

PROPOSITION D'UN PROJET DE THÈSE A L'ÉCOLE DOCTORALE « Écologie, Géosciences, Agronomie, Alimentation »

INFORMATIONS GÉNÉRALES

Titre de la thèse : Diversité des locus et gènes de résistance au mildiou et aux nématodes à kyste chez la pomme de terre, pour la sélection de multi-résistances durables
Acronyme : PotMultiRes
Champ disciplinaire 1 : Agronomie Champ disciplinaire 2 : Ecologie
Trois mots-clés : GBS, GWAS, haplotype
Unité d'accueil : UMR 1349 IGEPP
Nom, prénom du directeur de thèse (HDR indispensable): Marie-Laure PILET-NAYEL Adresse mail : marie-laure.pilet-nayel@inrae.fr Nom, prénom du co-directeur (le cas échéant) (HDR indispensable): Adresse mail : Nom, prénom du co-encadrant de thèse 1 (le cas échéant) : ÉSNAULT Florence Adresse mail : florence.esnault@inrae.fr Nom, prénom du co-encadrant de thèse 1 (le cas échéant) : KERLAN Marie-Claire Adresse mail : marie-claire.kerlan@inrae.fr
Financement (origine et montant) : CIFRE (ACVNPT) : 100%
Contact(s) (adresse postale) : IGEPP, Domaine de la Motte, BP 35327, 35653 LE RHEU Cedex
Mode de recrutement Le mode de recrutement du doctorant dépend de la nature du financement du projet de thèse. Pour identifier le mode de recrutement, veuillez consulter le site web de l'ED EGAAL - cliquez ici . Le projet de thèse ne sera pas publié si cette information est manquante. <input type="checkbox"/> Concours <input checked="" type="checkbox"/> Entretien <input type="checkbox"/> Autre (précisez) :

**Toutes les rubriques de ce document doivent être remplies.
Une fois complété, merci d'enregistrer ce document au format pdf avec le nom suivant :
Nom du Directeur thèse_Unité_Acronyme du sujet_FR.pdf**

DESCRIPTION SCIENTIFIQUE DU PROJET DE THÈSE

Contexte socio-économique et scientifique : (10 lignes)

Dans le contexte d'une agriculture souhaitée sans pesticides, la résistance génétique est un levier nécessaire de protection des plantes contre les bioagresseurs. Diversifier les sources de résistance et exploiter les résistances quantitatives sont des stratégies de recherche majeures pour construire des résistances durables. La pomme de terre, 4ème culture vivrière mondiale, est confrontée à de multiples maladies, parmi lesquelles le mildiou contrôlé par des quantités élevées d'intrants phytosanitaires, et les nématodes à kyste pour lesquels les moyens de lutte sont de plus en plus limités. Des gènes et des QTLs de résistance à ces deux pathogènes ont été identifiés mais l'efficacité des gènes R s'avère peu durable, en particulier vis-à-vis du mildiou. Il est nécessaire d'acquérir davantage de connaissances sur la diversité, l'organisation génomique comparée et les gènes sous-jacents aux locus de résistance à ces deux pathogènes, afin de les combiner pour la création de variétés multi-résistantes durables chez la pomme de terre.

Hypothèses et questions scientifiques (8 lignes)

La question de recherche posée au candidat est : Quelle est la diversité des gènes et locus de résistance au mildiou et aux nématodes à kyste chez la pomme de terre, exploitable pour la sélection de multi-résistances durables?

Nous émettons les hypothèses suivantes : (i) Il existe une diversité de locus et allèles de résistance à un même bioagresseur dans différentes sources de résistance ; il existe des QTLs spécifiques de chacun des bioagresseurs et d'autres conférant une résistance à plusieurs bioagresseurs ; (ii) La combinaison de différents QTLs et d'haplotypes à ces QTL issus de différentes sources permet de sélectionner des multi-résistances durables (iii) Les gènes sous-jacents aux QTL peuvent correspondre à des gènes impliqués dans la reconnaissance du pathogène, dans des mécanismes de défense ou dans des caractères intrinsèques de la plante.

Principales étapes de la thèse et démarche (10-12 lignes)

Tâche 1. Analyser la diversité des QTLs de résistance au mildiou et aux nématodes à kyste

Des analyses GWAS (Genome-Wide Association Study) seront conduites sur un panel de géniteurs améliorés en exploitant des données de phénotypage et des données génotypage GBS déjà acquises. Les données de génotypage GBS devront être analysées au préalable (séjour au James Hutton Institute (Ecosse) à prévoir). Les positions génomiques des QTL de résistance au mildiou et aux nématodes identifiés par GWAS seront comparées.

Tâche 2. Identifier les haplotypes de résistance à combiner pour la sélection de multi-résistances

Des haplotypes associés à la résistance seront identifiés au sein du panel dans les régions des principaux QTL détectés par GWAS. L'association de ces haplotypes à la résistance sera validée par analyse de liaison dans des descendance disponibles. Le contenu en haplotypes favorables des géniteurs les plus résistants sera étudié afin d'identifier les combinaisons d'haplotypes les plus efficaces pour la sélection de multi-résistances durables.

Tâche 3. Identifier les gènes candidats sous-jacents aux principaux locus

Les marqueurs flanquant les intervalles génétiques des principaux QTL détectés par GWAS seront projetés sur le génome de la pomme de terre, afin d'identifier les régions physiques et gènes candidats sous-jacent(e)s à ces QTL. Une analyse de polymorphisme de séquence et/ou d'expression différentielle (qRT-PCR) de gènes candidats ciblés pourra être réalisée dans un set de génotypes contrastés afin de les valider.

Approches méthodologiques et techniques envisagées (4-6 lignes)

Le doctorant développera des approches méthodologiques dans plusieurs disciplines, incluant (i) la génétique quantitative (analyse de données phénotypiques, GWAS, de liaison, d'haplotypes) sur une espèce autotétraploïde, (ii) la génomique et bioinformatique (analyse GBS, identification SNP, projection sur génome de référence, analyse de polymorphisme de séquences), (iii) la phytopathologie (tests maladie) et (iv) la biologie moléculaire (qRT-PCR).

Compétences scientifiques et techniques requises pour le candidat

Solides connaissances et expériences en génétique quantitative, en particulier en analyse QTL et GWAS. Affinités pour la génétique des polyploïdes. Solides compétences en statistiques (expériences de travail avec R). Connaissances de base en bioanalyse de données génomiques, phytopathologie et génétique moléculaire. Connaissances des interactions plantes-pathogènes au niveau moléculaire.

ENCADREMENT DE LA THÈSE¹

Nom de l'unité d'accueil : IGEPP	Nom de l'équipe d'accueil : Résistance et Durabilité
Nom du directeur de l'unité : Maria MANZANARES-DAULEUX	Nom du responsable de l'équipe : Marie-Laure PILET-NAYEL
Coordonnées du directeur de l'unité : Maria-Manzanares-Dauleux@inrae.fr 02.23.48.51.39 / 54.71	Coordonnées du responsable de l'équipe : Marie-Laure.Pilet-Nayel@inrae.fr 02.23.48.51.94
Directeur de thèse Nom, prénom : PILET-NAYEL Marie-Laure Fonction : DR2 Date d'obtention de l'HDR : 2014 Employeur : INRAE Taux d'encadrement doctoral dans le présent sujet : 40% Taux d'encadrement doctoral en cours (directions et co-directions) (%) : 130% Nombre de directions/co-directions de thèse en cours : 3	
Co-directeur (le cas échéant) Nom, prénom : Fonction : Date d'obtention de l'HDR : Employeur : École doctorale de rattachement : Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet : Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) : Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :	
Co-encadrant de thèse 1 (le cas échéant) Nom, prénom : ESNAULT Florence Fonction : IR1 Titulaire de l'HDR : <input type="checkbox"/> oui <input checked="" type="checkbox"/> non Si oui, date d'obtention de l'HDR : Employeur : INRAE	

¹ Dans l'ED EGAAL, si 1 scientifique dans la direction de la thèse = 100% d'encadrement doctoral ; si 2 personnes impliquées dans la direction de la thèse = entre 50% et 70% d'encadrement doctoral pour l'HDR directeur ; si 3 personnes impliquées dans l'encadrement de la thèse : répartition :40% - 30% - 30% de l'encadrement doctoral.

École doctorale de rattachement :

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :

Co-encadrant de thèse 2 (le cas échéant)

Nom, prénom : KERLAN Marie-Claire

Fonction : IRHC

Titulaire de l'HDR : oui non Si oui, date d'obtention de l'HDR :

Employeur : INRAE

École doctorale de rattachement :

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :

Partenaire privé (si financement CIFRE, privé,...)

Nom, prénom : Barbary Arnaud

Fonction : Coordinateur R&D

Entreprise : ACVNPT

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :

Partenaire international (si thèse en co-tutelle)

Nom, prénom :

Fonction :

Employeur :

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :

Devenir des anciens doctorants du directeur et co-directeur(s)/co-encadrant(s) de thèse (depuis 5 ans) Compléter les informations suivantes pour chaque ancien doctorant

Nom, prénom : DESGROUX Aurore

Date de début et de fin de thèse : 01/09/2012-31/03/2016

Direction de thèse : Maria MANZANARES-DAULEUX puis Marie-Laure PILET-NAYEL

Emploi actuel, lieu : Ingénieur DRAAF Toulouse, puis INRAE Orléans

Contrat (post-doc, CDD, CDI) : IR Fonctionnaire

Liste des publications issues de ce travail de thèse :

Desgroux A, Baudais V, Aubert V, Le Roy G, de Larambergue H, Miteul H, Aubert G, Boutet G, Duc G, Baranger A, Burstin J, Manzanares-Dauleux M, Pilet-Nayel M-L*, Bourion V* (2018). Comparative Genome-Wide-Association Mapping identifies common loci controlling root system architecture and resistance to *Aphanomyces euteiches* in pea. *Frontiers in Plant Sci.*, 8:2195
Desgroux A, L'Anthoëne V, Roux-Duparque M, Rivière J-P, Aubert G, Tayeh N, Moussart A, Mangin P, Vetel P, Piriou C, McGee RJ, Coyne CJ, Burstin J, Baranger A, Manzanares-Dauleux M, Bourion V, Pilet-Nayel M-L (2016). Genome-wide association mapping of partial resistance to *Aphanomyces euteiches* in pea. *BMC Genomics*, 17:124

Nom, prénom : LAVAUD Clément

Date de début et de fin de thèse : 01/09/2012-29/10/2015

Direction de thèse : Régine DELOURME, puis Marie-Laure PILET-NAYEL

Emploi actuel, lieu : Ingénieur de Recherche, KWS-Momont

Contrat (post-doc, CDD, CDI) : CDD

Liste des publications issues de ce travail de thèse :

Lavaud C, Baviere M, Le Roy G, Hervé M, Moussart A, Delourme R, Pilet-Nayel M-L (2016). Single and multiple resistance QTL delay symptom appearance and slow down root colonization by *Aphanomyces euteiches* in pea Near-Isogenic-Lines. *BMC Plant Biol*, 16:166
Lavaud C, Lesné A, Piriou C, Le Roy G, Boutet G, Moussart A, Poncet C, Delourme R, Baranger A, Pilet-Nayel M-L (2015). Validation of QTL for resistance to *Aphanomyces euteiches* in different pea genetic backgrounds using Near Isogenic Lines. *Theor Appl Genet*, 128:2273-2288

Publications majeures des 5 dernières années du directeur de thèse et co-directeur(s)/co-encadrant(s) sur le sujet de thèse :

Bonhomme M, Fariello MI, Navier H, Hajri A, Badis Y, Miteul H, Samac DA, Dumas B, Baranger A, Jacquet C, Pilet-Nayel M-L (2019). A local score approach improves GWAS resolution and detects minor QTL: application to *M. truncatula* quantitative disease resistance to multiple *A. euteiches* isolates. *Heredity*, 123:517-531

Fournet S, Eoche-Bosy D, Kerlan M-C, Grenier E, Montarry J (2018). Phenotypic and Genomic Modifications Associated with *G. pallida* Adaptation to Potato Resistances. *Potato Research*, 61, 65-71

Pilet-Nayel M-L, Moury B, Caffier V, Montarry J, Kerlan M-C, Fournet S, Durel C-E, Delourme R (2017). Quantitative resistance to pathogens in plant pyramiding strategies for durable crop protection. *Frontiers in Plant Sci.* 8:1838

Desgroux A, L'Anthoëne V, Roux-Duparque M, Rivière J-P, Aubert G, Tayeh N, Moussart A, Mangin P, Vetel P, Piriou C, McGee RJ, Coyne CJ, Burstin J, Baranger A, Manzanares-Dauleux M, Bourion V, Pilet-Nayel M-L (2016). Genome-wide association mapping of partial resistance to *A. euteiches* in pea. *BMC Genomics*, 17:124

Esnault F, Le Bot M, Pellé R, Kermarrec MP, Abiven JM, Aurousseau F, Chatot C, Gravouelle JM, Dubreuil H, Marhadour S, Chauvin JE (2018) Multi-site evaluation for resistance to late blight of a collection of INRA improved breeding lines. 19th joint Meeting EAPR Breeding and Varietal Assessment and EUCARPIA Section Potatoes, Rostock-Warnemünde, Germany, December 3rd - 6th.

FINANCEMENT DE LA THÈSE

Origine(s) du financement de la thèse : CIFRE
Salaire brut annuel : 23 500 €
État du financement de la thèse : Acquis
Date du début/durée du financement de la thèse : 01/09/2021, 36 mois

Date : 29/04/2021

Nom, signature du directeur d'unité : Maria MANZANARES-DAULEUX

Maria MANZANARES DAULEUX
Directrice UMR IGEPP

Nom, signature du responsable de l'équipe : Marie-Laure PILET-NAYEL

Nom, signature du directeur de thèse : Marie-Laure PILET-NAYEL