



HAL
open science

QTL GpaVsspI Pdt/nématodes

Bernard Caromel

► **To cite this version:**

Bernard Caromel. QTL GpaVsspI Pdt/nématodes. Rencontres Scientifiques du DGAP, Mar 2010, La Colle sur Loup, France. hal-02815542

HAL Id: hal-02815542

<https://hal.inrae.fr/hal-02815542>

Submitted on 6 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.

Département
Génétique et Amélioration des Plantes

Les rencontres scientifiques du DGAP

23, 24 et 25 mars 2010
La Colle sur Loup



ALIMENTATION
AGRICULTURE
ENVIRONNEMENT

INRA

Projet 21 : QTL GpaVsspl Pdt/nématodes

- Responsable du projet : Caromel Bernard

- Unité : UR GAFL 1052

- Financement :

Année	2005	2006	2007	2008	2009
Montant (K€)		6,58			

Objectifs du projet : Séquençage d'un clone BAC de pomme de terre, afin de développer des marqueurs moléculaires pour la cartographie à haute résolution et l'atterrissage chromosomique au locus GpaVspl, impliqué dans la résistance au nématode à kyste *Globodera pallida* chez la pomme de terre.

Méthodologie : Le QTL à effet fort, GpaVspl, est originaire de l'espèce sauvage *Solanum sparsipilum*, apparentée à la pomme de terre cultivée, *S. tuberosum* (Caromel et al. 2005 MPMI). Il a été cartographié comme un locus marqueur grâce au développement d'un modèle statistique permettant de prendre en compte l'effet d'un QTL à effet faible, pour le phénotypage des individus recombinants entre les marqueurs flanquant le QTL GpaVspl. Les marqueurs flanquant et cosegrégeant avec le locus GpaVspl ont été hybridés sur des membranes comportant les clones de la banque BAC de pomme de terre, construite dans le cadre du projet européen APOPHYS. Un clone BAC, qui hybride avec les marqueurs cosegrégeant avec GpaVspl et avec un marqueur situé à 0,4 cM, coté distal, a été identifié. Il a été séquencé par la société COGENIX grâce au financement du DGAP. Les séquences des marqueurs situés à 0,4 cM de GpaVspl, coté proximal, et celles de deux marqueurs cosegrégeant avec GpaVspl, avaient été définies à partir de la séquence d'un clone BAC de l'espèce apparentée *S. demissum*, disponible dans les bases de données publiques.

Résultats majeurs : La séquence complète (143 kb) du clone BAC de *S. tuberosum* a été obtenue et annotée. Elle couvre 80% de l'intervalle entre les marqueurs flanquant le locus GpaVspl, les 20 % restant correspondant à la séquence du BAC de *S. demissum* disponible dans les bases de données publiques. Des marqueurs, régulièrement répartis, ont été définis à partir de ces séquences, et cartographiés dans une descendance en ségrégation de 1500 clones de pomme de terre (collaboration APBV-Ploudaniel). Les clones recombinants ont été phénotypés au laboratoire de nématologie de BiO3P-Le Rheu. Cette cartographie à haute résolution a permis de localiser le gène sous-jacent au QTL GpaVspl dans un intervalle équivalent à 30 kb chez *S. tuberosum* et chez *S. demissum*. L'annotation de ces 30 kb avec des logiciels de prédiction de gène a révélé la présence de deux gènes candidats : un gène candidat appartenant à la famille des mTERF et un gène candidat appartenant à la famille des NBS-LRR. Les séquences de ces gènes candidats ont servi de base pour construire des vecteurs RNAi permettant d'éteindre spécifiquement leur expression et pour définir des amorces permettant de mesurer leur niveau d'expression par Q-RT-PCR. Aucune différence significative du niveau d'expression du gène mTERF n'a été observée par Q-RT-PCR. En revanche, l'analyse du niveau d'expression du gène NBS-LRR a montré que ce gène était constitutivement plus exprimé dans les plantes possédant l'allèle de résistance au QTL GpaVspl que dans les plantes possédant l'allèle de sensibilité. De plus, les plantes RNAi pour lesquels l'expression du gène NBS-LRR a été diminuée de plus de 95 % ne présentent plus la nécrose caractéristique de la réaction de résistance à *G. pallida*. Ces résultats suggèrent que le gène NBS-LRR est impliqué dans la résistance à *G. pallida*.

Valorisation (publication, brevet, autres) :

Un brevet sur l'utilisation du gène sous-jacent au QTL GpaVspl a été déposé par l'INRA le 31/12/2009 (demande de brevet n°09 06432).

Rapports de stage L. Bruguier (2007) et A. Vernet (2008)

Une publication sur l'atterrissage chromosomique au locus GpaVspl sera soumise après l'année de priorité du brevet.