

Sélection génétique : gestion des nématodes à kyste de la pomme de terre ayant contourné les résistances actuelles des plantes hôtes

La meilleure solution pour lutter contre les populations de *Globodera pallida* consiste à cultiver des variétés de pommes de terre résistantes, mais la majorité de ces variétés contiennent le même facteur de résistance provenant de *Solanum vernei*. Ce gène de résistance a été efficace pendant de nombreuses années, mais nous avons récemment constaté que certaines populations « virulentes » de ce nématode à kyste de la pomme de terre (PCN) ne sont plus contrôlées.

Ce « contournement de la résistance » ne peut être résolu que si nous comprenons ce qui s'est passé. Pour cela, nous devons en savoir plus sur le nématode lui-même, sur sa propagation et sur la plante hôte.

Premièrement, nous identifierons les régions génomiques liées à la virulence du nématode et développerons un outil moléculaire de diagnostic pour cartographier la propagation des populations virulentes de PCN. Pour cela, nous séquencerons des populations de *G. pallida* capables de surmonter la résistance et effectuerons des analyses de scan génomique. Dans le cadre de Nem-Emerge, nous avons identifié des régions génomiques candidates à l'aide de populations virulentes obtenues en laboratoire. Nous avons également collecté des populations naturelles présentant différents niveaux de virulence, que nous analysons actuellement.

Deuxièmement, nous développerons un modèle de prolifération qui fournira des informations sur la manière dont les nématodes virulents sont susceptibles de se multiplier sous différentes stratégies de gestion. Nous avons publié en 2024 un modèle démo-génétique qui prend en compte les caractéristiques génétiques des populations de *G. pallida*, et nos travaux actuels visent à l'intégrer dans les systèmes d'aide à la décision existants destinés aux agriculteurs.

Enfin, nous avons pour objectif d'identifier de nouvelles sources de résistance afin de lutter contre les populations virulentes émergentes. Nous avons décidé d'étudier en détail la résistance de *Solanum sparsipilum*, qui est conférée par une combinaison de deux petites régions génomiques. Après une étape d'enrichissement, qui permet de focaliser le séquençage sur les gènes de résistance, les génotypes de pomme de terre issus du croisement initial entre des parents sensibles et résistants seront séquencés afin d'identifier les marqueurs liés à chacune de ces régions.



Figure 1 : Test de résistance réalisé dans les serres du JKI

AUTEUR(S)

Montarry Josselin – josselin.montarry@inrae.fr
 Kiewnick Sebastian – sebastian.kiewnick@julius-kuehn.de

PAYS/RÉGION

INRAE – France
 JKI - Allemagne



Funded by
the European Union

Funded by the European Union under G.A. NO 101083727. Views and opinions expressed are however those of the author(s) only and do not necessarily reflect those of the European Union or European Commission. Neither the European Union nor the European Commission can be held responsible for them.