RESEAU NATIONAL DE SUIVI DES POPULATIONS DE ROUILLE BRUNE DU BLÉ : SYNTHÈSE DES RÉSULTATS 2016

BLÉ TENDRE: PAGES 2 à 10

BLE DUR: PAGES 11 à 14

ROUILLE BRUNE ECHANTILLONS 2016 BLE TENDRE

ORIGINE VARIETALE

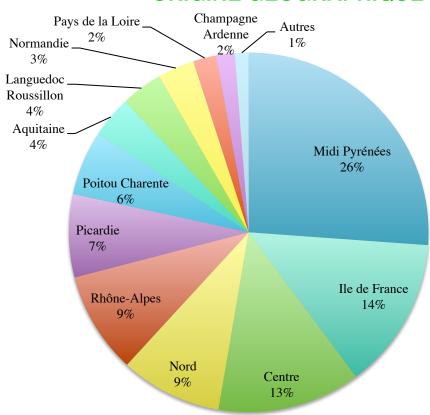
Notre objectif était d'échantillonner sur les variétés témoins CTPS et/ou les plus cultivées **Apache**, **Arezzo**, **Cellule**, **Fructidor**, **Oregrain**, **Rubisko et Solehio**, ainsi qu'une veille sur Belepi, Hybery, Hyfi, Matheo, Nemo, Terroir, Tobak.

variété	nombre d'échantillons
CELLULE	34
AREZZO	26
SOLEHIO	26
OREGRAIN	26
NEMO	24
APACHE	21
RUBISKO	17
FRUCTIDOR	16
TERROIR	8
HYFI	6
EXPERT	5
MATHEO	5
HYBERY	3
TOBAK	2

Autres variétés: Arkeos, Ascott, Attraktion, Belepi, Bologna, Collector, Creek, Descartes, Dinosor, Expert, Hybiza, Hyteck, Papillon, Pistoria, Sy Moisson, Thalys, Triticale

TOTAL: 241

ORIGINE GEOGRAPHIQUE



Grâce à l'accès au réseau d'essais du GIE RGC, du CETAC et d'Arvalis, 14 régions (ancienne nomenclature!) sont représentées.



BIOGER CPP

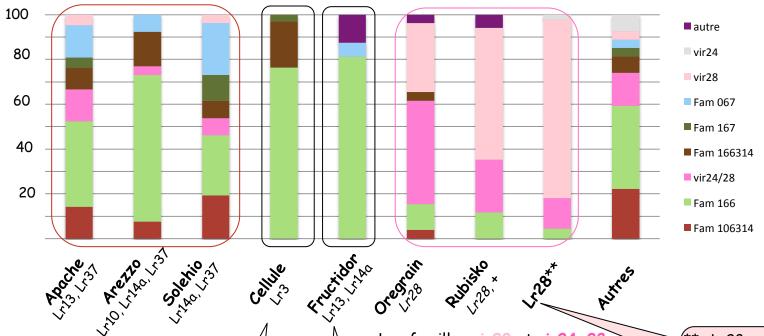


Rouille Brune Blé tendre 2016

La structure des populations dépend des variétés

Fréquence des principales familles* de pathotypes dans la population collectée sur chaque variété

Résultats stade plantule 241 isolats monopustule Tests d'identification des virulences faits en serre à 18-22°C



Une structure similaire pour Apache, Arezzo, Solehio: 50 à 70% de la population pour les familles 106314 et 166.

Pas de famille 106314 sur Cellule, normal car elle est avirulente sur *Lr3*

Les familles vir28 et vir24+28 représentent 82% chez Rubisko, 77% chez Oregrain, et 93% sur les autres variétés avec *Lr28*

La famille 166 est présente dans 80% des quelques pustules trouvées sur **Fructidor** (** «Lr28» : variétés porteuses du gène *Lr28*, autres que Oregrain et Rubisko

*Définition de la Famille : voir page 4



BIOGER - CPP



Rouille Brune Blé tendre 2016

 Au total 38 pathotypes, avec surtout (55%) des pathotypes complexes, cumulant de 10 à 16 virulences, dans les familles* 067, 166, 167, et vir24/28. On trouve de 5 à 12 pathotypes différents par variété, issus de 3 à 7 familles.

Principales Evolutions de 2015 à 2016

Famille 106 314 : 25% 7%

La famille 106 314 a dominé pendant 10 ans (2006-2015), en constituant 30 à 50% de la population. Nous expliquons sa forte régression (7% en 2016) par la disparition dans le paysage des variétés qui l'ont fortement favorisée (Caphorn, puis Aubusson, Sankara, puis Bermude). Arezzo, Solehio et Expert lui permettent actuellement de se maintenir, mais en faible fréquence.

Famille 166 : 21% / 36%

Cette famille reste bien adaptée sur Arezzo et Cellule. Elle augmente en fréquence grâce aux échantillons de Fructidor, sur lesquels on ne trouve que quelques pustules (pas d'épidémie).

Vir 28: 1%

Voir page 5 le commentaire détaillé sur l'évolution des ces familles virulentes sur le gène *Lr28*

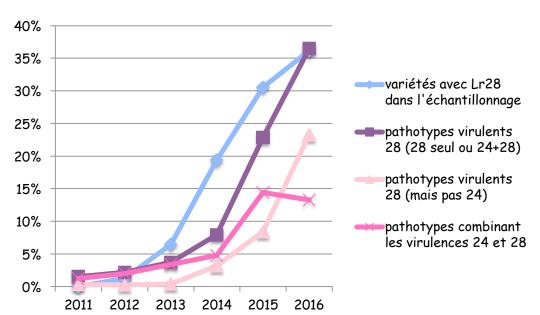
La famille 166314 semblait se développer en 2015, mais finalement elle a régressé, et persiste surtout sur Cellule (20%).

BIOGER & CPP

^{*} Qu'appelle-t-on «famille» (notée fam) de pathotypes? Des pathotypes appartiennent à la même famille lorsqu'ils ne diffèrent entre eux que par une ou deux virulences, et ont des génotypes microsatellite identiques ou très proches. Le regroupement en familles est indispensable pour simplifier et clarifier la présentation des résultats des suivis d'évolution pluri-annuels. La famille est désignée soit par le code de son pathotype majoritaire (voir explication détaillée en page 6 de la nomenclature des pathotypes), soit par les 3 premiers chiffres du code du pathotype dominant de la famille. Les pathotypes virulents sur les gènes Lr24 et/ou Lr28 sont regroupés dans les familles vir24, vir28 et vir24+28.

LE POINT SUR L'EVOLUTION DES PATHOTYPES VIRULENTS SUR Lr28

Fréquence



- Cette figure illustre à nouveau que les fréquences des pathotypes sont complètement dépendantes de la représentation des variétés dans l'échantillon collecté : la courbe de fréquence totale des pathotypes virulents 28 suit parfaitement celle de la fréquence de variétés portant Lr28 dans notre échantillon.
- Jusqu'en 2015, on avait des pathotypes virulents 28, et virulents 24+28, à parts égales et progression similaire. A partir de 2016 ce sont les pathotypes virulents 28 qui prennent l'avantage.
- Bien que d'apparition récente (2011), les pathotypes virulents 28 sont diversifiés : on distingue une dizaine de pathotypes, répartis dans 4 familles différentes.

La forte progression des pathotypes virulents 28 en 2016 est due au pathotype 106 314 2, apparu en 2015. On ne l'a trouvé que sur des variétés portant *Lr28*, surtout sur Nemo, et aussi Rubisko et Oregrain. Son génotype SSR diffère largement de celui du pathotype 106 314 : ce nouveau pathotype ne serait donc pas issu d'individus de la famille 106 314 (qui a dominé le paysage pendant 10 ans) ayant acquis la virulence supplémentaire 28.

STRUCTURE DES POPULATIONS 2016

FREQUENCES DE VIRULENCE

Fréquence d'isolats virulents sur les lignées ou variétés avec gènes Lr

,	Comme les années précédentes,
	les gènes <i>Lr9</i> et <i>Lr19</i> ne sont
	pas contournés.

- Nous n'avons trouvé en 2016 aucun isolat virulent sur Lr2a, Lr2b et Lr16.
- La fréquence de virulence sur Lr24 se maintient à 15%, mais la fréquence de virulence sur Lr28 augmente (de 22% à 37%), en lien avec l'augmentation des surfaces de variétés portant ce gène.

Lr1	85%
Lr2a	0%
Lr2b	0%
Lr2c	10%
Lr3	67%
Lr3bg	67%
Lr3ka	22%
Lr9	0%
Lr10	98%
Lr13	95%
Lr14a	97%
Lr15	90%
Lr16	0%
Lr17	90%
Lr19	0%
Lr20	21%
Lr23	5%
Lr24	15%
Lr26	56%
Gatcher (Lr27+Lr31)	50%
Lr28 (CS 2A/2M)	37%
Harrier (Lr17b)	63%
Lr37 (stade plantule)	97%

GAMME D'HÔTES DIFFERENTIELS (STADE PLANTULE) ET SYSTÈME DE NOMENCLATURE

Nomenclature des pathotypes: en l'absence de système international commun, nous avons adopté un système de numéro à 6 chiffres, qui décrit les virulences sur 18 hôtes différentiels. De plus nous avons testé les isolats sur les lignées ou variétés suivantes (non inclus dans le système de nomenclature): Lr9, Lr19, Lr24, Gatcher (Lr27+31), Lr28 (CS 2A/2M), Morocco, VPM et Renan.

N°	Lignée Tc	Valeur en	Exemple : Pathotype 106314			
	ou variété	cas de	Туре	valeur	code	
		virulence	d'infection			
1-	Lr 1	1	Sensible	1)	
2-	Lr 2a	2	Résistant	0	1 (=1+0+0)	
3-	Lr 2b	4	Résistant	0	J (-11010)	
4-	Lr 2c	1	Résistant	0)	
5-	Lr 3	2	Résistant	0	> 0	
6-	Lr 3bg	4	Résistant	0	J v	
7-	Lr 3ka	1	Résistant	0)	
8-	Lr10	2	Sensible	2	6 (=2+4)	
9-	Lr13	4	Sensible	4		
10-	Lr 14a	1	Sensible	1)	
11-	Lr 15	2	Sensible	2	3 (=1+2+0)	
12-	Lr 16	4	Résistant	0	J ³ (-1+2+0)	
13-	Lr 17	1	Sensible	1)	
14-	Lr 20	2	Résistant	0	1 (=1+0+0)	
15-	Lr 23	4	Résistant	0	J 1 (-1+0+0)	
16-	Lr 26	1	Résistant	0)	
17-	Harrier(Lr17b)	2	Résistant	0	4 (=0+0+4)	
18-	Lr37	4	Sensible	4	J (-01014)	

Pour les pathotypes virulents 24 et/ou 28, nous avons ajouté un $7^{\text{ème}}$ chiffre, qui est 1, 2 ou 3 selon que le pathotype est virulent sur Lr24, Lr28, ou bien les deux : exemple 167 337 3. Leurs familles sont nommées respectivement vir24, vir28, et vir24+28. Les pathotypes avec un nom à 6 chiffres sont avirulents sur ces 2 gènes.



BIOGER CPP



GENES DE RESISTANCE A LA ROUILLE BRUNE DANS LES PRINCIPALES VARIETES CULTIVEES

VARIÉTÉ	% de la surface en blé en 2016 (source FranceAgriMer)	gènes <i>Lr</i>	
Rubisko	12,8%	Lr28, +	
Cellule	7,9%	Lr3	
Fructidor	4,9%	Lr13, Lr14a	
Arezzo	4,0%	Lr10, Lr14a, Lr37	
Boregar	3,8%	Lr13, Lr14a, Lr37	
Oregrain	3,8%	Lr28	
Apache	3,5%	Lr13, Lr37	
Pakito	2,3%	Lr13, Lr37	
Bergamo	2,2%	Lr13, Lr14a, Lr37	
Terroir	2,0%	Lr28	

En se basant sur les dix premières variétés, le gène Lr28 devient ainsi en 2016 le gène le plus fréquent dans le paysage cultivé.

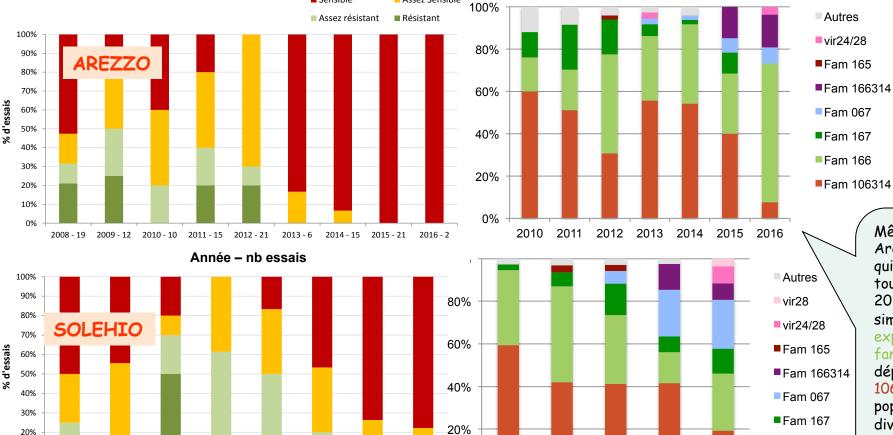
SENSIBILITE DES VARIÉTÉS ET EVOLUTION DES POPULATIONS

% d'essais :

Résistant : parmi le quart des variétés les plus résistantes de l'essai Sensible : parmi le quart des variétés les plus sensibles de l'essai

Sensible





0%

2016 - 9

Assez Sensible

Même tendance pour Arezzo et Solehio, qui restent très touchées, comme en 2015. Une évolution similaire, avec expansion de la famille 166 aux dépens de la famille 106 314, mais une population plus diversifiée sur Solehio. La famille 166314 ne confirme pas sa progression.

SCIENCE & IMPACT

Fam 166

Fam 106314



2009 - 8

2010 - 9

2011 - 10

2012 - 14

10%

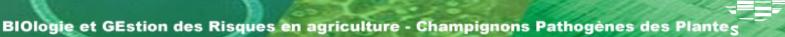
BIOGER CPP

Année - nb essais

2013 - 6

2014 - 15

2015 - 19



2012

2013

2014

2015

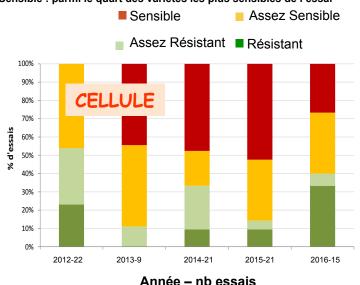
2016

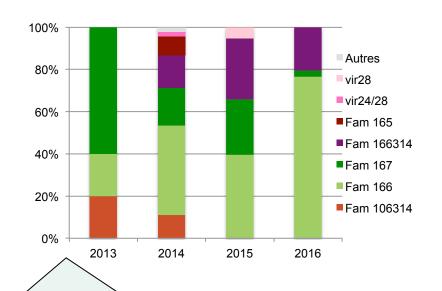
SENSIBILITE DES VARIÉTÉS ET EVOLUTION DES POPULATIONS



% d'essais :

Résistant : parmi le quart des variétés les plus résistantes de l'essai Sensible : parmi le quart des variétés les plus sensibles de l'essai





Contrairement aux années précédentes, Cellule n'est pas dans les plus sensibles dans la majorité des essais. Cette sensibilité variable selon les lieux est peut être liée à la protection qui lui est conférée par le gène Lr3, efficace lorsque la population ne contient pas ou très peu de familles avec la virulence correspondante. L'échelle d'analyse globale (nationale) présentée ici ne permet pas de tester cette hypothèse. La famille 166314, ne progresse plus, la famille 167 tend à disparaître, et la famille 166 s'impose pour près de 80% des échantillons. Ces trois familles étant virulentes sur Lr3, l'évolution de leur fréquence sur Cellule s'explique sans doute par des différences d'agressivité.

SENSIBILITE DES VARIÉTÉS ET EVOLUTION DES POPULATIONS

VARIÉTÉS AVEC LE GÈNE Lr28



Autres

vir28

Fam 165

Fam 067

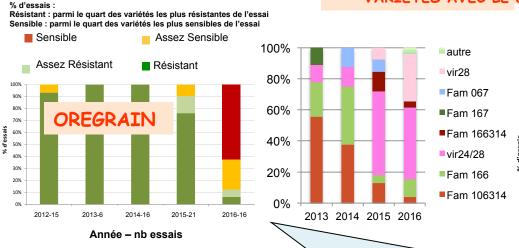
■Fam 167

vir24/28

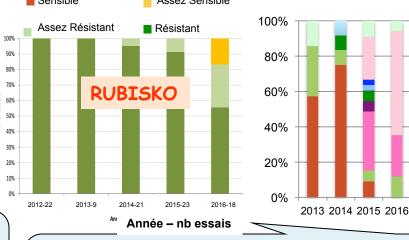
Fam 166

Fam 166314

10

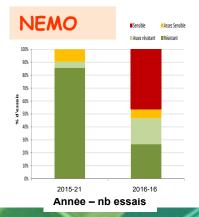


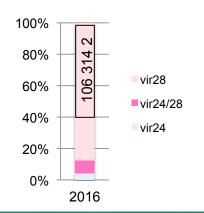
% d'essais :
Résistant : parmi le quart des variétés les plus résistantes de l'essai
Sensible : parmi le quart des variétés les plus sensibles de l'essai
Sensible Assez Sensible



La sensibilité de Oregrain augmente brusquement en 2016. Pourtant la composition de la population sur Oregrain en 2016 est assez proche de celle de 2015. Le seul changement notable est une moindre fréquence du pathotype 167 337 3 (famille vir24/28), et l'apparition du pathotype 106 314 2 (famille vir 28)

Rubisko est toujours résistant. Cependant en 2016 présence parfois de petits foyers, avec une très forte proportion (82%) de familles vir 28 et vir24/28. Toutefois il semble leur manquer virulence et/ou agressivité nécessaires à un développement épidémique sur Rubisko.





La sensibilité de Nemo dans les essais augmente fortement de 2015 à 2016. En 2016, première année de suivi des populations de rouille brune sur Nemo, on a presque exclusivement des pathotypes portant la virulence 28, avec un pathotype dominant 106 314 2. Ce pathotype, détecté la première fois l'année dernière, pourrait donc bien expliquer à lui seul la sensibilité accrue de Nemo.



BIOGER - CPP



ROUILLE BRUNE ECHANTILLONS 2016

BLE DUR

ORIGINE VARIETALE

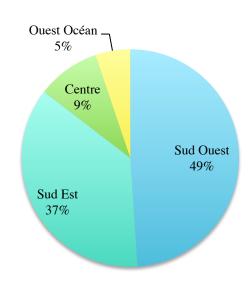
Les principales variétés ciblées étaient Anvergur Babylone Fabulis Isildur Karur Miradoux Nobilis Pescadou Qualidou et Sculptur.

variété	nombre d'échantillons
MIRADOUX	22
ANVERGUR	19
BABYLONE	12
NOBILIS	9
SCULPTUR	7
KARUR	7
QUALIDOU	6
FABULIS	5
PESCADOU	3
ISILDUR	3

Autres variétés : Farinelli Casteldoux Voilur

TOTAL: 96

ORIGINE GEOGRAPHIQUE



Les régions Centre (9 échantillons) et Ouest Océan (5 échantillons) sont très peu représentées.

Ces échantillons ont été mis en collection, mais non analysés pour l'instant. Dans le cadre du projet Casdar Duromal (2015-2018), porté par le GIE Blé Dur, nous poursuivons actuellement les travaux de mise au point de gamme différentielle aux stades plantule et adulte. Les trois documents suivants rappellent les résultats présentés l'année dernière.

Variété ou lignée	Gène(s) Lr
Acalou	2
Byblos	2
Artimon	Lr14a
Joyau	Lr14a
Nefer	Lr14a
TcLr14a	Lr14a
Biensur	Lr23, Lr72
Dakter	Lr23, Lr72
Orlu	Lr23, Lr72
Altar	Lr23, Lr72
Silur	Lr14a, Lr23, Lr72
Brennur	Lr14a, Lr23, Lr72
Nautilur	Lr14a, Lr23, Lr72
Pescadou	Lr23
TcLr23	Lr23
Gaza	Lr23, +
TcLr20	Lr20
Gatcher	Lr27+31
CS2A/2M	Lr28
Lloyd	Témoin sensible
Local Red	Témoin sensible
Pharaon	
Pastadou	
Fabulis	

ROUILLE BRUNE BLE DUR

GAMME D'HÔTES DIFFERENTIELS (STADE PLANTULE)

La gamme différentielle utilisée a été mise au point essentiellement à partir de variétés cultivées : en effet il n'existe pas de série différentielle standard, vu que les gènes de résistance à la rouille brune chez le blé dur sont mal connus. Seuls 3 gènes Lr (14a, 23 et 72) sont nommés pour l'instant, et des combinaisons de ces gènes ont été postulées pour certaines variétés de la gamme. Cette gamme est appelée à évoluer au fur et à mesure de l'acquisition de connaissances à la fois sur les résistances des variétés et sur les virulences des pathotypes. Un système de nomenclature est proposé ci-dessous, qui n'est que provisoire puisque basé sur une gamme qui évoluera

SYSTÈME DE NOMENCLATURE

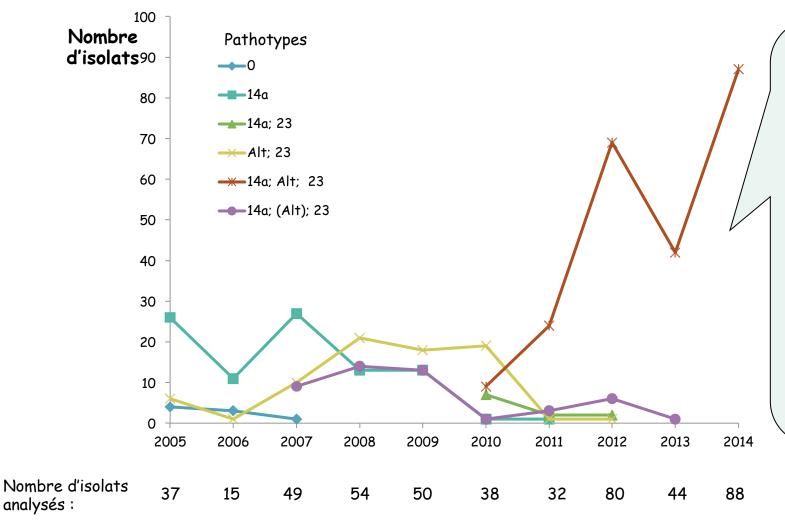
	Virulent sur			
Pathotype	Lr14a	Lr23	Altar (<i>Lr23, Lr72</i>)	Remarques
[0]	-	-	-	Majoritaire dans les années 2000, disparu depuis 2008
[14a]	+	-	-	Majoritaire sur Nefer
[Altar, 23]	-	+	+	Majoritaire sur Biensur
[14a, (Altar), 23]	+	+	(-)	Apparu en 2007, toutes variétés, avirulent Altar mais type d'infection élevé
[14a, 23]	+	+	-	Apparition en 2010
[14a, Alt, 23]	+	+	+	Apparition en 2010



BIOGER CPP

SCIENCE & IMPACT

ROUILLE BRUNE BLE DUR : EVOLUTION DES POPULATIONS 2005-2014



En 2010 et 2011, on distinguait encore 5 pathotypes différents. En 2010, deux nouveaux pathotypes sont apparus:

- Un pathotype virulent 14a, 23, qui n'a pas persisté au delà de 2012
- Un pathotype virulent 14a, Alt, 23, qui devient majoritaire en 2011, et l'unique pathotype présent en 2014

13

ROUILLE BRUNE BLE DUR: EVOLUTION DES POPULATIONS 2005-2014

La gamme différentielle mise au point lors de précédents projets CASDAR avait permis de caractériser la diversité en pathotypes de la population de rouille brune sur blé dur pour la période 2000-2009. Au vu des résultats obtenus sur la période suivante 2010-2014, avec au final présence d'un seul pathotype dans le paysage en 2014, cumulant les virulences sur les 3 seuls gènes Lr détectés dans les variétés cultivées (14a, 23 et 72), deux hypothèses :

- Soit effectivement il n'y a aucune diversité dans les populations de rouille, avec présence d'un seul pathotype capable d'attaquer certaines des variétés cultivées. Les pathotypes « anciens » ont disparu du paysage, car ils n'ont plus les virulences suffisantes pour attaquer les variétés actuelles.
- Soit il existe quand même de la diversité, mais notre gamme différentielle ne nous permet pas de la révéler. Il faut donc faire évoluer la gamme différentielle, à partir des variétés présentes dans le paysage cultivé, et dans l'idéal déterminer la base génétique de la résistance présente dans ces variétés

Par ailleurs nous allons confirmer ces caractérisations de virulences par des tests au stade plante adulte, car certains gènes de résistance s'expriment peu, ou pas du tout, au stade plantule.