



Étude du déterminisme génétique des traits de vie qualitatifs et quantitatifs de *Melampsora larici-populina*, agent de la rouille foliaire du peuplier

Michaël Pernaci, Stéphane de Mita, Bénédicte Fabre, Axelle Andrieux, Fabien Halkett, Pascal Frey

► To cite this version:

Michaël Pernaci, Stéphane de Mita, Bénédicte Fabre, Axelle Andrieux, Fabien Halkett, et al.. Étude du déterminisme génétique des traits de vie qualitatifs et quantitatifs de *Melampsora larici-populina*, agent de la rouille foliaire du peuplier. 10. Rencontres de Phytopathologie - Mycologie - JJC 2014 Journée Jean Chevaugeon, Jan 2014, Aussois, France. hal-02800971

HAL Id: hal-02800971

<https://hal.inrae.fr/hal-02800971>

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - ShareAlike 4.0 International License

Étude du déterminisme génétique des traits de vie qualitatifs et quantitatifs de *Melampsora larici-populina*, agent de la rouille foliaire du peuplier

M. Pernaci, S. De Mita, B. Fabre, A. Andrieux, F. Halkett, P. Frey

INRA, Université de Lorraine, UMR 1136 Interactions Arbres – Microorganismes (IAM), F-54280
Champenoux, France

Le peuplier constitue une production importante en Europe pour le bois d'industrie et sa contribution à des filières énergétiques est en nette progression. La rouille, causée par le champignon pathogène *Melampsora larici-populina* (*Mlp*), est le principal facteur limitant la croissance du peuplier. La sélection de variétés à résistances qualitatives a conduit à des échecs répétés depuis 1980, suite au contournement de la totalité de ces résistances par l'apparition de nouveaux facteurs de virulence. La recherche de résistances plus durables a conduit les améliorateurs à prêter plus d'attention aux résistances quantitatives. Parallèlement, les pathologistes ont cherché à mesurer le potentiel évolutif du champignon sur d'autres traits d'histoire de vie (THV) du champignon en lien avec l'agressivité et/ou le potentiel de dispersion. Les approches de génétique quantitative que nous souhaitons appliquer nous permettront de déterminer si ces caractères quantitatifs sont héréditaires et impactent directement la fitness de l'espèce, caractéristiques pouvant conduire à une évolution rapide des populations du pathogène en réponse aux pressions de sélection exercées par l'hôte. La cartographie de ces caractères d'intérêt requiert la construction d'une carte génétique à haute résolution du champignon et la mesure de traits qui ségrégent dans une descendance. La maîtrise en laboratoire du cycle sexué de *Mlp* nous a permis d'adopter une stratégie de cartographie génétique par re-séquençage de 96 descendants issus d'une autofécondation de la souche 98AG31 (génome de référence, 462 scaffolds), basée sur environ 145 000 SNPs. Les analyses préliminaires ont déjà permis de regrouper 81 scaffolds en 23 groupes de liaison. Concernant la cartographie des THV qualitatifs, seule une virulence vis-à-vis de *P. deltoides* 'L270-3' ségrége dans la descendance étudiée, ce qui en fait un THV potentiellement cartographiable. Concernant les THV quantitatifs liés à la morphologie des spores, les données brutes sur les 96 descendants montrent une ségrégation nette des traits « longueur » et « largeur » des urédospores. Les QTLs d'agressivité (latence, efficacité d'infection, sporulation, taille des lésions, quantité de mycélium) sont en cours d'acquisition et seront cartographiés s'ils présentent une ségrégation suffisante dans cette descendance.

Duplessis S *et al.*, 2011. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 108, 9166-9171.

Huang XH *et al.*, 2009. *Genome Research* 19,1068-1076.

Lannou C, 2012. *Annual Review of Phytopathology* 50, 319-338.

Mots-clés : cartographie génétique, QTLs, génétique quantitative, traits d'histoire de vie, agressivité, fitness