



**HAL**  
open science

# Comment utiliser nos connaissances sur les effecteurs d'avirulence des champignons phytopathogènes pour améliorer la gestion des résistances des plantes

Isabelle Fudal

## ► To cite this version:

Isabelle Fudal. Comment utiliser nos connaissances sur les effecteurs d'avirulence des champignons phytopathogènes pour améliorer la gestion des résistances des plantes. Plant Alliance-animation maladies, Plant Alliance, Nov 2023, Paris, France. hal-04565525

**HAL Id: hal-04565525**

**<https://hal.inrae.fr/hal-04565525v1>**

Submitted on 1 May 2024

**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.

## **Comment utiliser nos connaissances sur les effecteurs d'avirulence des champignons phytopathogènes pour améliorer la gestion des résistances des plantes.** Par Isabelle Fudal, INRAE.

Dans le domaine des maladies fongiques des plantes cultivées, différents travaux ont porté sur la compréhension des mécanismes responsables de la spécificité souche-cultivar, mettant en jeu des gènes d'avirulence induisant une reconnaissance chez une plante possédant le gène de résistance correspondant, et jouant un rôle d'effecteur lors d'une interaction compatible. Dans le modèle d'interaction *Leptosphaeria maculans* / colza (*Brassica napus*), les résistances spécifiques sont largement employées en combinaison avec un bon niveau de résistance quantitative. Toutefois les sources de résistance spécifique sont rares chez le colza et des études visent soit à l'identification et à l'introgession de résistances provenant d'autres *Brassica*, soit à l'optimisation de la durabilité des résistances disponibles en mettant en place des stratégies d'alternance et/ou de pyramidage visant à contrôler durablement la maladie. Douze gènes d'avirulence de *L. maculans* ont été clonés mettant en évidence des caractéristiques utilisables pour une meilleure gestion des résistances. Les gènes d'avirulence de *L. maculans* :

- sont localisés dans des régions riches en éléments répétés du génome, ce qui favorisent leur évolution rapide vers la virulence. Cependant, leur évolution est gène-dépendant, certains loci étant beaucoup plus polymorphes que d'autres (Gautier et al., 2023a).
- ne présentent pas ou peu d'homologies de séquence avec d'autres effecteurs, mais appartiennent à un nombre limité de familles structurales. C'est notamment le cas de quatre effecteurs d'avirulence dont les résistances correspondantes sont actuellement largement utilisées en France (famille LARS ; Lazar et al., 2022). Ce constat suggère plusieurs pistes d'amélioration : (i) optimiser les stratégies d'utilisation des résistances en ciblant des familles structurales distinctes ; (ii) élargir le spectre de reconnaissance des protéines de résistance à plusieurs membres d'une même famille structurale ; (iii) sélectionner des résistances multi-pathogènes reconnaissant des familles structurales d'effecteurs conservées chez plusieurs champignons pathogènes (preuve de concept par Lazar et al., 2022).
- présentent des interactions complexes avec les protéines de résistance du colza. Nous avons en particulier mis en évidence des interactions négatives entre protéines d'avirulence (un effecteur d'avirulence empêchant la reconnaissance d'un autre par sa protéine de résistance) et montré que, dans cette situation, il convient de privilégier une alternance de résistances plutôt qu'un pyramidage pour éviter un contournement rapide de ces résistances (Plissonneau et al. 2017 ; Balesdent et al. 2022).

Par ailleurs, nos connaissances des gènes d'avirulence de *L. maculans* et de leurs allèles de virulence / avirulence nous ont permis de développer un outil de génotypage haut-débit afin de suivre l'évolution des populations de *L. maculans* en fonction des résistances déployées au champ (Gautier et al., 2023b).

En conclusion, les connaissances sur les effecteurs d'avirulence et leur évolution permettent à la fois de proposer des stratégies de déploiement des résistances correspondantes mais pourraient également, à plus long terme, permettre d'élargir les capacités de reconnaissance de ces résistances.