



Communiqué de presse - 30 septembre 2019

## De nouvelles perspectives pour lutter contre la rouille du soja grâce au séquençage complet de son génome

**Un consortium mondial de chercheurs franchit une étape importante dans la lutte contre une maladie dévastatrice du soja. Douze organisations de recherche publiques -dont l'Inra en France- et privées sont parvenues à obtenir, pour la première fois, le séquençage et l'assemblage complet de trois souches de *Phakopsora pachyrhizi*, l'agent responsable de la rouille du soja. Les données sont disponibles en ligne : <https://mycocosm.jgi.doe.gov/Phapa1/Phapa1.info.html>**

La rouille du soja est l'une des principales maladies du soja, provoquant la chute prématurée des feuilles, la maturation précoce de la plante, l'apparition de tâches de couleur brune/rouille sur les feuilles et une réduction appréciable du rendement. Elle est provoquée par le champignon *Phakopsora pachyrhizi* qui est un défi de taille pour les producteurs de soja, particulièrement en Amérique latine. Dans des conditions climatiques favorables à l'agent pathogène, la rouille du soja peut entraîner des pertes de rendement allant jusqu'à 90% si elle n'est pas contrôlée. Le pathogène montre une forte capacité d'adaptation et le nombre de solutions pratiques pour contrôler la maladie est limité.

Pour accélérer l'innovation et mettre au point de nouvelles méthodes de lutte contre *P. pachyrhizi*, un consortium international a obtenu la séquence complète de son génome. Ce consortium associe l'Inra et l'Université de Lorraine (France), l'Embrapa et l'Université fédérale du Viçosa (Brésil), l'Université d'Hohenheim et l'Université RWTH d'Aachen (Allemagne), le Sainsbury Laboratory (Royaume-Uni), le Joint Genome Institute (USA), KeyGene, Syngenta, Bayer et la fondation 2Blades.

Fait inédit, le consortium a réalisé le séquençage et l'assemblage du génome complet de trois souches de l'agent pathogène *P. pachyrhizi*, dont deux originaires du Brésil et une des Etats-Unis, en utilisant les dernières technologies de séquençage. Le génome assemblé du champignon *P. pachyrhizi* comprend plus d'un milliard de paires de bases, représentant l'un des plus grands génomes de champignon séquencé jusqu'à présent. Malgré la taille importante de son génome, le nombre de gènes identifiés est similaire à celui des autres champignons causant des maladies de rouille des plantes. Une analyse plus approfondie révèle que la majorité du génome est constituée d'éléments génétiques mobiles, ce qui permettrait à l'agent pathogène de s'adapter rapidement à de nouveaux environnements.

Ces résultats ouvrent à l'ensemble de la communauté scientifique des perspectives prometteuses pour mieux comprendre l'adaptabilité, l'évolution et la diversité génétique de *P. pachyrhizi*. Ils permettront de mieux comprendre les interactions entre le champignon et sa plante hôte, pour proposer des stratégies de défense durables contre la rouille du soja.

L'unité mixte de recherche IAM (Interactions Arbres-Microorganismes) Inra-Université de Lorraine, qui a participé à cet effort international, est spécialisée dans l'analyse de la structure et du fonctionnement de génomes de champignons pathogènes et symbiotiques. Elle étudie les relations

entre plantes, champignons et bactéries, qu'elles soient à bénéfices réciproques (symbioses) ou nuisibles.

**Toutes les données sont disponibles au lien :**

<https://mycocosm.jgi.doe.gov/Phapa1/Phapa1.info.html>

**Contact scientifique :**

Sébastien Duplessis, coordinateur du consortium international

[sebastien.duplessis@inra.fr](mailto:sebastien.duplessis@inra.fr) - 03 83 39 40 13

Unité Interactions Arbres/Micro-organismes (Inra/Université de Lorraine)

Centre Inra Grand Est-Nancy

**Contact presse :**

Inra service de presse : [presse@inra.fr](mailto:presse@inra.fr) – 01 42 75 91 86