

Recherche de résistances génétiques vis-à-vis de trois espèces virales infectant le melon

Lieu : Unité de Pathologie Végétale (PV) et unité de Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes (GAFL) d'INRAE Avignon

Durée : 6 mois

Dates : Début entre février et mars 2024

Encadrantes : Cécile Desbiez (PV) et Lucie Tamisier (GAFL)

Responsable du projet : Nathalie Boissot (GAFL)

Contexte

Le melon (*Cucumis melo* L., famille *Cucurbitaceae*) est une culture d'importance économique majeure présente dans le monde entier. De nombreux agents pathogènes menacent constamment sa production, notamment des virus appartenant à différentes familles comme le *Watermelon mosaic virus* (WMV, genre *Potyvirus*, famille *Potyviridae*), le *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV, genre *Potyvirus*, famille *Potyviridae*) ou encore le *Tomato leaf curl New Delhi virus* (ToLCNDV, genre *Begomovirus*, famille *Geminiviridae*). Le WMV et le ZYMV sont omniprésents dans nos bassins de production (Desbiez et al., 2020), alors que le ToLCNDV est un virus émergent de quarantaine identifié en France en 2020. Actuellement, ces virus sont principalement contrôlés par l'usage d'insecticides ciblant les insectes vecteurs. Afin de limiter l'emploi d'intrants chimiques, l'utilisation de variétés de plantes génétiquement résistantes représente une alternative à la fois efficace et respectueuse de l'environnement.

Néanmoins, peu de résistances génétiques vis-à-vis de ces virus sont actuellement connues. Deux QTL (Quantitative Trait Loci) à effet majeur contrôlant la résistance au WMV et au ToLCNDV, respectivement, ont été identifiés sur le chromosome 11 (Pérez-de-Castro et al., 2019; Sáez et al., 2017). Parmi les gènes candidats, la protéine VPS4 appartenant au complexe ESCRT (Endosomal sorting complexes required for transport) a récemment été décrite comme étant un nouveau facteur de sensibilité au WMV chez le melon (Agaoua et al., 2022). Le gène *Fn* est également connu pour déclencher la formation de nécroses en réponse à certaines souches de ZYMV (Desbiez et al., 2002).

Objectifs du stage

L'objectif du stage est d'identifier de nouvelles régions génomiques contrôlant la résistance vis-à-vis de ces virus et/ou de confirmer les QTL déjà identifiés. L'étude de trois espèces virales permettra de déterminer si les QTL ont un spectre d'action large ou spécifique, comme nous l'avons précédemment démontré chez le concombre (Monnot et al., 2022). Le/la stagiaire réalisera le phénotypage de 200 accessions de melon pour évaluer leur niveau de résistance au WMV et au ToLCNDV, tandis que les essais pour le ZYMV seront réalisés par un partenaire privé. Un suivi de

l'évolution des symptômes au cours du temps sera effectué. Les 200 accessions de melon ayant été précédemment génotypées, des analyses de génétique d'association (GWAS) permettront d'identifier des QTL de résistance.

Parmi les QTL de résistance déjà identifiés, certains se situent dans des régions riches en gènes NLR (nucleotide-binding domain leucine-rich repeat), qui sont connus pour conférer une résistance aux agents pathogènes et aux ravageurs. Notre équipe séquence actuellement les régions génomiques contenant des NLR chez le melon. Si des QTL localisés dans ces régions sont identifiés durant le stage, le séquençage des NLR pourra être utilisé pour affiner la liste des gènes candidats sous-jacents aux QTL.

Enfin, d'autres phénotypes d'intérêts pour la résistance comme la charge virale seront prochainement étudiés dans l'équipe. Il est ainsi prévu de mesurer la charge virale de 180 génotypes de melon inoculés par différentes souches de WMV. Dans le cadre du stage, l'étudiant(e) aidera à développer une méthode de mesure de la charge virale précise, haut-débit et non biaisée en faveur de certaines souches virales. Plusieurs méthodes seront comparées, notamment la RT-qPCR, le séquençage haut débit et le dot-blot hybridization.

Missions

- Mettre en place des essais de phénotypage sur 200 accessions de melon en serre (WMV) et en serre de confinement S3 (ToLCNDV).
- Phénotyper les accessions de melon pour leur niveau de résistance au WMV et au ToLCNDV, en réalisant des lectures de symptômes dans le temps.
- Réaliser l'analyse statistique des données (GWAS pour les trois virus).
- Contribuer au développement d'une méthode de phénotypage haut-débit pour quantifier la charge virale chez le melon.

Profil

- Niveau M2 en biologie végétale.
- Intérêt pour la santé des plantes et la biologie moléculaire.
- Connaissances en génétique d'association.
- Gestion d'expérimentations réalisées sur de grands effectifs de plantes.
- Rigueur expérimentale et sens de l'organisation.
- Goût du travail en équipe.

Candidature

Envoyer un CV et une lettre de motivation à cecile.desbiez@inrae.fr et lucie.tamisier@inrae.fr

Références

Agoua, A., Rittener, V., Troadec, C., Desbiez, C., Bendahmane, A., Moquet, F., and Dogimont, C. (2022). A single substitution in Vacuolar protein sorting 4 is responsible for resistance to Watermelon mosaic virus in melon. *J. Exp. Bot.* **73**: 4008–4021.

Desbiez, C., Wipf-Scheibel, C., and Lecoq, H. (2002). Biological and serological variability, evolution and molecular epidemiology of Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV, Potyvirus) with special reference to Caribbean islands. *Virus Res.* **85**: 5–16.

- Desbiez, C., Wipf-Scheibel, C., Millot, P., Berthier, K., Girardot, G., Gognalons, P., Hirsch, J., Moury, B., Nozeran, K., and Piry, S.** (2020). Distribution and evolution of the major viruses infecting cucurbitaceous and solanaceous crops in the French Mediterranean area. *Virus Res.* **286**: 198042.
- Monnot, S., Cantet, M., Mary-Huard, T., Moreau, L., Lowdon, R., Van Haesendonck, M., Ricard, A., and Boissot, N.** (2022). Unravelling cucumber resistance to several viruses via genome-wide association studies highlighted resistance hotspots and new QTLs. *Hortic. Res.* **9**: uhac184.
- Pérez-de-Castro, A., Esteras, C., Alfaro-Fernández, A., Daròs, J.-A., Monforte, A.J., Picó, B., and Gómez-Guillamón, M.L.** (2019). Fine mapping of wmv 1551, a resistance gene to Watermelon mosaic virus in melon. *Mol. Breed.* **39**: 1–15.
- Sáez, C., Esteras, C., Martínez, C., Ferriol, M., Dhillon, N.P., López, C., and Picó, B.** (2017). Resistance to tomato leaf curl New Delhi virus in melon is controlled by a major QTL located in chromosome 11. *Plant Cell Rep.* **36**: 1571–1584.