



## Projet P27

Priorité thématique : Développement durable

Département de recherche porteur du projet : Génétique et Amélioration des Plantes

Champ thématique du département : CT2 : Connaissance des génomes végétaux : structure et fonctionnement

Nom de l'unité de recherche d'accueil pressentie : UMR Amélioration des Plantes et Biotechnologies végétales

Si UMR, nom des Universités ou des instituts partenaires : Agrocampus Rennes

Nom et email du responsable de l'unité : Michel Renard, Michel.Renard@rennes.inra.fr

Nom et email du responsable scientifique : Hélène Muranty, Helene.Muranty@rennes.inra.fr

Titre court du Projet (en français) : Clonage du gène de résistance au piétin-verse Pch1 et étude structurale de l'introgession qui le porte chez le blé

Discipline(s) scientifique(s) (en français) : génétique et génomique, phytopathologie

Titre court du projet (en anglais) : Positional cloning of the eyespot resistance gene Pch1 and structural study of its introgression

Discipline(s) scientifique(s) (en anglais) : genetics and genomics, phytopathology

Présentation du projet (contexte, objectifs, méthodologies à mettre en œuvre) :

Le piétin-verse, causé par les champignons *Tapesia* sp, est une maladie des céréales fréquente dans le Nord-Ouest de l'Europe et la région du 'Pacific Northwest' aux USA. Il peut provoquer des pertes de rendement significatives en cas d'épidémies importantes. Le contrôle de cette maladie par des fongicides implique un traitement spécifique en fin d'hiver. Ce traitement est souvent réalisé avant l'apparition des symptômes et tend à être systématique. Les souches de piétin-verse résistantes aux fongicides sont de plus en plus fréquentes ce qui rend l'efficacité de la protection fongicide très aléatoire. L'utilisation de variétés résistantes au piétin-verse est donc une alternative à développer dans le cadre d'une agriculture durable et respectueuse de l'environnement.

La génétique de la résistance au piétin-verse fait l'objet de travaux de recherche à l'inra depuis les années 50 et l'introgession du gène Pch1 à partir de l'espèce *Aegilops ventricosa* lui a donné une position de premier rang sur cette thématique. Pch1 apporte une résistance au piétin-verse élevée et durable chez le blé. Il est aujourd'hui la seule source de résistance utilisée par les sélectionneurs de nombreux pays. En France, environ 20% des variétés inscrites depuis 5 ans ont Pch1.

Le clonage de ce gène devrait conforter le positionnement de l'inra. En effet, la plupart des gènes de résistance à des champignons clonés jusqu'à présent concernent des parasites biotrophes et confèrent des résistances qualitatives, souvent contournées. Au contraire, les champignons qui causent le piétin-verse sur le blé sont des parasites nécrotrophes et la résistance contrôlée par le gène Pch1 n'est pas totale mais quantitative. De plus, cette résistance est durable.

Le travail de clonage de Pch1 permettra de comprendre les bases moléculaires de la résistance au piétin-verse. Des outils génomiques nécessaires à l'étude de la structure de l'introgession qui le porte seront produits. En particulier, ces outils permettront d'évaluer et d'expliquer la taille de l'introgession qui ne se limite pas au gène Pch1. Par ailleurs, ces outils permettront d'étudier la diversité et l'évolution de la microrégion chromosomique englobant Pch1 chez le blé et ses espèces apparentées ancêtres.

Enfin les résultats obtenus auront des retombées en création variétale et en particulier au niveau du programme 'Innovation variétale' du DGAP pour la mise au point de blés rustiques de qualité.

Méthodologie

Le clonage du gène Pch1 a été entrepris par une démarche de clonage positionnel. Cette méthode comprend les étapes suivantes :

Accumulation de marqueurs proches du gène dans une population de taille moyenne d'*Ae. Ventricosa* ,

Identification de recombinants entre des marqueurs encadrant le gène dans une population de grande taille ,

Cartographie génétique fine dans la population de recombinants des marqueurs qui coségréguaient avec le gène dans la petite population et évaluation de la résistance des recombinants sur leur descendance F3.

Identification dans la banque BAC de blé hexaploïde (cultivar - INRA 'Renan' qui porte l'introgession contenant Pch1) de clones BAC portant les marqueurs flanquants le gène dans la population de grande taille et alignement physique de ces clones

Séquençage de clones BAC et identification des séquences potentiellement codantes, étude des points de recombinaison pour identifier le gène et étude de l'expression du gène au cours de l'interaction plante-pathogène.

La validation ultime de l'identification du gène pourra être réalisée par transformation, technique maîtrisée à INRA-Clermont-Ferrand sur le génotype Bobwhite qui est sensible.

Les ressources biologiques (populations en ségrégation) et génomiques (banques BAC) nécessaires à la réalisation de ce projet ont été développées ces dernières années. La cartographie du gène Pch1 a été réalisée dans deux populations d'*Ae. Ventricosa*. Ces avancées actuelles permettent d'entreprendre les travaux de clonage de Pch1.