

Proposition contrat DOCTORAL INRAE- IMPLANTEUS

Diversité génétique et fonctionnelle du NLRome/résistome chez le melon

La plus grande famille de gènes de résistance aux pathogènes et ravageurs est formée par les gènes de type NLR. Malgré les connaissances accumulées, le rôle spécifique de chaque NLR reste largement méconnu, en particulier dans les résistances quantitatives. Cette méconnaissance est liée à un processus séquençage/assemblage/annotation qui n'a pas été satisfaisant avec les technologies short-reads du fait de la structure et de l'organisation de ces gènes. L'enjeu scientifique est de décrire pleinement le NLRome d'une espèce, le melon, d'en comprendre le rôle dans l'expression de l'immunité face un large cortège de ravageurs et de pathogènes et d'explorer les possibilités de recombinaison dans un cluster de NLR complexe.

Le faible nombre de NLR dans le génome du melon et la petite taille de ce génome, font que cette espèce est particulièrement adaptée à la caractérisation complète du NLRome dans un panel de diversité. Un NLRome sera produit sur environ 150 lignées de melon par un séquençage sélectif de longs fragments d'ADN. La phylogénie des NLR sera établie et un NLRome de référence ou pan-NLRome sera construit. Le phénotype de plusieurs centaines d'accessions est déjà disponible à INRAE et des phénotypes complémentaires seront acquis par un consortium de partenaires privés. Des études de génétique d'association seront menées entre variabilité phénotypique et variabilité du NLRome sur les 150 lignées. La distribution des points de recombinaison dans un cluster complexe de NLR d'environ 500 kb contenant un grand nombre de variants de type présence/absence sera analysée.

Collaboration et Valeur ajoutée

La thèse sera menée en cotutelle entre **INRAE GAFL (Avignon)** et **EPGV (Evry-GENOSCOPE)**. La thèse se déroulera en collaboration avec **INRAE Pathologie Végétale** d'Avignon, avec Cécile Desbiez, spécialisée sur les virus des Cucurbitacées.

Un consortium **d'entreprises semencières** est en construction. Cette collaboration devrait permettre de multiplier le nombre de bio-agresseurs considérés dans le projet en utilisant au mieux la force de phénotypage des partenaires. Les échanges en cours de thèse avec ce consortium permettront à l'étudiant un contact approfondi avec des employeurs potentiels.

Prendre contact pour plus d'informations avec l'une des co-directrices de thèse

Nathalie.boissot@inrae.fr -

<https://www6.paca.inrae.fr/gafl/>

Patricia.favre-rampant@inrae.fr

<https://www6.versailles-grignon.inrae.fr/epgv/>

Publications récentes du (des) responsable(s) de la thèse, en rapport avec le projet proposé

- Monnot S., Desaint H., Mary-Huard T., Moreau L., Schurdi-Levraud V., **Boissot N.** (2021) Decipher the genetic architecture of plant resistance to viruses by GWAS, state of the art and State of the Art and Potential Advances. *Cells* 2021, 10(11).
- Canaguier A., Guilbaud R., Denis E., Magdelenat G., Belser C., Istace B., Cruaud C., Wincker P., Le Paslier M.-C., **Favre-Rampant P.**, Barbe V. (2021) Genomics technologies evaluation for plant structural variation detection. *bioRxiv* 2021.04.16.440130
- Chovelon V., Feriche-Linares R., Barreau G., Chadoeuf J., Callo, C., Gautier V., Le Paslier M.C., Berard A., **Favre-Rampant P.**, Lagnel J. and **Boissot N.** (2021) Building a cluster of NLR genes conferring resistance to pests and pathogens: the story of the Vat gene cluster in cucurbits. *Horticulture Research*, 8.
- Toda N., Rustenholz C., Baud A., Le Paslier M.C., Amselem J., Merdinoglu D., **Favre-Rampant P.** (2020) NLGenomeSweeper: A Tool for Genome-Wide NBS-LRR Resistance Gene Identification. *Genes*, 11.