

Proposition de stage de Master 2

Nom et adresse du laboratoire :

INRAE UMR IGEPP (Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes)

Domaine de la Motte, 35650 Le Rheu

Responsable du stage :

- Nom, Prénom : MONTARRY Josselin

- Statut : Chercheur

- Coordonnées (mél, tél) : josselin.montarry@inrae.fr, 02 23 48 51 59

Co-responsable du stage :

- Nom, Prénom : DAVAL Stéphanie

- Statut : Chercheuse

Titre du stage :

Etude transcriptomique des gènes impliqués dans l'adaptation des nématodes aux résistances végétales.

Mots clés :

RNAseq, transcriptomique (analyse différentielle d'expression, enrichissement en termes GO), détection de variants, *Globodera pallida*, pomme de terre, évolution expérimentale en laboratoire.

Résumé du projet de stage :

Le nématode à kyste de la pomme de terre, *Globodera pallida*, constitue un problème phytosanitaire majeur et les dernières substances chimiques efficaces qui permettaient de désinfecter les sols et de lutter contre ce nématode sont aujourd'hui totalement interdites d'utilisation. La principale solution alternative est l'utilisation de variétés de pomme de terre résistantes. Mais toutes les variétés résistantes à *G. pallida* ont le même facteur de résistance et des premières populations virulentes (capables de se multiplier sur ces variétés) ont été détectées dans des champs en Allemagne puis aux Pays-Bas.

Afin de définir des stratégies optimales de gestion durable des résistances, il est aujourd'hui nécessaire d'identifier les gènes du nématode impliqués dans l'adaptation de *G. pallida*. Par une approche d'évolution expérimentale, qui a consisté à confronter une population de *G. pallida* à une variété de pomme de terre résistante (Iledher) ou à une variété sensible (Désirée) pendant 8 générations successives, nous avons obtenu au laboratoire des lignées virulentes et avirulentes ; lignées qui seront utilisées lors du stage pour identifier par une approche de RNAseq les gènes impliqués dans l'adaptation du nématode.

Les transcriptomes de 4 lignées virulentes et de 4 lignées avirulentes seront produits par RNAseq à l'automne 2021 (40 millions de reads pairés Illumina en 2*150 pb par échantillon), et les ressources génomiques nécessaires aux analyses des données (génomome, transcriptome et annotations de référence) sont disponibles. Les objectifs du stage seront d'identifier les gènes différentiellement exprimés entre les lignées capables ou non de se multiplier sur la variété résistante et d'étudier les variations de séquences des transcrits. Les voies biologiques enrichies par les listes de gènes différentiellement exprimés seront également mises en évidence. Les gènes identifiés seront mappés sur le génomome de référence afin de confronter les résultats de transcriptomique à des résultats antérieurs de génomique, issus d'une approche de genome scan qui a permis d'identifier des régions génomiques candidates (Eoche-Bosy et al 2017 Mol. Ecol. 26: 4700-4711). Les lignées seront également phénotypées en boîte

de Petri afin de quantifier leur niveau de virulence et de tester les corrélations entre le niveau d'expression des gènes candidats et le niveau de virulence des lignées.

Les résultats produits serviront à terme au développement d'un outil moléculaire permettant de détecter de nouvelles populations virulentes (épidémio-surveillance) et de suivre la fréquence des allèles de virulence dans des populations confrontées à différentes stratégies de gestion.

L'étudiant recherché devra avoir des compétences en bio-informatique mais être également intéressé par l'expérimentation biologique. Il aura éventuellement l'opportunité de continuer en thèse, puisqu'un sujet sur la génomique de l'adaptation de *G. pallida* à différents facteurs et combinaisons de facteurs de résistance est déposé pour financement INRAE-Région Bretagne.

Montant de l'indemnisation de stage selon la législation en vigueur à INRAE, soit approximativement 570€ par mois.