

L'Institut Agro Rennes-Angers
 Site d'Angers Site de Rennes

<p>Année universitaire : 2022-2023 Spécialité : Ingénieur Agronome Spécialisation : Science et Ingénierie du Végétal Option : Génétique et Amélioration des Plantes (GAP)</p>	<p>Mémoire de fin d'études</p> <p><input type="checkbox"/> D'ingénieur de l'Institut Agro Rennes-Angers (Institut national d'enseignement supérieur pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement)</p> <p><input type="checkbox"/> De master de l'Institut Agro Rennes-Angers (Institut national d'enseignement supérieur pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement)</p> <p><input type="checkbox"/> De l'Institut Agro Montpellier (étudiant arrivé en M2)</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> D'un autre établissement (étudiant arrivé en M2)</p>
---	--

Cartographie fine et étude des interactions épistatiques entre QTLs de résistance à la tavelure chez le pommier

Par : Camille HAQUET



Soutenu à Rennes le 12 septembre 2023

Devant le jury composé de :

Président/ Enseignant référent : Anne LAPERCHE

Rapporteur : Mélanie JUBAULT

Maîtres de stage : Julie FERREIRA DE CARVALHO,
Charles-Eric DUREL, Caroline DENANCE

Examineur : Maria MANZANARES-DAULEUX

Les analyses et les conclusions de ce travail d'étudiant n'engagent que la responsabilité de son auteur et non celle de l'Institut Agro Rennes-Angers et l'université de Rennes 1

Ce document est soumis aux conditions d'utilisation « Paternité-Pas d'Utilisation Commerciale-Pas de Modification 4.0 France » disponible en ligne <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.fr>





Diplôme : l'Institut Agro Rennes-Angers (Institut national d'enseignement supérieur pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement)

Spécialité : Ingénieur Agronome

Spécialisation / Option : Sciences et Ingénierie du Végétal / Génétique et Amélioration des Plantes

Enseignant référent : Anne LAPERCHE

Auteur(s) : **Camille HAQUET**

Date de naissance* : 21/12/2000

Nb pages : 28

Annexe(s) : 12

Année de soutenance : 2023

Organisme d'accueil : INRAE – UMR IRHS

Adresse : 42 RUE GEORGES MOREL

CS 60057

49071 BEAUCOUZÉ CEDEX France

Maîtres de stage : Julie FERREIRA DE CARVALHO, Charles-Eric DUREL, Caroline DENANCE

Titre français : Cartographie fine et étude des interactions épistatiques entre QTLs de résistance à la tavelure chez le pommier

Titre anglais : Fine mapping and study of epistatic interactions between apple scab resistance QTLs

Résumé :

La tavelure, première maladie fongique chez le pommier (*Malus domestica*), est causée par le champignon pathogène *Venturia inaequalis* (*Vi*). Avec la réduction de l'utilisation de produits phytosanitaires, la nécessité de construire des variétés plus résistantes génétiquement est un enjeu majeur. Une des voies possibles, recourant au pyramidage et à la diversification des mécanismes moléculaires de résistance, nécessite une meilleure compréhension des fonctions liées aux Quantitative Trait Loci (QTL). Ainsi, identifier des gènes sous-jacents aux QTLs de résistance à la tavelure chez le pommier (qT1, qT13, qF3, qF11, qF17) permettrait d'émettre des hypothèses sur les voies moléculaires impliquées. Pour réduire les intervalles de confiances des QTLs étudiés, une approche de cartographie fine a été adoptée. Près de 2000 individus issus d'une descendance, ont été génotypés et phénotypés après inoculation de *Vi*, permettant la détection de QTLs. Les bornes des QTLs ont été largement réduites, et à l'aide de données transcriptomiques, des gènes candidats ont pu être identifiés comme surexprimés après inoculation de *Vi* sous les intervalles de qT1, qF11 et qF17. Ainsi, qT1 (co-localisant avec le gène majeur Rvi6) semble lié à la reconnaissance du champignon, tandis que des hypothèses sur les voies moléculaires de qF11 et qF17 (gènes en interaction épistatique favorable) ont été formulées et impliqueraient des acides gras insaturés et des phytohormones liées à la signalisation des défenses. Ces connaissances ouvrent la voie à la création de nouvelles variétés de pommiers comportant un pyramidage de QTLs et gènes majeurs avec différents mécanismes moléculaires menant à des résistances plus durables.

Abstract :

Applescab is the first fungal disease on apples and is caused by the pathogenic fungus *Venturia inaequalis* (*Vi*). With the reduction in the use of phytosanitary products, the need to build genetically resistant varieties is a major issue. One way to achieve this, is to combine diverse molecular mechanisms of resistance and it requires to deepen our understanding of functions behind Quantitative Trait Loci (QTL). Thus, identifying candidate genes underlying the resistance QTLs of applescab (qT1, qT13, qF3, qF11, qF17) would allow to unravel the molecular pathways implicated in apple resistance to applescab. To reduce the confidence intervals of the studied QTLs, a fine mapping approach was followed. Approximately 2000 individuals from a progeny were genotyped and phenotyped after inoculation with *Vi*, allowing the detection of QTLs. The QTL borders were largely reduced, and using previous transcriptomic data, candidate genes were identified as overexpressed within the intervals of qT1, qF11 and qF17 after *Vi* inoculation. Therefore, qT1 (co-located with the major gene Rvi6) appears to be related to fungus recognition, while hypotheses on the molecular pathways of qF11 and qF17 (genes in favorable epistatic interaction) have been formulated and would involve unsaturated fatty acids and plant hormones related to defense signaling. This knowledge paves the way to the creation of apple varieties combining QTLs and major genes with different molecular mechanisms leading to durable resistance.

Mots-clés : Cartographie fine, QTL, interaction épistatique, tavelure, *Venturia inaequalis*, *Malus X domestica*

Key Words: Fine mapping, QTL, epistatic interactions, apple scab, *Venturia inaequalis*, *Malus X domestica*

Remerciements

Je tiens à exprimer ma gratitude à toutes les personnes qui ont contribué de manière significative à la réalisation de ce stage de fin d'études. Leur soutien et leur expertise ont été inestimables tout au long de ce parcours.

Tout d'abord, je tiens à adresser mes remerciements les plus chaleureux à mes encadrants qui m'ont guidée tout au long de ce stage avec bienveillance : Julie, Caroline et Charles-Eric. Julie, je te suis particulièrement reconnaissante pour ta présence constante et ton écoute attentive. J'ai été ravie de t'avoir comme maître de stage et j'envie déjà les prochains stagiaires que tu pourras accompagner. Un grand merci à Caroline pour ton précieux concours au sein du laboratoire et même ailleurs. À Charles-Éric, je suis extrêmement reconnaissante pour vos retours d'expert. Je souhaite également exprimer ma reconnaissance vers d'autres personnes de l'équipe. À Romane, merci pour nos discussions. À Hélène, pour ton assistance précieuse sur certaines analyses statistiques.

Je tiens aussi à exprimer ma gratitude envers d'autres équipes de l'IRHS. VADIPOM, pour leur intérêt sur le sujet de stage et les discussions autour de la sélection ; je remercie notamment Aurélien, François et Bernard. PHENOTIC pour leur présence et aide lors de l'expérimentation en serre. Mes remerciements s'adressent également au plateau ANAN, notamment envers Muriel et Annie, pour leur contribution précieuse au génotypage des individus. Je remercie aussi l'Unité Expérimentale Horticole pour leur aide indispensable lors de la plantation des pommiers en plein champ.

Enfin, et au terme de mon parcours d'études en agronomie, il est presque irréel pour la jeune étudiante en provenance du lycée de campagne que j'étais de réaliser tout le chemin parcouru. Les années écoulées ont été marquées par des découvertes et des accomplissements auxquels je ne me serais jamais attendu. Pour cela, je tiens à remercier l'Ecole Supérieure d'Agricultures et l'Institut Agro Rennes-Angers, ainsi que leurs enseignants.

Merci à Manon et Paul pour ces quatre années partagées au sein de l'ESA, qui resteront très certainement mes années préférées. Merci à notre petit groupe de six, Romane, Alexis, Mathis, Romain et Pierre, pour ces moments passés à l'Agro de Rennes.

Mes presque cinq années écoulées à Angers ont été empreintes d'une affection particulière pour cette ville qui m'a accueillie. Et malgré la nostalgie de la campagne beauceronne, merci à toi Charles d'avoir été un compagnon de voyage m'ayant fait découvrir la beauté de la campagne angevine.

Finalement, à ma famille, je veux exprimer une reconnaissance infinie pour leur soutien. Merci à mes parents de m'avoir permis de réaliser ces études, et merci à mes deux sœurs pour leur présence continue.

Avec une profonde reconnaissance,

Camille

Avant-propos

Ce stage, réalisé au sein de l'équipe Respom de l'UMR IRHS à Beaucozé, a été mené en collaboration avec le groupement de sélectionneurs NOVADI.

Le programme d'amélioration du pommier de NOVADI s'effectue en partenariat avec l'INRAE grâce à l'équipe Vadipom et avec le soutien de l'Unité Expérimentale Horticole. NOVADI se positionne en tant qu'utilisateur des recherches fondamentales menées à l'INRAE et partage les réflexions concernant de nouvelles stratégies pour combiner les gènes majeurs et mineurs de résistance en vue de développer des résistances durables. Ces collaborations se manifestent notamment par l'intégration des marqueurs autour des QTLs de résistance pour les programmes de sélection utilisant la SAM.

Cette collaboration entre NOVADI et l'INRAE a ainsi conduit à l'obtention d'une bourse de stage de niveau M2 du GIS Fruit pour la réalisation du travail présenté ici.