



HAL
open science

Signatures de sélection et évolution d'effecteurs candidats dans des populations pathogènes soumises aux résistances de l'hôte

Romain R. Valade, Aurélie A. Ducasse, Jean-Baptiste J.-B. Genty, Brigitte B. Maisonneuve, R. R. Michelmore, Claire C. Neema

► To cite this version:

Romain R. Valade, Aurélie A. Ducasse, Jean-Baptiste J.-B. Genty, Brigitte B. Maisonneuve, R. R. Michelmore, et al. Signatures de sélection et évolution d'effecteurs candidats dans des populations pathogènes soumises aux résistances de l'hôte. *Petit Pois Dérivé* 2011; 33. Réunion annuelle du Groupe d'Etude de Biologie et Génétique des Populations, Aug 2011, Toulouse, France. 1 p. hal-00999904

HAL Id: hal-00999904

<https://hal.science/hal-00999904>

Submitted on 3 Jun 2020

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.

Signatures de sélection et évolution d'effecteurs candidats dans des populations pathogènes soumises aux résistances de l'hôte

Valade R., Ducasse A., Genty J.B., Maisonneuve B., Michelmore R., Neema C.

UR BIOGER-CPP, av Lucien Brétignières - 78 850 Thiverval Grignon, France

Biologie et Gestion des risques en agriculture- Champignons Pathogènes de Plantes

Les effecteurs à motif RxLR sont des protéines secrétées par les oomycètes lors de l'infection des plantes. La partie C terminale de leur séquence d'acides aminés est un domaine soumis à sélection positive, impliqué dans la modulation des défenses de l'hôte. *Bremia lactucae*, oomycète pathogène de la laitue, montre une rapide adaptation aux résistances hôtes. L'analyse de la diversité pour des marqueurs SSR dans des populations de *Bremia* en France, suggère une structuration des populations en plusieurs lignées clonales résultant de la pression de sélection exercée par les gènes de résistance des cultivars. L'analyse du polymorphisme de 4 effecteurs candidats à motif RxLR suggère des signatures de sélection positive et une corrélation avec les résultats observés pour les marqueurs neutres. Ces résultats seront discutés dans le cadre des stratégies évolutives impliquées dans l'adaptation des populations pathogènes aux résistances variétales