



INRAE



NOVADI

ENSEMBLE, IMAGINONS LES POMMES DE DEMAIN

PROPOSITION DE STAGE 2022-2023

Le GIS Fruits souhaite soutenir des stages étudiants de 6 mois, niveau Master 2 sur le thème des fruits et offre pour cela de financer des bourses de stages réalisés dans des labos INRAE. Le sujet proposé doit :

- i) s'inscrire dans les axes thématiques du GIS,
- ii) être construit en partenariat entre au moins 3 membres du GIS*,
- iii) le stagiaire doit être encadré par un maître de stage INRAE.

* Les trois partenaires proposant le stage ne doivent pas appartenir à la même unité.

>Axes thématiques du GIS : <http://www.gis-fruits.org/Le-GIS-Fruits/Axes-thematiques>

>Partenaires du GIS : <http://www.gis-fruits.org/Le-GIS-Fruits/Membres-fondateurs>

Organismes partenaires : (1) INRAE (2) NOVADI (3)

Dont l'école membre du GIS le cas échéant : Institut Agro

Lieux du stage : IRHS, 49071 BEAUCOUZE

Durée : 6 mois

Dates : Début Janvier à fin Juin

Niveau : Stage de fin d'études BAC + 5 (Option Ingénieur, ou Master 2)

Profil du stage : Recherche appliquée

INTITULE DU STAGE : Préciser et explorer la diversité génétique liée à la résistance du pommier à la tavelure

Contexte et problématique : La tavelure du pommier (causée par le champignon *Venturia inaequalis*) nécessite un grand nombre de traitements chimiques (> 20 par an) susceptibles d'engendrer des risques en termes de santé humaine et de protection de l'environnement. **Augmenter la résistance des arbres à cette maladie**, qu'il s'agisse de résistance intrinsèque (génétique) ou complétée par l'utilisation d'autres leviers de lutte, est un enjeu majeur sur le plan socio-économique et représente un des objectifs de recherche majeur de l'équipe ResPom de l'IRHS.

Chez le pathosystème Pommier – *V. inaequalis*, de nombreuses études ont été menées pour identifier des sources de résistance génétique. Ainsi, 18 gènes majeurs et 14 QTL ont été mis en évidence (Durel et al. 2003 ; Calenge et al. 2004 ; Bus et al. 2011 ; Lê Van et al. 2012 ; Bénéjam et al. 2021). Parmi ces études, l'utilisation de plusieurs souches de *V. inaequalis* a mis en évidence un **spectre d'action plus large des QTL des groupes de liaison 11 et 17** (Calenge et al. 2004 ; Soufflet-Freslon et al. 2008 ; Lê Van et al. 2012). Les mécanismes moléculaires associés à ces régions génomiques restent inconnus mais sont essentiels à identifier afin de **mieux informer les combinaisons de QTL à assembler dans les nouvelles variétés de pommier** dans le but de proposer **une résistance plus durable** face aux contraintes biotiques.

Afin de préciser les mécanismes moléculaires impliqués dans la résistance du pommier à différents bioagresseurs, nous avons développé des **approches de métabolomiques non-ciblée** qui nous permettent d'explorer la diversité et le déterminisme génétique de ces métabolites spécialisés. Dans le but de préciser les voies métaboliques de défense et les gènes causaux sous les QTL connus, des approches de **co-localisation entre QTL de métabolite et QTL de résistance** ont été développées. Ces analyses reposent sur une identification précise des régions génomiques associées à la résistance, pour cela il est essentiel de réduire la taille des QTL de résistance à la tavelure par cartographie génétique.

Nous proposons donc pendant ce stage de réaliser **la cartographie fine** d'une descendance composée de 2000 pépins et issue du croisement 'TN 10-8' x 'Fiesta' où ségrégent les QTL d'intérêt. Pour atteindre cet objectif, le projet de Master 2 inclus (1) le **traitement de données de génotypage** de ces individus, (2) le

suivi des expérimentations en serre avec plusieurs inoculations de *V. inaequalis* prévues sur la période du stage, (3) la **précision physique des bornes des QTL** déjà décrits et l'identification de nouveaux QTL. Ces résultats alimenteront nos hypothèses sur les interactions épistatiques entre les QTLs des groupes de liaison 11 et 17 et approfondiront nos connaissances sur les mécanismes moléculaires impliqués dans la résistance du pommier face à *V. inaequalis*.

Objectifs généraux du stage / Résultats attendus :

•**Génétique de liaison** : La cartographie fine de QTL de résistance par analyse conjointe de données phénotypique (niveau de sporulation de tavelure et symptômes de résistance) et de génotypage SNP portera sur une descendance F1 issue d'un croisement contrôlé entre deux génotypes de pommier portant des QTL connus. L'expérimentation inclura env. 2 000 individus de la descendance 'TN 10-8' x 'Fiesta' qui seront semés en fin d'année 2022 et le matériel foliaire sera prélevé et envoyé pour génotypage avant le début du stage, afin que les données soient disponibles en janvier 2023. Les individus recombinants autour des QTL d'intérêt seront gardés (~750 individus) et utilisés pour les tests tavelure (un test tous les deux mois). Suite aux analyses de génétique de liaison, nous pourrions à la fin du stage préciser les bornes des QTL de résistance et développer de nouveaux marqueurs à utiliser dans le pre-breeding du pommier. Ces nouveaux marqueurs permettront de rendre **la Sélection Assistée par Marqueurs plus précise et rapide**. Par ailleurs, des **QTL de résistance pour le feu bactérien** ségrégent également dans cette même population, les recombinants pour ces rQTL seront identifiés pendant ce stage pour être testés après la fin du stage de manière à préciser les bornes de ces rQTL.

Publications de l'équipe d'accueil et/ou relative au sujet (et/ou au projet dans lequel s'insère le stage) :
Bénéjam et al. (2021) ASM and resistance QTLs complement each other to control apple scab and fire blight. Plant Disease <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-20-1439-RE>

Calenge et al. (2004) Quantitative Trait Loci (QTL) analysis reveals both broad-spectrum and isolate-specific QTL for scab resistance in an apple progeny challenged with eight isolates of *Venturia inaequalis*. Phytopathology <https://doi.org/10.1094/Phyto.2004.94.4.370>

Durel et al. (2003) Genetic dissection of partial resistance to race 6 of *Venturia inaequalis* in apple. Genome <https://doi.org/10.1139/g02-127>

Lê Van et al. (2012) Evolution of pathogenicity traits in the apple scab fungal pathogen in response to the domestication of its host: Pathogen evolution under host domestication. Evolutionary Applications <https://doi.org/10.1111/j.1752-4571.2012.00246.x>

Soufflet-Freslon et al. (2008) Inheritance studies of apple scab resistance and identification of Rvi14, a new major gene that acts together with other broad-spectrum QTL. Genome <https://doi.org/10.1139/G08-046>

ACTIVITES DOMINANTES CONFIEES AU STAGIAIRE :

- Suivi d'expérimentations en serre
- Analyses statistiques (langage R)
- Analyses de génétique quantitative

PROFIL REQUIS :

- Dernière année de Formation Supérieure BAC + 5
- Connaissances : Santé des Plantes et Génétique
- Compétences opérationnelles : Expérimentation en Biologie Végétale, Analyses Statistiques (scripts R)
- Langues : Français
- Permis de conduire (le cas échéant) : Pas nécessaire

INDEMNISATION (SUR BUDGET INRAE-GIS FRUITS) :

Selon la réglementation en vigueur pour 2023 (environ 600 €/mois)

AVANTAGES PROPOSES (le cas échéant) :

- restauration : Restaurant d'entreprise sur site et subvention salariale
- déplacements : Prise en charge à hauteur de 50% du forfait mobilité

CONTACT MAITRE DE STAGE INRAE :

(1) Maître de stage INRAE (obligatoire)

Nom et fonction du responsable à contacter : FERREIRA de CARVALHO Julie

Adresse : 42 rue Georges Morel, 49041 Beaucouzé cedex 01 - France

Tél. : +33 2 41 22 57 88

Site web (équipe et/ou projet) : <https://www6.angers-nantes.inrae.fr/irhs/Recherche/Resistance-du-pommier-et-du-poirier-aux-bioagresseurs>

Mail : julie.ferreira-de-carvalho@inrae.fr