



PROJET NOUVEAU CHERCHEUR

Post-Doc (24 mois)

Application de l'outil RenSeq à la caractérisation des gènes à activité kinase chez le blé

Post-Doctorant : David Lopez, puis Andrea Garavito, responsable scientifique C. Saintenac

La septoriose, causée par le champignon *Zymoseptoria tritici*, est l'une des principales maladies du blé en France. Face à l'érosion de l'efficacité des traitements fongicides en raison de la présence croissante de souches multi-résistantes dans les populations naturelles de *Z. tritici*, la sélection de variétés de blé génétiquement résistantes représente une alternative prometteuse et plus respectueuse de l'environnement. Seulement 21 gènes majeurs de résistance, appelés gènes *Stb*, ont été identifiés chez le blé. En collaboration avec plusieurs laboratoires internationaux, l'équipe Maladies des Céréales (MDC, UMR GDEC) a réussi le clonage positionnel des deux premiers gènes de résistance à la septoriose, *Stb6* (Saintenac et al, *Nature Genetics* 2018) et *Stb16q* (Saintenac et al, en préparation). Ces gènes appartiennent à la grande famille des récepteurs à activité kinase (Receptor Like Kinase ou RLK). Alors que plusieurs années sont en général nécessaires pour réaliser le clonage positionnel d'un gène chez le blé, le développement d'une technologie innovante, appelée RenSeq (Resistance gene enrichment Sequencing, Jupe et al, *Plant J.* 2013), a permis en quelques mois d'identifier plusieurs gènes de résistance majeurs à la rouille noire, appartenant tous à la famille des NB-LRR (Steuernagel et al, *Nature Biotechnology* 2016 ; Arora et al, *Nature Biotechnology* 2019). Cette technologie reposait sur l'utilisation combinée d'un outil d'enrichissement de séquences permettant de capturer l'ensemble des gènes NB-LRR présents au sein d'une accession portant un gène majeur de résistance et de mutants EMS sensibles à la rouille issue de l'accession résistante. Le gène NB-LRR portant une mutation chez tous les mutants sensibles correspondait au gène de résistance.

L'objectif du **projet RenKseq** est de valider l'utilisation d'une stratégie de type RenSeq pour (1) l'identification de l'ensemble des gènes de type RLK présents chez différentes accessions de blé tendre, et la caractérisation de leur diversité, et (2) le clonage d'un gène majeur de résistance à la septoriose à large spectre identifié chez *Pocho*, une variété de pays présentant une très bonne résistance à la septoriose. Les résultats de ce projet permettront de valider une approche novatrice, universelle et très prometteuse pour le futur et de disposer de nouvelles ressources pour la sélection de variétés de blé résistantes et l'étude du pathosystème blé / *Z. tritici*.