

THÈSE EN COURS

Diversité génétique et fonctionnelle du NLRome/résistome chez le melon

DURÉE

2022-2025

LABORATOIRE ET ÉQUIPE

INRAE PACA

UR 1052 GAFL - Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes

Équipe ReDD - Résistance aux pathogènes et aux ravageurs, Diversité et Durabilité

INRAE EPGV - Étude des Polymorphismes des Génomes Végétaux

INRAE GAFL



INRAE EPGV



RESPONSABLES SCIENTIFIQUES

Doctorant : Javier BELINCHON-MORENO

Direction : Nathalie BOISSOT (INRAE GAFL)

et Patricia FAIVRE-RAMPANT (INRAE EPGV)

MOTS-CLÉS

Résistance, Ravageur, pathogène, Génomique, NLRome, *Cucumis melo*

RÉSUMÉ

La plus grande famille de gènes de résistance aux pathogènes et ravageurs est formée par les gènes de type NLR. Chez le melon, 81 gènes NLR ont été prédits et 45 % d'entre eux sont regroupés en 9 clusters. 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 séquençage/assemblage/annotation qui n'ont pas été satisfaisants 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 pathogènes et d'explorer les possibilités de recombinaison dans un cluster de NLR complexe.

PARTENAIRES

