



## Soutien spécifique à la Génétique Végétale (SRESRI 2016)

Le soutien spécifique accordé, en 2015 et 2016, à la génétique végétale du site clermontois par la Région Auvergne dans le cadre de son SRESRI, soutien validé par la Région Auvergne – Rhône-Alpes, a un double objectif : (1) de renforcer la position de leader au niveau international des recherches sur les céréales acquise ces dernières années par l'UMR GDEC, et (2) de contribuer à la structuration des forces présentes sur le site clermontois autour de la génétique végétale. Les projets financés par les dotations 2015 et 2016 s'inscrivent dans le cadre général de l'amélioration du rendement et de la qualité du blé tendre, dans un contexte de développement d'une agriculture plus durable (transition agro-écologique) et de changement climatique.

La dotation 2016 (500 k€) se compose de cinq allocations de recherche se déclinant de la façon suivante :

### Thèse 1

#### **Caractérisation du mécanisme de défense associé à *Stb16q*, un gène de résistance majeur et large spectre à la septoriose chez le blé tendre**

Doctorante : Mélissa Batache (2018 - ), Directeur de Thèse T. Langin (DR-CNRS, UMR GDEC), co-encadrant C. Saintenac (CRCN-INRA, UMR GDEC)

Chaque année, les rendements de blé sont fortement impactés par le champignon *Zymoseptoria tritici*, agent responsable de la principale maladie du blé, la septoriose. La réduction de l'utilisation des fongicides, principal moyen de lutte actuel, nécessite le développement de variétés de blé présentant des résistances durables contre ce pathogène. L'incroyable diversité génétique de *Z. tritici* est une des difficultés majeures pour construire des résistances durables contre cet agent pathogène. Ainsi, pour utiliser les gènes de résistance de façon la plus efficace et la plus durable possible, un des enjeux scientifiques est de mieux comprendre la nature de l'interaction entre *Z. tritici* et le blé, et en particulier, de disséquer les mécanismes moléculaires et physiologiques associés aux gènes de résistance. Si plus d'une vingtaine de gènes de résistance à la septoriose (gènes *Stb*) avaient été identifiés chez le blé tendre, et certains d'entre eux cartographiés, aucun n'avait à ce jour fait l'objet d'un clonage. L'équipe Maladies des Céréales (MDC, UMR GDEC) vient d'achever le clonage des deux premiers gènes de résistance à la septoriose du blé, *Stb6* (Saintenac et al, *Nature Genetics* 2018) et *Stb16q* (Saintenac et al, en préparation). Ce projet de Thèse, qui a donc pour objectif l'analyse fonctionnelle du gène majeur *Stb16q*, seul gène *Stb* connu à spectre large, est structuré autour de deux axes complémentaires (1) identification du ou des signaux extracellulaires perçus par le facteur de résistance STB16, et (2) caractérisation des événements moléculaires et physiologiques résultant de la perception de ces signaux. Les résultats attendus devraient nous permettre d'identifier les bases moléculaires et physiologiques du large spectre d'action associé au gène *Stb16q*. Ce projet bénéficie pour sa réalisation de collaborations internationales.

### Thèse 2

#### **Déterminisme moléculaire de l'ajustement des ressources hydriques et carbonées de la plante saine ou malade**

Doctorant : Florian Rocher (2018 - ), Directeur de Thèse Philippe Label (DR2-INRA, PIAF), co-encadrant Ludovic Bonhomme (MCU-UCA, GDEC)

Ce projet, conduit dans le cadre d'une collaboration entre l'UMR PIAF et l'UMR GDEC, vise à analyser le lien entre gestion des ressources nutritives et hydriques par la plante et contrôle du développement

d'une maladie. Le modèle choisi pour cette étude est la fusariose de l'épi, une des principales maladies du blé. Les approches pluridisciplinaires mises en place (description fine des processus cellulaires, analyse de paramètres écophysiologicals tels que potentiel de base ou conductance stomatique, transcriptome), devraient permettre (1) d'identifier les gènes clefs pilotant le flux des ressources vitales du blé, de la feuille jusqu'à l'épi, ciblés par le champignon *Fusarium graminearum*, principal agent responsable de la fusariose de l'épi chez le blé, et (2) d'apporter un éclairage nouveau et tout à fait original sur les ajustements moléculaires systémiques de la plante soumise à l'agent pathogène et permettront de décrypter la synchronisation des événements moléculaires de la plante entière qui contribuent au développement localisé de la maladie. Ce projet est réalisé dans le cadre d'une collaboration avec l'équipe de K. Chenu en Australie, internationalement reconnue pour ses travaux originaux sur la tolérance des céréales aux stress hydrique et thermique.

### **Thèse 3**

#### **Sélection multicaractères chez le blé tendre : apport des outils de sélection génomique**

Doctorante : Sarah Ben Sadoun (2017 - ), Directeur de Thèse Gilles Charmet (DR-INRA, UMR GDEC) et co-encadrante Sophie Bouchet (CRCN-INRA, UMR GDEC)

La sélection génomique a été initialement conçue pour prédire la valeur génétique de caractères quantitatifs à partir de marqueurs moléculaires (avec une densité suffisante pour capturer l'information de tous les QTL). Cette méthode a fait la preuve de son efficacité, par exemple pour améliorer les performances laitières des taureaux. L'extension multicaractère dans le cadre de la théorie des index de sélection est relativement directe, puisqu'il s'agit de construire et d'appliquer les équations de prédiction à des combinaisons linéaires des traits initiaux. C'est ce qui est fait pour les bovins laitiers avec des pondérations données aux différents caractères (kg de lait, taux protéiques et butireux...).

Cependant, chez le blé tendre, la sélection n'est pas conduite sur un index multicaractère, elle porte sur des caractères de différentes natures dont les pondérations relatives ne sont pas évidentes à trouver : quantitatifs (ex rendement, teneur en protéines du grain...), qualitatif (certaines résistances aux maladies...), ou ordonnés (classes de valeur boulangère...). De plus, la sélection est généralement pratiquée par étape, d'abord sur des caractères simples, puis sur des caractères complexes dont l'évaluation est plus lourde (rendement en réseau multilocal, valeur boulangère...).

L'objectif de cette Thèse est d'explorer différentes méthodes ou combinaisons de méthodes permettant de prendre en compte simultanément plusieurs catégories de caractères afin d'optimiser les composantes du gain génétique (sur chacun d'eux, globalement, ...).

### **Post-Doc 4**

#### **Diversité structurale et dynamique du génome du blé tendre**

Post-Doctorant : Cécile Monat (2019 – 2020), responsable scientifique du projet Frédéric Choulet (IR INRA, UMR GDEC)

L'analyse de la séquence du plus grand des chromosomes du blé tendre, le 3B (Choulet et al, *Science* 2014), puis du génome complet (*Science* 2018), a permis de mettre en évidence une organisation très particulière des grands chromosomes avec, en particulier, une compartimentation structurale et fonctionnelle. L'objectif de ce stage post-doctoral est de valider cette organisation au génome d'une autre variété de blé tendre. Notre choix s'est porté sur la variété Renan. Considérée comme une variété de référence au sein de l'Unité, cette variété présente des propriétés originales (variété de référence en culture biologique, nombreuses introgressions, durabilité de ses résistances aux maladies, tolérance à des stress abiotiques, ...). La séquence du génome de Renan est réalisée en collaboration avec le Génoscope (projet France Génomique WheatOmics). La première tâche du Post-Doctorant est l'assemblage du génome Renan, la caractérisation des régions spécifiques par rapport aux autres variétés dont le génome est disponible, et une analyse fine des régions issues d'introgressions récentes au niveaux structural et fonctionnel. Un focus particulier sera mis sur les éléments transposables, leur diversité, la régulation de leur expression, et leur rôle dans l'architecture du génome.

### **Post-Doc 5**

#### **Caractérisation des gènes de l'épirégulation chez le blé tendre par recherche translationnelle à partir d'*Arabidopsis* (EpiREGUL, stage post-doctoral de 24 mois)**

Responsables scientifiques O. Mathieu (DR-CNRS, UMR GReD) et J. Salse (DR-INRA, UMR GDEC), recrutement en cours, prévu automne 2019

Il est aujourd'hui clairement établi que de nombreux caractères agronomiques, allant de l'architecture des plantes au déclenchement de la floraison, ne sont pas uniquement gouvernés par la séquence d'ADN, mais également par des modifications chimiques de l'ADN et des histones qui lui sont associées. On parle alors de régulation épigénétique de ces caractères. Grâce à la machinerie épigénétique, les plantes peuvent ainsi développer une réponse adaptative notamment en réponse aux contraintes, sans que le code génétique (la séquence d'ADN) ne soit affecté. Ce projet post-doctoral a pour ambition de caractériser structurellement et d'étudier fonctionnellement les gènes de l'épirégulation (i.e. méthylation

de l'ADN et marques d'histones) chez le blé tendre. Sur la base des expertises acquises par les deux équipes impliquées dans le projet en termes de régulation épigénétique chez l'espèce modèle *Arabidopsis thaliana* (équipe O. Mathieu) et aux données de génomique évolutive comparée (équipe J. Salse), les gènes analogues (histone acetyltransferase et histone/ADN methyltransferase) chez le blé tendre seront identifiés et leur diversité étudiée par séquençage. Une analyse fonctionnelle, en se basant sur une population de mutants à disposition ou par mutagenèse dirigée, permettra d'étudier le rôle des épitrégulateurs au cours du développement du grain de blé en réponse aux contraintes biotiques et abiotiques.