

Proposition de stage pour un master 2 Recherche – année universitaire 2020-2021

Caractériser la diversité génétique des populations françaises de *Microdochium spp.*, champignons pathogènes impliqués dans la fusariose des céréales.

CONTEXTE

La fusariose de l'épi est une maladie majeure des céréales à paille, causant d'importantes pertes économiques à travers le monde. Cette maladie est causée par un complexe d'espèces fongiques toxigène (*Fusarium spp.*) et non toxigène (*Microdochium spp.*). Actuellement, la sélection variétale est principalement axée contre les espèces productrices de mycotoxines notamment *F. graminearum* afin de limiter également les pertes liées à la qualité sanitaire des grains. Néanmoins, depuis plusieurs années, la présence de deux espèces de *Microdochium*, *M. majus* et *M. nivale* ne cesse d'augmenter sur les céréales françaises, entraînant des pertes de rendements de plus en plus préoccupantes (Ioos et al., 2004), et soulevant la nécessité de proposer des variétés tolérantes spécifiques. Le développement de programmes de sélections variétales adaptés pour la résistance à *Microdochium spp.* repose sur une connaissance de la biologie du champignon et de son spectre de variabilité. Dans ce contexte, la caractérisation de la variabilité génétique existante au sein des populations de *Microdochium*, encore trop peu abordée dans la littérature, est aujourd'hui un prérequis indispensable.

OBJECTIF

L'objectif de cette étude est de caractériser la diversité génétique des populations de *Microdochium spp.* à l'échelle du paysage français, de la plante hôte (blé tendre/blé dur) et de l'organe de la plante infectée (feuille/grains) à l'aide de marqueurs microsatellites. Ainsi plusieurs questionnements scientifiques seront abordés : 1) quelle est la structure des populations françaises de *Microdochium spp.* ? 2) existe-t-il des populations spécialisées selon les espèces hôtes ? 3) existe-t-il une variabilité génétique entre les isolats présents sur les inflorescences ou ceux présents sur les feuilles ?

METHODES

Environ 500 souches sont déjà disponibles et d'autres devraient être isolées d'ici le début du stage (collaboration avec Arvalis-Institut du végétal, projet Resistamicro).

Le génotypage des marqueurs microsatellites se fera par une méthode innovante basée sur du séquençage à haut débit (Lepais et al. 2020), et exploitant les génomes de *M. nivale* et *M. majus* récemment obtenus au laboratoire. L'étudiant participera au développement du SSRseq pour les deux espèces, à sa mise en œuvre sur l'ensemble des souches et enfin à l'exploitation des résultats.

Les données multilocus ainsi générées seront analysées avec des outils classiques de génétique des populations (GenAlex, PopGene, Structure ...) afin de déterminer les paramètres permettant de décrire la diversité génétique et la structuration des populations.

PREREQUIS

Des bases en génétique des populations, en biologie moléculaire. Un attrait pour la bioinformatique serait un plus.

REFERENCES

Lepais O, et al. 2020. Fast sequence-based microsatellite genotyping development workflow. PeerJ 8:e9085. DOI: 10.7717/peerj.9085.

Ioos R., et al. 2004. Occurrence and distribution of *Microdochium nivale* and *Fusarium* species isolated from barley, durum and soft wheat grains in France from 2000 to 2002. *Mycopathologia*, vol. 158 (3), pp. 351-362.

FSOV ResistaMicro (2018-2021). <https://www.fsov.org/comprendre-et-maitriser-les-infections-de-microdochium-pour-ameliorer-la-resistance-du-ble-a-la-microdochiose>

KEYWORDS

SSRseq, population genomics, fungi

EQUIPE D'ACCUEIL

Intitulé de l'Unité : MycSA, Mycologie et Sécurité des Aliments

Adresse : INRA, 71 avenue E. Bourlaux, CS 20032 33882 Villenave d'ornon cedex

Responsable de l'encadrement : Marie Foulongne-Oriol

Tél : 05-57-12-26-35

E-mail: marie.foulongne-oriol@inrae.fr