

## M2 INTERNSHIP SUBJECT

**TITLE :** Caractérisation des mécanismes moléculaires à l'origine de la résistance à la sharka chez l'abricotier par des approches multi-omiques

**CONTEXTE :** La sharka est une maladie virale qui affecte les arbres fruitiers à noyau du genre *Prunus*, incluant les pêchers, abricotiers, pruniers et amandiers. Quelques sources de résistance ont été décrites, principalement chez l'abricotier et l'amandier (Decroocq et al, 2016; Pascal et al, 2002). Cela nous a conduit à mettre en place une stratégie d'introgession de résistance à cycle court, en combinant, chez *P. armeniaca*, des croisements intra-spécifiques portant sur différents traits tels que la résistance à la sharka, l'absence de juvénilité et l'auto-compatibilité. Pour chaque trait, le déterminisme génétique est oligogénique, sinon monogénique.

Les premiers outils moléculaires pour soutenir la sélection ont été développés chez l'abricotier. Ils ciblent un locus majeur situé sur le chromosome 1, nommé WPPVRes1, qui contrôle la résistance à la sharka chez les abricotiers sauvages ; un autre sur le chromosome 6 détermine l'auto-compatibilité. Le troisième, qui contrôle l'absence de juvénilité, est encore inconnu. Ces marqueurs nous permettent de mettre en œuvre la sélection assistée par marqueurs dans des descendance de croisements entre abricotiers cultivés et sauvages. Des études de transcriptomique, de métabolomique chez l'abricotier sauvage et de génétique inverse chez *Arabidopsis thaliana* sont également réalisées.

**OBJECTIFS :** Le but du stage est de valider ces marqueurs moléculaires (1) dans de plus larges panels d'abricotiers cultivés et sauvages, ainsi que dans des descendance ségrégeant pour la résistance à la sharka, (2) de poursuivre la validation génétique et fonctionnelle des gènes candidats identifiés, chez l'abricotier et *Arabidopsis thaliana* et (3) de clarifier le lien entre la résistance à la sharka et les variations métabolomiques et transcriptomiques. À cet égard, des données multi-omiques seront utilisées pour déchiffrer les mécanismes moléculaires sous-jacents à la résistance à la sharka chez l'abricotier.

**MÉTHODES :** Analyse de séquences, analyse de marqueurs moléculaires (SSR, SNP), PCR et Q-RT-PCR, métabolomique non ciblée, cartographie de liaison, génomique et bioinformatique.

**PRE-REQUIS :**

- Niveau Master BAC + 5
- Connaissances: Génétique quantitative, génotypage avec des microsatellites et des SNP, statistiques de base sous R
- Compétences opérationnelles: Extraction ADN/ARN, PCR (polymerase chain reaction) et potentiellement Q-RT-PCR. Notion de base sous R, de statistiques et/ou d'analyses génomiques de base (données NGS, RNA-seq et/ou Métabolomique)
- Languages: Français / Anglais possible

**REFERENCES (2 or 3) :**

Gropi et al (2021). Population genomics of apricots unravels domestication history and adaptive events. *Nature Communications*, 12 (1), 3956, <https://dx.doi.org/10.1038/s41467-021-24283-6>, <https://hal.inrae.fr/hal-03282504>

Mariette et al (2016). Genome-wide association links candidate genes to resistance to Plum Pox Virus in apricot (*Prunus armeniaca*). *New Phytologist*, 209 (2), DOI: 10.1111/nph.13627, <https://dx.doi.org/10.1111/nph.13627>, <https://hal.inrae.fr/hal-01198840>

Decroocq et al (2016). New insights into the history of domesticated and wild apricots and its contribution to Plum pox virus resistance. *Molecular Ecology*, 25 (19), 4712-4729, <https://dx.doi.org/10.1111/mec.13772>, <https://hal.inrae.fr/hal-02328844>

**KEYWORDS (5) :** Sélection Assistée par Marqueurs, génétique inverse, métabolomique, plant-virus interactions

**RESPONSIBLE du stage: Véronique DECROOCQ**

**NOM et ADRESSE DU LABORATOIRE :** UMR BFP, Virology, 71 Avenue Edouard Bourlaux, 33883 Villenave d'Ornon

**TEL :** 0557122383

**E-MAIL :** veronique.decroocq@inrae.fr