



HAL
open science

Diversité moléculaire de la région chromosomique contrôlant la résistance à la rouille foliaire dans les collections de peupliers

Alois Bresson, Véronique V. Jorge, Arnaud A. Dowkiw, Redouane R. El-Malki, Vincent Segura, Vanina Guérin, Frederique Bitton, Isabelle I. Le Clainche, Aurelie A. Canaguier, Cecile C. Guichard, et al.

► **To cite this version:**

Alois Bresson, Véronique V. Jorge, Arnaud A. Dowkiw, Redouane R. El-Malki, Vincent Segura, et al.. Diversité moléculaire de la région chromosomique contrôlant la résistance à la rouille foliaire dans les collections de peupliers. Colloque FRB : Les Ressources Génétiques (RG) face aux nouveaux enjeux environnementaux, économiques et sociétaux, Sep 2011, Montpellier, France. Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité, 84 p., 2011, Les ressources génétiques face aux nouveaux enjeux environnementaux, économiques et sociaux. hal-02749127

HAL Id: hal-02749127

<https://hal.inrae.fr/hal-02749127>

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.

Diversité moléculaire de la région chromosomique contrôlant la résistance à la rouille foliaire dans les collections de peupliers

A. Bresson¹, V. Jorge², A. Dowkiw², R. EL-Maki², V. segura², V. Guerin², F. Bitton¹, I. Le clainche¹, A. Canaguier¹, C. guichard¹, C. Aluome^{1,2}, M.C. Iepaslier³, R. Bounon^{1,3}, A. Berard D. Brunel³, S. Vincent⁴, S. Mangenot⁴, N. Moehbili⁵, D. Steinbach⁵, B. Chalhoub¹, C. Bastien², P. Faivre Rampant¹

Travaux présentés par A.F. Adam Blondon¹

1 INRA/URGV 2 rue Gaston Crémieux 91057 Evry cede - 2 INRA/ UAGPF 2163 avenue de la Pomme de Pin 45075 Orléans cedex 2
3 INRA/EPGV 2 rue Gaston Crémieux 91057 Evry cedex - 4 IG/CNS 2 rue Gaston Crémieux 91057 Evry cedex
5 INRA/URGI Route de Saint Cyr 78026 Versailles

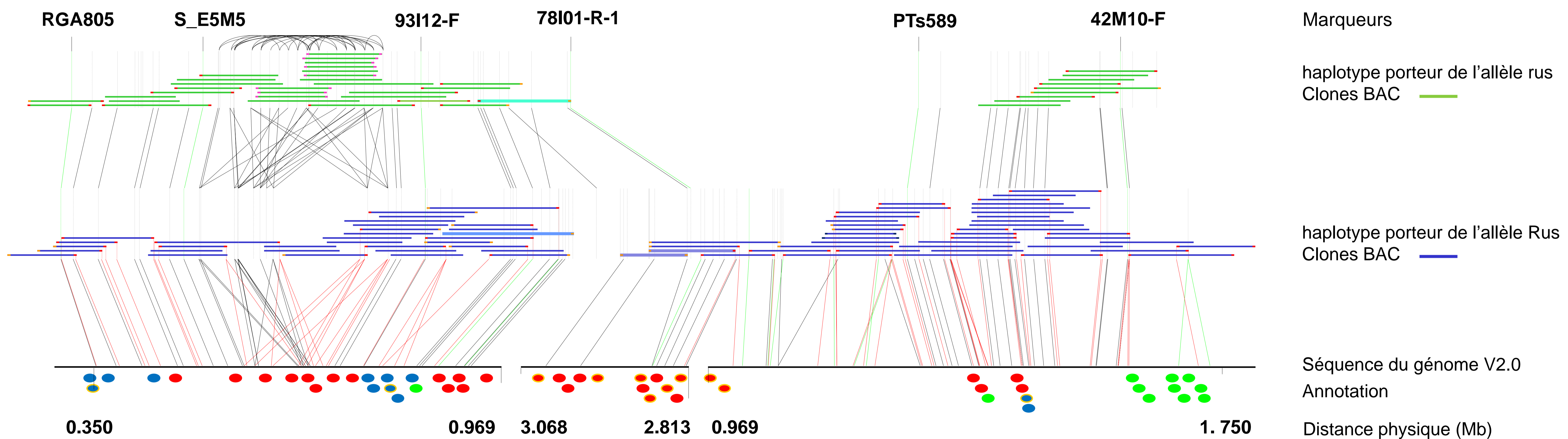


Les peupleraies cultivées subissent depuis plus de 20 ans des pertes économiques majeures liées aux attaques répétées de rouilles foliaires à *Melampsora larici-populina*, agent pathogène endémique en Europe. Deux gènes de résistance appelés R1 et Rus ont été mis en évidence respectivement chez *P. deltoides* et *P. trichocarpa* (Dowkiw et Bastien 2004, Jorge et al, 2005). Le premier R1 est un gène de résistance qualitative, il est contourné par le facteur de virulence 1. Le second Rus est un gène majeur qui contrôle le caractère de taille des fructifications lors de l'interaction compatible. R1 et Rus colocalisent avec des QTLs de résistance exprimés en conditions contrôlées et au champ. La présence de l'allèle Rus conduit à une réduction significative de l'infection. Ces deux gènes sont localisés sur le chromosome 19. Dans une autre expérience, un locus de résistance qualitative, appelé Mer, hérité de *P. deltoides* clone S9-2, contourné par la virulence 7 a été cartographié sur le chromosome 19 (Cervera et al, 2001, Pinon et Frey, 2005).

Le projet consistait à

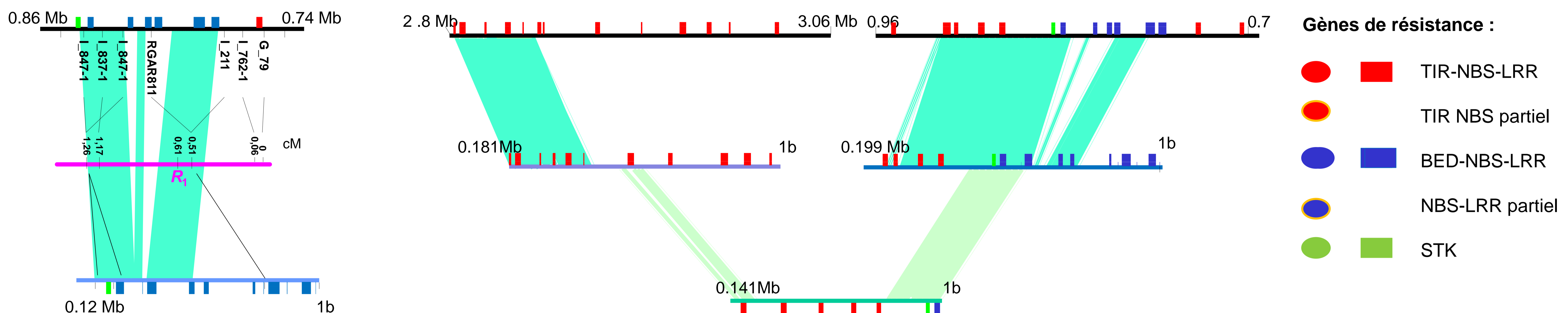
- Identifier des gènes candidats positionnels par une approche de cartographie fine
- Evaluer, dans les populations naturelles de *P. nigra* le niveau de polymorphisme nucléotidique de ces gènes

Alignement des cartes physiques de l'haplotype rus et de l'haplotype Rus, et des deux avec la séquence du génome. Les alignements ont été réalisés à l'aide d'une carte génétique parentale fine établie à partir de 1412 individus issus du croisement *P. deltoides* (73028-62) x *P. trichocarpa* (101-74).



Rus et R1 sont localisés à l'extrémité supérieure du chromosome 19, à proximité du télomère. Cette zone est très riche en gènes de résistance de type NBS-LRR. Elle est caractérisée par un super cluster de gènes de résistance d'au moins 75 membres, c'est un des plus gros clusters décrit chez les plantes (Bresson et al, 2011). Ce travail a permis de corriger l'assemblage de la séquence du génome.

4 BAC cibles potentiellement porteurs de Rus, rus et R1, ont été séquencés au Génoscope. Les alignements montrent une différence de taille entre les haplotypes de 101-74 et la séquence du génome et une différence du contenu en gènes. Rus est localisé dans une région riche en gène de type TIR-NBS-LRR et R1 dans un cluster de BED-NBS-LRR



zoom sur la zone génomique homologue à la zone porteuse de R1, cette zone a été identifiée par ancrage des marqueurs proches de R1, localisé sur la carte génétique du parent *P. deltoides* R1/r1 (au centre de la figure).

zoom sur la zone génomique homologue à la zone porteuse de Rus et rus, cette zone a été identifiée par ancrage des marqueurs proches de Rus, localisés sur la carte génétique du parent *P. trichocarpa* Rus/rus d'après l'analyse de 2100 individus.

4 BAC cibles potentiellement porteurs de Rus, rus et R1, ont été séquencés au Génoscope. Les alignements montrent une différence de taille entre les haplotypes de 101-74 et la séquence du génome et une différence du contenu en gènes. Rus est localisé dans une région riche en gène de type TIR-NBS-LRR et R1 dans un cluster de BED-NBS-LRR.

Pour étudier le polymorphisme nucléotidique du cluster chez *P. nigra*, 60 couples d'amorces ont été définis pour amplifier des fragments de gènes. Ces fragments ont été séquencés en Sanger dans un panel de 21 individus. Toutes les amorces ont permis d'amplifier un fragment chez tous les individus mais seulement 20 d'entre elles ont conduit à des séquences exploitables (1SNP/122b). Les SNP détectés ont été intégrés à d'autres SNP localisés dans des gènes candidats fonctionnels ou répartis aléatoirement pour la réalisation d'un SNPlex. Six cent individus ont été génotypés pour une étude de cartographie génétique et un premier essai de génétique d'association (Les résultats sont en cours d'analyse).

La stratégie de re-séquencage Sanger de gènes NBS-LRR s'est révélée peu fructueuse, contrairement à la technique EcoTILLING testée dans le projet BRG-2006 (Faivre Rampant et al,). La connaissance du polymorphisme nucléotidique de ces zones co-localisant avec des gènes de résistance qualitative et des QTL reste un point clé pour la gestion des résistances. Nos premières recherches de SNP après re-séquencage de génomes complets par les nouvelles technologies semblent prometteuses.