

PROJET NO IA113025	Identification des gènes associés au QTL-6B de résistance à la fusariose de l'épi par les approches de la génétique directe et inverse et transfert de la résistance par sélection et cisgenèse à des cultivars de blé
RESPONSABLE	Ajjamada Kushalappa
ÉTABLISSEMENT	Université McGill
DATE DE DÉBUT	Mars 2014

APERÇU DU PROJET

Problématique et lien avec les priorités du secteur. La fusariose de l'épi du blé (FÉB), causée par *Fusarium graminearum*, réduit le rendement en grain et contamine les céréales en mycotoxines, en particulier le déoxynivalénol (DON) qui entraîne des pertes économiques majeures (1 milliard \$/an en Amérique du Nord). Plus de 100 locus de caractères quantitatifs (QTL) pour la résistance à la fusariose ont été identifiés, mais ne sont pas utilisés efficacement dans les programmes d'amélioration génétique par manque de connaissances quant au rôle des gènes impliqués. Une approche métabolomique non ciblée a permis d'identifier un gène candidat au locus QTL-Fhb5 (à effet majeur; projet financé par le MAPAQ) et nous développons des marqueurs spécifiques au gène pour la sélection assistée (MAS). Le projet propose d'identifier les gènes du locus QTL-Fhb2 du chromosome 6B, lequel contribue pour environ 20 % de la résistance à la FÉB. Les gènes de résistance de ce QTL seront identifiés et des marqueurs moléculaires spécifiques seront développés pour faciliter l'introgession de ces gènes par MAS à des cultivars élite. Par ailleurs, les gènes candidats pourront être transférés par cisgenèse/édition génomique de plusieurs gènes. La résistance génétique est un moyen de réduire les niveaux de toxines en grains, l'utilisation de fongicides ainsi que les risques environnementaux et menaces pour la santé.

Objectif(s). En utilisant les NILs portant les allèles contrastantes au locus quantitatif Fhb2 :1. séquencer les gènes du QTL-Fhb2 pour l'identification des gènes de résistance fondée sur la métabolo-protéomique; 2. identifier des métabolites et gènes associés à la résistance, valider la fonction des gènes et développer des marqueurs; 3. identifier protéines et gènes liés à la résistance, valider la fonction des gènes et développer des marqueurs spécifiques.

Hypothèse et moyen proposé. Les plantes luttent contre les agents pathogènes en produisant des composés, métabolites et protéines, qui forment des obstacles structurels ou inhibent directement l'invasion des organismes pathogènes. La biosynthèse de ces produits prend source à partir des gènes. Nous émettons l'hypothèse que les lignées quasi-isogéniques (NILs) différant pour la résistance/sensibilité du QTL-6B ont des profils biochimiques et gènes différents de résistance. L'identification, la validation et au final le transfert de ces gènes candidats à des cultivars permettraient de réduire la biomasse fongique (directement responsable du niveau de mycotoxines), les pertes de rendement et plus important, les mycotoxines dans les grains. Nous avons développé une technologie novatrice et performante pour identifier des gènes actifs contre les stress biotiques basés sur l'approche métabolo-protéomique (Kushalappa et Gunnaiah 2013). L'approche proposée est d'identifier les gènes candidats par la génétique directe (du phénotype au gène) : métabolites ou protéines > transcrits > gènes. Nous validerons les fonctions des gènes candidats par génétique inverse (du gène au phénotype) : en inhibant le gène (gene silencing) et en observant les différences phénotypiques induites (protéines, métabolites et intensité de la maladie). Les NILs portant les allèles différents de résistance/sensibilité seront inoculés avec le champignon ou soumis au traitement témoin, les profils protéiques ou métaboliques seront examinés, les gènes candidats seront identifiés. Ces gènes candidats seront inactivés (gene silencing) pour prouver les impacts sur l'infection et la production de toxines. À terme, les gènes candidats validés pourront être transférés à plusieurs cultivars élite par sélection assistée ou par cisgenèse/édition génomique.