

Stratégie de résistance durable aux nématodes à galles chez les porte-greffe de Prunus par pyramidage - Marquage à haute résolution d'un gène du pêcher et localisation fine d'un gène de l'amandier

Henri Duval, Cyril van Ghelder, Martin Masse, G. Roch, Hugo Hussie, Daniel Esmenjaud

▶ **To cite this version:**

Henri Duval, Cyril van Ghelder, Martin Masse, G. Roch, Hugo Hussie, et al.. Stratégie de résistance durable aux nématodes à galles chez les porte-greffe de Prunus par pyramidage - Marquage à haute résolution d'un gène du pêcher et localisation fine d'un gène de l'amandier. Restitution des projets CTPS, Dec 2015, Paris, France. 2015. hal-02797924

HAL Id: hal-02797924
https://hal.inrae.fr/hal-02797924

Submitted on 5 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.

Stratégie de résistance durable aux nématodes à galles chez les porte-greffe de *Prunus* par pyramidage - Marquage à haute résolution d'un gène du pêcher et localisation fine d'un gène de l'amandier –

Duval, H.[1], Van Ghelder, C.[2], Masse, M.[1], Roch, G.[3], Hussié, H.[1,3] and Esmenjaud, D.[2]

[1]INRA, UR Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes (UGAFL), 84914 Avignon, France

[2]INRA, UMR ISA, INRA1355, CNRS7254, Université de Nice, 06903 Sophia Antipolis, France ; Daniel.Esmenjaud@sophia.inra.fr

[3]SARL 'CEP Innovation', 69364 LYON, France

Résumé. Les nématodes à galles (*Meloidogyne* spp.) sont des ravageurs extrêmement polyphages des racines et dont l'impact est très important à l'échelle globale. La stratégie de résistance aux espèces prédominantes *M. arenaria, M. incognita* et *M. javanica* (Tableau 1), est une alternative prioritaire chez de nombreuses plantes cultivées confrontées au retrait des nématicides et notamment chez les arbres fruitiers du genre *Prunus* (Fig. 1). Trois gènes majeurs dominants dont les spectres de résistance sont différents, *Ma* (prunier), *RMia* (pêcher) et *RMja* (amandier), ont été identifiés (Tableau 1) et cartographiés (Fig. 2) dans cet objectif. Le pyramidage de ces trois gènes, par exemple dans des hybrides 3-voies, ouvre la voie à la création de porte-greffe protégés par au moins deux gènes vis-à-vis de chacune des espèces de nématodes précitées (Tableau 1). Du fait de l'interaction durable entre ces plantes pérennes et les nématodes, ce pyramidage garantit la création de matériels dotés d'une durabilité de résistance sans précédent. La sélection assistée par marqueurs (SAM) du gène *Ma,* cloné (famille des TNLs) et à spectre complet, est possible grâce à des marqueurs SCAR intragéniques (Fig. 3) chez la source P.2175. Une cartographie à haute résolution du gène *RMia* chez la source Nemared, par marqueurs SSR et SNP (Fig. 4), a été entreprise notamment dans une descendance F2 [Montclar (sensible) x Nemared]. Ce gène a été localisé dans un intervalle de 92 kb du génome du pêcher Lovell (Fig. 5) (Duval *et al.,* 2014) et un marqueur KASP™ (SNP_APP92) a été mis au point à partir d'un SNP situé dans le promoteur du gène candidat ppa023253. Le gène *RMja* porté par l'amandier Alnem, dont le marquage fin est en cours (800 individus F2 [Lauranne (sensible) x Alnem]) (Fig. 6), a été situé dans un intervalle de 2 Mb contenant *Ma* dont il pourrait être paralogue ou orthologue (Fig. 7). L'obtention prochaine de la séquence NGS des parents Lauranne et Alnem permettra d'assurer un marquage à haute résolution de *RMja* et ainsi de disposer des outils de SAM pour les trois gènes.

Duval, H., Hoerter, M., Polidori, J., Confolent, C., Masse, M., Moretti, A., Van Ghelder, C. and Esmenjaud, D. 2014. High resolution mapping of the *RMia* gene for resistance to root-knot nematodes in peach. Tree Genetics and Genomes 10 (2): 297-306.

Tableau 1 : Spectre de résistance aux *Meloidogyne* des sources *Prunus* et des trois gènes majeurs correspondants et spectre attendu par pyramidage dans un exemple du type 'hybrides 3-voies'. R, résistant ; S, sensible.

	M. arenaria	*M. incognita*	*M. javanica*	*M. floridensis* (USA)
Source de résistance				
Prunier myrobolan P2175, P2980	R	R	R	R
Pêcher Nemared	R	R	R / S	S
Amandier Alnem	?	S	R	S
Hybrides 3-voies P.2175 x (Alnem x Nemared)	*RMia*	*RMja*	*Ma*	

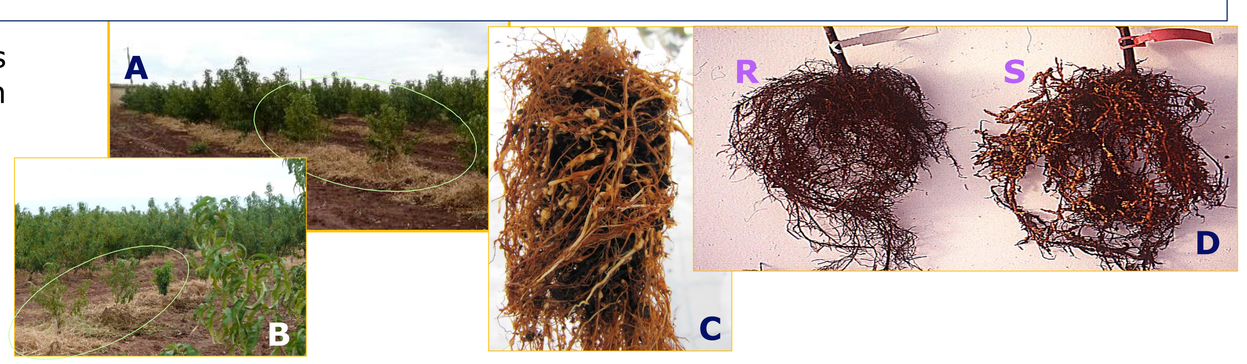


Figure 1 : Symptômes de nématodes à galles sur *Prunus*. **A,B** – Plants attaqués en verger de pêcher au Maroc ; **C** – Galles sur racines de pêcher ; **D** - Plants en ségrégation : résistant (R) et sensible (S)

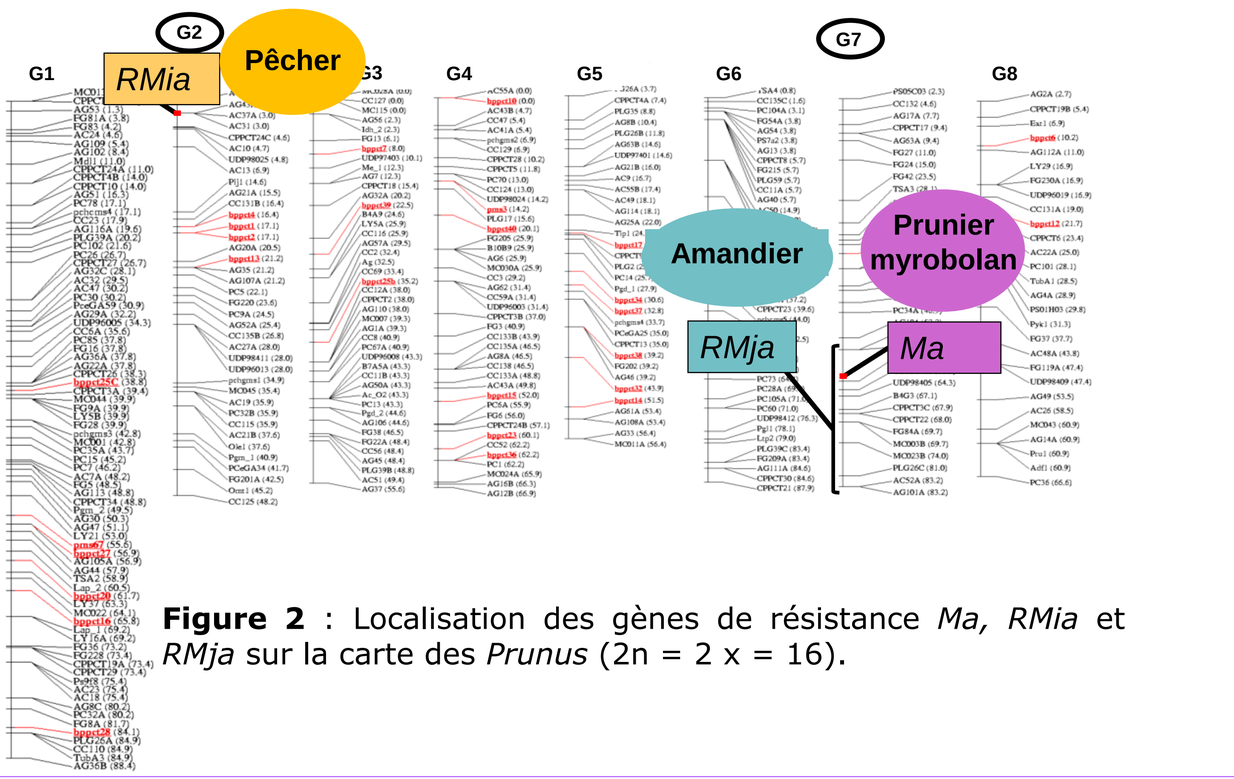


Figure 2 : Localisation des gènes de résistance *Ma, RMia* et *RMja* sur la carte des *Prunus* (2n = 2 x = 16).

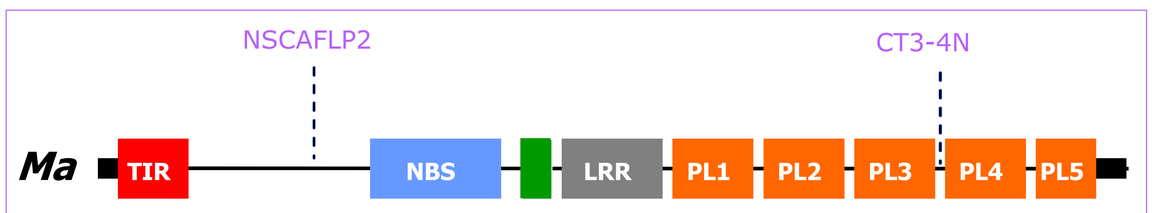


Figure 3 : Structure du gène *Ma* et localisation des marqueurs SCAR NSCAFLP2 et CT3-4N dans la séquence génomique du clone P.2175. Le gène *Ma* se caractérise par la présence de 5 domaines post-LRR (PL).

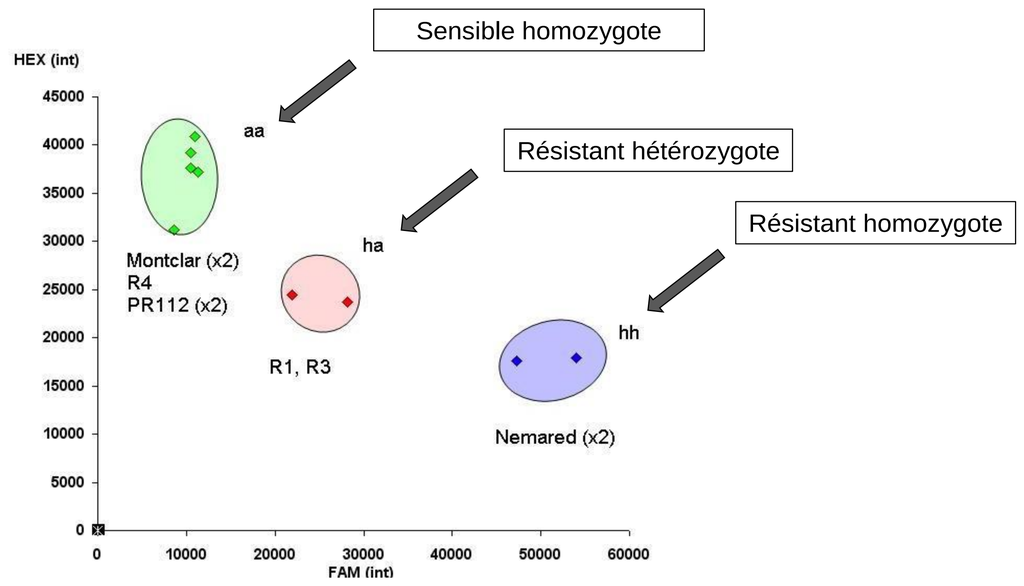


Figure 4 : Exemple de génotypage des individus R1, R3, R4, PR112 et des parents Montclar et Nemared pour le marqueur SNP_APP92 par la méthode KASP™ (Kompetitive Allele Specific PCR).

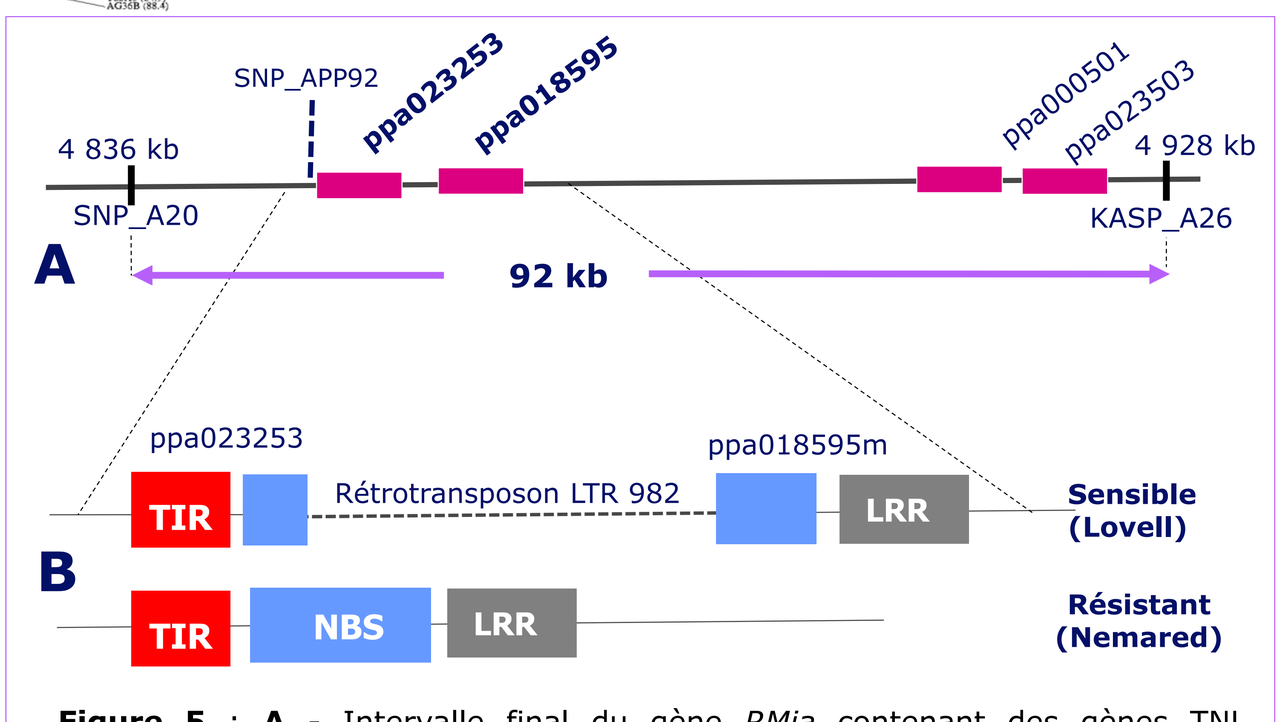


Figure 5 : **A** - Intervalle final du gène *RMia* contenant des gènes TNL candidats. **B** - Polymorphisme d'un gène tronqué (rétrotransposon) dans le génome du pêcher sensible Lovell comparé avec le gène non tronqué du parent résistant Nemared. Les valeurs donnent les bornes de l'intervalle de 92 kb sur le chromosome 2 du génome de Lovell. La position du marqueur SNP_APP92 dans le promoteur du gène-candidat ppa023253 est indiquée.

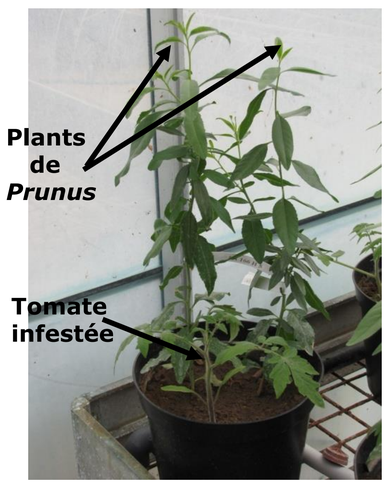
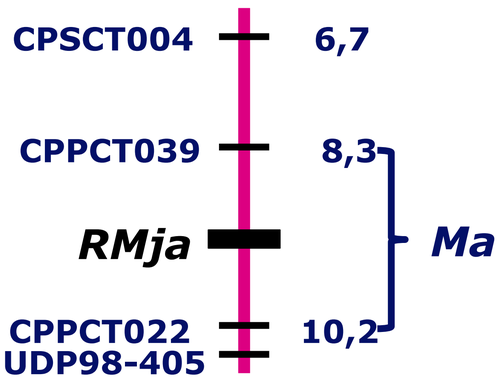




Figure 6 : Test de phénotypage en serre de la population F2 du croisement Lauranne x Alnem pour le marquage fin du gène *RMja.*

Figure 7 : Carte locale du gène *RMja* de l'amandier Alnem. Les chiffres à droite des marqueurs donnent leur position (en Mb) sur le chromosome 7 du génome de Lovell. L'intervalle contenant *RMja* contient également le gène *Ma*.



Ce travail fait partie du Projet CASDAR 'Pyrédune' 2011-2014 (Pyramidiage de gènes par sélection assistée pour une résistance durable aux nématodes *Meloidogyne* chez les porte-greffe *Prunus*) financé par le Ministère de l'Agriculture - Projet CTPS n°C-2011-01 (ref INRA : 21000390) -