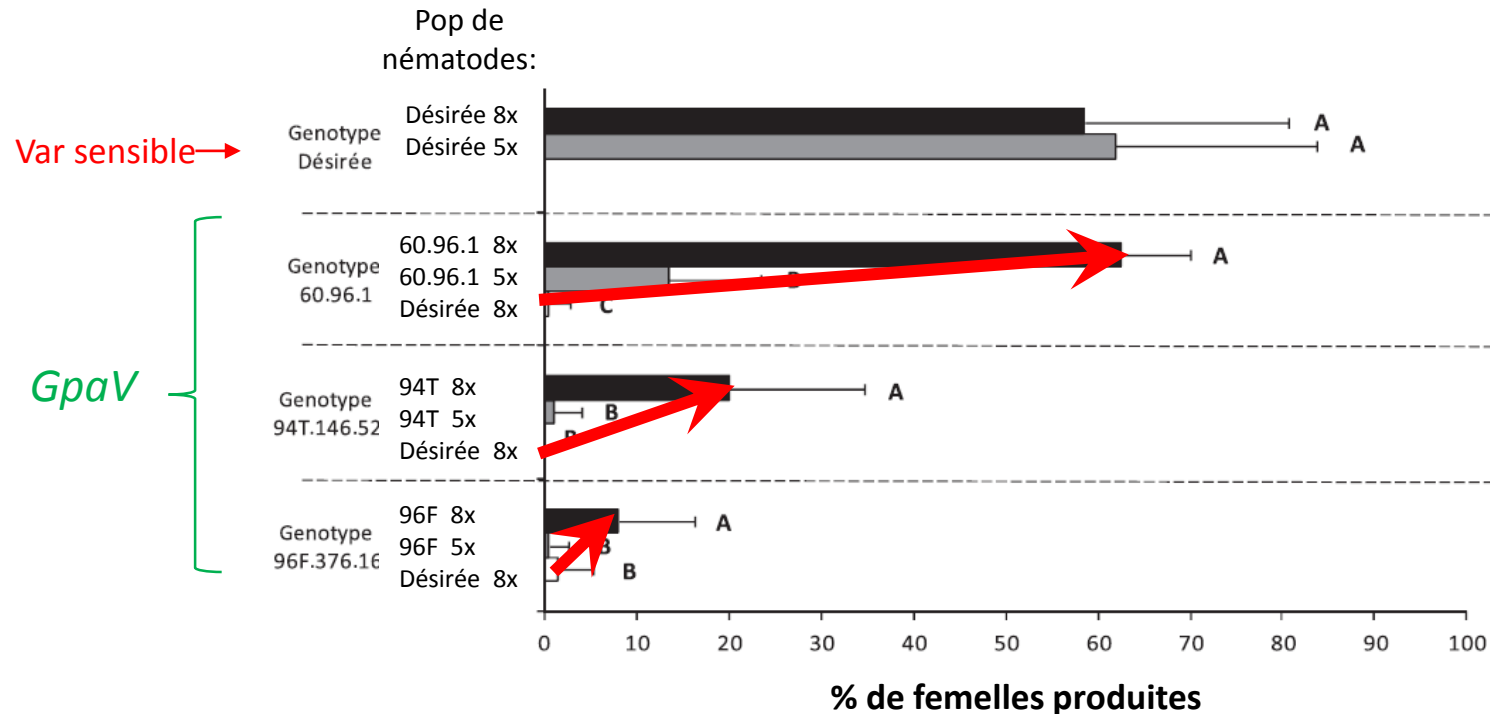


→ Les passages répétés sur les variétés *GpaV* favorisent le contournement (ou l'érosion) de la résistance

→ Cette érosion est plus ou moins rapide et totale selon les génotypes

# Pathosystème pomme de terre et *Globodera pallida* (nématode)

## ■ Evolution du contournement de la résistance (% de femelles produites)



→ Les passages répétés sur les variétés *GpaV* favorisent le contournement (ou l'érosion) de la résistance

→ Cette érosion est plus ou moins rapide et totale selon les génotypes

→ Résultats similaires chez le pathosystème piment (gène *Me1*) et *Meloidogyne* spp. (Djian-Caporalino *et al* BMC Plant Biol 2014)

# Sélectionner des fonds génétiques favorables à la durabilité

1. Effet protecteur du fond génétique: constats
2. Cet effet protecteur est-il polyvalent?

# Pathosystème riz et *Rice yellow mottle virus* (RYMV)

- ❑ Comparaison de gènes majeurs dans des fonds génétiques *Oryza glaberrima* et *O. sativa*
- ❑ Evolution expérimentale en labo
- ❑ Effet du fond génétique *O. glaberrima* vis-à-vis de 3 gènes majeurs:
  - *rymv1* (eIF(iso)4G ↔ VPg du RYMV)
  - *RYMV2* (orthologue du gène CPR5 d'Arabidopsis; nucléoporine transmb. impliquée dans ETI ↔ P2a du RYMV)
  - *RYMV3* (CC-NB-LRR ↔ CP du RYMV)
- ❑ Comparaison de la capacité à contourner les résistances entre RYMV adaptés ou non au fond génétique *O. glaberrima* (variants 49T ou 49E de VPg, respectivement)

# Pathosystème riz et *Rice yellow mottle virus* (RYMV)

- Contournement du gène *rymv1* par le RYMV

| virus | <i>O. sativa indica</i> |                | <i>O. glaberrima</i> |                |
|-------|-------------------------|----------------|----------------------|----------------|
|       | <i>rymv1-1</i> (S)      | <i>rymv1-2</i> | <i>rymv1-1</i> (S)   | <i>rymv1-3</i> |
| 49T   | 100% inf.               | 5%             | 100%                 | 96%            |
| 49E   | 100%                    | 40%            | 100%                 | 0%             |

Mutations de virulence:  
48E, 48G, 48I, 52Y

Mutation de virulence: 52Y

# Pathosystème riz et *Rice yellow mottle virus* (RYMV)

- Contournement du gène *rymv1* par le RYMV

| virus | <i>O. sativa indica</i> |                | <i>O. glaberrima</i> |                |
|-------|-------------------------|----------------|----------------------|----------------|
|       | <i>rymv1-1</i> (S)      | <i>rymv1-2</i> | <i>rymv1-1</i> (S)   | <i>rymv1-3</i> |
| 49T   | 100% inf.               | 5%             | 100%                 | 96%            |
| 49E   | 100%                    | 40%            | 100%                 | 0%             |

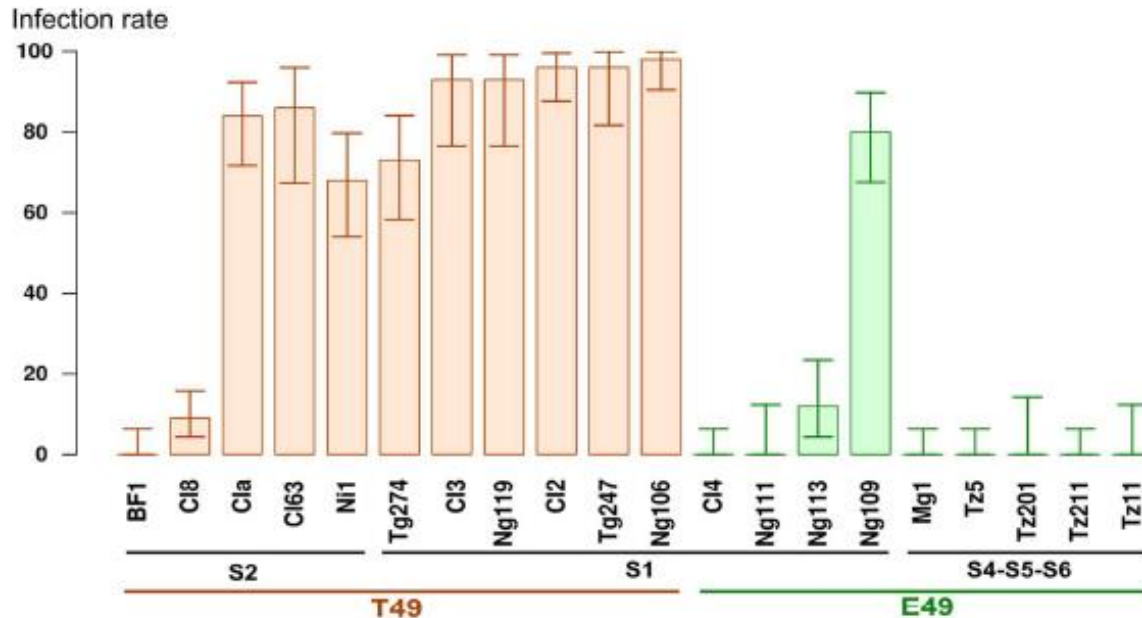
Mutations de virulence:  
48E, 48G, 48I, 52Y

Mutation de virulence: 52Y

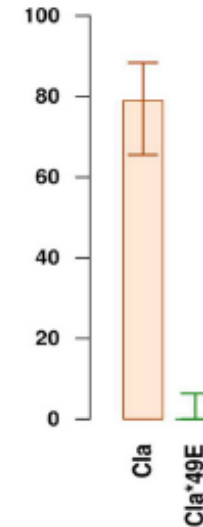
→ L'adaptation au fond génétique “glaberrima” (mutation 49) conditionne le contournement de l'allèle de résistance *rymv1* présent chez *O. glaberrima* ou *O. sativa*

# Pathosystème riz et *Rice yellow mottle virus* (RYMV)

- Contournement du gène *RYMV2* (allèle nul / CPR5) d'*O. glaberrima* par le RYMV



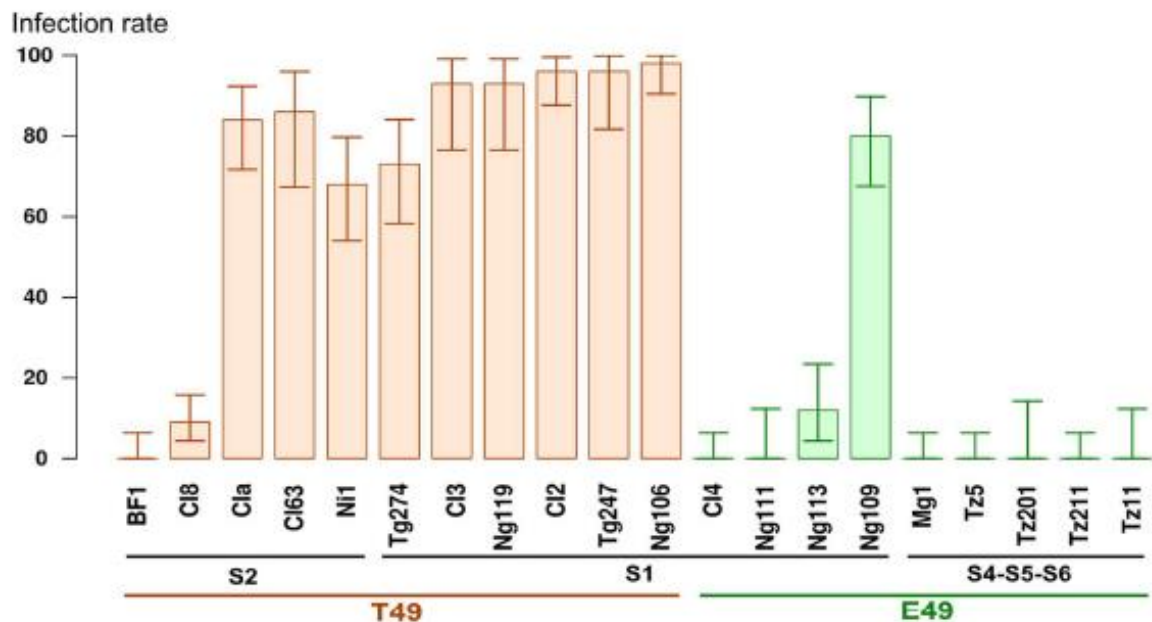
Isolats naturels



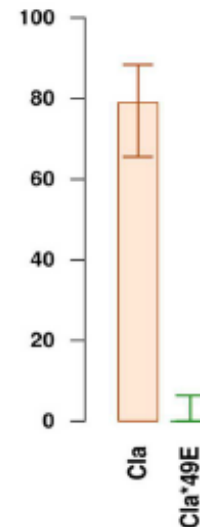
Clones infectieux

# Pathosystème riz et *Rice yellow mottle virus* (RYMV)

- Contournement du gène *RYMV2* (allèle nul / CPR5) d'*O. glaberrima* par le RYMV



Isolats naturels



Clones infectieux

→ De même que précédemment, la mutation 49 conditionne le contournement de *RYMV2* présent chez *O. glaberrima*

→ C'est le cas également du gène *RYMV3* d'*O. glaberrima*

# Sélectionner des fonds génétiques favorables à la durabilité

1. Effet protecteur du fond génétique: constats
2. Cet effet protecteur est-il polyvalent?
- 3. Comment ça marche? Forces évolutives impliquées**

# Mécanismes responsables de la durabilité de la résistance polygénique

- Le fond génétique des plantes agit sur des mécanismes affectant l'évolution des populations virales, particulièrement:

## 1) MUTATION

Estimation indirecte: multiplication virale **VA**

# Mécanismes responsables de la durabilité de la résistance polygénique

- Le fond génétique des plantes agit sur des mécanismes affectant l'évolution des populations virales, particulièrement:

## 1) MUTATION

Estimation indirecte: multiplication virale **VA**

## 2) SELECTION

Rapidité d'augmentation de fréquence des variants les plus adaptés: coef. de sélection **S**

# Mécanismes responsables de la durabilité de la résistance polygénique

- Le fond génétique des plantes agit sur des mécanismes affectant l'évolution des populations virales, particulièrement:

## 1) MUTATION

Estimation indirecte: multiplication virale **VA**

## 2) SELECTION

Rapidité d'augmentation de fréquence des variants les plus adaptés: coef. de sélection **S**

## 3) DERIVE GENETIQUE

Fluctuations aléatoires des fréquences des variants au cours des générations. La force de la dérive est inversement proportionnelle à la taille efficace de la pop. **Ne**

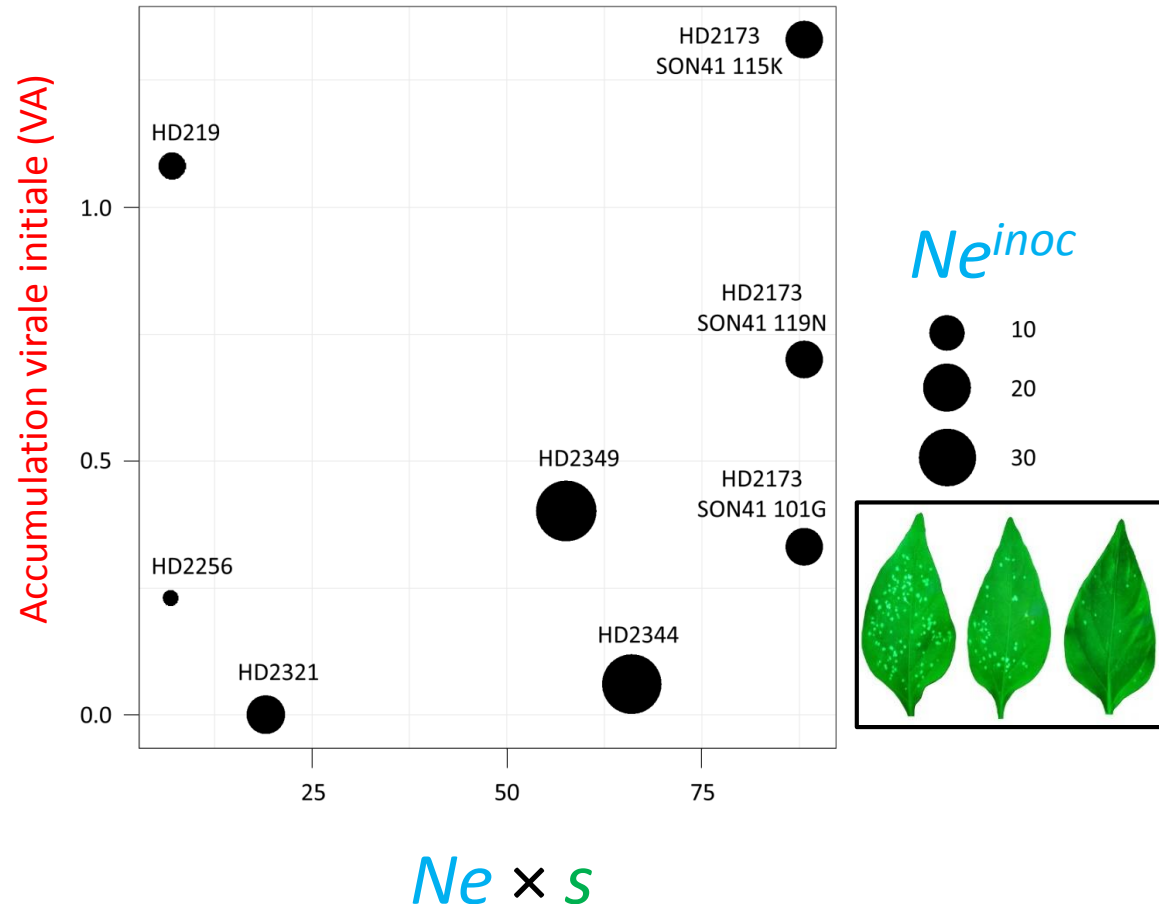
# Mécanismes responsables de la durabilité de la résistance polygénique

- Le fond génétique des plantes agit sur des mécanismes affectant l'évolution des populations virales, particulièrement:

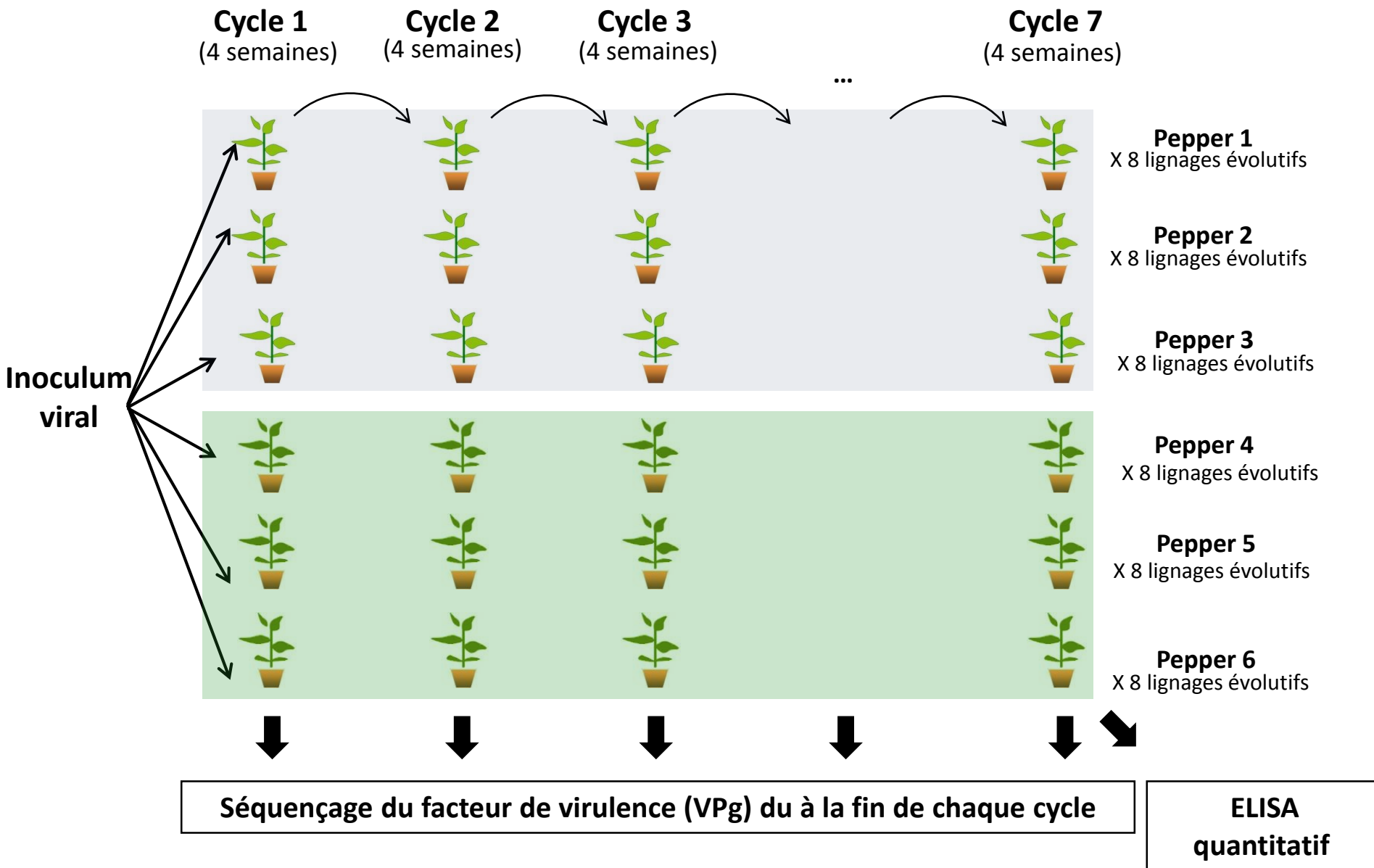
1) MUTATION

2) SELECTION

3) DERIVE  
GENETIQUE

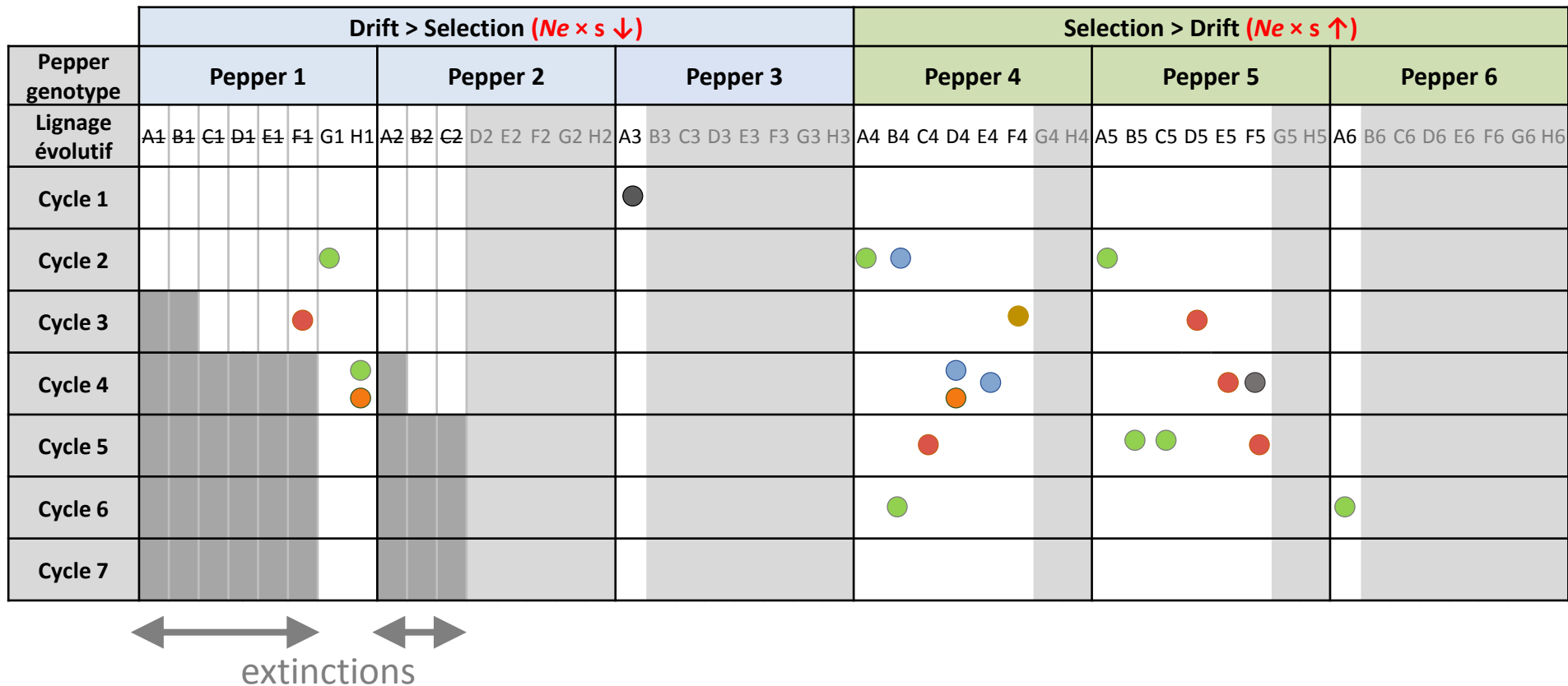


# Evolution expérimentale PVY - piment





# Evolution expérimentale PVY - piment



- Sous régime de dérive génétique (Pepper 1, 2 et 3), 17% des lignages ont fixé des mutations non synonymes et 38% se sont éteint
- Sous régime de sélection (Pepper 4, 5 et 6), 54% des lignages ont fixé des mutations et aucune extinction ne s'est produite

# Evolution expérimentale PVY - piment

| Pepper genotype | Pepper 1 |    |    |    |    |    |    |    | Pepper 2 |    |    |    |    |    |    |    | Pepper 3 |    |    |    |    |    |    |    | Pepper 4 |    |    |    |    |    |    |    | Pepper 5 |    |    |    |    |    |    |    | Pepper 6 |    |    |    |    |    |    |    |  |  |  |
|-----------------|----------|----|----|----|----|----|----|----|----------|----|----|----|----|----|----|----|----------|----|----|----|----|----|----|----|----------|----|----|----|----|----|----|----|----------|----|----|----|----|----|----|----|----------|----|----|----|----|----|----|----|--|--|--|
| Lignée évolutif | A1       | B1 | C1 | D1 | E1 | F1 | G1 | H1 | A2       | B2 | C2 | D2 | E2 | F2 | G2 | H2 | A3       | B3 | C3 | D3 | E3 | F3 | G3 | H3 | A4       | B4 | C4 | D4 | E4 | F4 | G4 | H4 | A5       | B5 | C5 | D5 | E5 | F5 | G5 | H5 | A6       | B6 | C6 | D6 | E6 | F6 | G6 | H6 |  |  |  |
| Cycle 1         |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    | ●        |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |  |  |  |
| Cycle 2         |          |    |    |    |    |    | ●  |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    | ●        | ●  |    |    |    |    |    |    |          |    | ●  |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |  |  |  |
| Cycle 3         |          |    |    |    |    | ●  |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    | ●  |    |    |    |    |          |    |    | ●  |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |  |  |  |
| Cycle 4         |          |    |    |    |    |    | ●  |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          | ●  | ●  |    |    |    |    |    |          |    |    |    | ●  | ●  |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |  |  |  |
| Cycle 5         |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          | ●  |    |    |    |    |    |    |          |    | ●  | ●  |    | ●  |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |  |  |  |
| Cycle 6         |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    | ●        |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    | ●  |    |    |    |    |  |  |  |
| Cycle 7         |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |          |    |    |    |    |    |    |    |  |  |  |

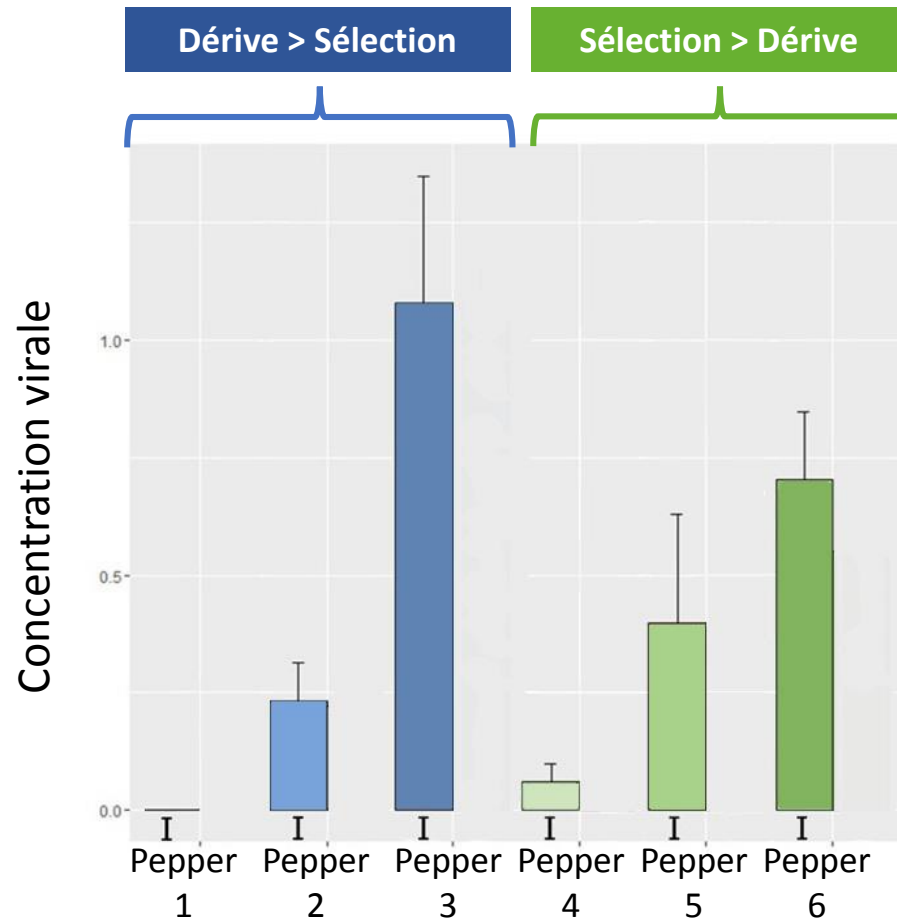
←→  
extinctions

● 115M ● 139V  
● 115K ● 109V  
● 102K ● 55R  
● 101G

- Au total, **7 mutations différentes** se sont fixées
- 3 d'entre elles (115M, 115K, 101G) ont été démontrées comme adaptatives vis-à-vis du gène *pvr2*<sup>3</sup>

# Evolution expérimentale PVY - piment

- **ELISA quantitatif** : concentration moyenne des 8 lignages viraux pour chaque génotype de piment

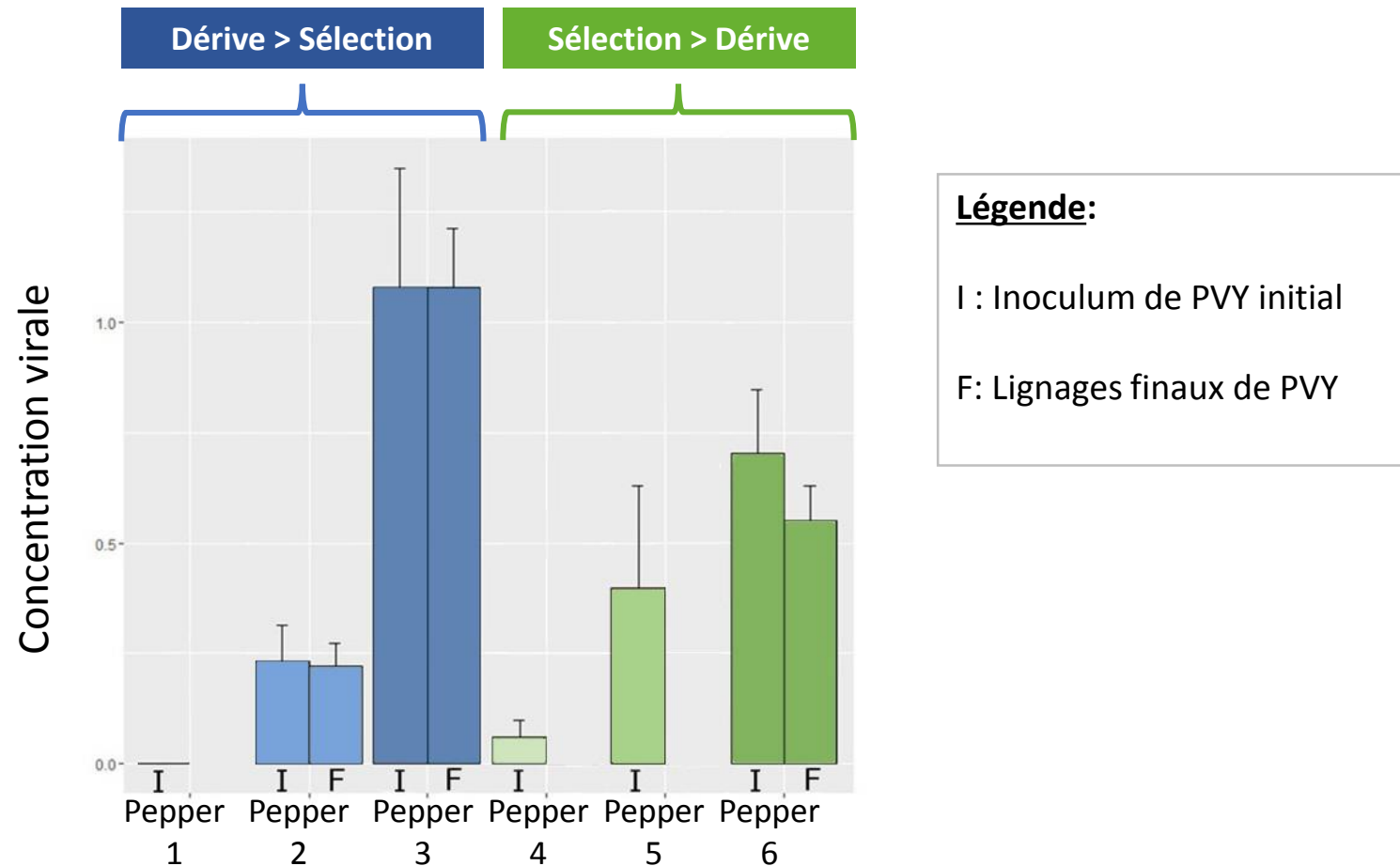


## Légende:

I : Inoculum de PVY initial

# Evolution expérimentale PVY - piment

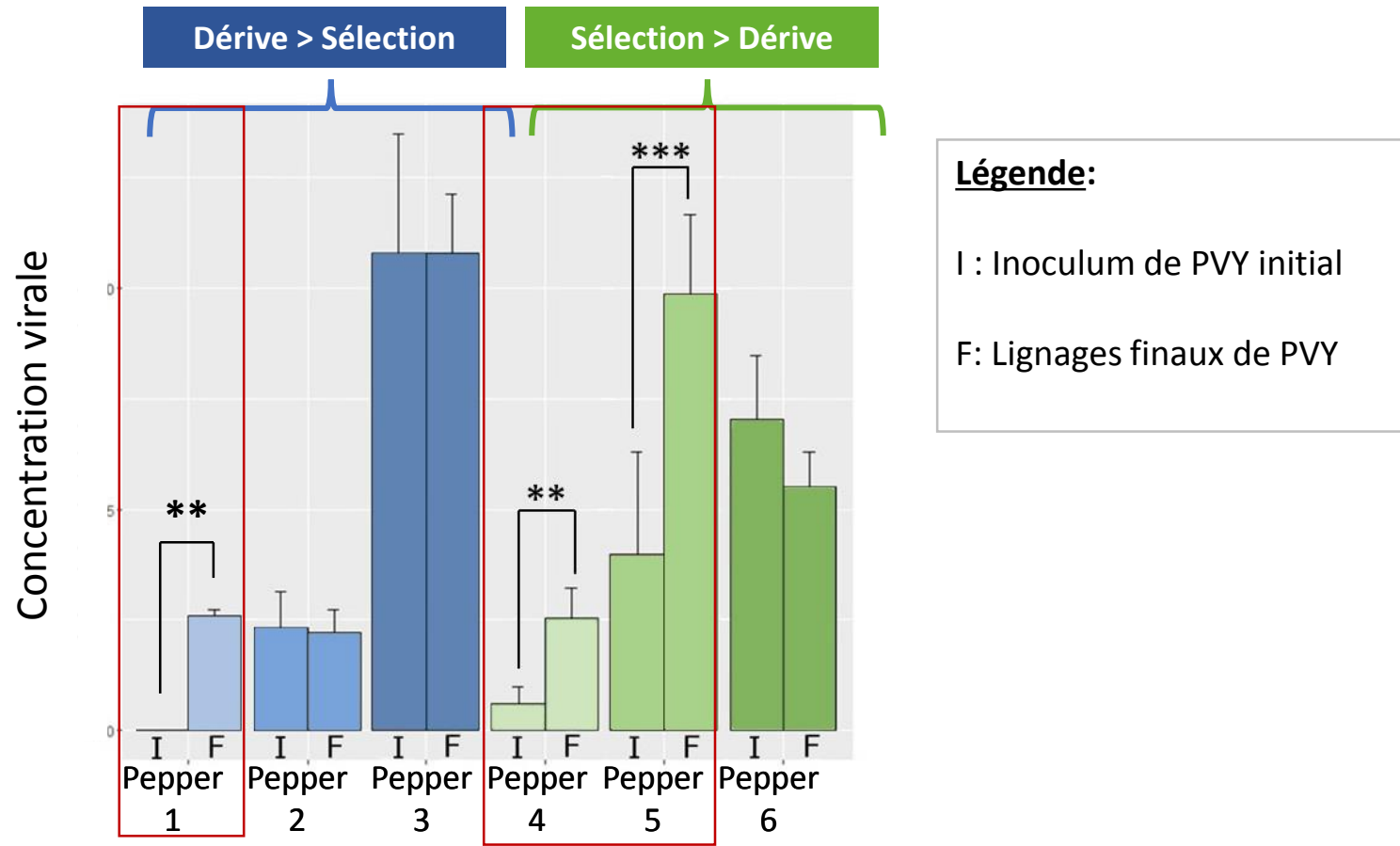
- **ELISA quantitatif** : concentration moyenne des 8 lignages viraux pour chaque génotype de piment



- Pas de changement de concentration virale moyenne chez les lignages évolués dans les génotypes Pepper 2, 3 et 6

# Evolution expérimentale PVY - piment

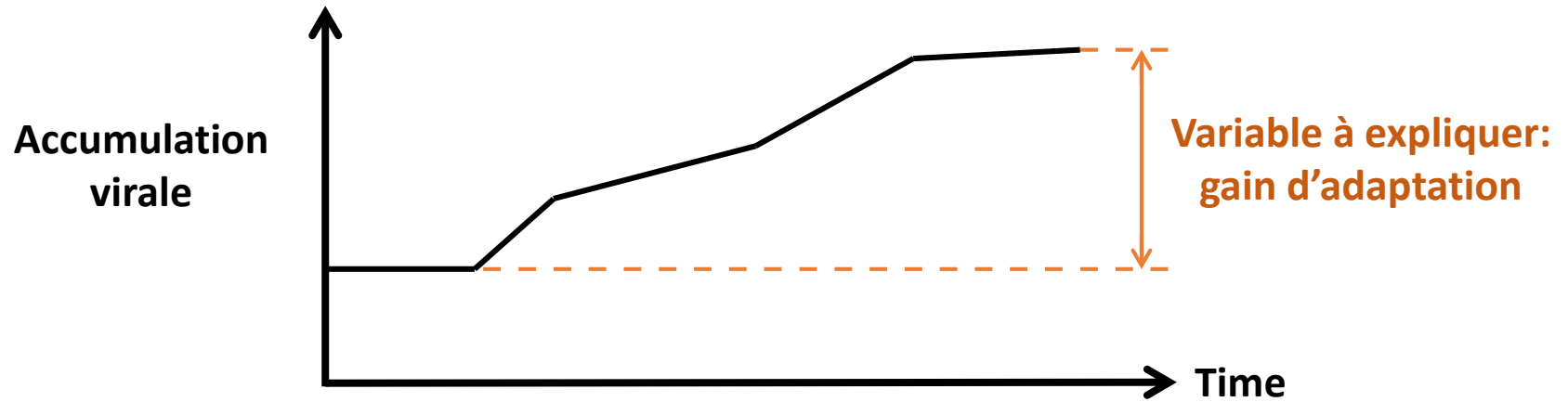
- **ELISA quantitatif** : concentration moyenne des 8 lignages viraux pour chaque génotype de piment



- La concentration des lignages de PVY a augmenté significativement après 7 cycles évolutifs dans les génotypes Pepper 1, 4 et 5

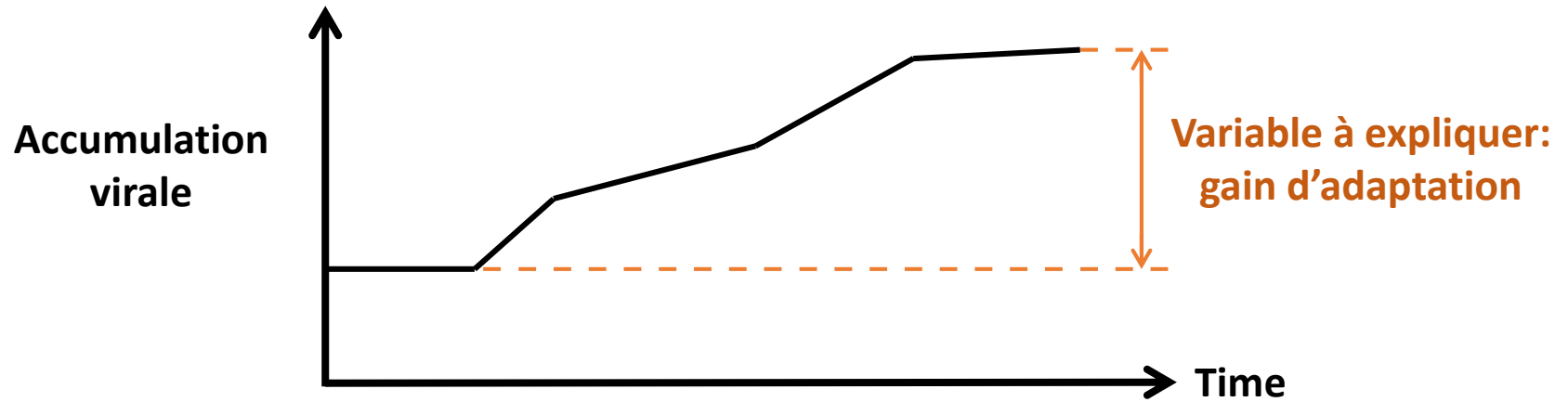
# Evolution expérimentale PVY - piment

- Analyse rétrospective des forces évolutives expliquant les trajectoires évolutives observées



# Evolution expérimentale PVY - piment

- Analyse rétrospective des forces évolutives expliquant les trajectoires évolutives observées



- Analyse GLM

| Variables Explicatives | Test | p-value            |
|------------------------|------|--------------------|
| $Ne \times s$          | 3.3  | < 0.01**           |
| $Ne^{inoc}$            | 2.2  | < 0.05*            |
| VA                     | 1.4  | 0.18 <sup>ns</sup> |
| $Ne \times s * VA$     | -2.8 | < 0.01**           |

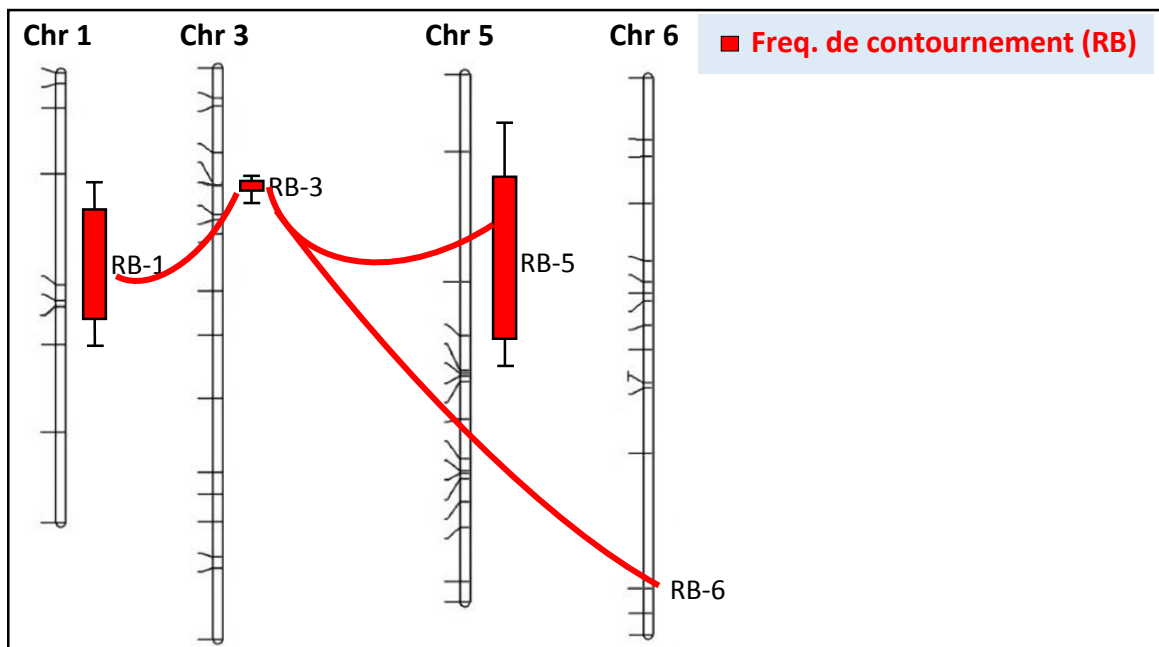
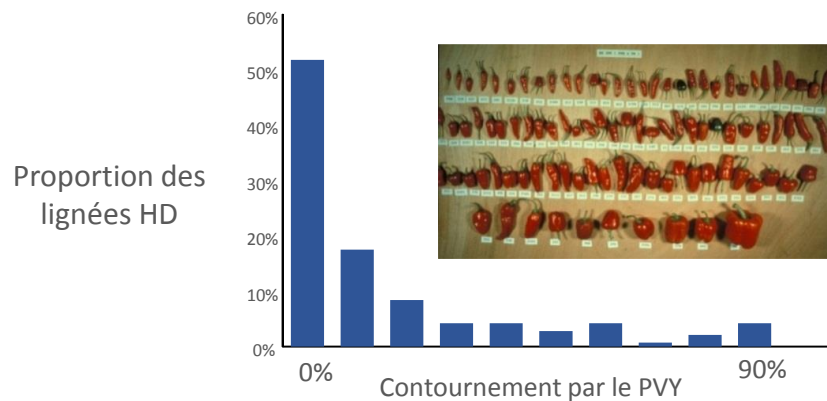
- Mutation (**VA**) et dérive ( $Ne^{inoc}$ ) semblent contribuer à la durabilité de la résistance
- $Ne$  et/ou  $s$  contribuent également à la durabilité

# Sélectionner des fonds génétiques favorables à la durabilité

1. Effet protecteur du fond génétique: constats
2. Cet effet protecteur est-il polyvalent?
3. Comment ça marche? Forces évolutives impliquées
- 4. Comment ça marche? Hypothèses moléculaires**

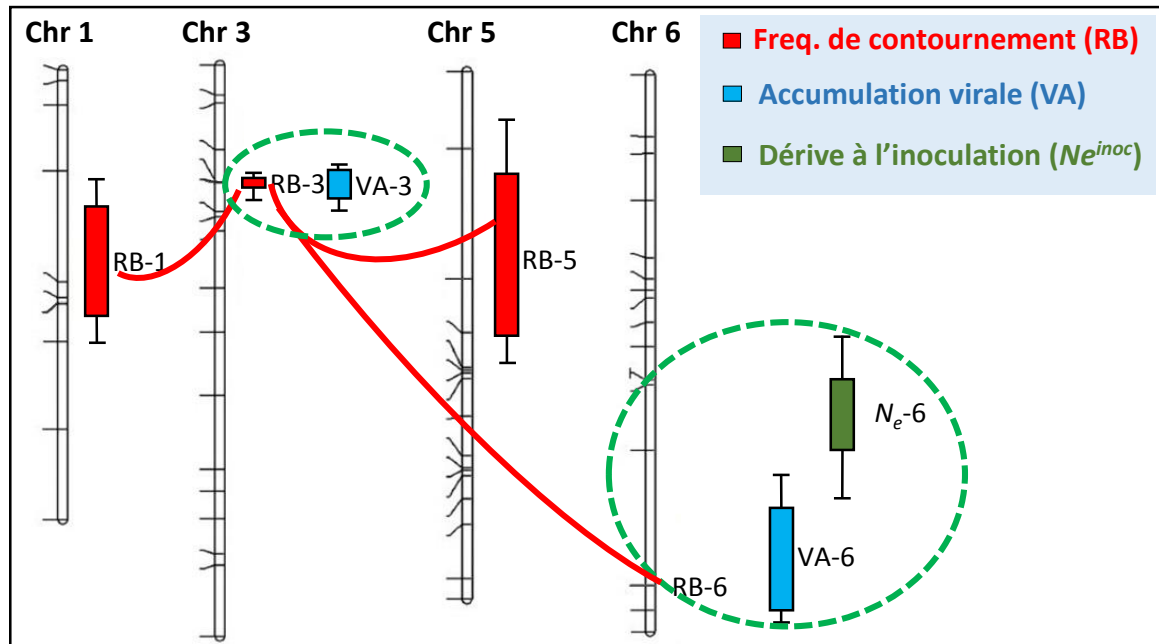
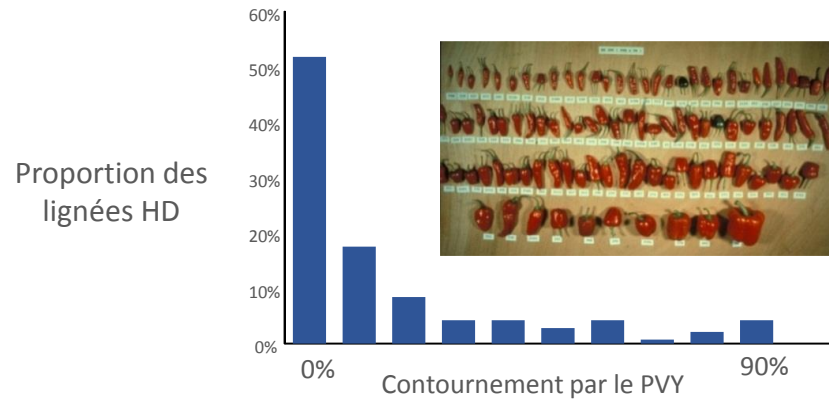
# QTL de "durabilité" PVY - piment

- 150 lignées HD porteuses de *pvr2*<sup>3</sup> + fond génétique varié



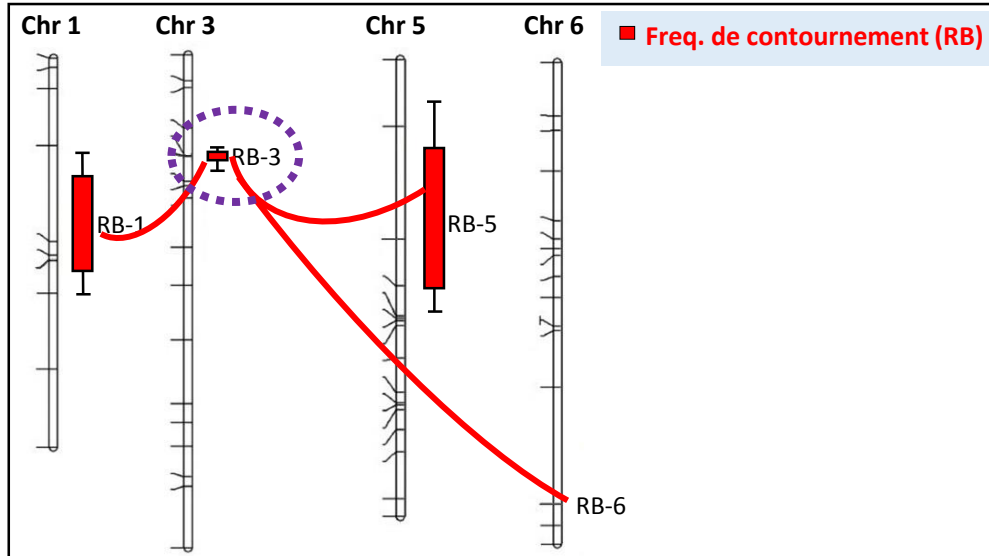
# QTL de "durabilité" PVY - piment

- 150 lignées HD porteuses de *pvr2*<sup>3</sup> + fonds génétiques variés



# QTL de "durabilité" PVY - piment

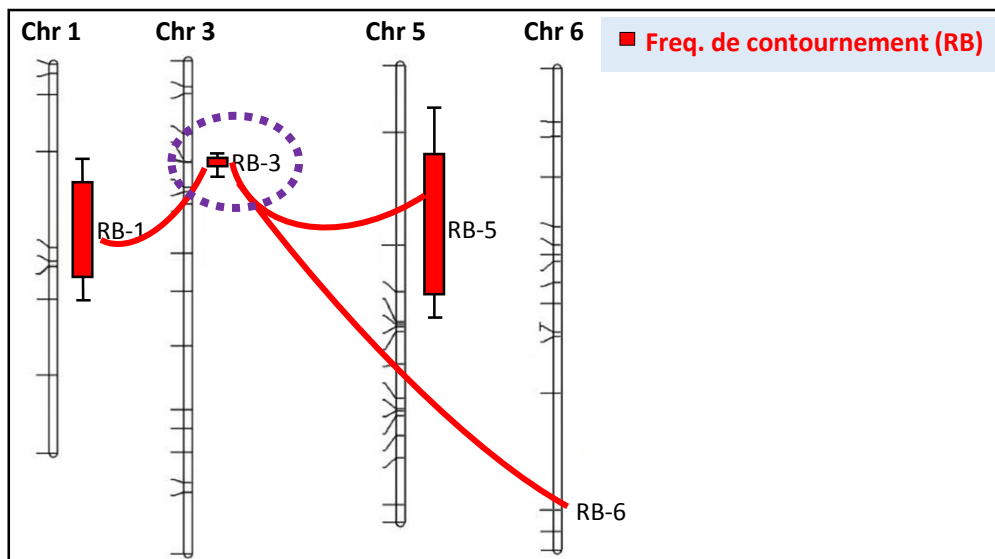
- 150 lignées HD porteuses de *pvr2*<sup>3</sup> + fonds génétiques variés



- RB-3: QTL à effet majeur ( $R^2=0,40$ )
  - Provient du parent sensible!
  - Se localise avec le gène *pvr6* (eIFiso4E)
  - L'allèle favorable à la durabilité / PVY a un effet défavorable pour le spectre d'action (PepVMV, ChiVMV)!!
  - L'allèle défavorable à la durabilité est un allèle nul!!!

# QTL de "durabilité" PVY - piment

- 150 lignées HD porteuses de *pvr2*<sup>3</sup> + fonds génétiques variés



- RB-3: QTL à effet majeur ( $R^2=0,40$ )
  - Provient du parent sensible!
  - Se localise avec le gène *pvr6* (eIFiso4E)
  - L'allèle favorable à la durabilité / PVY a un effet défavorable pour le spectre d'action (PepVMV, ChiVMV)!!
  - L'allèle défavorable à la durabilité est un allèle nul!!!
- Si *pvr6*-eIFiso4E est le gène sous-jacent au QTL RB-3, il pourrait agir en dérégulant l'expression des autres isoformes de la famille eIF4E

# Conclusion

- L'effet du fond génétique sur la durabilité de gènes/QTL à effet majeur semble général (virus, champignons, nématodes)

# Conclusion

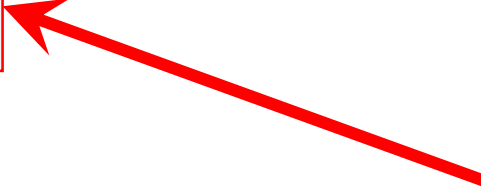
- ❑ L'effet du fond génétique sur la durabilité de gènes/QTL à effet majeur semble général (virus, champignons, nématodes)
- ❑ Cet effet pourrait être dû à un renforcement d'efficacité de résistance (*cf.* combinaison de résistance avec d'autres méthodes de lutte)

# Conclusion

- ❑ L'effet du fond génétique sur la durabilité de gènes/QTL à effet majeur semble général (virus, champignons, nématodes)
- ❑ Cet effet pourrait être dû à un renforcement d'efficacité de résistance (*cf.* combinaison de résistance avec d'autres méthodes de lutte)

**1) MUTATION**

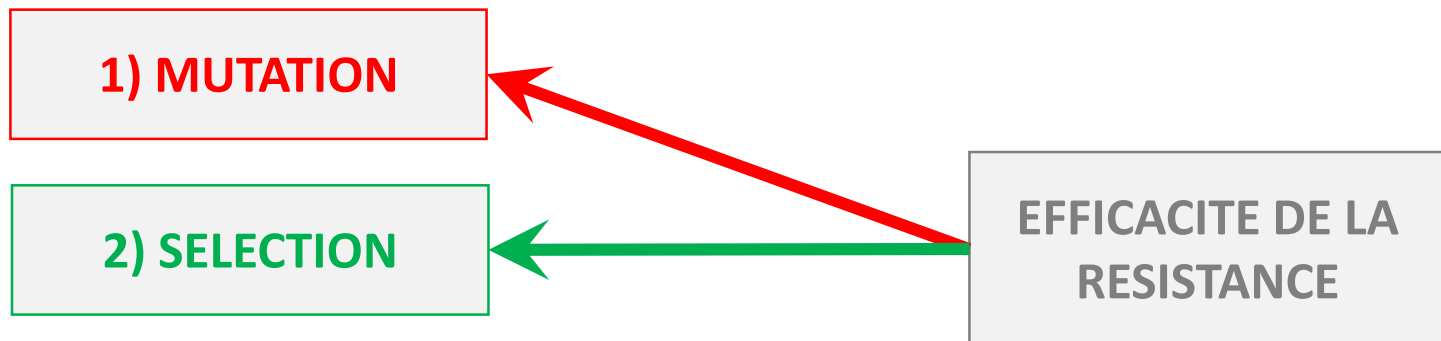
EFFICACITE DE LA  
RESISTANCE



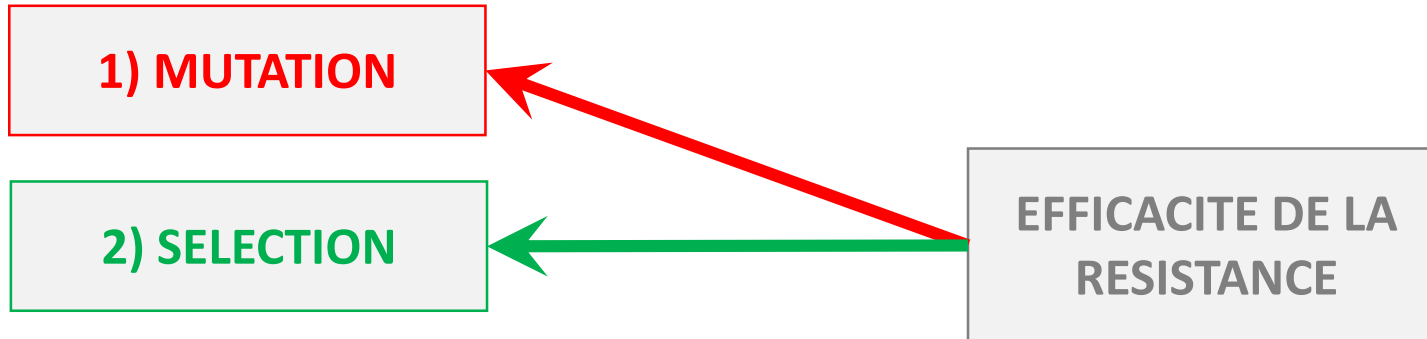
```
graph LR; A[EFFICACITE DE LA RESISTANCE] -- red arrow --> B[1) MUTATION]
```

# Conclusion

- ❑ L'effet du fond génétique sur la durabilité de gènes/QTL à effet majeur semble général (virus, champignons, nématodes)
- ❑ Cet effet pourrait être dû à un renforcement d'efficacité de résistance (*cf.* combinaison de résistance avec d'autres méthodes de lutte)



# Conclusion



**Plantes R + s:**  $s_v \times t = (r_v - r_a) \times t$

$s_v$  : taux de sélection pour la virulence

$r_v$  : taux de croissance d'un variant virulent

$r_a$  : taux de croissance d'un variant virulent

$t$  : temps

# Conclusion

1) MUTATION

2) SELECTION

EFFICACITE DE LA  
RESISTANCE

**Plantes R + s:**  $s_v \times t = (r_v - r_a) \times t$

$s_v$  : taux de sélection pour la virulence

$r_v$  : taux de croissance d'un variant virulent

$r_a$  : taux de croissance d'un variant virulent

$t$  : temps

**Plantes R + r:**  $s_v' \times t = (r_v \times fg - r_a \times fg) \times t$

$$s_v' \times t = s_v \times fg \times t$$

$$s_v' \times t < s_v \times t$$

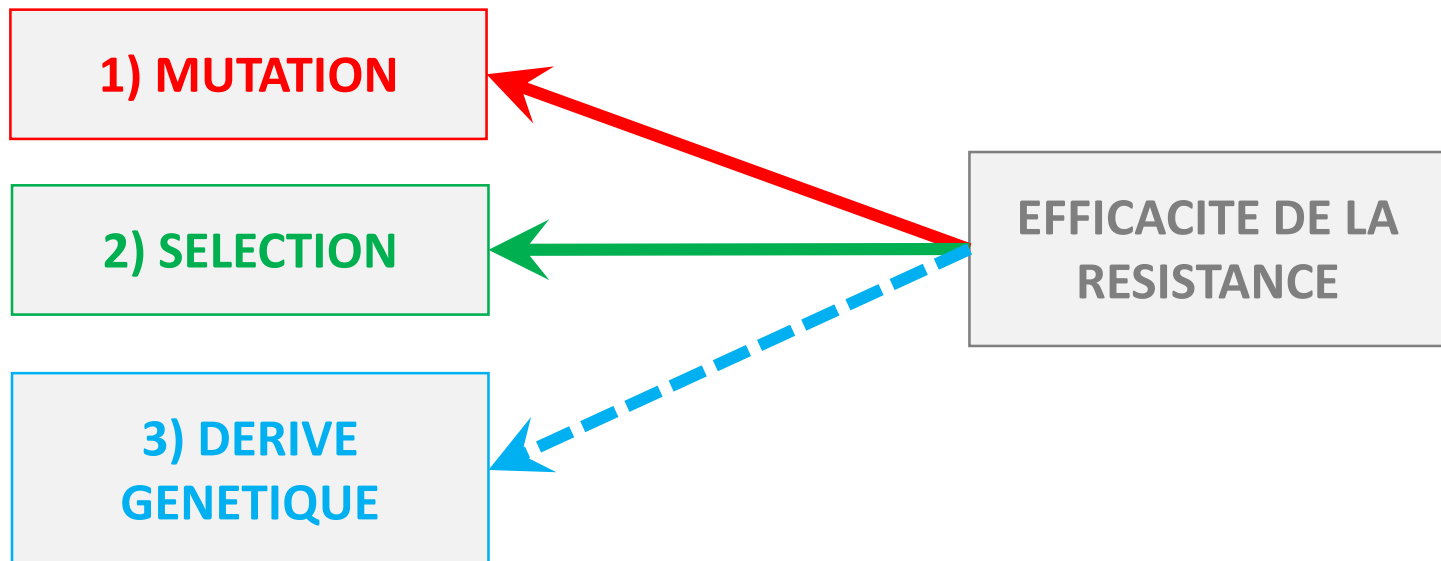
$s_v'$  : taux de sélection pour la virulence  
(chez R + r)

$fg$  : effet du fond génétique ( $0 < fg < 1$ )

identique vis-à-vis des deux variants

# Conclusion

- ❑ L'effet du fond génétique sur la durabilité de gènes/QTL à effet majeur semble général (virus, champignons, nématodes)
- ❑ Cet effet pourrait être dû à un renforcement d'efficacité de résistance (*cf.* combinaison de résistance avec d'autres méthodes de lutte)



# Conclusion

- ❑ L'effet du fond génétique sur la durabilité de gènes/QTL à effet majeur semble général (virus, champignons, nématodes)
- ❑ Cet effet pourrait être dû à un renforcement d'efficacité de résistance (*cf.* combinaison de résistance avec d'autres méthodes de lutte)
- ❑ Mais des effets agissant spécifiquement sur la sélection ou la dérive génétique peuvent aussi être impliqués

# Perspectives

- Comment phénotyper les fonds génétiques favorable à la durabilité?
  - Phénotyper la durabilité: lourd expérimentalement.
  - Efficacité: OK
  - Dérive génétique? Estimations semblent assez robustes.
  - Sélection? Estimations dépendantes du contexte environnemental ou expérimental.

# Perspectives

- Comment phénotyper les fonds génétiques favorable à la durabilité?
  - Phénotyper la durabilité: lourd expérimentalement.
  - Efficacité: OK
  - Dérive génétique? Estimations semblent assez robustes.
  - Sélection? Estimations dépendantes du contexte environnemental ou expérimental.
- Fonds génétiques exerçant des effets de sélection différentielle sur les variants virulents?

# Perspectives

- ❑ Comment phénotyper les fonds génétiques favorable à la durabilité?
  - Phénotyper la durabilité: lourd expérimentalement.
  - Efficacité: OK
  - Dérive génétique? Estimations semblent assez robustes.
  - Sélection? Estimations dépendantes du contexte environnemental ou expérimental.
- ❑ Fonds génétiques exerçant des effets de sélection différentielle sur les variants virulents?
- ❑ Si le gène majeur ou le fond génétique est contourné, la combinaison des deux est-elle encore intéressante en terme de durabilité? L'adaptation séquentielle des pathogènes ciblés est-elle possible?

# Perspectives

- ❑ Comment phénotyper les fonds génétiques favorable à la durabilité?
  - Phénotyper la durabilité: lourd expérimentalement.
  - Efficacité: OK
  - Dérive génétique? Estimations semblent assez robustes.
  - Sélection? Estimations dépendantes du contexte environnemental ou expérimental.
- ❑ Fonds génétiques exerçant des effets de sélection différentielle sur les variants virulents?
- ❑ Si le gène majeur ou le fond génétique est contourné, la combinaison des deux est-elle encore intéressante en terme de durabilité? L'adaptation séquentielle des pathogènes ciblés est-elle possible?
- ❑ Où chercher les fonds génétiques favorables? Gènes R contournés? Espèces distantes? Combinaisons de QTL?

# Perspectives

- ❑ Comment phénotyper les fonds génétiques favorable à la durabilité?
  - Phénotyper la durabilité: lourd expérimentalement.
  - Efficacité: OK
  - Dérive génétique? Estimations semblent assez robustes.
  - Sélection? Estimations dépendantes du contexte environnemental ou expérimental.
- ❑ Fonds génétiques exerçant des effets de sélection différentielle sur les variants virulents?
- ❑ Si le gène majeur ou le fond génétique est contourné, la combinaison des deux est-elle encore intéressante en terme de durabilité? L'adaptation séquentielle des pathogènes ciblés est-elle possible?
- ❑ Où chercher les fonds génétiques favorables? Gènes R contournés? Espèces distantes? Combinaisons de QTL?
- ❑ Mécanismes sous-jacents

# Remerciements

## INRA Avignon:

Julie Lederer

Elsa Rousseau

Lucie Tamisier

Grégory Girardot

Pauline Millot

Ghislaine Nemouchi

Marion Szadkowski



Alain Palloix

## INRA Bordeaux:

Frédéric Fabre

## INRIA Sophia-Antipolis:

Ludovic Mailleret

Frédéric Grognard

HM-Clause

Gautier Semences

Vilmorin SA

Sakata Seeds Europe

Rijk Zwaan

Métaprogramme SMaCH

