HAL
open science

Diversité de l'abricotier sauvage à l'échelle phénotypique de deux loci et du génome complet

Marie Lepert

To cite this version:

Marie Lepert. Diversité de l'abricotier sauvage à l'échelle phénotypique de deux loci et du génome complet. Sciences agricoles. 2014. dumas-01093362

HAL Id: dumas-01093362

https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-01093362v1

Submitted on 10 Dec 2014

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

AGROCAMPUS OUEST

☐ **CFR Angers**

☑ **CFR Rennes**

Année universitaire : 2013-2014

Spécialité :

Sciences et Productions Végétales

Spécialisation (et option éventuelle) :

Amélioration des Plantes

Mémoire de Fin d'Études

☑ d'Ingénieur de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage

☐ de Master de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage

☐ d'un autre établissement (étudiant arrivé en M2)

Diversité de l'abricotier sauvage à l'échelle phénotypique, de deux loci et du génome complet

Par : Marie LEPERT

Soutenu à Rennes ***le 11/09/14***

Devant le jury composé de :

Président : Maria Manzanares-Dauleux

Maître de stage : Véronique Decroocq

Enseignant référent : Maria Manzanares-Dauleux

Autres membres du jury (Nom, Qualité) : Laurence Hibrand Saint Oyand, Rapporteur

Anne Laperche, Examinateur

Les analyses et les conclusions de ce travail d'étudiant n'engagent que la responsabilité de son auteur et non celle d'AGROCAMPUS OUEST

REMERCIEMENTS

Je tiens ici à remercier les personnes sans qui ce travail n'aurait pu être réalisé : Véronique Decroocq, pour m'avoir accueilli au sein de son laboratoire et m'avoir donné l'occasion de travailler sur ce sujet ; Stéphanie Mariette pour les discussions préliminaires et le professeur Albert Abbott, coordinateur du projet ANR ABRIWG, pour avoir permis le séquençage des individus sauvages. Je remercie également Véronique Decroocq, et David Tricon pour m'avoir transmis leur savoir sur le sujet, Stéphane Decroocq et Aurélie Chague pour avoir généré les données de génotypage par microsatellites et m'avoir aidée dans l'analyse des données et le travail de laboratoire, et Fabienne Wong pour la mise en place du pipeline d'analyse des données génomiques et m'avoir aidée au nettoyage des données de séquençage. Et enfin, l'ensemble du personnel, doctorants et stagiaires du laboratoire pour m'avoir occasionnellement apporté leur aide et leurs conseils.

SOMMAIRE

INTRODUCTION....1
Les enjeux de la production fruitière....1
L'abricotier....1
Importance économique....1
Histoire....1
Biologie....2
Génétique....2
Auto-incompatibilité....2
Résistance à la sharka....3
La maladie de la sharka....3
Dissémination de la maladie....3
Méthodes de lutte....3
Mécanismes de résistance....4
Adaptation au réchauffement climatique....4
Hypothèses et objectifs de cette étude....5
MATÉRIEL et MÉTHODES....6
Matériel végétal....6
Phénotypage....6
Analyse du marqueur d'auto-compatibilité....7
Analyse du marqueur de résistance à la sharka....7
Analyse de la structure des populations avec les marqueurs SSR....7
Extraction de l'ADN et séquençage....8
Nettoyage des données de séquençage issues de 77 accessions d'abricotiers sauvages....8
Analyse des données de séquençage....8
RESULTATS....9
Analyse de la diversité phénotypique du caractère « débourrement » chez les abricotiers d'Asie centrale et du Caucase....9
Analyse en composantes principale (ACP)....9
Analyse de variance....9
Structuration des abricotiers d'Asie centrale et du Caucase selon la variabilité phénotypique....10
Analyse de la structuration chez les individus sauvages et les variétés anciennes....10
Analyse de la structuration au sein des individus sauvages uniquement....10
Analyse sans individus apparentés....10
Synthèse des résultats obtenus lors de l'analyse de la diversité phénotypique chez les abricotiers provenant d'Asie Centrale et du Caucase....11
Diversité génétique aux loci *PPVres* et *SI*....11
Locus majeur contrôlant la résistance à la sharka....11
Auto-Incompatibilité....12
Diversité génétique globale à partir des données de génotypage issues de 21 loci microsatellites....12
Distance génétique et flux de gènes entre populations....13
Différenciation des populations....14
Phylogénie....14
Synthèse des résultats obtenus lors de l'analyse de la diversité génétique au niveau de 21 loci microsatellites....14
Diversité génétique globale à partir des données de SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) répartis sur l'ensemble du génome....15

Estimation de la diversité génétique des abricotiers sauvages d'Asie centrale 15
Structuration des populations naturelles d'abricotiers sur la base de 2 076 SNPs 15
Distance génétique et flux de gènes entre populations 15
Différenciation des populations 15
Phylogénie des accessions séquencées à partir de 2076 SNPs 16
Synthèse des résultats obtenus lors de l'analyse de la diversité génétique au niveau des SNPs 16
DISCUSSION 16
Des variétés anciennes avec de faibles besoins en froid 16
Le débourrement, une variable échouant à révéler une structuration au sein des abricotiers sauvages. 17
Un potentiel des populations sauvages pour lutter contre la sharka 18
Une mutation « récente » à l'origine de l'auto-compatibilité ? 18
Une proximité des abricotiers issus du Caucase avec le matériel cultivé et caucasien révélée par les marqueurs SSR 19
Des flux de gènes entre compartiments sauvage et cultivé 19
Des populations sauvages isolées par distance ? 20
Des populations sauvages peu structurées 20
Une faible structuration des populations observée avec les marqueurs SNP 21
Une diversité importante révélée par les SNP 21
Une séparation précoce du compartiment cultivé 22
Des interrogations qui demeurent... 22
CONCLUSION ET PERSPECTIVES 24
BIBLIOGRAPHIE 24

LISTE DES ABRÉVIATIONS/GLOSSAIRE

ABRIWG=ABRicot Whole Genome : Projet visant à étudier la résistance à la sharka au niveau pan-génomique sur les abricotiers cultivés
ACP=Analyse en Composantes Principales
ADN=Acide DesoxyriboNucléique
AFLP=Amplification Fragment Length Polymorphism
ANOVA=ANalysis Of VAriance
ANR=Agence Nationale de la Recherche
Apr=richesse allélique privée
Ar=richesse allélique
ARN/RNA=Acide RiboNucléique
ARS-USDA= Agricultural Research Service-United States Department of Agriculture
ELISA= Enzyme-Linked ImmunoSorbent Assay
EPPO=European and Mediterranean Plant Protection Organization
F1= première génération d'autofécondation
FIS,FST,FIT=Indicateurs statistiques de Wright
GPS=Global Positioning System
He=hétérozygotie attendue
HF= somme d'heures de froid (température inférieure à 7°C) nécessaires pour atteindre le stade 3
HJ= nombre d'heures de jour depuis l'équinoxe d'hiver pour atteindre le stade 3
Ho=hétérozygotie observée
IBD=Isolation By distance
INRA=Institut National de la Recherche Agronomique
locus S : gène participant à l'auto-incompatibilité
MAF=minor Allele Fraquency
MANOVA=Multiple ANalysis Of VAriance
MARS=Molecular Assisted Resistance to Sharka : Projet similaire à ABRIWG
MATH= meprin and TRAF homology
Mb=Megabases
Na=nombre d'allèles
Nm=nombre de migrants : estimateur du flux de gènes
pb=paires de bases
PCR= Polymerase Chain Reaction
PGS1.21=marqueur lié à la résistance à la sharka
PPV= Plum Pox virus : virus provoquant la maladie de la sharka
QTL=Quantitative Trait Loci
RG= quantité de rayonnement solaire pour atteindre le stade 3 depuis le premier septembre
SAM= Sélection Assistée par Marqueur
SEO=Stark Early Orange : nom d'une variété d'abricot
SFB=S-haplotype specific F-Box : gène participant à l'auto-incompatibilité
SI=Self Incompatibility
SNP= Single Nucleotid Polymorphism
S-RNAse= Ribonucléase codée par le locus S
SSLP=Simple Sequence Lenght Polymorphism
SSR=single Sequence Repeat
STONE=projet européen visant à étudier la diversité des arbres fruitiers à noyaux.
TRAF=Tumor Necrosis Factor-receptor associated factor
UPGMA=Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean
ZP002=marqueur lié à la résistance à la sharka

LISTE DES ANNEXES

Annexe I : Distance entre les lieux de prélèvement (km)

Annexe II : Liste des accessions utilisées dans chaque partie

Annexe III : Amorces ciblant l'insertion de 358 pb dans le gène *SFB* et conditions PCR correspondantes.

Annexe IV : Protocole pour l'extraction d'ADN

Annexe V : Sorties graphiques de l'ACP sur les deux premiers axes à partir des données HF et RG

Annexe VI : Coordonnées du barycentre de chaque population et ses caratéristiques

Annexe VII : Résultats des ANOVAs sur le nombre d'heures de froid (HF), la quantité de rayonnement solaire (RG) et le nombre d'heures de jour (HJ) nécessaires pour atteindre le stade 3 du débourrement en fonction des critères 'type d'accession', 'population d'origine' et 'pays d'origine'

Annexe VIII: Résultats de la MANOVA sur les notes attribuées tout au long du débourrement en fonction des effets du type d'accession, de la population et du pays d'origine

Annexe IX : Résultats de la MANOVA sur les notes attribuées tout au long du débourrement en fonction des effets du nombre d'heures de froid (HF), de la quantité de rayonnement solaire (RG) et du nombre d'heures de jour (HJ) nécessaires pour atteindre le stade 3 du débourrement

Annexe X : Résultats de la MANOVA sur le nombre d'heures de froid la quantité de rayonnement solaire et le nombre d'heures de jour nécessaires pour atteindre le stade 3 du débourrement en fonction des effets type d'accession, population d'origine et pays d'origine.

Annexe XI Structuration détectée par GENELAND sur le phénotype (HF=nombre d'heures de froid pour atteindre le stade 3) des individus sauvages

Annexe XII : Comparaison des Fis obtenus avec les marqueurs SSR et SNP

Annexe XIII : Valeur de Fis pour chaque SNP le long du génome.

LISTE DES ILLUSTRATIONS

Figure 1: Organisation génétique du locus S
Figure 2 : Fonctionnement du mécanisme de l'auto-incompatibilité gamétophytique
Figure 3 :Symptômes sur fruits
Figure 4 : Symptômes sur feuilles
Figure 5: Position des différents marqueurs liés à PPVres
Figure 6: Lieux de prélèvement des échantillons.
Figure 7 : Parties des arbres récoltées et leur utilisation.
Figure 8 : Échelle de notation utilisée pour caractériser les stades de débourrement.
Figure 9:Sorties graphiques de l'ACP sur les deux premières dimensions. L'ensemble des notes de la période d'observation d'un notateurs sont utilisées et l'individu 21 à été supprimé.
Figure 10 : Structuration détectée par GENELAND (fréquences corrélées) sur le phénotype (HF=nombre d'heures de froid pour atteindre le stade 3). Les individus apparentés ont été supprimés. Structuration en trois groupes des individus phénotypés.
Figure 11:Structuration détectée par GENELAND (fréquences non corrélés) sur le phénotype (HF=nombre d'heures de froid pour atteindre le stade 3). Les individus apparentés ont été conservés.
Figure 12: Exemple de gel de polyacrylamide obtenu avec le marqueur ZP002.
Figure 13 : Structuration des populations d'abricotier détectée par STRUCTURE à partir des données des SSR.
Figure 14 : Arbre phylogénétique construit selon la méthode UPGMA avec le logiciel Poptree à partir des données de SSR.
Figure 15: Traitement des données de séquençage avant leur utilisation.
Figure 16: Répartition des SNPs le long du génome et correspondance avec la taille de chaque scaffold (pseudo-molécule).
Figure 17 : Structuration en 3 populations détectée par STRUCTURE à partir des données de génotypage de 2076 SNPs (pas d'admixture, fréquences alléliques corrélées).
Figure 18: Arbre phylogénétique construit selon la méthode UPGMA avec le logiciel DARwin à partir des données de SNP.

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1 : Classement selon leur degré de résistance des principales variétés

Tableau 2:Coordonnées du barycentre de chaque type d'accessions.

Tableau 3: Fréquence de l'allèle résistant au marqueur ZP002 par population naturelle d'abricotiers sauvages

Tableau 4: Répartition des types d'accession génotypées au locus *PPVres* selon le pays

Tableau 5 : Estimation à partir des données de génotypage par microsatellites du flux de gènes (Nm) entre matériel provenant des différents pays (SSR).

Tableau 6: Estimation du flux de gènes (Nm) entre les différents sites d'échantillonnage (populations naturelles d'abricotiers sauvages uniquement) du Kazakhstan (données issues des SSR).

Tableau 7 : Flux de gènes (Nm) entre les 6 populations détectées par STRUCTURE (données issues des SSR).

Tableau 8: Diversité génétique entre les pays (données issuées des SSR).

Tableau 9 : Estimateurs de diversité globaux résumés par marqueur SSR.

Tableau 10: Estimateurs de diversité de Weir et Cockerman calculés par GENEPOP sur les populations détectées par STRUCTURE (données SSR).

Tableau 11 : Estimateurs de diversité de Weir et Cockerman calculés par GENEPOP sur les populations détectées au sein des kazakhs sauvages (données SSR) .

Tableau 12 : Fis moyen par scaffold (pseudo-molécule) calculé sur l'ensemble des SNPs..

Tableau 13: Flux de gènes (Nm) entre les 3 populations détectées par STRUCTURE (données SNP).

Tableau 14 : Diversité génétique entre les 3 populations détectées par STRUCTURE (données issuées des SNPs).

Tableau 15 : Estimateurs de diversité de Weir et Cockerman calculés par GENEPOP sur les populations détectées par STRUCTURE (données SNP).

INTRODUCTION

Les enjeux de la production fruitière

La production fruitière joue un rôle important dans l'alimentation humaine car elle constitue une source essentielle de vitamines et de fibres. Au niveau socio-économique, elle permet également de valoriser des terres peu adaptées aux grandes cultures, dans des régions rurales déjà défavorisées. Cependant, le suivi des vergers sur de longues périodes allant jusqu'à 20 ans et la contrainte de production d'un fruit sain et appétissant s'accompagnent généralement de nombreux traitements chimiques (pesticides, herbicides, insecticides) afin de lutter contre de nombreuses maladies affectant les arbres fruitiers (bactériennes, fongiques, virales, attaque de ravageurs). De plus, les arbres, de par leur nature pérenne, subissent de plein fouet les effets des changements climatiques. Cela peut se manifester par des pertes non négligeables, que ce soit par manque de froid en hiver ou à cause de gels tardifs (Olukolu et al., 2009). Parmi les espèces fruitières, l'abricot est le troisième fruit produit en France après la pomme, les pêches-brugnons et avant la poire, d'où l'importance de l'amélioration variétale de cette espèce pour répondre aux enjeux liés à sa culture (FAOstats).

L'abricotier

Importance économique

La production mondiale d'abricots en 2012 s'élevait à 4 millions de tonnes dans le monde, ce qui représente plus de 1,5 millions d'euros. A l'échelle européenne, 876 mille tonnes ont été produites (22 % de la production mondiale), sachant que le bassin méditerranéen concoure à hauteur de 50 % à la production mondiale (FAOstat ; Bourguiba et al., 2012). Parmi les maladies touchant cette culture fruitière, la sharka est la plus dévastatrice. Elle est due à un virus appelé plus communément le *Plum pox virus* ou PPV. Il a entraîné des pertes économiques mondiales de plus de 10 milliards d'euros entre 1975 et 2005 sur les arbres du genre *Prunus*, pertes dues au coût des méthodes de lutte auxquelles s'ajoute la diminution des revenus par pertes de rendement (Cambra et al., 2006).

Histoire

L'abricotier a probablement été domestiqué en Chine il y a plus de 5000 ans et s'est propagé vers l'ouest il y a environ 2000 ans. Il fut apporté sur le continent américain par les espagnols (Faust et al., 1998). Toutefois, trois centres d'origine ont été recensés (Bourguiba et al., 2012) : la Chine, l'Asie centrale et la zone Irano-caucasienne. La dernière zone est considérée comme un centre secondaire de diversification de par sa position géographique intermédiaire entre toutes les zones où l'abricotier est cultivé et l'aire de répartition des formes sauvages. Deux hypothèses sont évoquées pour expliquer l'arrivée de l'abricotier dans le bassin méditerranéen : directement depuis la zone Irano-caucasienne ou bien via deux routes différentes (par le Moyen-Orient grâce aux arabes et par la Hongrie-Europe centrale). La deuxième parait plus vraisemblable selon Bourguiba et al. (2012).

L'abricotier étant un arbre fruitier, sa période juvénile est longue (jusqu'à 5 ans). Cette espèce aurait donc réalisé moins de cycles sexuels depuis sa domestication par rapport à une plante annuelle dans le même laps de temps. De ce fait, sa domestication peut être considérée comme récente par rapport à une espèce annuelle qui aurait été domestiquée en même temps et on pourrait s'attendre à ce que le goulot d'étranglement lié à la domestication soit plus marqué chez cette espèce. En effet, le temps pour que la diversité réapparaisse par mutation est plus court. La propagation végétative par greffe accentue encore ce phénomène puisqu'elle diminue encore le nombre de cycles sexuels réalisés et permettrait la fixation de génotypes intéressants (Zohary et al., 2012). Cela limite ainsi la diversité génétique de la population en diminuant le nombre de génotypes maintenus mais favorise le maintien de l'hétérozygotie

(excès d'hétérozygotes attendu quand la reproduction asexuée est privilégiée) (Miller and Gross, 2011). Néanmoins, les premiers résultats obtenus chez l'abricotier (Bourguiba et al, 2012), le pommier (Cornille et al., 2012) et le cerisier (Mariette et al., 2010) montrent que le goulot d'étranglement est étonnamment faible. Cela pourrait s'expliquer par une domestication simultanée en plusieurs endroits et à des flux de gènes avec les populations sauvages (Miller and Gross, 2011 ; Bourguiba et al., 2012), flux de gènes d'autant plus favorisés par l'allogamie de l'espèce.

Biologie

L'abricotier est une espèce pérenne propagée par multiplication végétative (essentiellement greffage) dans le cas des génotypes cultivés. L'abricotier sauvage présente un système d'auto-incompatibilité gamétophytique tandis que parmi les abricotiers cultivés, certains sont auto-compatibles. En effet, dans son aire d'origine, l'abricotier est entouré d'autres arbres pouvant le polliniser. Or, dans son aire de distribution occidentale, ses pollinisateurs sauvages sont absents, ce qui aurait conduit à la sélection d'arbres auto-compatibles (Miller and Gross, 2011). La question est donc de savoir si ces mutations conduisant à l'auto-compatibilité sont aussi présentes dans les populations sauvages, puisque dans le cas contraire, ce caractère serait apparu récemment et sélectionné par l'homme.

Bourguiba et al. (2012) cite quatre groupes d'abricotiers sauvages distincts : le groupe d'Asie centrale (le plus vieux, auto-incompatible, avec de forts besoins en froid), le groupe de Dzhungar-Zailij (avec de petits fruits, auto-incompatible), le groupe Irano-caucasien (auto-incompatible, avec des besoins en froid modérés), et le groupe européen (auto-compatible et auto-incompatible) initialement définis par Kostina en 1964. Cependant, cette classification a été complétée par Layne et al. en 1996 avec un distinction entre la Chine du nord et de l'est, et une subdivision du groupe européen en Europe du nord, du sud, de l'est et de l'ouest.

Génétique

L'abricotier est une espèce diploïde à 2 paires de 8 chromosomes (2n=2x=16) (Doré C., Varoquaux F., 2006) dont la carte physique n'a pas encore été établie, la carte de référence utilisée est donc celle du pêcher (Verde et al., 2013). De nombreuses cartes génétiques sont néanmoins disponibles (Lambert et al., 2004 ; Marandel et al., 2009 ; Dondini et al., 2011 ; Pilarova et al, 2010). Plusieurs caractères agronomiques sont actuellement étudiés à l'INRA dans un but d'amélioration de cette espèce cultivée, dont, notamment, le contrôle de l'auto-incompatibilité, la résistance à la sharka et les effets du réchauffement climatique sur la production fruitière.

Auto-incompatibilité

L'auto-incompatibilité gamétophytique est apparemment contrôlée par un seul locus multi-allélique appelé locus S. Ce locus S est situé sur le chromosome 6, en position 26 422 200 pb. Il code pour une S-RNAse (ribonucléase) qui a une activité dans le pistil et contient un gène de reconnaissance du pollen permettant le rejet du gamète mâle ayant un allèle commun au pistil. Deux introns de tailles variables sont présents dans la séquence de la S-RNAse dont la séquence est elle-même très variable, excepté dans cinq régions conservées (structure observée chez les solanacées).

En plus de cette S-RNAse, un autre gène a été identifié dans ce locus S : le gène *SFB* (S-haplotype specific F-box) qui contient un motif F-box, deux régions variables et deux régions hypervariables. Ce gène est exprimé dans les tissus polliniques (Figure 1). Ces deux gènes sont en déséquilibre de liaison et sont éloignés de moins de 49 kilobases.

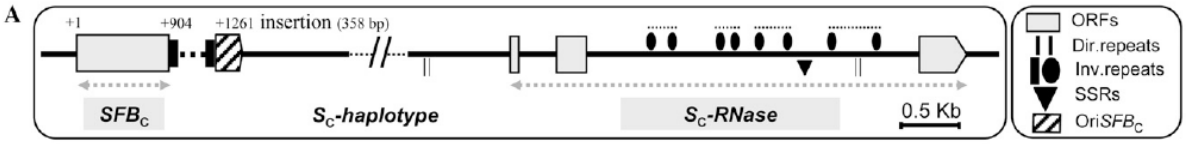


Figure 1: Organisation génétique du locus S (Vilanova et al., 2006)

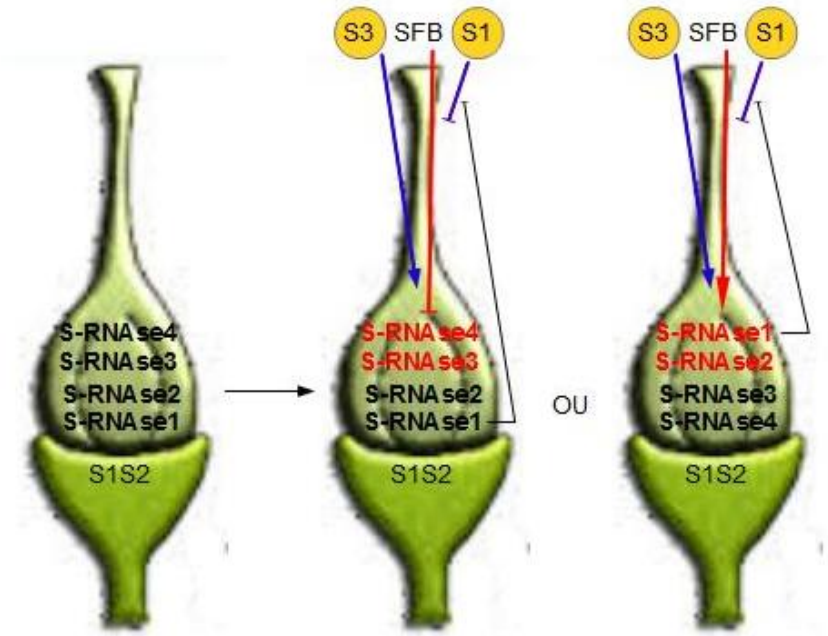


Figure 2 : Fonctionnement du mécanisme de l'auto-incompatibilité gamétophytique : l'ensemble des S-RNAses est produit dans le pistil, SFB est exprimé dans le pollen et inhibe les S-RNAses correspondant aux pollens à accepter ou bien active celles correspondant au pollen à rejeter.

Figure 3 : Symptômes sur fruits (EPPO)

Figure 4 : Symptômes sur feuilles (EPPO)

Les abricotiers auto-compatibles présentent un gène *SFB* non fonctionnel dû à une insertion de 358 paires de bases en position 904, ce qui donne un codon stop prématuré à cette position. La protéine produite n'est donc pas fonctionnelle. Les protéines F-box produites pourraient avoir pour rôle d'inhiber ou de dégrader les S-RNAses ne correspondant pas aux allèles du pistil. Cependant, dans le cas où la SFB n'est pas fonctionnelle, il y aurait alors impossibilité pour tout pollen de germer. Une autre possibilité est donc que la SFB protège les S-RNAses ayant l'allèle commun au pistil d'un mécanisme général de dégradation des S-RNAses (Figure 2) (Romero et al., 2004, Vilanova et al., 2006). Cette mutation serait apparue sur l'allèle S_8 d'auto-incompatibilité du pollen d'un individu S_8S_i, i étant inconnu (Halasz 2007). Un autre locus, appelé « modifier », intervient dans le déterminisme de l'auto-compatibilité ; il ne co-localise pas avec le locus d'auto-incompatibilité mais le gène contrôlant ce déterminisme n'a pas encore été cloné (Villanova et al., 2006). Il ne sera pas étudié dans le cadre de ce stage.

Résistance à la sharka

La maladie de la sharka

Le *Plum pox virus*, ou variole du prunier, est un potyvirus à ARN (10 000 pb) qui atteint bon nombre des espèces du genre prunus, dont des espèces sauvages pouvant servir de réservoir. Les arbres atteints présentent des pertes de rendement liées à la chute des fruits, mais aussi une baisse de la qualité de ces derniers avec des déformations, des nécroses (Figure 3) et une baisse de la teneur en sucre. La quantité et la sévérité des symptômes sur les feuilles (Figure 4) n'a pas de lien avec la charge virale dans la plante. Il a été classé agent pathogène de quarantaine par l'Union européenne et la plupart des pays producteurs. Le virus est apparu pour la première fois en 1916 en Bulgarie, la maladie a été décrite en 1932 et s'est répandue dans la quasi-totalité des pays producteurs de fruits à noyaux. Il est arrivé en France dans les années 60 (Dallot S. et al, 2012 ; James,2013).

Dissémination de la maladie

Le virus est transmis à faible distance par l'intermédiaire des pucerons (environ 20 espèces vectrices, qui ne sont pas toutes inféodées aux arbres fruitiers). Ceux-ci ne sont vecteurs que pendant quelques minutes car le mode de transmission est non persistant, c'est-à-dire que le virus reste temporairement sur les stylets du puceron sans pouvoir effectuer de cycle infectieux ni se multiplier. Ainsi, lorsque quelques arbres sont infectés, le virus se propage au reste du verger en 2 à 3 ans par les piqures d'essai répétées des pucerons. Cependant, des variétés sensibles peuvent rester saines plus de 15 ans, même en présence du virus dans l'environnement. La transmission à longue distance se fait quant à elle par les échanges de greffons contaminés (Dallot S. et al, 2012 ; Marandel 2008 ; Doré C., Varoquaux F., 2006, EPPO).

Méthodes de lutte

Du fait de sa faible durée de vie dans le puceron, la lutte insecticide en éliminant les pucerons est inefficace car les produits mettent plus longtemps à agir qu'il n'en faut au virus pour être inactif. De plus, les traitements insecticides n'ont aucun effet sur les populations de pucerons qui ne sont pas inféodés aux arbres fruitiers car ceux-ci ne s'installent pas sur l'arbre. Ils ne font que passer, acquérir et transmettre le virus par piqûres d'essai. Enfin, les produits chimiques utilisés ont tendance à exciter le puceron, qui piquera plus souvent et propagera plus vite le virus, avant de quitter le verger. Comme il n'existe aucun moyen pour lutter contre le virus une fois qu'un arbre est infecté, des méthodes de détection des arbres infectés ont été développées pour éliminer les arbres et greffons atteints et diminuer ainsi la taille du réservoir. Cependant, le coût d'éradication de la maladie reste élevé et fragilise encore plus l'économie

Tableau 1 : Classement selon leur degré de résistance des principales variétés (Decroocq et al., 2011 ; Martinez-Gomez et Dicenta, 2000)

Cultivar	Origine	Pedigree
Partiellement résistant		
Goldrich	USA	(Sunglo x Perfection)[1]
Veecot	Canada	(pollinisation libre de Reliable)[1]
Henderson	USA	Unknown[1]
Sunglo	USA	Columbia & Okanogan Nursery Co[1]
Pandora	Grèce	(SEO x P. Tirynthos)[2]
Harcot	Canada	[(Geneva x Naramata) x Morden 604] x (Phelps x Perfection)
Bora	Italie	'Early Blush' (NJA53) x 'PA 7005-2' ('Rival' x 'PA 63-265')
Robada	USA	(Orangered x K113-40)
Résistant		
NJA 2	USA	Pollinisation libre de Morden 604
NJA 17	USA	(pollinisation libre de Erli Orange)x(Morden 604 x Perfection)
NJA 42	USA	(NJA13(=NJA2x(Perfection x [Perfection x (Royal x Blush)]) x NJA12(=Goldcot x Priusadelnyi)
Orange Red	USA	(Lasgerdi Mashhad x NJA 2)[3]
Très résistant		
SEO	USA	Stark Bros. Nurseries & Orchards[1]
Stella	USA	inconnu
Harlayne	Canada	([(Reliable x pollinisation libre.) x pollinisation libre.] x Sunglo)[1]
Lito	Grèce	(SEO x P.Tirynthos)[2]
Résistance indéterminée		
Traian	Romania	Viceroy x NJA2

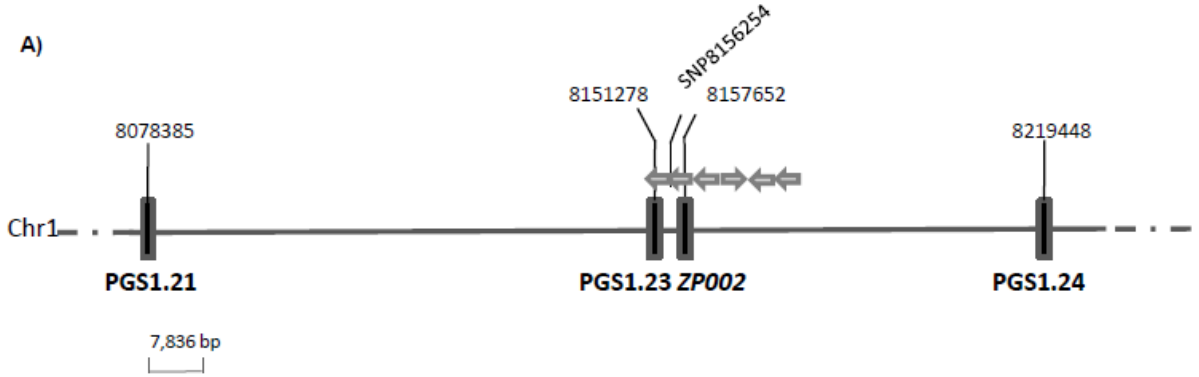


Figure 5 : Position des différents marqueurs liés à PPVres (Decroocq S. et al., 2014)

agricole dans des zones rurales déjà marginalisées et/ou fragiles (bassin méditerranéen, zones de cultures en terrasse, pays de l'Est Européen).

La seule solution à long terme pour contrer le virus passe donc par la lutte variétale. Cependant, la difficulté d'avoir un phénotypage fiable en moins de trois ans ralentit le processus de sélection qui est déjà long. La SAM (Sélection Assistée par Marqueur) pourrait être un outil permettant de raccourcir le processus de sélection de variétés résistantes au virus et donc de développer des cultivars adaptés aux différents agrosystèmes européens (Dallot S. et al, 2012 ; EPPO ; Decroocq et al., 2011).

Mécanismes de résistance

Il existe actuellement peu de variétés résistantes à la sharka et la plupart sont d'origine nord-américaine (Tableau 1). Ces variétés ne présentent aucun symptôme, mais peuvent présenter, de manière plus ou moins concentrée, des particules virales. Les plus résistantes ne sont pas immunes mais ne permettent pas l'établissement et la propagation de la maladie dans la zone où elles sont plantées. Il a été montré que ces variétés n'appartiennent ni au groupe européen ni au groupe irano-caucasien. Même si elles semblent être apparentées avec le germplasm européen, elles partagent probablement une même origine génétique, provenant d'Asie centrale et/ou de Chine comme l'ont démontré Zhebentyayeva et al. (2008) au travers de marqueurs AFLP et SSR.

La résistance à cette maladie est quantitative et probablement contrôlée par plusieurs gènes. Parmi ceux-ci, Marandel et al. (2009) indique qu'un locus à effet majeur, nommé *MetaPPV1a*, a été trouvé dans toutes les études réalisées jusqu'à présent et est positionné sur le haut du groupe de liaison 1. La position de ce locus a été affinée et il a été renommé *PPVres* (Soriano et al., 2011). Trois marqueurs SSR en déséquilibre de liaison et jalonnant *PPVres* ont été développés : PGS1.21, PGS1.23 et PGS1.24. Les allèles résistants à chacun de ces marqueurs sont dominants. (Soriano et al., 2012 ; Decroocq S. et al., 2014 ; Zuriaga E. et al., 2013). Un autre marqueur SSLP (Simple Sequence Length Polymorphism), nommé ZP002 (Figure 5) est situé dans l'intervalle de *PPVres*, à 8 157 718 pb sur le haut du chromosome 1. Il correspond à une délétion de 5 paires de bases chez les individus résistants (Decroocq et al., 2014). Cependant, quel que soit le marqueur, PGS ou ZP, il existe des accessions ayant un génotype résistant à ces marqueurs et qui présentent un phénotype sensible. Ceci pourrait être dû au fait qu'un autre locus intervient dans l'expression de la résistance et module l'activité de *PPVres* (Decroocq S. et al., 2014). Selon cette hypothèse, il faudrait alors cumuler un haplotype résistant pour *PPVres* et pour cet autre locus afin d'avoir un individu résistant à la sharka.

Adaptation au réchauffement climatique

Du fait du réchauffement climatique, les arbres voient leurs besoins en froid de plus en plus difficilement satisfaits. Il est donc important de sélectionner des variétés ayant de faibles besoins en froid. Cependant, les sources de résistance à la sharka (variétés nord-américaines) utilisées jusqu'à présent ont des caractéristiques agronomiques (faible rendement en fruits, auto-incompatibilité, besoins en froid hivernal élevés) qui les rendent impropres à une utilisation directe en vergers. Elles sont donc utilisées en croisement avec les variétés locales mais cette introgression se heurte à un problème d'adaptation aux conditions locales du fait de leurs besoins en froid très importants difficilement satisfaits. Le contrôle génétique de la levée de dormance et de la réponse au froid chez l'abricotier a été décrit par approche QTL dans une population F1 issue d'un croisement entre le cultivar Perfection et l'accession A1740 (Olukolu et al., 2009). Il fait intervenir au moins 5 loci, répartis sur l'ensemble du génome de l'abricotier.

Hypothèses et objectifs de cette étude

L'étude « genome-wide », dite également pangénomique, de la résistance à la sharka est en cours sur les abricotiers cultivés (projets ANR ABRIWG et européen FP7 MARS). Une étude similaire est menée à partir de données de floraison, en lien avec l'adaptation aux changements climatiques, mais ceci concerne l'induction florale qui n'est que partiellement corrélée au débourrement végétatif (Fan et al., 2010). En comparaison, l'étude du compartiment sauvage fut jusqu'à présent délaissée. Or, Lasnier (2013) a montré précédemment que les variétés actuelles d'abricotiers sélectionnés n'intègrent pas la diversité des variétés locales asiatiques, ce qui laisse supposer que les individus sauvages présentent un intérêt non négligeable pour la sélection. Dans le cas de la résistance à la sharka ou des besoins en froid, il est également possible que du matériel génétique intéressant se trouve dans les populations naturelles originaires d'Asie Centrale, ce qui confirmerait les données de Zhebentiayeva et al. (2008). Ainsi, l'hypothèse sous-jacente à l'ensemble de ce travail est que les individus faisant partie des populations sauvages présenteraient une diversité significativement plus grande que ceux du compartiment cultivé. Si cette hypothèse s'avère vraie, ceci devrait permettre au sélectionneur de trouver plus de variabilité phénotypique dans ce matériel sauvage, utilisable dans de futurs programmes de sélection alliant à la fois la résistance à la sharka, une meilleure adaptation au réchauffement climatique et bien d'autres caractères d'intérêt agronomique.

Ce travail s'inscrit dans la continuité du projet européen STONE (FP7-PEOPLE-2009-IRSES, 'Genetic Diversity of Stone Fruit trees (Apricot, Peach and Cherry) in Europe, Caucasus and Central Asia'). Il a pour objectif de caractériser la diversité et la structuration de l'abricotier sauvage afin d'estimer son intérêt et son potentiel dans les programmes de sélection de l'abricotier en Europe. Cette étude sera menée à trois niveaux : phénotypique (débourrement des bourgeons végétatifs à la levée de dormance), à deux loci d'intérêt (système d'auto-incompatibilité et résistance à la sharka) et à l'échelle du génome complet avec des marqueurs SSR (microsatellites) et SNP (Single Nucleotide Polymorphism). L'intérêt de cette étude est multiple :

- La diversité phénotypique au débourrement permet d'appréhender la diversité de la réponse au froid (température inférieure à 7°C), qui est un critère important dans le processus de sélection des arbres fruitiers, surtout dans le contexte actuel du réchauffement climatique. En effet, il serait logique que les arbres issus de climats froids aient des besoins plus fort que ceux de climats plus méditerranéens, l'idée est donc de caractériser les besoins en froid des populations sauvages
- La diversité au locus contrôlant, pour partie, la résistance à la sharka permet d'étudier le potentiel des populations sauvages comme réservoir de sources de résistance à cette maladie. De plus, l'étude de ces populations permet également de savoir si la présence de l'allèle résistant au QTL *PPV*res, repéré dans les populations cultivées, est également associée à un phénotype résistant dans les populations naturelles.
- La diversité au locus d'auto-incompatibilité permet d'étudier l'évolution du système de reproduction lors de la domestication et d'étudier l'origine de l'auto-compatibilité (apparition uniquement dans le compartiment cultivé ou bien provenant du compartiment sauvage).
- La diversité à l'échelle du génome entier permet, quant à elle, de reconstituer l'histoire évolutive de l'espèce sur plusieurs aspects : taille des populations, domestication, sélection, adaptation, structuration, flux de gènes entre populations et entre compartiments sauvages et cultivés.

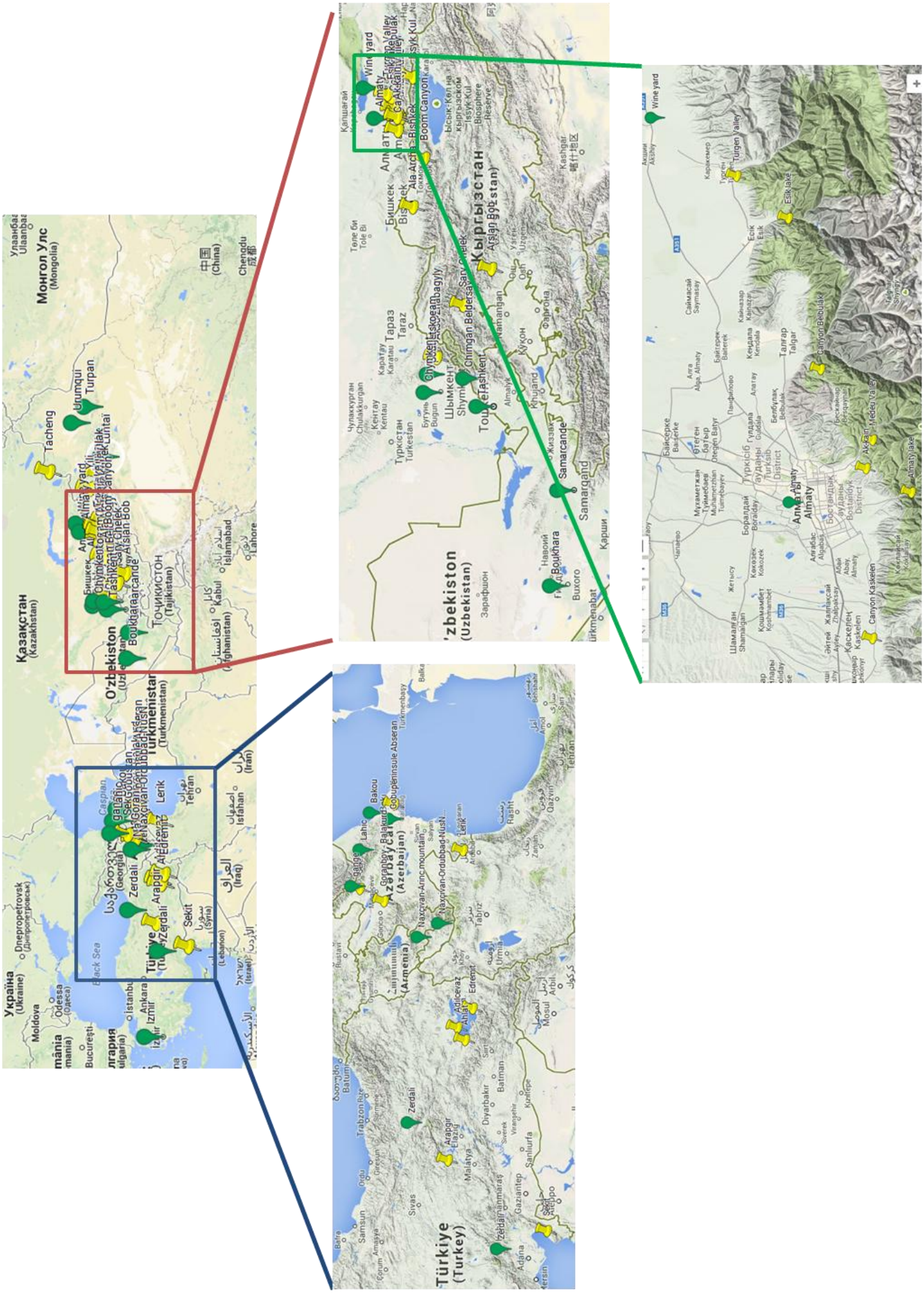


Figure 6 : Lieux de prélèvement des échantillons. Les lieux de prélèvement en jaune concernent les individus sauvages, en vert, ce sont les variétés anciennes.

MATÉRIEL et MÉTHODES

Matériel végétal

Des feuilles et des noyaux d'abricotiers sauvages ont été récoltés de 2011 à 2013, dans le cadre du projet STONE, dans la zone d'origine de l'abricotier (genre Prunus, sous-genre Prunophora, section Armeniaca, espèce *Prunus armeniaca* selon la classification de Rehder, 1940 ; renommé *Prunus armeniaca vulgaris* par Lingdi & Bartholomew, 2003) soit en Chine de l'ouest, au Kazakhstan, au Kirghizstan et en Ouzbékistan ; dans les bassins de domestication secondaire : en Turquie, Azerbaïdjan, et dans des collections d'abricotier cultivé (variétés anciennes). Les sites de prélèvement sont répertoriés en Annexe et localisés sur la Figure 6. Cependant, les individus utilisés dans chaque partie ne sont pas toujours les mêmes du fait des contraintes d'échantillonnage (feuilles des pieds-mères en mauvais état, absence de noyaux pour les semis suite à des périodes de gel printanier) (Figure 7). En ce qui concerne les notations du caractère « débourrement », il s'agit d'individus issus exclusivement de semis. Dans le cas du matériel génotypé avec des marqueurs de type SSR (Single Sequence Repeat ou microsatellites), les feuilles lyophilisées issues de plants mère ont été analysées, tandis que pour les SNP, le choix a été fait de ne conserver que des populations équilibrées (au moins 8 individus par population) et des individus dont suffisamment d'ADN a pu être extrait pour le séquençage par la technique ILLUMINA. Les données sont donc issues de semis pour cette partie. Enfin, pour les deux marqueurs ZP002 et SFB, un maximum d'accessions, plants mère et semis, ont été étudiées. Les accessions utilisées pour chaque partie sont résumées en Annexe II. Il faut préciser ici que dans les noms de chaque accession, les deux premières lettres correspondent au pays d'origine ou au lieu de conservation de la collection. Lorsque deux chiffres sont présents comme dans kz_55_1 et kz_55_2, il s'agit de demi-frères car les noyaux sont issus des fruits d'un seul arbre. Différentes variétés cultivées («SE0», «Bakour», «Bergeron», «Canino», «Currot», «Goldrich», «Luizet», « Moniqui » et « Stella »), européennes ou nord-américaines ont été utilisées comme contrôles pour les marqueurs ZP002, SFB et SSR.

Phénotypage

Les accessions (exception faite des arbres kirghiz qui n'avaient pas encore subi de vernalisation) sont conservées sous tunnel et notées après une période de froid hivernal (températures inférieures à 7°C) sur leur date de débourrement, avec un suivi tous les 2 jours. Une note de 0 à 6 (Figure 8) (avec des intermédiaires) a été attribuée :

0=pas de débourrement
1=les écailles des bourgeons s'écartent et la couleur verte des feuilles est visible
2=les feuilles percent le bourgeon
3=les feuilles s'écartent du bourgeon sur moins de 50 % des bourgeons
4=les feuilles s'écartent du bourgeon sur plus de 50 % des bourgeons
5=au moins trois feuilles sont étalées sur chaque bourgeon
6=les branches axillaires s'allongent et s'écartent de l'axe principal, les feuilles sont étalées le long de la branche.

Pour l'analyse statistique, trois variables de cumul supplémentaires ont été utilisées : la somme d'heures de froid (température inférieure à 7°C) nécessaires pour atteindre de stade 3 (HF), la quantité de rayonnement solaire pour atteindre le stade 3 (RG) depuis le premier septembre, et le nombre d'heures de jour depuis l'équinoxe d'hiver pour atteindre le stade 3 (HJ).

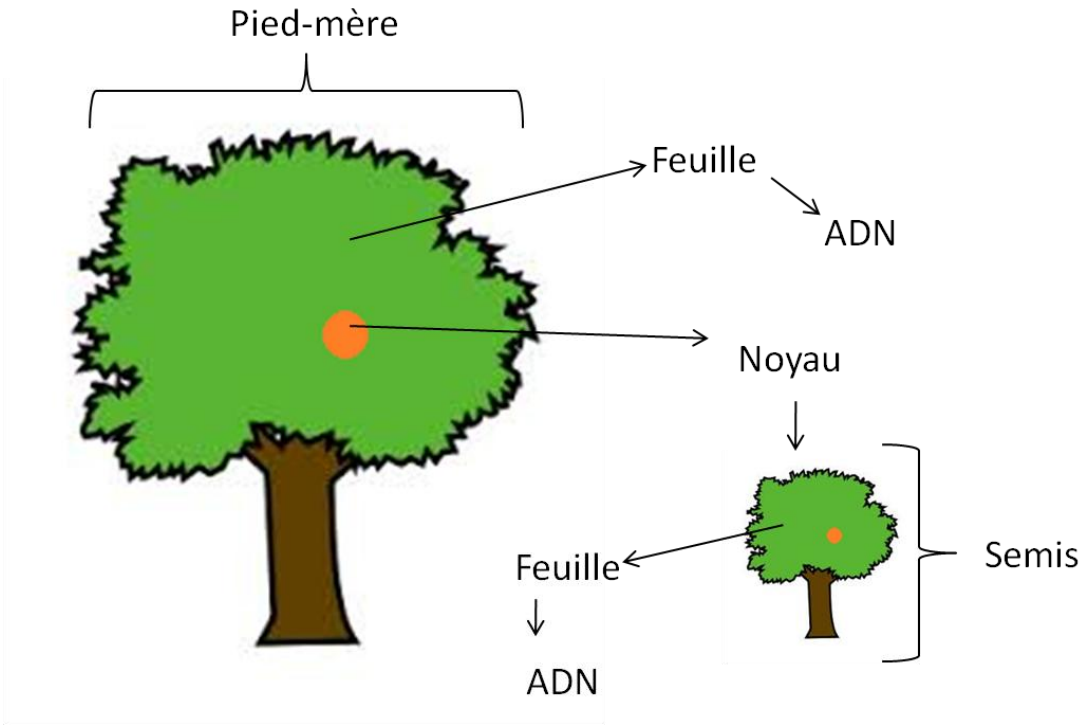


Figure 7 : Parties des arbres récoltées et leur utilisation.

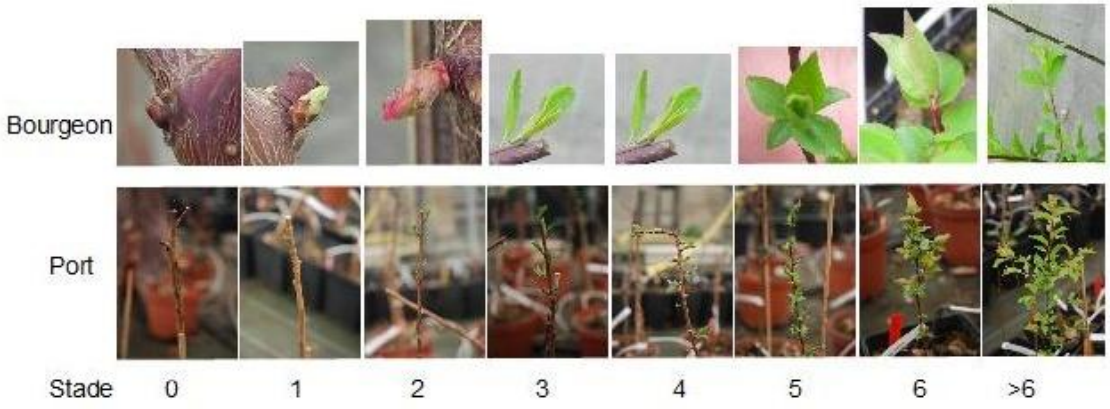


Figure 8 : Échelle de notation utilisée pour caractériser les stades de débourrement.

Les données météorologiques nécessaires au calcul de ces cumuls sont issues des relevés horaires de la station météorologique du centre INRA-La Ferrade (Villenave d'Ornon) disponibles sur le site Climatik (https://intranet.inra.fr/climatik). Ces données ont été traitées par des ACPs (Analyse en Composantes Principales) et des ANOVAs (Analyse de variance) grâce au logiciel R. Ensuite, une analyse de la structure restreinte à la seule variable HF a été réalisée avec GENELAND avec les conditions suivantes : burn-in : 200, nombre d'itérations : 100000, thinning : 100, modèle spatial, coordonnées uncertaines : delta=0,005 (un seul relevé GPS pour plusieurs arbres proches), fréquences corrélées ou non, 10 répétitions.

Analyse du marqueur d'auto-compatibilité

Vilanova et al (2006) ont montré précédemment que l'auto-compatibilité chez l'abricotier cultivé est déterminée par des variations à deux loci distincts et indépendants, le locus S et le locus « modifier ». Seul le locus S est bien connu (voir l'introduction) et l'auto-compatibilité contrôlée par ce locus est liée à l'insertion d'un fragment de 358 paires de bases dans la phase de lecture du gène *SFB*. Un marqueur ciblant cette insertion a été développé par différents auteurs : Vilanova (2006) et Dondini (2011). Les amorces correspondant à ce marqueur et testées dans cette étude sont listées en Annexe II. La lecture des résultats a lieu sur gel d'agarose à 1,4 %. Les variétés d'abricotier «Goldrich» (auto-incompatible), «Canino» et «Currot» (autocompatible hétérozygote et homozygote, respectivement) ont été utilisées comme contrôle.

Analyse du marqueur de résistance à la sharka

Vera-Ruiz et al. (2011) ont montré précédemment que la résistance à la sharka est contrôlée par un locus majeur, nommé *PPVres*. Un certain nombre de marqueurs liés à ce locus ont été développés et testés en sélection assistée par marqueurs sur des populations cultivées (Soriano et al., 2012 ; Decroocq et al., 2014). Le marqueur choisi dans notre cas est le ZP002 dont les amorces sont, en sens, AAC ATT TTC TGA TTC AAT GCC A et en anti-sens TGT ATC CTC CAG CTT CAA AGTC. La PCR est réalisée dans les conditions suivantes : 94°C pendant 2 min, 30 cycles avec 94°C pendant 1 min, 57°C pendant 40s, 72°C pendant 40s, et pour finir un cycle à 72°C pendant 20 min. La vérification de l'amplification est réalisée sur gel d'agarose à 2%. Ce marqueur génère des fragments de 112 pb chez les individus résistants et 117 pb chez les individus sensibles. La lecture des résultats a lieu sur gel d'acrylamide à 6 %.Les données ont ensuite été analysées par une comparaison de moyennes selon l'origine. Pour ce faire, une note issue de la moyenne de la taille de ses deux allèles a été affectée à chaque individu, ce qui permet de conserver l'information sur l'hétérozygotie

Analyse de la structure des populations avec les marqueurs SSR

Avant le début de ce stage, vingt-trois marqueurs de type SSR (microsatellites) ont été testés sur 301 individus issus de collecte de variétés anciennes et de populations naturelles du Kazakhstan, Chine et Ouzbékistan. Les individus génotypés avec ces marqueurs sont les pieds mère sur lesquels 3 à 4 feuilles ont été prélevées et desséchées sur place avant leur retour au laboratoire. Dans certains cas, la qualité des feuilles n'étant pas suffisante ou les feuilles n'ayant pas pu être prélevées (branches inatteignables), du matériel végétal issu de semis a été analysé. «SE0», «Bakour», «Bergeron», «Canino», «Currot», «Goldrich», «Luizet», « Moniqui » et « Stella » ont servi de contrôles. Les données brutes (taille des allèles) obtenues par PCR puis lecture sur séquenceur automatique ont été reprises et utilisées dans les logiciels STRUCTURE (version 2.3.4, burn-in : 10000, running : 100000 ou 250000, ad-mixture, modèle spatial ou non) et GENELAND (version 4.0.0, burn-in : 200, nombre

d'itérations : 100000, thinning : 100, modèle spatial à coordonnées incertaines : delta=0,005) afin d'étudier la structuration. Les analyses ont été réalisées sur 10 répétitions avec ou sans les fréquences alléliques corrélées (c'est-à-dire que les fréquences alléliques de chaque population sont dérivées des fréquences alléliques d'une population ancestrale). Le logiciel PopTREE2 a été utilisé pour construire un arbre phylogénétique selon la méthode UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). GENEPOP (version 4.2), ADZE (version 1.0) (G=taille de la population la plus petite-1) et GENETIX (version 4.05.2) ont été utilisés conjointement pour leur complémentarité pour étudier la différenciation des populations.

Extraction de l'ADN et séquençage

Les extractions d'ADN, que ce soit pour le séquençage haut-débit ou les PCRs, ont été réalisées selon le protocole disponible en Annexe III. Le séquençage de 77 individus a été réalisé en paired-end avec une couverture minimum de 15X (soit 15 fois le génome abricotier de 230Mb) selon la méthode Illumina® par DHMRI (David H. Murdock Research Institute, 150 Research Campus Drive,Kannapolis, NC 28081, USA).

Nettoyage des données de séquençage issues de 77 accessions d'abricotiers sauvages

Les données brutes ont été soumises à un test de qualité qui élimine les « reads » (lectures de séquence) n'ayant pas un score minimal de 20 sur au moins 70 paires de bases. Les reads restants ont été alignés sur le génome du pêcher grâce au logiciel BWA. A partir de cet alignement, seuls les reads correspondants à des séquences géniques (introns et exons) ont été conservés. Une première détection des SNPs par rapport au pêcher a été réalisée grâce à SAMtool. Un filtrage pour repérer les individus hétérozygotes aux loci polymorphes a été effectué grâce à l'outil testassoc (Kim et al., 2012) avec les critères suivants : une profondeur de lecture minimum de 8x et au minimum deux reads portant l'allèle mineur. Si un SNP est observé avec le pêcher, il est conservé uniquement s'il est également polymorphe au sein des abricotiers. Pour ce faire, les alignements des accessions avec le pêcher ont donc été comparés deux à deux (pair-wise) entre abricotiers dans une même région. Finalement, ne sont conservés que les SNPs intra abricotier aux loci ne présentant pas de données manquantes parmi tous les individus séquencés. L'ensemble de la procédure est résumé sur la Figure 15.

Analyse des données de séquençage

Une première analyse est réalisée grâce au logiciel mlRho pour estimer Θ (estimateur de la diversité) et ε (taux d'erreur de séquençage) pour chaque accession. Ces valeurs servent également dans le logiciel testassoc pour l'identification des vrais hétérozygotes en comparaison des erreurs de séquençage. Les données filtrées sont ensuite analysées sur 10 répétitions avec TESS (version 2.3.1), STRUCTURE (version 2.3.4) avec et sans admixture, avec et sans les fréquences alléliques corrélées, burn-in=10000, thinning=100000. Ensuite, le logiciel DARwin (version 5) a été utilisé pour construire un arbre phylogénétique selon la méthode UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). Puis, les estimateurs de diversité de Wright et Fischer ont été calculés grâce à la version web de GENEPOP (version 4.2), aux logiciels ADZE (version 1.0) et GENETIX (version 4.05.2). Les fichiers d'entrée ont été générés à l'aide de PGDspider version 2.0.5.2.

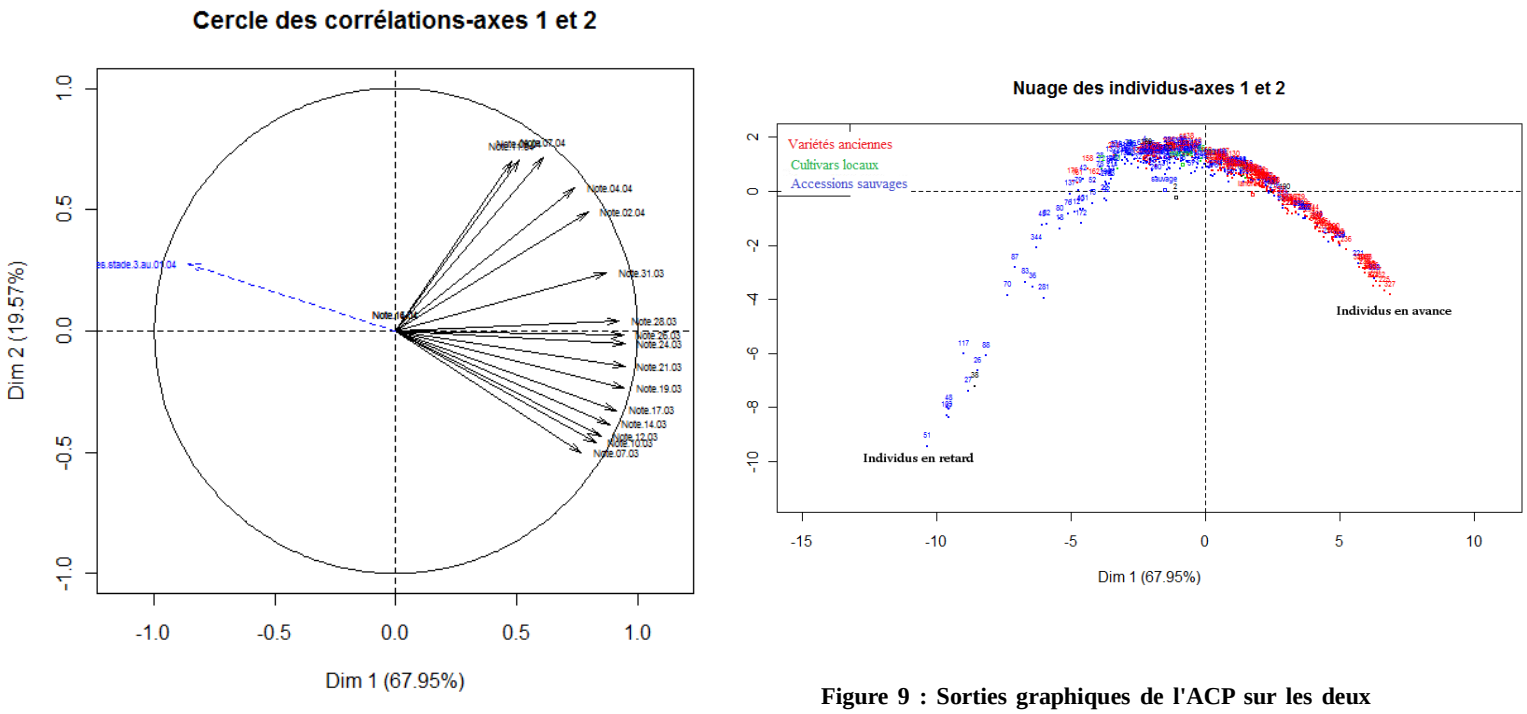


Figure 9 : Sorties graphiques de l'ACP sur les deux premières dimensions. L'ensemble des notes de la période d'observation d'un notateur sont utilisées et l'individu 21 à été supprimé. Un effet taille est observable sur le cercle des corrélations et un effet Guttman sur le nuage des individus

Tableau 2 : Coordonnées du barycentre de chaque type d'accessions. Dim 1 correspond aux coordonnées sur le premier axe de l'ACP et Dim 2 correspond aux coordonnées sur le deuxième axe de l'ACP

Type	Dim1	Dim2
Variété ancienne	1.75815453	-0.110562786
Cultivar local	-0.85264460	0.982401980
Accession sauvage	-1.50823931	0.060073222

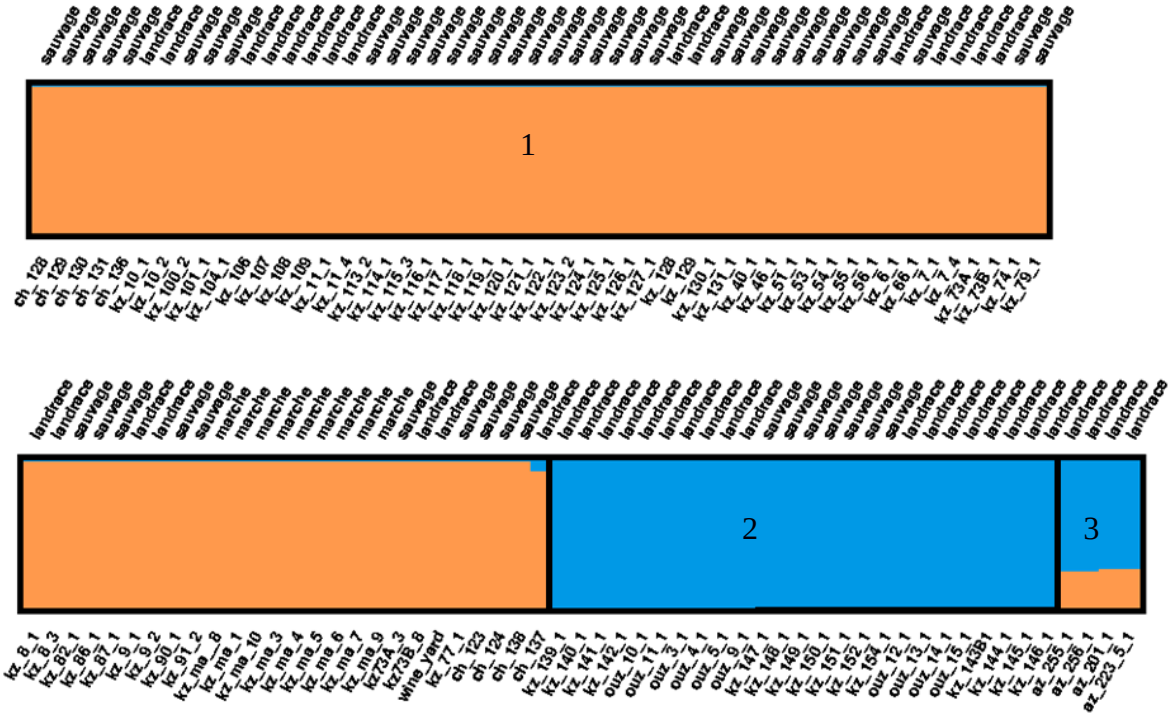


Figure 10 : Structuration détectée par GENELAND (fréquences corrélées) sur le phénotype (HF=nombre d'heures de froid pour atteindre le stade 3). Les individus apparentés ont été supprimés. Structuration en trois groupes des individus phénotypés. Les chiffres correspondent aux groupes mentionnés dans le texte.

RESULTATS

Durant ce stage, des études de diversité phénotypique et génétique ont été réalisées sur des abricotiers d'Europe orientale (Caucase, Turquie) et d'Asie centrale, pour sa partie nord (Kazakhstan, Ouzbékistan, Chine de l'ouest et Kirghizstan). Nous disposions de trois types de matériel : 1) des variétés anciennes, traditionnelles (arbres maintenus dans les jardins ou en bord de chemin ou bien encore en collection de germplasm issu d'arbres prélevés localement), 2) des cultivars locaux (vergers de production (ex : marché d'Almaty)) et 3) des accessions sauvages (populations naturelles dans les forêts du massif du Tian Shan) (voir Figure 6).

Analyse de la diversité phénotypique du caractère « débourrement » chez les abricotiers d'Asie centrale et du Caucase

Analyse en composantes principale (ACP)

L'ACP réalisée (Figure 9) explique 87 % de la variabilité observée uniquement grâce aux deux premiers axes qui représentent la précocité. L'étude des variables supplémentaires qualitatives (type d'accession, pays d'origine, population) montre que les variétés anciennes sont les plus précoces et les arbres sauvages les plus tardifs (Tableau 2). Refaire les analyses par type d'accession ne modifie pas beaucoup les résultats et les interprétations (résultats non présentés).

Concernant l'origine géographique, il ressort un gradient lié à la latitude puisque les individus ouzbeks sont plus précoces, puis viennent les azéris, les chinois et les kazakhs. Au niveau des populations, cette hiérarchisation latitudinale se confirme (Annexe V).

Afin d'appréhender les données autrement, les stades de débourrement ont été remplacés par les variables HF et RG, plus quantitatives (Annexe IV). Il ressort des analyses que les deux variables HF et RG sont fortement corrélées positivement (r=0,942) sur la première dimension et expliquent, à elles seules, 100% de la variabilité observée. La répartition par type d'accession est conservée (les individus en retard sont ici à droite), ainsi que celle par pays (à l'exception de la Chine et du Kazakhstan qui sont inversés).

Analyse de variance

Une MANOVA a été réalisée sur les notes obtenues sur la totalité de la période de notation. Il en ressort qu'à la fois HF, RG et HJ ont un effet significatif sur les notes obtenues, de même que leurs interactions (effets combinés) (Annexe VIII). Lorsque l'analyse est décomposée en variables qualitatives (Annexe VII), seuls les effets du type d'accession et de la population d'origine sont significatifs, ce qui rejoint les résultats de l'ACP. La recherche des variables qualitatives ayant des effets significatifs sur les données HF, RG et HJ séparément (ANOVA), indique que seule la population d'origine a un effet significatif (Annexe VI). Cependant, si ces trois variables HF, RG et HJ sont considérées comme dépendantes (Annexe IX), le type d'accession est alors également un facteur significatif. Les individus sauvages puis les variétés anciennes ont donc été étudiés séparément. Que ce soit pour les accessions sauvages ou les variétés anciennes, l'effet de la population reste significatif. Les effets des variables quantitatives HF, RG et HJ sont également conservés, excepté l'interaction RG-HJ dans le cas des individus sauvages.

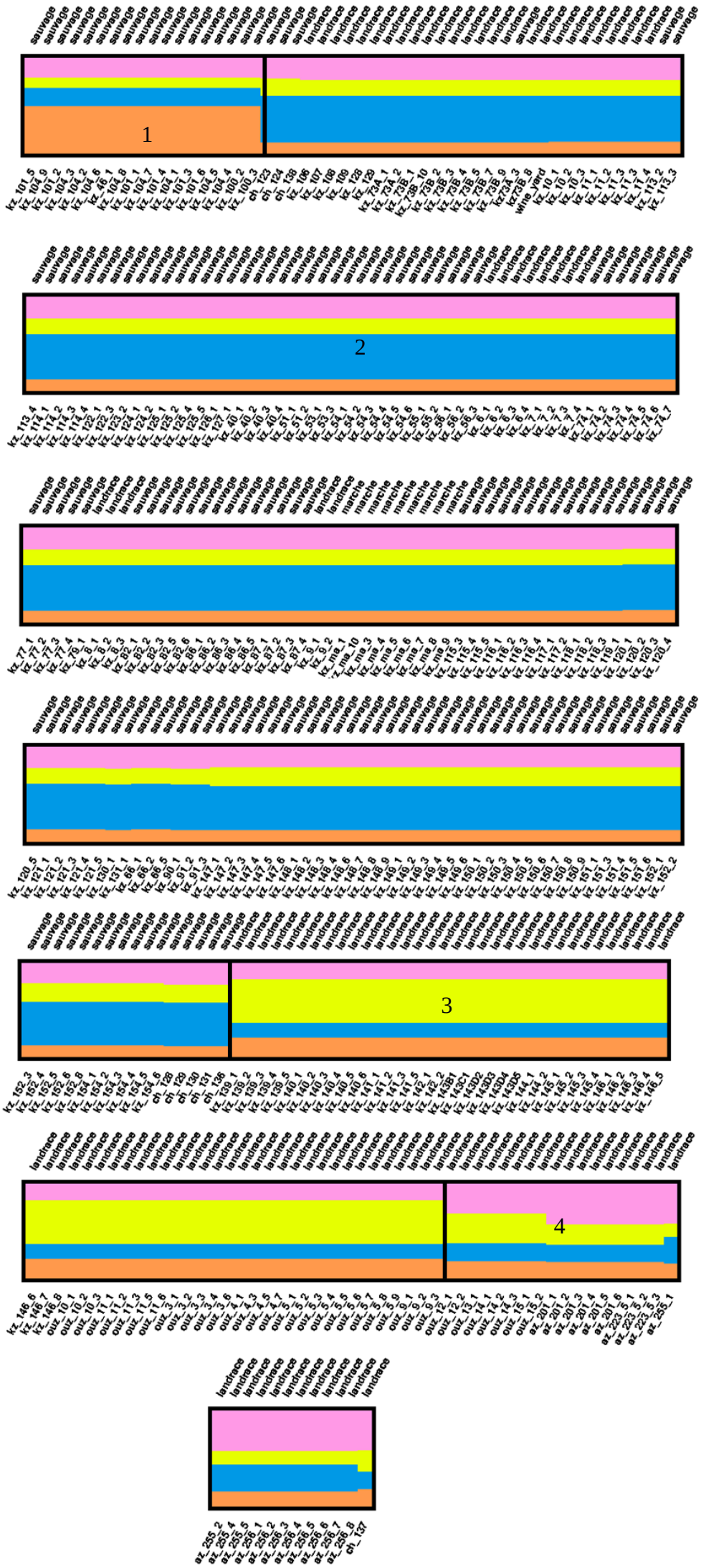


Figure 11: Structuration détectée par GENELAND (fréquences non corrélés) sur le phénotype (HF=nombre d'heures de froid pour atteindre le stade 3). Les individus apparentés ont été conservés. Structuration en quatre groupes des individus phénotypés.

Structuration des abricotiers d'Asie centrale et du Caucase selon la variabilité phénotypique

Analyse de la structuration chez les individus sauvages et les variétés anciennes

Lorsque les données phénotypiques (ici, données sur HF) sont utilisées dans GENELAND afin de tester une possible structuration dans ce matériel végétal, les variétés anciennes et les individus sauvages ne sont pas nettement séparés (Figure 10 et Figure 11). Cependant, dans le cas des fréquences alléliques corrélées (Figure 10), les individus provenant d'Aksu (population naturelle du parc national d'Aksu-Zhabagyly), de Soujetskoe et des environs de Sayram (kz_139 à kz_154), c'est-à-dire tous à l'ouest du kazakhstan (environ à 600km d'Almaty) sont regroupés avec les ouzbeks (groupe 2) tandis que les azéris forment un groupe intermédiaire (groupe 3) et que les autres kazakhs forment un groupe homogène (groupe 1). En comparaison, dans le cas des fréquences alléliques non corrélées (Figure 11), la moitié des kazakhs du lac de Big Almaty forme un groupe à part (1), de même que les ouzbeks de Samarcande et les azéris qui intègrent également un individu chinois d'Urumqui (ch_137) (4) et que les individus kazakhs des environs de Sayram, de Chymkent et de Soujestkoe (ouest du Kazakhstan) sont associés avec les ouzbeks de Boukhara et de Chimgan Beldersay (3). Les autres forment un grand groupe (2). Ces résultats sont obtenus que les individus apparentés soient conservés ou non.

Analyse de la structuration au sein des individus sauvages uniquement

L'analyse a tout d'abord été réalisée sans intégrer les coordonnées spatiales. Lorsque les fréquences ne sont pas considérées comme corrélées, le nombre de populations le plus probable est de 8. Cependant, chaque « run » (répétition) donne un nombre de populations différent (entre 7 et 13) et les demi-frères sont presque toujours assignés à des populations différentes, ce qui pourrait indiquer que le caractère de débourrement est tout aussi variable au sein des populations qu'entre les populations. Au contraire, si les fréquences alléliques sont considérées comme corrélées (dérivées d'une population ancestrale), une seule population est obtenue. L'ajout des coordonnées permet d'identifier deux populations principales séparant les individus provenant du parc national d'Aksu Zhabagyly des autres. Lorsque les fréquences ne sont pas corrélées, la séparation du groupe d'Aksu-Zhabagyly des autres abricotiers est conservée avec deux sous-populations dans la grande population précédente : d'un côté la moitié des individus issus de Big Almaty Lake et la population de la vallée de Medeu, de l'autre les chinois et les autres kazakhs (Annexe X). Il est intéressant de noter ici que la population naturelle d'abricotiers sauvages de Big Almaty Lake se structure en deux groupes distincts, sur la base de leur besoin en froid pour débourrer (Annexe X, kz_100 à 104 d'une part et kz_122 à 127, d'autre part). Aucune structure plus fine n'a pus être détectée intra-population.

Analyse sans individus apparentés

Les résultats présentés jusqu'ici ont tous été obtenus en ayant des individus apparentés (demi-frères), ce qui constitue une entorse à l'équilibre de Hardy-Weinberg (hypothèse utilisée dans les analyses de structure des populations). Il nous paraissait néanmoins important de travailler ainsi du fait du faible nombre d'individus non apparentés disponibles. D'autant plus que Cornille et al (2012) ont obtenu des résultats identiques en intégrant ou non les apparentés dans leur étude. Finalement, si les apparentés sont retirés, nous retrouvons toujours la séparation des individus d'Aksu-Zhabagyly du reste des sauvages, à condition de prendre en compte les coordonnées spatiales.

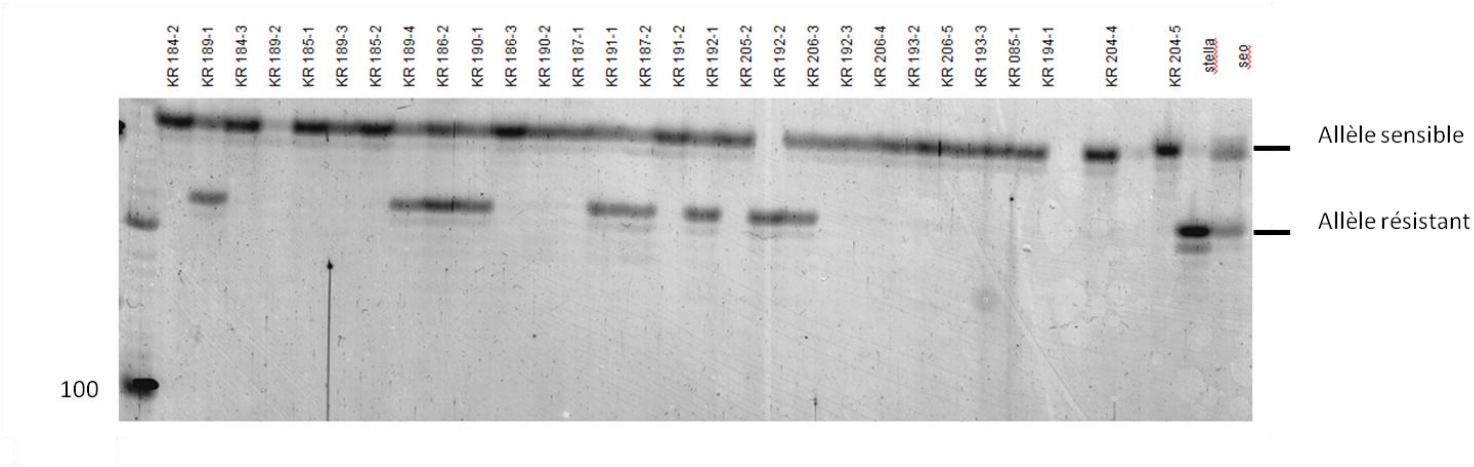


Figure 12 : Exemple de gel de polyacrylamide obtenu avec le marqueur ZP002. « Stella » et «SE0» sont des variétés résistantes utilisées comme contrôles, la première étant homozygote au locus *PPVres* et la seconde hétérozygote. Le premier puits correspond à l'échelle de taille (100pb).

Tableau 3 : Fréquence de l'allèle résistant au marqueur ZP002 par population naturelle d'abricotiers sauvages

Population	Pays	Fréquence des individus portant l'allèle associé à la résistance-homozygotes compris (%)	Fréquence des individus présentant l'allèle associé à la résistance à l'état homozygotes (%)
Aksu reserve	Kazakhstan	37.5	0
Sary Chelek	Kirghizstan	35	3
Chimgan Beldersay	Ouzbékistan	30	10
Chyckan river	Kirghizstan	16	0
Arslanbob	Kirghizstan	30	2
Kaskelen canyon	Kazakhstan	25	10
Belbulak canyon	Kazakhstan	50	0
Turgen valley	Kazakhstan	32	0
Esik lake	Kazakhstan	75	42
Medeu valley	Kazakhstan	46	8
Big Almaty lake	Kazakhstan	55	7
Mehe	Chine	44	0

Tableau 4 : Répartition des types d'accession génotypées au locus *PPVres* selon le pays

	variété ancienne	cultivar local	mélange	Accession sauvage	TOTAL
Chine	10	0	0	8	18
Kazakhstan	66	10	0	123	199
Kirghizstan	41	0	26	172	239
Ouzbékistan	13	0	0	2	15

Synthèse des résultats obtenus lors de l'analyse de la diversité phénotypique chez les abricotiers provenant d'Asie centrale et du Caucase

Les analyses réalisées sur les données de débourrement ont permis de montrer que : 1) les variétés anciennes sont plus précoces que les individus sauvages mais ne forment pas une population distincte, 2) la précocité est liée à la population d'origine et non au pays, 3) la structuration est plutôt faible, les kazakhs de l'ouest étant tantôt regroupés avec les autres kazakhs, tantôt avec les ouzbeks ou les azéris, et la population d'Aksu-Zhabagyly semblant particulière, 4) la variabilité phénotypique inter-populations est équivalente à la variabilité intra-populations. L'apparente contradiction entre les résultats d'analyse de variance et de l'ACP avec ceux de structuration peut être liée au fait qu'une seule variable a été utilisée pour étudier la structuration. Cependant, l'étude de ce caractère aura permis d'identifier des individus avec un potentiel améliorateur.

Diversité génétique aux loci *PPVres* et *SI*

Locus majeur contrôlant la résistance à la sharka

Le marqueur étudié ici, ZP002, est lié au locus *PPVres* qui contribue à la résistance au virus. Nous avons, dans ce cas, inclus dans l'analyse les individus kirghiz pour lesquels l'ADN a pu être extrait à partir des semis durant ce stage. Le type de résultats obtenus est présenté dans la Figure 12. A première vue, l'allèle lié à la résistance à la sharka semble répandu de manière très hétérogène dans les populations naturelles mais est quasiment absent des variétés cultivées (Tableau 3). Afin d'étudier plus en détail la répartition de cet allèle de résistance au sein des populations, des comparaisons de moyennes ont été effectuées.

Il ressort d'une première analyse que les individus provenant du Kazakhstan et de l'Ouzbékistan présentent la fréquence la plus élevée d'individus portant l'allèle lié à la résistance et ceux du Kirghizstan la fréquence la moins élevée; et que les cultivars locaux ont significativement l'allèle lié à la résistance moins fréquent que les variétés anciennes traditionnelles et les individus sauvages. Cependant, la répartition par type d'accession est fonction du pays (Tableau 4). L'analyse a donc été refaite par étapes successives.

Si l'on ne travaille que sur les variétés anciennes et les accessions sauvages, la différence de moyenne est significative, bien que très faible, selon le type (variétés anciennes=111.64, sauvages=111.96). Si cette l'analyse est refaite par pays, il en ressort que la différence entre les types n'est significative que pour la Chine (variétés anciennes=110,5, sauvages=112,68). De plus, il apparait que chez les variétés anciennes chinoises l'allèle résistant est plus fréquent que chez les variétés anciennes des autres pays. Ceci pourrait signifier un flux de gène plus important entre sauvages et variétés locales en Chine que dans les autres pays.

Au niveau des populations kazakhes, trois populations se distinguent : vallée de Turgen (b), lac d'Esik (a) et canyon de Kaskelen (c). La population du lac d'Esik est celle qui présente la fréquence la plus élevée de l'allèle résistant, notamment à l'état homozygote. Les autres populations sont intermédiaires. Parmi les populations kirghizes, seules celles de la rivière Chychkan et du canyon de Boom (rivière de Chuy) se démarquent, le canyon de Boom étant le plus riche en allèle lié à la résistance.

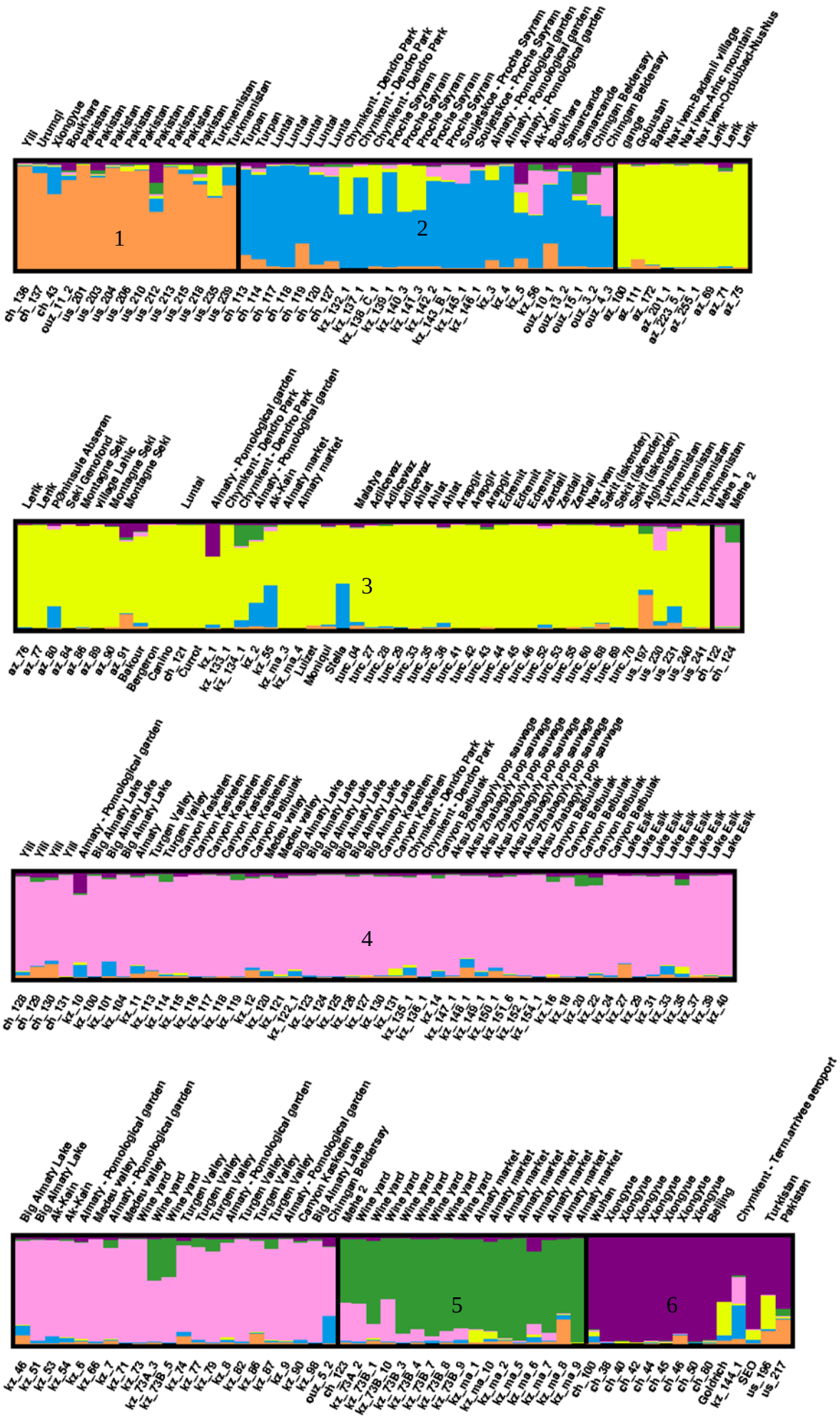


Figure 13 : Structuration des populations d'abricotier détectée par STRUCTURE à partir des données des SSR.
Les individus apparentés ont été éliminés.

Auto-Incompatibilité

Sur l'ensemble des individus testés (hors variétés cultivées européennes), seuls 3 sont homozygotes pour l'allèle lié à l'auto-compatibilité (et devraient donc être auto-compatibles) : kz_4, kz_133, kz_138, kz_ma_4. Quatre autres individus portent cet allèle à l'état hétérozygote : az_223_5_3, kz_55, kzma_3 et us_241 (variété collectée au Turkménistan, en collection aux USA). Ces individus sont tous des variétés anciennes ou bien des cultivars locaux. Le choix a été fait de ne pas étudier les kirghiz du fait des résultats négatifs obtenus sur les autres accessions sauvages. Il apparait par cette étude préliminaire que l'allèle lié à l'auto-incompatibilité n'est pas présent dans les populations naturelles d'Asie centrale, tout au moins pour sa partie nord.

Diversité génétique globale à partir des données de génotypage issues de 21 loci microsatellites

Les résultats présentés dans cette partie ont été obtenus grâce aux données issues de 20 microsatellites parmi les 24 utilisés par Bourguiba et al. (2012) sur l'abricotier cultivé (les 3 autres générant un taux élevé d'allèles nuls, de profil monomorphe ou reflétant une mauvaise qualité d'amplification ou de lecture) et auxquels a été rajouté PGS1.21 (marqueur lié au locus *PPVres*). Un total de 21 loci microsatellites (Tableau 9) a donc été retenu pour l'analyse suivante.

Structuration

L'analyse réalisée avec le logiciel STRUCTURE sépare les individus en 6 populations (Figure 13) comme suit : en jaune, les azéris, les cultivars de contrôle (excepté « SEO » et « Goldrich »), les turkmens et les turcs (groupe 3), en bleu les chinois de Turpan et Luntaï, les ouzbeks et les kazakhs de l'ouest (2), en violet les chinois de Xiongyue et les cultivars « SEO » et « Goldrich » (6), les Pakistanais en orange (1), les cultivars locaux (marché d'Almaty) et les variétés anciennes récoltées dans le vignoble kazakh en vert (5), et enfin les kazakhs sauvages ainsi que les chinois de Yilli en rose (4).

Il apparait ici que les abricotiers chinois se structurent en trois groupes distincts : le germplasm collecté à travers le pays et rassemblé dans la collection de Xiongyue (Apricot national repository) (en violet, Figure 13), les variétés locales de la province du Xinjiang (en bleu) et les abricotiers issus de populations naturelles (Vallée de Yilli et Mehe, en rose). Seul ch_43 (collection de germplasm du Xiongyue) se distingue des autres et groupe avec les variétés locales du Xinjiang, ce qui est compréhensible car il provient de cette province. De plus, il est intéressant de remarquer que les variétés locales du Xinjiang (en bleu, Figure 13), de l'Ouzbékistan et du Kazakhstan de l'ouest (Chymkent, Sayram) sont apparentées entre elles mais distinctes du compartiment sauvage chinois et kazakh (en rose, Figure 13). Ceci démontre une séparation nette entre les individus cultivés et les variétés anciennes d'un côté et les individus sauvages de l'autre.

Afin d'affiner les résultats, les kazakhs sauvages pour lesquels nous disposons de populations naturelles plus fournies ont été analysés séparément. Il ressort 5 populations ancestrales qui correspondent globalement aux différents sites d'échantillonnage (données non présentées). Ceux-ci constituent des populations homogènes, excepté pour celle du lac de Big Almaty et de la vallée de Turgen. Dans ce dernier cas, deux sous-populations se dessinent selon un gradient altitudinal, contrairement à la vallée du Lac de Big Almaty qui a été ré-échantillonnée de manière plus intensive durant l'été 2014 afin de comprendre l'origine de cette structuration intra-population.

Tableau 5 : Estimation à partir des données de génotypage par microsatellites du flux de gènes (Nm) entre matériel provenant des différents pays (SSR). Calculs effectués avec GENETIX. USA correspond à des accessions de différentes origines conservées en collection, cultivé correspond aux cultivars utilisés en référence dans l'analyse.

	Azerbaïdjan	cultivé	Chine	Kazakhstan	Ouzbékistan	Turquie	USA
Azerbaïdjan							
cultivé	4.79						
Chine	2.15	2.32					
Kazakhstan	1.73	1.86	11.73				
Ouzbékistan	1.47	1.69	16.36	19.98			
Turquie	25.51	3.94	2.00	1.65	1.51		
USA	3.67	3.63	8.52	5.01	6.32	2.91	

Tableau 6 : Estimation du flux de gènes (Nm) entre les différents sites d'échantillonnage (populations naturelles d'abricotiers sauvages uniquement) du Kazakhstan (données issues des SSR). X signifie que la valeur de Fst pour cette paire est négative et que le calcul n'est donc pas possible.

	Canyon Belbulak	Lake Esik	Big Almaty Lake	Ak-Kain	Medeu Valley	Turgen Valley	Canyon Kaskelen	Aksu Zhabagly
Canyon Belbulak								
Lake Esik	7.79							
Big Almaty Lake	5.14	7.59						
Ak-Kain	9.76	x	5.79					
Medeu Valley	10.58	13.38	5.01	77.99				
Turgen Valley	1.8	3.2	1.93	2.91	1.72			
Canyon Kaskelen	8.1	151.23	6.67	11.86	27.51	3.12		
Aksu Zhabagly	11.74	11.99	4.01	10.32	15.77	2.3	12.65	

Tableau 7 : Flux de gènes (Nm) entre les 6 populations détectées par STRUCTURE (données issues des SSR). Les couleurs renvoient aux couleurs utilisées sur la Figure 13 pour chaque population

	jaune	violet	bleu	rose	vert	orange
jaune						
violet	2.07					
bleu	2.43	3.64				
rose	1.32	2.81	5.94			
vert	1.27	2.64	3.04	3.77		
orange	1.84	2.79	4.6	3.17	2.59	

Tableau 8 : Diversité génétique entre les pays (données issuées des SSR). He=hétérozygotie attendue, Ho=hétérozygotie observée, Ar=richesse allélique, Apr=richesse allélique privée.

	He	Ho	Ar	Apr
Azerbaïdjan	0.6209	0.5865	3.12047	0.221589
Cultivars de référence	0.6249	0.5694	3.14702	0.300844
Chine	0.8	0.6566	4.08623	0.84307
Kazakhstan	0.7903	0.687	3.87602	0.619646
Ouzbékistan	0.7571	0.7392	4.01499	0.683715
Turquie	0.6278	0.6075	3.09501	0.189993
USA	0.7542	0.6598	3.7685	0.49492

La même analyse a été réalisée avec le logiciel GENELAND. Les résultats sont différents puisque seules 4 populations sont détectées, mais les mêmes tendances ressortent. De plus, les résultats des deux logiciels restent similaires par la suite. Nous ne présenterons donc que les résultats obtenus avec STRUCTURE.

Ces analyses de structuration issues de 21 loci microsatellites apportent des informations différentes de celles obtenues par phénotypage du débourrement. Nous observons des populations naturelles bien distinctes suivant leur structuration géographique, ce qui ne fut pas le cas lors de l'analyse phénotypique. Ceci s'explique soit par un manque de variabilité du caractère « débourrement », soit par le fait que la majorité des individus génotypés sont issus des pieds-mères (feuilles) alors que ceux qui ont été phénotypés sont des semis d'une partie seulement de ces pieds-mères. Les mêmes analyses ont donc été répétées uniquement sur les individus communs au phénotypage et aux marqueurs SSR. Cependant, une seule population est obtenue, ce qui pourrait s'expliquer par le faible nombre d'individus restants (87 au lieu de 301 pour les SSR et 338 pour le phénotypage).

Distance génétique et flux de gènes entre populations

Le calcul du nombre de migrants par génération (valeur Nm=(1-Fst)/4Fst) permet d'estimer les flux de gènes entre les populations. Ainsi, le flux de gènes entre pays varie de 1,47 à 25,51 (Tableau 5). Le matériel turc présente un flux de gènes non négligeable avec le matériel azéri ; les matériels chinois, kazakh et ouzbek présentent également des échanges importants entre eux ; et le matériel issu des collections américaines, des échanges moyens avec tous les autres pays. Il est à remarquer ici que ce matériel maintenu par l'ARS-USDA (Davis, CA, USA) fut collecté en Asie centrale mais dans sa partie sud (Turkmenistan, Pakistan etc.), ce qui pourrait désigner un groupe d'abricotiers distincts de ceux d'Asie centrale pour sa partie nord (zone du massif montagneux du Tian Shan). Le calcul de la distance génétique de Nei (1978) amène à des résultats similaires et n'est donc pas présenté ici.

Le Tableau 6 présente les calculs de Nm entre les différents sites d'échantillonnage. La vallée de Turgen échange peu de gènes avec les autres populations, certainement du fait de sa situation excentrée (Figure 6). Au contraire, Ak-Kain et la vallée de Medeu ont des échanges importants, ce qui est lié au fait qu'Ak-Kain se trouve à l'entrée de la vallée. Par contre, les flux de gènes particulièrement importants entre le canyon de Kaskelen, le lac Esik et la vallée de Medeu ne peuvent pas être reliés à une proximité géographique puisqu'une moyenne de 56 km les sépare. De même, Aksu Zhabagly présente des flux moyens avec l'ensemble des populations d'Almaty (à part Big Almaty et Turgen) bien que ce site soit situé à l'extrême ouest du pays (529 km d'Almaty, est du pays). Il serait intéressant de tester l'hypothèse que les allèles partagés entre toutes ces populations appartiennent à une population ancestrale d'abricotiers, spécifique aux abricotiers sauvages de la région du Tian Shan. En comparaison, les flux de gènes entre wine-yard (variétés anciennes) et les populations sauvages sont compris entre 2,17 et 3,78, ce qui semble indiquer un flux de gènes relativement faible entre les compartiments « variétés anciennes » et sauvage. Durant l'été 2014, un échantillonnage un peu plus intensif de ces variétés anciennes kazakhs (plantation le long des routes, jardins privés etc.) a été réalisé afin de vérifier ce résultat. Les flux de gènes entre les différents groupes créés par STRUCTURE (K=6) sont, quant à eux, moyens (Tableau 7), sauf avec le groupe jaune où le flux est relativement plus faible.

L'hétérozygotie attendue (He) pour le groupe jaune (variétés anciennes du Caucase et d'Asie centrale) est plus faible que celle des autres groupes (0,66 contre 0,75). Au niveau de

Tableau 9 : Estimateurs de diversité globaux résumés par marqueur SSR. He=hétérozygotie attendue, Ho=hétérozygotie observée, Na= nombre d'allèles présents.

Marqueur	He	Ho	Na	Fis
AMPA100_1	0.8576	0.7711	12	0.103
AMPA101_1	0.841	0.7264	18	0.139
AMPA109_1	0.6937	0.2772	16	0.602
AMPA116_1	0.8024	0.6765	13	0.159
AMPA119_1	0.6457	0.5377	12	0.17
BPPCT001_1	0.5624	0.4439	4	0.213
BPPCT004_1	0.8756	0.7304	18	0.168
BPPCT008_1	0.8043	0.6616	18	0.18
BPPCT017_1	0.6742	0.6289	17	0.07
BPPCT025_1	0.7093	0.5911	6	0.169
BPPCT030_1	0.8223	0.7415	10	0.101
BPPCT038_1	0.8698	0.802	19	0.08
BPPCT040_1	0.7177	0.5902	13	0.18
CCPCT030_1	0.915	0.7869	19	0.143
CPPCT006_1	0.8671	0.8049	14	0.074
CPPCT022_1	0.91	0.801	21	0.122
CPPCT033_1	0.8264	0.5678	15	0.315
PGS1_21_1	0.9021	0.8069	25	0.108
UDP97-402_1	0.871	0.4315	15	0.506
UDP98-409_1	0.8942	0.803	19	0.105
UDP98-412_1	0.8769	0.7427	15	0.155
Moyenne	0.81	0.66	15.19	0.18

Tableau 10 : Estimateurs de diversité de Weir et Cockerman calculés par GENEPOP sur les populations détectées par STRUCTURE (données SSR). Ici, aucun locus ne présente d'estimateur négatif. Pour chaque estimateur, les valeurs associées à des lettres différentes sont significativement différentes au seuil de 5%.

Estimateur	Valeur (groupes par pays)	Valeur (K=2)	Valeur (K=6)
FIS	0.1358 a	0.1403 a	0.1108 b
FST	0.0771 a	0.1079 b	0.1043 b
FIT	0.2024 a	0.2331 b	0.2035 a

Tableau 11 : Estimateurs de diversité de Weir et Cockerman calculés par GENEPOP sur les populations détectées au sein des kazakhs sauvages (données SSR) . Ici, de nombreux loci présentent un ou deux estimateurs négatifs. Pour chaque estimateur, les valeurs associées à des lettres différentes sont significativement différentes au seuil de 5%.

Estimateur	Valeur	Valeur (Big Almaty Lake)	Valeur (Turgen Valley)
FIS	0.0502 a	0.0302 a	-0.2089 b
FST	0.0464 a	0.0669 a	0.1883 b
FIT	0.0943 a	0.0951 a	0.0187 a

la richesse allélique, les deux populations majoritairement chinoises montrent une richesse allélique plus élevée (5,89 contre 4,89 pour G=12). En effet, ces deux groupes associés au cluster rose contiennent en moyenne 94% des allèles présents tous individus confondus. Au sein des kazakhs sauvages et des variétés anciennes de wine yard, l'hétérozygotie attendue et la richesse allélique sont proches pour toutes les populations (moyenne de 0,68 et 2,31 pour G=3 respectivement). Enfin, cette analyse (Tableau 8) montre clairement que les accessions turques et azéries ainsi que les cultivars de référence ont une diversité plus faible que tous les autres abricotiers issus d'Asie centrale (partie nord, zone du Tian Shan), et que les accessions en collection aux Etats-Unis (origine Asie centrale, partie sud) sont intermédiaires.

Différenciation des populations

Les estimateurs de diversité calculés sur les marqueurs SSR dans les différentes subdivisions sont résumés dans les Tableau 10 et Tableau 11. Les Fst pairés ne sont pas présentés car ils montrent les mêmes relations entre les populations que le calcul de Nm. Il apparait un excès d'homozygotes dans toutes les populations, excepté au sein de la population de la vallée de Turgen. Afin d'étudier le lien entre la distance génétique et la distance géographique des populations, un test de Mantel a été réalisé. Il en ressort qu'il y a un lien entre ces variables pour les populations détectées par STRUCTURE (K=6) sur les SSR (p=0,01), mais pas pour les populations sauvages kazakhs (p=0,97), ni entre les pays (p=0,37).

Phylogénie

L'analyse phylogénétique réalisée (Figure 14) révèle que les groupes détectés par STRUCTURE sont globalement liés à des relations de parenté. Certains clusters appartiennent à plusieurs groupes phylogénétiques qui reflètent le type d'accessions (d'un côté les variétés locales et de l'autre les autres en ce qui concerne le groupe vert par exemple). Il y a ainsi une séparation nette et relativement ancienne entre les compartiments cultivé et sauvage.

Synthèse des résultats obtenus lors de l'analyse de la diversité génétique au niveau de 21 loci microsatellites

L'étude des microsatellites a permis de montrer que : 1) les accessions azéries et turques sont très proches du matériel cultivé, moins diverses et significativement distinctes du matériel sauvage, 2) le centre d'origine de l'abricotier semble être en Chine du nord qui présente une forte diversité, 3) le compartiment sauvage kazakh est peu structuré, 4) il y a un excès d'homozygotes généralisé, 5) le compartiment cultivé serait en grande partie issu d'une séparation ancienne avec le compartiment sauvage .

Bien que ces 21 loci microsatellites soient distribués sur l'ensemble du génome abricotier (Annexe XI), ils ne reflètent qu'une partie de la diversité génétique de l'abricotier. Nous avons donc réalisé une étude similaire à partir de séquences générées dans le cadre du projet ANR CHEX ABRIWG. Le génome de 77 abricotiers sauvages issus de 7 populations naturelles (Turgen, lac d'Almaty, Aksu-Zhabagyly, Shary Chelek, Issik-kul Ortobyrosan, Chuy river Boom Canyon, à raison de 7 à 10 individus par population), essentiellement kazakhs et kirghizes, et quelques variétés locales, anciennes, chinoises et ouzbeks a été reséquencé. Les séquences ont été filtrées selon le protocole décrit dans la partie « matériel et méthodes ». La quantité de reads conservés à chaque étape de l'analyse de séquences et le nombre de SNPs obtenus sont résumés dans la Figure 15. Au final, un total de 207 537 SNPs, de position connue, a été détecté. Ils sont répartis sur l'ensemble du génome et proportionnellement à la taille des pseudo-molécules (ou « scaffolds » qui correspondent aux 8 chromosomes de l'abricotier) (Figure 16).

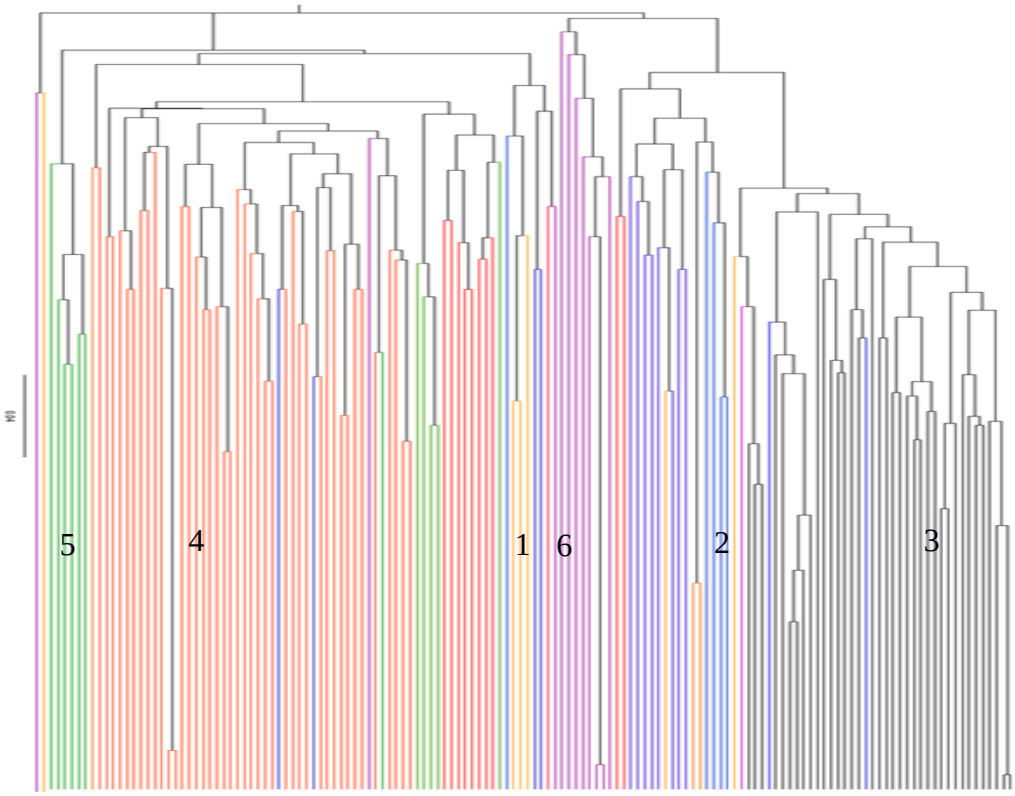


Figure 14 : Arbre phylogénétique construit selon la méthode UPGMA avec le logiciel POPTREE à partir des données de SSR. Les individus en rouge correspondent au groupe rose (4), ceux en noir au groupe jaune (3) et les autres couleurs correspondent à celles utilisées pour les groupes détectés par STRUCTURE.

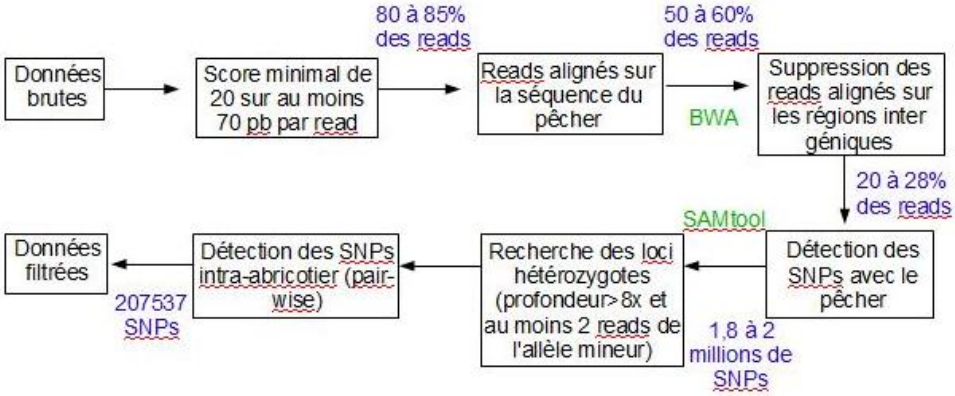


Figure 15 : Traitement des données de séquençage avant leur utilisation. En bleu sont indiquées les quantités de données conservées après chaque étape, en vert sont indiqués les logiciels utilisés lorsqu'il y a lieu. Dans le cas contraire, des scripts spécifiques ont été utilisés.

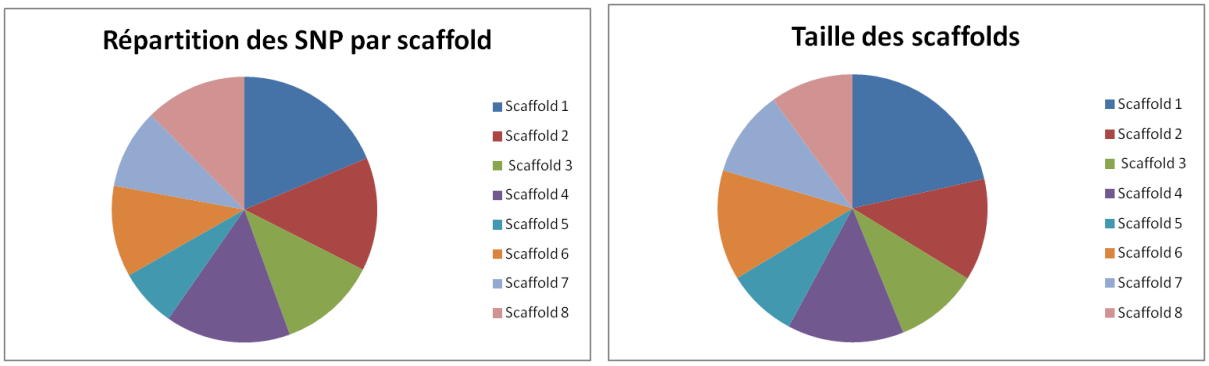


Figure 16 : Répartition des SNPs le long du génome et correspondance avec la taille de chaque scaffold (pseudo-molécule).

Diversité génétique globale à partir des données de SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) répartis sur l'ensemble du génome

Dans cette partie, nous avons travaillé à partir d'un jeu de 2 076 SNPs sélectionnés parmi les 207 537 SNPs initiaux (Figure 15). En effet, des essais sur des jeux de données moins importants ont montré une perte d'information et avec des données plus conséquentes, aucun gain n'est constaté. De plus, cela permet de limiter le temps de calcul à 4 jours au lieu de quelques semaines. Ces SNPs ont été sélectionnés au hasard selon la règle d'un SNP conservé tous les 100 SNPs en parcourant le génome linéairement.

Estimation de la diversité génétique des abricotiers sauvages d'Asie centrale

La valeur moyenne de théta estimée sur l'ensemble des 207 537 SNPs disponibles et sur les 77 accessions séquencées est de $7{,}65.10^{-3}$ avec un écart-type de $1{,}37.10^{-4}$. Une comparaison de moyennes a révélé une absence de différence significative du niveau de diversité, que ce soit en fonction du pays, du type d'accession ou de la population. Le taux d'erreur moyen est de $1{,}30.10^{-3}$, ce qui correspond à un nucléotide toutes les 1000 bases et est faible en regard du taux d'erreur indiqué par la société Illumina (autour de 1%).

En ce qui concerne le Fis calculé pour chaque SNP sur l'ensemble du génome, il est négatif avec une moyenne de -0,318 (Tableau 12). Il existe cependant des régions pour lesquelles le Fis est positif (Annexe XII)

Structuration des populations naturelles d'abricotiers sur la base de 2 076 SNPs

Aucune structuration n'a pu être détectée par le logiciel TESS. Concernant STRUCTURE, une structuration en 3 populations (Figure 17) a été détectée (sans admixture et avec les fréquences alléliques corrélées, avec et sans l'information sur le site d'échantillonnage). Dans tous les autres cas, aucune structuration n'est détectée. Les populations ainsi formées sont les suivantes : Shary Shelek (Kyrghizstan) (sauf un individu, kr_94_1, seule variété ancienne de ce lieu d'échantillonnage) (jaune, groupe 3), des variétés anciennes (kazakhs, ouzbeks et chinoises) et l'accession sauvage kr_184_1 (sans doute issue d'une contamination du compartiment sauvage par replantation ou flux de gène important) (bleu, 2) et tous les autres individus sauvages collectés dans les populations naturelles kazakhs et kirghizes complétés par quelques individus sauvages chinois et des variétés anciennes (orange, cluster 1). Aucune structure intra-population n'a été détectée, bien que quelques runs semblent séparer les individus d'Issik-kul du reste des individus sauvages. Cette absence de structure, mis à part le cas spécifique de Sary Chelek, devrait permettre de mener à court terme des études d'association entre la variabilité génétique du matériel sauvage et la résistance à la sharka.

Les flux de gènes observés (Tableau 13) sont assez importants par rapport à ceux obtenus avec les marqueurs SSR et confirment que la population de Shary Chelek est à part, tandis que les deux autres clusters sont plus proches.

Distance génétique et flux de gènes entre populations

Les taux d'hétérozygotie observée et la richesse allélique sont comparables pour les trois populations (Tableau 14). L'hétérozygotie observée est plus élevée qu'attendu, ce qui montre un excès d'hétérozygotes et donc d'outbreeding dans ces populations naturelles. Ceci est en contradiction avec les résultats obtenus à partir de profils microsatellites.

Différenciation des populations

La valeur de Fis obtenue ici (Tableau 15) confirme l'excès d'hétérozygotes observé précédemment. Lors de la comparaison des valeurs de Fis aux loci proches des marqueurs SSR utilisés (Annexe XI), aucune correspondance ne peut être établie. La valeur de Fst,

Tableau 12 : Fis moyen par scaffold (pseudo-molécule) calculé sur l'ensemble des SNPs. Les lettres indiquent la significativité de la différence à 5% des valeurs.

Scaffold	1	2	3	4	5	6	7	8	Génome entier
Fis moyen	**-0.245 a**	**-0.526 b**	**-0.243 a**	**-0.542 b**	**-0.248 abe**	**-0.250 a**	**-0.239 ac**	**-0.253 ad**	**-0.318**

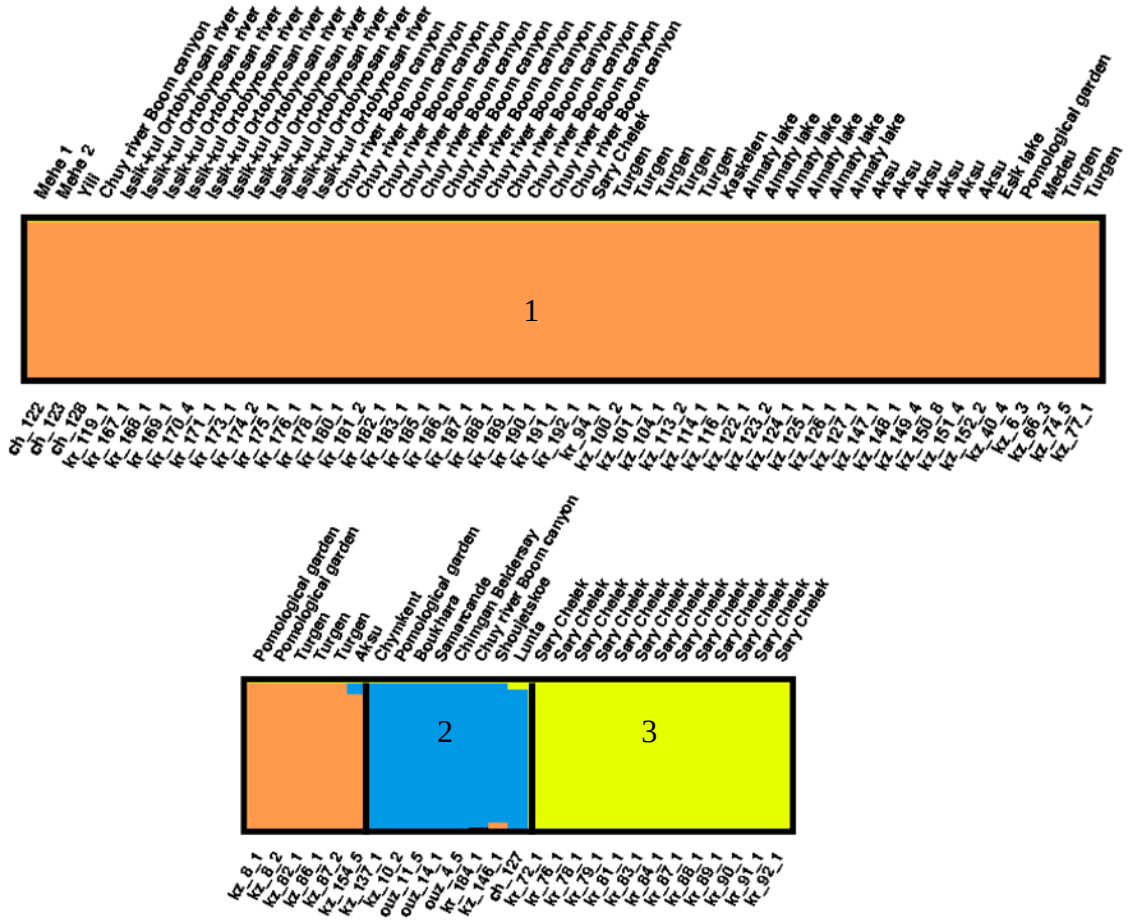


Figure 17 : Structuration en 3 populations détectée par STRUCTURE à partir des données de génotypage de 2 076 SNPs (pas d'admixture, fréquences alléliques corrélées).

Tableau 13 : Flux de gènes (Nm) entre les 3 populations détectées par STRUCTURE (données SNP). Les couleurs renvoient aux couleurs utilisées sur la Figure 13 pour chaque population

	orange	bleu	jaune
orange			
bleu	20.39		
jaune	11.11	11.25	

Tableau 14 : Diversité génétique entre les 3 populations détectées par STRUCTURE (données issuées des SNPs). He=hétérozygotie attendue, Ho=hétérozygotie observée, Ar=richesse allélique, Apr=richesse allélique privée.

	He	Ho	Ar	Apr
orange	0.2203	0.3393	1.50711	0.0637743
bleu	0.2238	0.3449	1.54459	0.0895526
jaune	0.215	0.3371	1.50202	0.0642369

quant à elle, indique que seul 1,7% de la diversité génétique observée entre les populations est lié à la dérive génétique, ce qui est bien en deçà des valeurs obtenues avec les marqueurs SSR. Les valeurs pairées apportent la même information que le calcul de Nm. Toutefois, 315 SNPs sur les 207 537 initiaux présentent un Fst supérieur à 0,35.

Phylogénie des accessions séquencées à partir de 2 076 SNPs

Les relations phylogénétiques entre les individus (Figure 18) reflètent bien les groupes détectés par STRUCTURE, sauf pour deux individus (ch_123 et kr_188_1). Ainsi, le groupe bleu de STRUCTURE (variétés anciennes) se serait différencié très tôt des autres groupes (sauvages).

Synthèse des résultats obtenus lors de l'analyse de la diversité génétique au niveau des SNPs

L'analyse des marqueurs SNPs a montré que : 1) la diversité de l'abricotier est assez élevée, 2) la structuration des populations est faible, 3) il y a un excès d'hétérozygotes, 4) la structuration reflète la phylogénie. Certains résultats sont donc en contradiction avec ceux obtenus grâce aux marqueurs SSR.

DISCUSSION

Dans cette étude, notre objectif était d'étudier et comparer la diversité génétique des variétés d'abricotiers cultivées en Europe, des abricotiers sauvages et des variétés cultivées auparavant ou/et actuellement dans différents pays situés dans la zone d'origine probable de l'abricotier, à savoir la Chine et l'Asie centrale (Bourguiba et al., 2012). Pour cela, nous avons mené différentes analyses ciblant la variabilité du débourrement végétatif, la variation allélique à deux loci spécifiques d'intérêt agronomique (résistance à la sharka et auto-incompatibilité) et enfin la diversité génétique globale à partir de 21 loci microsatellites et 2 076 loci SNP.

Des variétés anciennes avec de faibles besoins en froid

Dans le cas de la variabilité associée au débourrement végétatif, des études statistiques (ACP, analyse de variance, GENELAND) ont été menées. Globalement, elles permettent de distinguer le matériel cultivé européen et local du matériel sauvage. Les variétés anciennes (traditionnelles) et actuelles sont en effet plus précoces que les sauvages. Cela peut être dû au fait que lors de la domestication et/ou lors de la sélection par les villageois d'individus qu'ils ont ensuite transférés dans les jardins, les arbres les plus précoces ont été préférés pour une raison encore inconnue. Ainsi, les variétés anciennes peuvent constituer des géniteurs potentiellement intéressants pour introgresser des besoins en froid plus faibles dans les programmes de sélection, ce qui serait plus adapté pour la production d'abricots en Europe méridionale. Cependant, les analyses de diversité allélique aux loci d'intérêt, tout au moins dans le cas de la résistance à la sharka, ont aussi démontré une quasi-absence d'allèles favorables dans ces variétés cultivées, anciennes ou récentes. Il faudra donc croiser entre elles des accessions sauvages porteuses de résistance à la sharka et des variétés cultivées présentant des besoins en froid plus faibles et auto-fertiles. Cela permettrait de continuer à produire des abricots dans les régions où le réchauffement climatique empêche la satisfaction des besoins en froid des variétés plus tardives. Dans cette optique, les variétés anciennes ouzbeks sont les plus prometteuses, de même que la variété tunisienne « Bakour », très précoce et auto-fertile.

Lors des analyses de structuration en fonction des variations du caractère « débourrement », une hiérarchisation des populations semble se dégager selon la latitude, ce qui serait en lien avec l'évolution des climats, plus chauds et arides au sud et à l'ouest de

Tableau 15 : Estimateurs de diversité de Weir et Cockerman calculés par GENEPOP sur les populations détectées par STRUCTURE (données SNP).

Estimateur	Valeur	Estimateur	Valeur
FIS	-0.318	FIT	-0.4979
FST	0.0168		

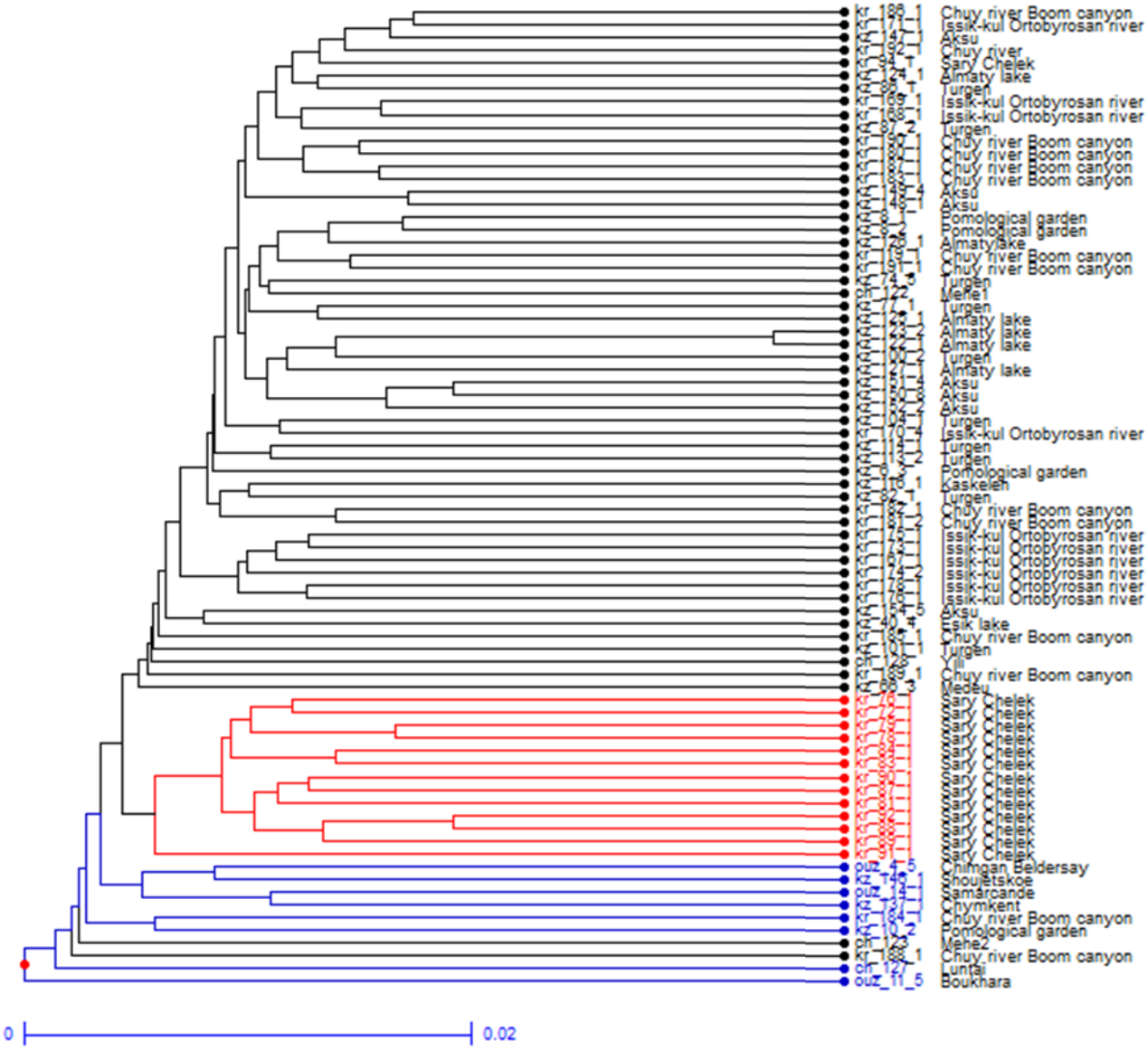


Figure 18 : Arbre phylogénétique construit selon la méthode UPGMA avec le logiciel DARwin à partir des données de SNP. Les individus en rouge correspondent au groupe de Shary Chelek (3) détecté par STRUCTURE, en bleu au groupe des ouzbeks et kazakhs de l'ouest, excepté les individus sauvages d'Aksu-Zhabagyly (2) et en noir les autres (1).

l'Asie centrale et du Caucase. On peut en effet supposer que les populations exposées à des climats différents sont éloignés dans l'analyse. Cependant, nous ne possédons pas de données climatiques assez précises pour étudier cet aspect et déterminer le lien entre climat et débourrement.

Le fait que 100% de la variabilité soit expliqué avec les deux variables HF (nombre d'heures de froid pour atteindre la stade 3) et RG (rayonnement solaire nécessaire pour atteindre le stade 3) indiquerait que le débourrement est à la fois contrôlé par le froid (Fan et al., 2010), et par la luminosité ou la longueur de la photopériode. Cependant, les études précédentes (Basler et al., 2012 ; Laube et al., 2014 ; Cooke et al., 2012) s'accordent sur le fait que seul le froid est indispensable à la levée de dormance chez les *Prunus*. Il est cependant nécessaire que la température printanière soit également suffisante (Ruiz et al., 2007) pour lever la dormance. Ainsi, la variable RG pourrait refléter l'importance du réchauffement printanier plutôt que la photopériode.

Lors des analyses de variance, nous avons mis en évidence un effet fort du type d'accession sur la variation des trois variables HF, RG et HJ, qui correspondent au cumul des heures de froid, du rayonnement solaire et des heures de jours. Cela signifie que selon si l'on a une variété ancienne ou un individu sauvage, la réponse aux trois variables est différente, par l'interaction RG-HJ. Au contraire, l'absence de cette interaction chez les accessions sauvages semblerait indiquer qu'à partir du moment où les besoins en froid sont satisfaits, atteindre l'un des deux autres seuils est suffisant pour passer au stade 3, ce qui confirmerait que l'allongement de la photopériode n'est pas indispensable (Basler et al., 2012 ; Laube et al., 2014 ; Cooke et al., 2012).

Le débourrement, une variable échouant à révéler une structuration au sein des abricotiers sauvages.

L'analyse de la structuration du matériel abricotier sauvage à partir des données de phénotypage avec GENELAND n'a été réalisée que sur une seule variable phénotypique afin d'alléger les temps de calculs. Il est donc possible que les résultats soient légèrement différents si l'ensemble des variables est conservé. Cela permet néanmoins d'apprécier la structuration des populations, d'autant plus qu'une double approche avec les marqueurs moléculaires (SSR puis SNP) est venue complétée cette analyse préliminaire. A partir des valeurs phénotypiques observées, il ressort une nette séparation entre les individus provenant d'Aksu-Zhabagyly (ouest du Kazkhstan) et les autres, cette séparation n'étant pas liée au climat ou à l'altitude car d'autres accessions se trouvent dans des zones aux caractéristiques similaires (la province autonome du Naxçivan (Azerbaïjan), par exemple, ou les individus ouzbeks, à la différence près qu'il s'agit dans ce cas de matériel sélectionné ou cultivé et non sauvage). Ainsi, si seuls les individus sauvages sont pris en considération, le fait qu'Aksu-Zhabagyly soit à part est à mettre en relation avec son climat chaud et aride par rapport aux autres kazakhs sauvages. Cette séparation pourrait aussi venir du phénomène d'isolation par distance entre populations naturelles puisque le parc national d'Aksu-Zhabagyly se situe très à l'ouest par rapport aux autres sites d'échantillonnage du Kazakhstan (529 km d'Almaty).

Un potentiel des populations sauvages pour lutter contre la sharka

Des études de variabilité à deux loci d'intérêt agronomique, *PPVres* (pour la résistance à la sharka) et *SI* (pour l'auto-incompatibilité), ont été menées. Les comparaisons de moyennes réalisées sur les allèles du marqueur ZP002, lié à *PPVres*, ont montré que les variétés anciennes chinoises et les populations naturelles d'abricotiers du Kazakhstan (plus particulièrement celle du lac Esik) présentent une fréquence plus élevée de l'allèle lié à la résistance. Zhebentyayeva et al. (2008) avait obtenu des résultats similaires à partir de

marqueurs AFLP (Amplified Fragment Lenght Polymorphism) et SSR qui indiquaient alors une origine probable de la résistance en Chine ou en Asie centrale. Ainsi, il apparait très probable que ces populations naturelles constituent des réservoirs intéressants pour la résistance à la sharka, en vue de son introgression dans les variétés cultivées. Cependant, une récente étude de Decroocq et al. (2014) a montré que la présence de l'allèle favorable de ZP002 (ou même des autres marqueurs de *PPVres*) n'implique pas systématiquement un phénotype résistant. Au travers d'analyses menées sur des populations en ségrégation (F1, F2, rétrocroisement), il semblerait que la résistance au virus de la sharka requiert deux loci distincts, dont *PPVres* (Decroocq et al, 2014). Des analyses d'association au niveau du génome complet de 76 cultivars d'abricotiers ont été conduites au laboratoire de Bordeaux dans le cadre du projet ANR ABRIWG. Elles confirment l'implication de deux loci distincts, contrôlant la réponse au virus, tous deux étant cartographiés sur le chromosome 1, à 10-20 cM de distance (article en cours de préparation). Ces deux loci correspondent aux QTLs, Meta-PPV1a et Meta-PPV1b, mis en évidence lors d'une méta-analyse par Marandel et al., (2009). Afin de confirmer le statut de réservoir des populations naturelles d'abricotiers, il conviendra donc d'étudier l'haplotype à ce deuxième locus dans le compartiment sauvage et de l'associer à la résistance ou sensibilité au virus de la sharka, en combinaison avec les variations génotypiques au locus *PPVres*. Ces travaux sont en cours au laboratoire mais requièrent au moins deux ans de phénotypage intensif avant de conclure sur cette hypothèse.

Une mutation « récente » à l'origine de l'auto-compatibilité ?

Chez les abricotiers cultivés, une majorité de l'auto-compatibilité observée est liée à une insertion dans la phase codante du gène *SFB*, au locus d'auto-incompatibilité *SI* (Romero et al., 2004). Au début de ce stage, nous avions émis l'hypothèse que cet événement d'insertion aurait eu lieu il y a très longtemps et que l'insertion serait donc présente dans le pool sauvage. 321 accessions provenant du pool sauvage, de variétés locales et cultivées en Turquie, dans le Caucase et en Asie Centrale (à l'exception des kirghizs, non-disponibles à ce moment) ont été testées avec un marqueur ciblant cette insertion. Finalement, seules quelques variétés anciennes ou locales ainsi qu'un individu conservé dans des collections botaniques américaines se sont révélées positives. Il apparait donc que cette mutation du gène *SFB* n'existe pas dans le pool sauvage et qu'elle serait apparue plus tard lors de la domestication et ensuite sélectionnée dans les programmes d'amélioration de l'abricotier cultivé. Sa présence dans certaines variétés locales ou matériel conservé en collection pourrait indiquer que, soit l'auto-compatibilité a été introduite plus récemment dans le pool local, soit qu'elle est présente dans le pool sauvage mais pas dans les échantillons testés durant ce stage. Une autre possibilité évoquée par Delplancke et al. (2011) pourrait être que ce caractère a été transféré spontanément depuis une espèce proche, comme par exemple le pêcher. Cependant, aucune espèce apparentée pouvant se croiser avec l'abricotier n'est auto-compatible, cela est donc peu probable chez cette espèce. Il serait intéressant de récupérer du matériel un peu plus au sud du bassin d'origine, au Tadjikistan , Pakistan et Afghanistan et d'intégrer les espèces proches dans l'étude mais l'accès à ce matériel demeure difficile pour des raisons géo-politiques.

Une proximité des abricotiers issus du Caucase avec le matériel cultivé européen révélée par les marqueurs SSR

A partir d'une partie de ce même matériel végétal abricotier pour laquelle nous disposions déjà des ADN, une analyse des profils de 21 marqueurs microsatellites a été réalisée. Lors de cette étude, nous avons observé que les populations azérie et turque sont apparentées et très proches du matériel cultivé, européen (plus précisément, méditerranéen, incluant « Bakour », « Bergeron », « Canino », « Currot », « Goldrich », « Luizet », « Moniqui »), ce qui

s'explique par le fort lien historique entre ces deux pays, l'Azerbaijan et la Turquie étant tous deux issus de civilisations turcophones. De plus, ils correspondent, avec l'Iran, à une zone de domestication, très certainement secondaire, de l'espèce (Bourguiba et al., 2012). Pour cette raison, ils ont fortement contribué à la diffusion de l'abricotier dans le pourtour méditerranéen, d'où l'apparentement avec les variétés d'Europe méditerranéenne mais pas avec « SEO ». Ceci confirme également le statut particulier de ce cultivar, plus proche du matériel chinois que des cultivars européens.

Des flux de gènes entre compartiments sauvage et cultivé

Les flux de gènes entre les pays permettent d'évaluer la hauteur des échanges de matériel entre les pays, notamment pour les variétés anciennes et cultivées. En effet, les forts flux de gènes (valeur supérieure à 10) peuvent être associés à des échanges commerciaux de matériel comme cela se fait traditionnellement entre la Turquie et l'Azerbaïdjan. Suivant ce critère, il y aurait également des échanges entre la Chine et le Kazakhstan, entre la Chine et l'Ouzbékistan et le Kazakhstan et l'Ouzbékistan, bien que de moindre envergure. Il est raisonnable de penser que si les données pour le Kirghizstan étaient également disponibles, ce pays apparaitrait également avec un fort flux de gènes avec les pays voisins.

Au sein du matériel sauvage kazakh, les flux de gènes moyens entre la population naturelle d'Aksu-Zhabagyly et celles situées à plus de 500 km à l'ouest peuvent s'expliquer par la replantation d'arbres d'un site à l'autre, bien que cela ne semblait pas être le cas lors de l'échantillonnage. La même remarque s'applique pour le canyon de Kaskelen qui correspond dans ce cas effectivement à des transferts de semis d'autres populations naturelles vers ce site. Les faibles flux de gènes entre le matériel cultivé localement (wine-yard) et le compartiment sauvage confirment les analyses de structuration. Ceci pourrait s'expliquer par le fait que ces arbres ont une origine géographique plus distante et encore inconnue et ne semblent pas provenir ou avoir échangé avec le compartiment sauvage le plus proche (vallée de Turgen). Ils présentent très certainement un caractère apprécié de la population locale (fruits en forme de cœur et très sucrés) qui les a donc introduits là.

L'intégration du cultivar nord-américain « SEO » à un groupe chinois semble confirmer que les variétés nord-américaines sont issues de croisement entre cultivars européens et matériel chinois (Zebhentayieva et al., 2008 ; Li et al., 2014) mais dans ce cas, de Chine Occidentale (Xinjiang), aux limites de l'Asie centrale, et non du nord de la Chine comme l'ont proposé Zebhentayieva et al. De plus, la portion de génome cultivé observée chez les individus chinois pour K=2 avec le logiciel STRUCTURE semble confirmer que les flux de gènes entre compartiment sauvage et cultivé sont plus importants en Chine qu'ailleurs en Asie centrale. Dans tous les cas et tous les pays, le matériel cultivé forme un compartiment à part, distinct des variétés anciennes et des individus sauvages.

Des populations sauvages isolées par distance ?

Lors de l'analyse de structuration des populations naturelles, nous avons remarqué une répartition reflétant plus ou moins bien la géographie des différents sites d'échantillonnage, ce qui semble indiquer un isolement par la distance (IBD) de la plupart de ces populations sauvages. Cependant, le test de Mantel dément cette conclusion puisque la variabilité génétique n'est pas structurée selon la localisation géographique, ce qui va à l'encontre du phénomène d'isolation par distance (Diniz-Filho, 2013). De plus, seules deux populations présentent une sous-structuration qui ne peut s'expliquer par une IBD : la vallée de Turgen et celle du grand lac d'Almaty (Big Almaty lake). Dans le premier cas, cette sous-structuration a pu être reliée à une distribution altitudinale mais pas dans le cas du grand lac d'Almaty. Ceci pourrait être dû à des replantations ou à une situation à mi-chemin entre deux populations

ancestrales. Un échantillonnage plus intensif a été réalisé en 2014 et a montré l'existence de deux vallées distinctes au niveau de ce site d'échantillonnage. Une vingtaine d'individus ont donc été prélevés dans chaque vallée, ils seront testés avec les mêmes marqueurs SSR afin de vérifier l'existence d'une ou de deux populations distinctes entre les deux vallées.

Des études de différentiation ont également été réalisées à partir des données des marqueurs microsatellites. La faible hétérozygotie attendue chez les abricotiers azéris, turques et cultivés (européens) par rapport aux autres accessions d'Asie centrale démontre ici un goulot d'étranglement, lors de la domestication, comme observé précédemment chez le pommier (Cornille et al., 2012). De plus, la forte richesse allélique des populations chinoises tend à confirmer que la Chine est le centre d'origine de l'abricotier (Li et al., 2014), ou tout au moins participe de manière significative à sa diversité. Cependant, ces données sont issues d'un d'échantillonnage très disparate entre les pays, avec très peu d'individus collectés en Chine (province du Xinjiang) pour cause de refus des autorités locales. Il conviendra donc à l'avenir à rééquilibrer cet échantillonnage ou, à défaut, de relativiser ces conclusions. Enfin, il est à noter l'absence de goulot d'étranglement parmi les populations naturelles d'abricotiers sauvages, quelle que soit leur localisation.

Des populations sauvages peu structurées

L'excès d'homozygotes observé (Fis positif) avec les marqueurs SSR peut paraitre surprenant puisque les abricotiers sauvages sont auto-incompatibles. Cependant, les logiciels utilisés se basent sur l'hypothèse que la structuration des populations entraine un effet Wahlund (excès d'homozygotes par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg) (Francois et Durand 2010). Il est donc logique d'observer ici un excès d'homozygotie. Cependant, les valeurs de Fis sont plus élevées lorsque le compartiment cultivé est inclus. Ainsi, cela reflète le fait que le compartiment cultivé contient des individus auto-compatibles et est propagé par greffage, ce qui n'est pas le cas des individus sauvages, qui présentent un Fis proche de 0 ou négatif. En effet, Bourguiba et al. (2012) avait obtenu un Fis positif au sein du matériel abricotier cultivé, ce qui va également dans ce sens.

Cornille et al. (2012) indique qu'un Fis faible est un indicateur d'une faible structuration des populations. En effet, les populations kazakhs (celles pour lesquelles nous disposions de plus d'individus et d'allèles) ne forment pas un ensemble très structuré parmi toutes les populations échantillonnées, à part la structuration en lien avec leur distribution géographique. Ce lien avec la situation géographique avait déjà été mis en évidence par Li et al. (2010) sur le soja. D'un autre côté, le fait que la population du lac de Big Almaty présente deux groupes distincts mais non-associés à une structuration géographique ou altitudinale et que ceci soit associé à la très faible valeur de Fis observée, laisse penser que cette région contenait autrefois deux populations bien distinctes mais qui se mélangent pour finir par ne former qu'une seule et même population. Si l'hypothèse de deux populations distinctes entre les deux vallées échantillonnées au cours de l'été se confirme, cela montrerait l'existence d'un point de contact entre ces deux vallées qui restent malgré tout isolées. Ces hypothèses semblent soutenues par l'absence de distinction des populations de Big Almaty lake par rapport aux autres populations avec les marqueurs SNPs. Au contraire, dans la vallée de Turgen, les deux populations restent bien séparées selon l'altitude et présentent un fort Fis négatif, basé sur les données de profil microsatellites. Dans ce cas, nous pouvons poser l'hypothèse que ces populations se sont adaptées à deux microclimats distincts présents dans la vallée de Turgen, mais il faudrait croiser ces résultats avec des données pédo-climatiques, pas toujours disponibles dans ces régions. De plus, cette structuration en deux sous-populations n'est pas mise en évidence avec les marqueurs SNP. Toutefois, cette absence de subdivision en deux

sous-populations à partir des données de reséquençage ne signifie pas qu'elle n'existe pas. En effet, Li et al. (2010) et Van Inghelandt (2010) ont mis en évidence que le pouvoir de détection de la structuration à partir de SNP est inférieur à celui issu des SSR. Ceci est probablement à mettre en lien avec le nombre d'allèles qui peut être observé par locus : 4 pour les SNPs (A,C,T,G) et l'infini pour les microsatellites (taille d'allèles). De même, si nous avions eu les capacités d'utiliser un plus grand nombre de SNP, nous aurions peut-être observé cette même division en deux groupes. Ceci sera testé à l'avenir, à partir du jeu de 207 537 SNPs obtenus.

Li et al. (2014) ont étudié la diversité de l'abricot sibérien (*Prunus sibirica* L.) sauvage à partir des profils de 30 marqueurs ISSR (Inter Simple Sequence Repeat), SSR et SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism). Ils ont obtenu un Fst de 0,15 avec les marqueurs SSR, ce qui est sensiblement supérieur à celui que nous avons observé (0,1107) chez *Prunus armeniaca* (sbp *vulgaris*). Ceci indique une diversité moins importante chez *Prunus armeniaca*, d'autant plus que, sans les populations turque et azérie ou en ne conservant que les populations kazakhs, le Fst est drastiquement réduit (0,0335). Ainsi les populations sauvages d'Asie centrale de l'espèce *Prunus armeniaca* semblent peu différenciées. En comparaison, *P. sibirica* est une espèce exclusivement sauvage, au contraire de *P. armeniaca*, ce qui pourrait également expliquer ces différences de différenciation. De plus, nous avons également montré que toute la diversité attendue de *P. armeniaca* n'est pas présente dans cette étude comme semblent l'indiquer les données obtenues sur matériel chinois ou sur individus originaires de la partie sud d'Asie centrale (Turkmenistan, Pakistan). En effet, ces accessions présentent des allèles non détectés dans les populations naturelles du nord de l'Asie centrale (Kazakhstan, Ouzbékistan et partie nord du Kirghizstan). De plus, le statut à part de la population naturelle de Sary Chelek, située plus au sud du Kirghizstan et qui ne groupe pas avec les autres populations kazakhs et kirghizes confirmerait l'existence d'un pool génétique particulier plus au sud. Ce pool se serait partiellement mélangé avec le matériel du nord de l'Asie centrale au niveau de la province du Xinjiang, en Chine comme le montrent les analyses de structuration dans cette région. Ceci est assez probable puisque le Xingjiang partage une frontière commune avec le Pakistan et une histoire culturelle non-négligeable, notamment au niveau du district de Kasgar (sud-ouest du Xingjiang). Il est donc raisonnable de penser que le Fst obtenu pour l'espèce *Prunus armeniaca* sp *vulgaris* est ici sous-estimé. Néanmoins, cette faible structuration génétique indique que l'abricotier présente une forte capacité de dispersion comme ceci fut observé chez le pommier (Cornille et al., 2013a).

D'autres études menées sur *P. armeniaca* à partir de profils SSR ont également conduit à calculer le Fst : 0,137 dans la vallée de Yili (Chine, province du Xingjiang) (Tian Ming et al., 2007), 0,086 pour des accessions issues essentiellement d'Europe, des USA et du Maghreb (Lasnier 2013), 0,5768 sur des variétés cultivées (Maghuly et al., 2005), 0,111 sur des cultivars provenant du bassin méditerranéen (Bourguiba et al., 2012). Les résultats obtenus sont extrêmement variables, même si notre étude semble aller dans le sens des résultats de Bourguiba et al. (2012) et Tian Ming et al. (2007). Il est à noter que les résultats présentés par Maghuly et al (2005) sont en partie faussés par l'ajout dans l'analyse d'individus interspécifiques prunier x abricotier (*Prunus cerasifera* et *Prunus salicina*) et d'une espèce apparentée (*Prunus brigantiaca*).

Une faible structuration des populations observée avec les marqueurs SNP

Lors de la recherche de structuration au sein des individus à partir des marqueurs SNP, un seul modèle a pu détecter une structuration. Il est donc raisonnable de penser que la

différenciation des populations est faible. En effet, la faible valeur de Fst obtenue (0,0168) va également dans ce sens. Ceci constitue un avantage non-négligeable pour les futures analyses d'association au niveau du génome complet d'abricotiers sauvages, notamment pour la résistance à la sharka. Toutefois, les valeurs élevées de Fst obtenues sur 315 des 2 076 SNPs pourraient indiquer la présence de gènes sous sélection divergente (Sousa et al., 2013).

L'analyse de la diversité des populations détectées par STRUCTURE avec les marqueurs SNP a montré un excès d'hétérozygotes par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg. Cela peut-être relié au fait que la mutation entrainant l'auto-compatibilité n'a pu être détectée dans les populations sauvages, le phénomène d'auto-incompatibilté favorisant les hétérozygotes par rapport aux homozygotes. De plus ces populations sont plus soumises à la sélection naturelle qui élimine les individus les plus homozygotes, conduisant à un excès d'hétérozygotes dans les populations plus âgées (Stoeckel et al., 2006). Les populations ont montré une faible différenciation, ce qui rejoint les résultats obtenus avec les marqueurs SSR qui montrent une faible structuration des populations.

Une diversité importante révélée par les SNP

La diversité nucléotidique moyenne (π), qui constitue un estimateur de Θ, est de $1{,}5.10^{-3}$ chez le pêcher (Verde et al, 2013), il semble donc que la diversité présente chez l'abricotier sauvage est bien plus importante puisque la valeur calculée ici est de $7{,}65.10^{-3}$. Cependant, il s'agit, dans le cas du pêcher, uniquement du compartiment cultivé. Lam et al (2010) ont montré une diversité plus faible chez le soja cultivé ($1{,}9.10^{-3}$) que chez le soja sauvage ($3{,}0.10^{-3}$). Le pêcher étant une espèce proche de l'abricotier mais dont la forme sauvage a disparu, cette observation peut être vue comme similaire à celle du soja. Cependant, une étude réalisée sur les abricotiers cultivés, dans le cadre du projet ANR ABRIWG, a obtenu une valeur de Θ de $7{,}97.10^{-3}$ (article en cours de rédaction), similaire à celle que nous avons obtenue sur le compartiment sauvage. L'observation de Lam et al. (2010) n'est donc pas valable dans le cas de l'abricotier. Toutefois, le niveau de diversité de l'abricotier reste élevé en regard d'autres espèces végétales, comme par exemple $3{,}7.10^{-3}$ pour les espèces du genre *Malus* (Micheletti et al., 2011) et $5{,}9.10^{-3}$ pour *Arabidopsis thaliana* (Schmidt et al., 2005). Cette forte diversité pourrait s'expliquer par la diversité des environnements dans lesquels pousse l'abricotier (altitude, climat), mais également par son allogamie. Ainsi, l'abricotier aurait subi un goulot d'étranglement plutôt faible, comme semble le démontrer également Tian Ming et al. (2007), du fait de son mode de reproduction à l'état sauvage. Chez le pommier, Cornille et al. (2012) le met en lien avec son mode de propagation par greffage pour le compartiment cultivé et sexué pour le compartiment sauvage.

Une séparation précoce du compartiment cultivé

Lors des analyses phylogénétiques réalisées à partir des marqueurs SSR et SNP, nous avons pu mettre en évidence une séparation nette entre les individus sauvages et les individus cultivés (variétés locales et anciennes, cultivars). Cette séparation aurait eu lieu très tôt dans l'histoire de l'abricotier et les individus domestiqués présenteraient des caractères très particuliers et prisés qui ont été conservés au cours du temps. Ceci est également confirmé par les faibles flux de gènes observés entre le compartiment cultivé et les populations sauvages. Il serait intéressant de dater cette séparation afin d'estimer quand a eu lieu la domestication.

Des interrogations qui demeurent...

Durant ce stage, l'analyse de la diversité chez l'abricotier dans son bassin d'origine a été réalisée selon différentes approches complémentaires, à partir de données phénotypiques ou génotypiques, ciblées ou au niveau du génome complet. Certains résultats sont apparus contradictoires et des analyses supplémentaires devront être conduites afin de répondre à ces

interrogations. En effet, alors que l'analyse génotypique au niveau pangénomique montre une diversité élevée chez les abricotiers issus de populations naturelles, nous avons observé peu ou pas de variabilité phénotypique en lien avec le débourrement végétatif dans le matériel sauvage. De manière similaire, Glémin et al. (2009) dans leur revue sur les herbacées relèvent une observation de Darwin encore inexpliquée à ce jour : la variation moléculaire dans le compartiment cultivé est plus faible que dans le compartiment sauvage, alors qu'au niveau phénotypique, l'inverse est observé. Dans notre cas, ceci peut signifier la fixation d'allèles au(x) locus/loci contrôlant ce caractère dans les populations naturelles, sous l'effet de leur adaptation aux conditions naturelles environnantes : hivers longs et très froids –jusqu'à -35/-40°C-, quasi-absence de saison printanière et donc évitement des gelées de fin de saison hivernale par un débourrement tardif. En contrepartie, l'Homme a sélectionné un sous-ensemble d'individus (ou même de mutants apparus tout au long de la domestication) présentant un maximum de variabilité phénotypique afin de pouvoir adapter cette culture à des conditions contrastées : hiver doux et absence de gelées de printemps au sud de l'Europe, hiver froid et conditions climatiques similaires à celles d'Asie centrale (même si moins extrêmes) en Europe de l'est. Plus récemment, les sélectionneurs nord-américains ont ré-introduit encore plus de variabilité phénotypique au matériel européen par croisement avec des individus provenant d'Asie centrale, afin de pouvoir adapter la culture de l'abricotier européen aux hivers rigoureux du continent nord-américain (voir le cas du cultivar « SEO »). En conséquence, il apparait que le matériel cultivé ou sélectionné (variétés traditionnelles, anciennes) présente plus de variabilité phénotypique en lien avec le débourrement que les accessions issues de populations naturelles.

Lors des analyses de structuration réalisées sur le phénotype, nous avions déjà obtenu une séparation en deux groupes de la population du lac de Big Almaty. Le même phénomène a été observé avec les marqueurs SSR. Toutefois, la répartition des individus dans ces deux sous-groupes ne se fait pas de la même manière. Il faudrait donc étudier ce point plus en profondeur avec les individus récoltés pendant l'été.

Les analyses réalisées sur les marqueurs SSR et SNPs amènent à des résultats contradictoires concernant le taux d'hétérozygotes chez les abricotiers sauvages. Lasnier (2013) a, à partir des mêmes marqueurs microsatellites, également obtenu un excès d'homozygotes au sein des abricotiers cultivés. A contrario, l'analyse à partir des marqueurs SNP montre un excès d'hétérozygotes. Cette contradiction pourrait s'expliquer par le fait que les SNP sont des marqueurs bi-alléliques mettant potentiellement en évidence le polymorphisme pour chaque position nucléotidique et donc, au final, un plus grand nombre d'hétérozygotes. A l'inverse, il se pourrait qu'un certain nombre des marqueurs SSR utilisés dans ces études génèrent des allèles nuls, ce qui conduit à sur-estimer le nombre réel d'homozygotes. Cependant, cela ne semble pas être le cas, puisque tous les marqueurs douteux ont été éliminés du jeu de données initial. Une autre explication pourrait être une sur-estimation des loci hétérozygotes lors du reséquençage, par alignement de paralogues (ou de gènes dupliqués) et donc la mise en évidence de variation nucléotidique erronée conduisant à des SNPs faux-positifs. Un biais similaire fut constaté lors de l'analyse de séquences issues de 76 variétés d'abricotier cultivé, dans le cadre du projet ANR ABRIWG (article en préparation). Cet artéfact fut corrigé en ajoutant un filtre supplémentaire à la sélection des SNPs, filtre basé sur l'élimination des loci présentant une rareté allélique (Minor Allele Frequency, MAF<2%) et une déviation significative de l'hypothèse de départ, c'est-à-dire non issus de reproduction aléatoire (p-value<1%). Il sera donc intéressant de filtrer de manière similaire les SNPs issus de reséquençage de matériel abricotier sauvage, recalculer le Fis et vérifier ainsi si les populations naturelles présentent réellement ou pas un excès d'hétérozygotes.

A ce jour, relativement peu d'études ont utilisé l'approche combinée des marqueurs SSR et SNP. Nous arrivons ici à la même conclusion que celle de Li et al. (2010) ; Varshney et al. (2007) et Kota et al. (2001), à savoir que les marqueurs SSR semblent plus adaptés pour les études de diversité génétique, à moins peut-être de disposer d'une puissance de calcul suffisante à l'exploitation d'un très grand nombre de SNPs et à la condition que les marqueurs microsatellites ne génèrent pas (ou très peu) d'allèles nuls.

CONCLUSION ET PERSPECTIVES

Ce travail a permis de montrer que le phénomène d'auto-compatibilité présent dans le compartiment cultivé est apparu après la domestication de l'abricotier et que la diversité présente dans le compartiment sauvage est forte bien que peu structurée. Elle sera cependant intéressante à exploiter, notamment pour limiter les besoins en froid et introgresser la résistance à la sharka. Ainsi, la recherche de diversité sera plus efficace si elle est réalisée en Chine, au Kazakhstan ou en Ouzbekistan et la recherche d'association entre variation phénotypique et génotypique pourra être facilitée par cette faible structuration. Pour aller plus loin dans ce travail, il est nécessaire d'ajouter de nouvelles accessions à celle étudiées ici et de disposer d'une puissance de calcul plus importante. Cela permettra de repérer plus précisément les réservoirs de diversité en fonction du caractère d'intérêt.

BIBLIOGRAPHIE

Ressources en ligne

FAO (2014), Food and Agriculture Organization of the United Nations - Statistics Division, http://faostat3.fao.org (consulté le 12/03/14).

EPPO (2014), European and Mediterranean Plant Protection Organisation, liste des espèces de quarantaine révisée en septembre 2013 ; document en ligne :Data sheets on quarantine pests, https://www.eppo.int/QUARANTINE/virus/Plum_pox_virus/PPV000_ds.pdf (consulté le 15/03/14).

Publications

Basler D., Körner C., (2012), Photoperiod sensitivity of bud burst in 14 temperate forest tree species, Agricultural and Forest Meteorology, 165, pp. 73-81.

Bourguiba et al., (2012), Loss of genetic diversity as a signature of apricot domestication and diffusion into the Mediterranean Basin, BMC Plant Biology, pp. 12-49.

Cambra M. Capote N. Myrta A. Llacer G. (2006), *Plum pox virus* and the estimated costs associated with sharka disease, EPPO Bulletin, 36, pp. 202-204.

Cooke J. E. K., Eriksson M. E. and Junttila O., (2012), The dynamic nature of bud dormancy in trees: environmental control and molecular mechanisms, Plant, Cell & Environment, 35, pp. 1707-1728.

Cornille A., Gladieux P., Smulders MJM., Roldán-Ruiz I., Laurens F., et al. (2012), New Insight into the History of Domesticated Apple: Secondary Contribution of the European Wild Apple to the Genome of Cultivated Varieties. PLoS Genet 8(5): e1002703. doi:10.1371/journal.pgen.1002703.

Cornille A. Gladieux P., Giraud T. (2013), Crop-to-wild gene flow and spatial genetic structure in the closest wild relatives of the cultivated apple, Evolutionary Applications, 6, pp. 737-748.

Cosson P., Sofer L., Le Q.H., Léger V., Schurdi-Levraud V., Whitham S.A., Yamamoto M.L., Gopalan S., Le Gall O., Candresse T., Carrington J.C., Revers F., (2010), RTM3, which controls long-distance movement of potyviruses, is a member of a new plant gene family encoding a meprin and TRAF homology domain-containing protein, Plant Physiology, 154, pp. 222-232.

Dallot S., Decroocq V., Thébaud G., Candresse T., Borron S., Labonne G., (2012), Sharka, mieux comprendre pour mieux gérer en verger, Phytoma, 654, pp. 33-37.

Decroocq V. Bedenes M-L. Neumüller M. (2011), Breeding for resistance to *Plum pox virus*, in: Virus and Virus-Like Diseases of Pome and Stone Fruits, Hadidi A., Barba M., Candresse T., Jelkmann W., éd. American Phytopathological Society, pp. 401-406.

Decroocq S., Chague A., Lanmbert P., Roch G., Audergon J-M., Geuna F., Chiozzotto R., Bassi D., Dondini L., Tartarini S., Salava J., Krska B., Palmisano F., Karayiannis I., Decroocq V., (2014), Selecting with markers linked to the PPVres major QTL is not sufficient to predict resistance to Plum Pox Virus (PPV) in apricot, Tree Genetics and Genomes (en cours de publication)

Delplancke M., Alvarez N., Espindola A., Joly H., Benoit L., Brouck E., Arrigo N., (2011), Gene flow among wild and domesticated almond species: insights from chloroplast and nuclear markers, Evolutionary Applications, 5, pp. 317-329.

Diniz-Filho J.A.F., Soares TN., Lima J.S., Dobrovolski R., Landeiro V.L., Telles M.P.C, Rangel T.F., Bini L.M., (2013), Mantel test in population genetics, Genetics and Molecular Biology, 36, pp. 475-485.

Doré C., Varoquaux F., (2006), Histoire et amélioration de cinquante plantes cultivées, éd. Quae, coll. Savoir faire, INRA, 840p.

Dondini L., Lain O., Vendramin V., Rizzo M., VIvoli D., Adami M., Guidarelli M., (2011), Identification of QTL for resistance to plum pox virus strains M and D in Lito and Harcot apricot cultivars, Molecular Breeding, 27, pp. 289-299.

Fan, S., Bielenberg, D. G., Zhebentyayeva, T. N., Reighard, G. L., Okie, W. R., Holland, D. and Abbott, A. G., (2010), Mapping quantitative trait loci associated with chillingrequirement, heat requirement and bloom date in peach (*Prunus persica*), New Phytologist, 185, pp. 917-930.

Faust M., Suranyi D., Ferenc N., (1998), Origin and dissemination of apricot, Horticultural Reviews, 22, pp. 225–266.

François O., Durand E., (2010), Spatially explicit Bayesian clustering models in population genetics, Molecular Ecology Resources, 10, pp. 773-784.

Glemin S., Bataillon T., (2009), A comparative view of the evolution of grasses under domestication, New Phytologist, 183, pp. 273-290.

Halasz J. Pedryc A. Hegedus A. (2007), Origin and diseemination of the pollen-part mutated Sc haplotype which confers self-compatibility in apricot (*Prunus armeniaca*), New Phytologist, 176, pp. 792-803.

Husson F., Lê S., Pagès J., (2009), Analyse de données avec R, Presses universitaires de Rennes, 224p.

James D., Varga A., Sanderson D., (2013), Genetic diversity of *Plum pox virus*: strains, disease and related challenges for control, Canadian Journal of Plant Pathology, 35, pp. 431-441.

Kota R., Varshney R.K., Thiel T., Dehmer K.J., Graner A., (2001), Generation and comparison of EST-derived SSRs and SNPs in barley (*Hordeum vulgarer* L.), Hereditas, 135, pp. 145-151.

Lam H.M.., Xu X., Liu X., Chen W., Yang G., Wong F.L., Li M.W., He W., Qin N., Wang B., Li J., Jian M., Wang J., Shao G., Wang J., Sun S.S., Zhang G., (2010), Resequencing of 31 wild and cultivated soybean genomes identifies patterns of genetic diversity and selection, Nature Genetics, 42, pp. 1053-1059.

Lasnier A. (2013), Analyse de la diversité génétique chez l'abricotier (*Prunus armeniaca* L.) à l'aide de marqueurs microsatellites, Mémoire de fin d'études Gestion durable du végétal en horticulture et paysage, Agrocampus Ouest, Angers, 53p.

Lambert P., Hagen L.S., Arus P., Audergon J.M., (2004) , Genetic linkage maps of two apricot cultivars (*Prunus armeniaca* L.) compared with the almond Texas × peach Earlygold reference map for *Prunus*, Theoretical and Applied Genetics, 108, pp. 1120-1130.

Laube J., Sparks T.H., Estrella N., Höfler J., Ankerst D. P., Menzel A., (2014), Chilling outweighs photoperiod in preventing precocious spring development, Global Change Biology, 20, pp. 170-182.

Li Y.H., Li W., Zhang C., Yang L., Chang R.Z., Gaut B.S., Qiu L.J., (2010), Genetic diversity in domesticard soybean (*Glycine max*) ans its wild progenitor (*Glycine soja*) for simple sequence repeat and single nucleotide polymorphism loci, New phytologist, 188, pp. 242-253.

Li M., Zhao Z., Miao X., Zhou J., (2014), Genetic diversity and population structure of *Siberian apricot* (*Prunus sibirica* L.) in China, International Journal of Molecular Sciences, 15, pp. 377-400.

Lingdi, L., Bartholomew, B. (2003). Armeniaca. In: Wu, C.Y. Raven, P.H. (eds.) Flora of China, vol 9 (*Pittosporaceae* through *Connaraceae*). Science Press, Beijing, and Missouri Botanical Garden Press, St. Louis. pp 396-401.

Maghuly F., Fernandez E.B., Ruthner S., Pedryc A., Laimer M., (2005), Microsatellite variability in apricots (*Prunus armeniaca* L.) reflects their geographic origin and breeding history, Tree Genetics and Genomes, 1, pp. 151-165.

Marandel G. Salava J. Abbott A. Candresse T. Decroocq V., (2009), Quantitative trait loci meta-analysis of *Plum pox virus* resistance in apricot(*Prunus armeniaca* L.) : new insights on the organisation and the identification of genomic résistance factors. Moelcular Plant Pathology, 10, pp. 347-360.

Marandel G. (2008), Organisation génomique de la résistance quantitative au *Plum Pox Virus* chez les *Prunus*, Doctorat Sciences biologiques et médicales. Génétique, Bordeaux 2, 243p .

Matinez-Gomez P., Dicenta F., (2000), Evaluation of resistance of apricot cultivars to a Spanish isolate of *Plum pox potyvirus*. Plant Breeding, 119, pp. 179-181.

Mariette S., Tavaud M., Arunyawat U., Capdeville G., Millan M., Salin F., (2010), Population structure and genetic bottleneck in sweet cherry estimated with SSRs and the gametophytic self-incompatibility locus, BMC genetics, pp. 11-77.

Micheletti D., Troggio M;, Zharkikh A., Costa F., Malnoy M., Velasco R., Salvi S., (2011), Genetic diversity of the genus Malus and implications for linkage mapping with SNPs ,Tree Genetics & Genomes, 7, pp. 857-868.

Miller A.J., Gross B.L., (2011), From forest to field : Perennial fruit crop domestication, American Journal of Botany, 98, pp. 1389-1414.

Olukolu B., Trainin T., Fan S., Kole C., Bielenberg D.G., Abbott A.G., Holland D., (2009), Genetic linkage mapping for molecular dissection of chilling requirement and budbreak in apricot (*Prunus armeniaca* L.), Genome, 52, pp. 819-828.

Pilarova P., Marandel G., Decroocq V., Salava J., Krska B., Abbott A.G., (2010), Quantitative trait analysis of resistance to plum pox virus in the apricot F1 progeny "Harlayne" x "Vestar", Tree Genetics and Genomes, 6, pp. 467-475.

Rehder, A. (1940). Manual of cultivated trees and shrubs hardy in North America, exclusive of the subtropical and warmer temperate regions, 2nd revised and enlarged, edition. Macmillian, New York, 996 p.

Romero C., Vilanova S., Burgos L., Martinez-Calvo J., Vicente M., Llacer G., Badenes M.L., (2004), Analysis of the S-locus structure in *Prunus armeniaca* L. identification of the S-haplotype specific S-RNase and F-box genes, Plant Molecular Biology, 56, pp. 145-157.

Ruiz D., Campoy J.A;, Egea J., (2007), Chilling and heat requirements of apricot cultivars for flowering, Environmental and Experimental Botany, 61, pp. 254-263.

Schmid K. L., Ramos-Onsins S., Ringys-Beckstein H., Weisshaar B., Mitchell-Olds T., (2005), A multilocus sequence survey in *Arabidopsis thaliana* reveals a genome-wide departure from a neutral model od DNA sequence polymorphism, Genetics 169, pp. 1601-1615.

Soriano J.M., Domingo M.L., Zuriaga E., Romero C., Zhebentyayeva T., Abbott A.G.? Badenes M.L., (2011), Identification of simple sequence repeat markers tightly linked to plum pox virus resistance in apricot, Molecular Breeding, 30, pp. 1017-1026.

Sousa V., Hey J., (2013), Understanding the origin of species with genome-scale data: modeling gene flow, Nature Reviews Genetics, 14, pp. 404-414.

Tian Ming H., Xue-Sen C., Zheng X., Jiang-Sheng G., Pei-jun L., Wen L., Qing L., Yan W., (2007), Using SSR markers to determine the population genetic structure of wild apricot (*Prunus armeniaca* L.) in the Ily Valley of west China, Genetic Resources and Crop Evolution, 54, pp. 563-572.

Van Inghelandt D., Melchinger A.E., Lebreton C., Stich B., (2010), Population structure and genetic diversity in a commercial maize breeding program assessed with SSR and SNP markers, Theoretical of Applied Genetics, 120, pp. 1289-1299.

Varshney R.K., Chabane K., Hendre P.S., Aggarwal R.K., Graner A., (2007), Comparative assessment of EST-SSR, EST-SNP and AFLP markers for evaluation of genetic diversity and conservation of genetic resources using wild, cultivated and elite barleys, Plant Science, 173, pp. 638-649.

Verde et al. 2013, The high-quality draft genome of peach (*Prunus persica*) identifies unique patterns of genetic diversity, domestication and genome evolution, Nature genetics 45, pp. 487-494.

Vera Ruiz E.M., Soriano J.M., Romero C., Zhebentyayeva T., Terol J., Zuriaga E., Llácer G., Abbott A.G., Badenes M.L., (2011), Narrowing down the apricot *Plum pox virus* resistance locus and comparative analysis with the peach genome syntenic region, Molecular Plant Pathology, 12, pp. 535-547.

Vilanova S., Badenes M.L., Burgos L., Martinez-Calvo J., Lllacer G., Romero C., (2006), Self-compatibility of two apricot selections is associated with two pollen-part mutatinos of different nature, Plant Physiology, 142, pp. 629-641.

Zhebentyayeva T.N., Reighard G.L., Lalli D., Gorina V.M., Krska B., Abbott A.G., (2008), Origin of resistance to *plum pox virus* in Apricot : what new AFLP and targeted SSR data analyses tell, Tree Genetics and Genomes, 4, pp. 403-417.

Zohary D., Hopf M., Weiss E., (2012), Domestication of plants in the old world, 4th edition, Oxford university press, 264p.

Zuriaga, E., Soriano, J., Zhebentyayeva, T., Romero, C., Dardick, C.D., Canizares, J., Bandenes, M., (2013), Genomic analysis reveals candidate genes for PPV resistance in apricot (*Prunus armeniaca* L.), Molecular Plant Pathology, DOI:10.1111/mpp.12037.

ANNEXES

Distance (km)	Adilcevaz	Ahlat	Ak-kain	Aksu-Zhabagyly	Ala Archa - Bishkek	Almaty	Almaty lake	Arapgir	Arslan Bob	Bakou	Beijing	Boom Canyon	Boukhara	Canyon Belbulak	Canyon Kaskelen	Chimgan Beldersay	Chymkent	Edremit	Esik lake	gange	Gobustan	Goranboy - Balakurd	Issyk Kul
Adilcevaz																							
Ahlat	25																						
Ak-kain	2894	2918																					
Aksu-Zhabagyly	2371	2396	531																				
Ala Archa - Bishkek	2700	2724	198	333																			
Almaty	2891	2916	8	529	197																		
Almaty lake	2890	2915	9	526	193	16																	
Arapgir	368	345	3228	2711	3036	3225	3224																
Arslan Bob	2576	2601	387	234	217	389	380	2922															
Bakou	617	642	2277	1755	2083	2274	2273	961	1962														
Beijing	6141	6165	3270	3801	3468	3271	3275	6456	3628	5527													
Boom Canyon	2806	2830	108	436	108	110	100	3143	280	2189	3368												
Boukhara	1865	1890	1111	591	915	1111	1105	2222	743	1264	4372	1008											
Canyon Belbulak	2910	2935	19	549	216	19	26	3244	406	2293	3252	126	1129										
Canyon Kaskelen	2865	2889	29	502	169	28	26	3199	362	2248	3299	84	1082	47									
Chimgan Beldersay	2324	2348	605	110	409	604	599	2669	253	1709	3869	503	506	623	576								
Chymkent	2293	2318	609	79	411	608	604	2634	301	1677	3879	515	519	627	580	94							
Edremit	63	78	2866	2342	2672	2864	2862	419	2544	592	6119	2777	1828	2883	2837	2292	2264						
Esik lake	2936	2961	45	575	242	46	52	3269	431	2319	3226	152	1156	26	74	650	653	2909					
gange	462	486	2451	1935	2259	2448	2448	777	2148	209	5686	2367	1463	2467	2422	1896	1858	455	2493				
Gobustan	589	613	2307	1783	2112	2304	2303	940	1987	55	5562	2218	1282	2324	2278	1735	1705	559	2350	218			
Goranboy - Balakurd	401	425	2501	1982	2308	2498	2497	730	2192	234	5742	2415	1498	2517	2472	1939	1904	389	2543	72	226		

Annexe 1 : Distance entre les lieux de prélèvement (km)-Partie 1.

Distance (km)	Adilcevaz	Ahlat	Ak-kain	Aksu-Zhabagyly	Ala Archa - Bishkek	Almaty	Almaty lake	Arapgir	Arslan Bob	Bakou	Beijing	Boom Canyon	Boukhara	Canyon Belbulak	Canyon Kaskelen	Chimgan Beldersay	Chymkent	Edremit	Esik lake	gange	Gobustan	Goranboy - Balakurd	Issyk Kul
Issyk Kul	2948	2973	121	577	257	129	115	3288	392	2332	3237	149	1134	122	134	634	655	2919	124	2511	2360	2559	
Izmir	1354	1332	4166	3663	3980	4163	4164	987	3881	1934	7340	4088	3198	4182	4138	3629	3587	1403	4206	1737	1919	1700	4235
Lahic	533	557	2365	1846	2172	2362	2361	866	2056	103	5608	2279	1363	2381	2336	1803	1768	514	2407	107	116	136	2423
Lerik	519	542	2414	1885	2217	2412	2409	885	2081	225	5678	2321	1357	2431	2384	1830	1807	475	2457	306	169	269	2460
Luntaï	3503	3527	617	1131	805	621	619	3841	938	2886	2695	697	1681	602	645	1186	1210	3473	578	3064	2914	3112	555
Medeu Valley	2899	2924	6	536	203	13	11	3234	391	2282	3265	112	1116	15	35	610	615	2872	40	2457	2313	2506	116
Mehe	3356	3381	464	994	661	466	469	3688	827	2739	2807	561	1567	447	494	1063	1073	3330	421	2911	2770	2962	436
Naxçivan-Arinc mountain	242	266	2653	2130	2459	2651	2650	601	2334	378	5904	2565	1624	2670	2624	2082	2052	215	2696	253	347	182	2707
Naxçivan-Badamli	251	276	2643	2120	2449	2640	2639	608	2325	367	5893	2555	1616	2660	2614	2072	2042	227	2685	239	337	169	2697
Naxçivan-Ordubbad-NusNus	285	309	2622	2097	2427	2619	2618	651	2298	354	5878	2532	1582	2639	2593	2046	2018	246	2665	268	316	197	2673
péninsule Abseran	675	700	2219	1696	2025	2217	2215	1023	1901	66	5473	2131	1200	2236	2190	1649	1618	647	2262	275	89	299	2273
proche Sayram	2333	2357	572	43	374	571	567	2674	261	1716	3842	476	549	590	543	82	40	2303	617	1898	1744	1944	616
Samarcande	1865	1890	1111	591	915	1111	1105	2222	743	1264	4372	1008	0	1129	1082	506	519	1828	1156	1463	1282	1498	1134
Sary Chelek	462	486	2452	1936	2260	2449	2449	776	2149	212	5686	2368	1465	2468	2423	1897	1859	455	2494	3	221	73	2512
Seki	459	483	2453	1937	2261	2450	2450	775	2149	209	5688	2368	1464	2469	2424	1897	1860	451	2495	5	217	67	2513
Sekit	624	599	3517	2994	3323	3515	3514	340	3197	1241	6763	3429	2479	3534	3488	2945	2916	653	3560	1078	1211	1021	3571
Soutjetskoe	2333	2357	572	43	374	571	567	2674	261	1716	3842	476	549	590	543	82	40	2303	617	1898	1744	1944	616
Tacheng	3362	3386	617	1095	790	613	625	3672	1000	2751	2783	723	1686	599	639	1188	1167	3342	576	2904	2788	2961	664
Tashkent	2262	2287	673	168	477	672	667	2609	314	1649	3936	570	438	691	644	68	121	2230	718	1837	1674	1880	700
Turgen Valley	2943	2968	55	583	251	55	62	3276	442	2326	3217	162	1165	36	83	659	662	2916	11	2499	2357	2549	133
Turpan	3883	3908	992	1522	1189	994	997	4213	1346	3266	2282	1087	2089	975	1021	1588	1600	3857	949	3436	3298	3488	955
Urumqui	3742	3767	860	1390	1058	861	865	4068	1227	3126	2410	959	1967	842	889	1462	1469	3717	815	3293	3158	3346	836
Wine yard	2952	2977	69	595	263	68	77	3284	456	2335	3206	177	1178	50	96	672	673	2926	27	2508	2366	2558	146
Wuhan	6442	6467	3567	4076	3754	3571	3570	6786	3866	5828	1054	3646	4587	3552	3596	4119	4153	6409	3528	6011	5853	6057	3500
Yili	3426	3451	535	1066	733	537	540	3756	900	2809	2735	633	1640	518	565	1135	1144	3400	492	2980	2840	3031	509
Zerdali	281	262	3108	2593	2917	3105	3105	124	2805	846	6333	3024	2110	3124	3079	2552	2516	340	3149	658	829	614	3169

Annexe I : Distance entre les lieux de prélèvement (km)-Partie 2.

Distance (km)	Izmir	Lahic	Lerik	Luntaï	Medeu Valley	Mehe	Naxçivan-Arinc mountain	Naxçivan-Badamli	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	péninsule Abseran	proche Sayram	Samarcande	Sary Chelek	Seki	Sekit	Soutjetskoe	Tacheng	Tashkent	Turgen Valley	Turpan	Urumqui	Wine yard	Wuhan	Yili	Zerdali
Issyk Kul																									
Izmir	-																								
Lahic	1835																								
Lerik	1872	241																							
Luntaï	4783	2976	3015																						
Medeu Valley	4172	2371	2419	611																					
Mehe	4620	2827	2878	207	459																				
Naxçivan-Arinc mountain	1586	301	291	3261	2659	3116																			
Naxçivan-Badamli	1593	288	287	3251	2649	3106	14																		
Naxçivan-Ordubbad-NusNus	1638	292	235	3228	2628	3086	66	70																	
péninsule Abseran	1999	169	241	2827	2225	2682	434	424	405																
proche Sayram	3627	1808	1845	1170	577	1035	2091	2081	2057	1657															
Samarcande	3198	1363	1357	1681	1116	1567	1624	1616	1582	1200	549														
Sary Chelek	1735	109	308	3065	2458	2912	254	240	270	277	1899	1465													
Seki	1736	106	302	3066	2459	2913	249	235	264	275	1900	1464	7												
Sekit	830	1155	1123	4126	3523	3980	864	875	900	1299	2955	2479	1077	1075											
Soutjetskoe	3627	1808	1845	1170	577	1035	2091	2081	2057	1657	0	549	1899	1900	2955										
Tacheng	4566	2829	2913	561	614	389	3127	3115	3104	2699	1137	1686	2905	2907	3982	1137									
Tashkent	3572	1744	1766	1251	677	1130	2021	2011	1984	1588	131	438	1839	1839	2883	131	1256								
Turgen Valley	4212	2414	2465	573	51	414	2703	2692	2672	2269	625	1165	2500	2501	3567	625	565	727							
Turpan	5138	3353	3406	426	987	528	3643	3633	3613	3210	1563	2089	3437	3439	4507	1563	646	1654	941						
Urumqui	4988	3211	3270	355	854	400	3503	3492	3474	3070	1432	1967	3294	3295	4366	1432	486	1529	807	161					
Wine yard	4219	2423	2475	568	65	404	2712	2702	2682	2278	637	1178	2509	2510	3576	637	549	740	16	931	796				
Wuhan	7734	5921	5942	2951	3561	3117	6200	6191	6163	5767	4113	4587	6012	6013	7062	4113	3226	4179	3522	2610	2767	3515			
Yili	4686	2896	2949	186	530	73	3186	3175	3156	2752	1107	1640	2981	2982	4050	1107	377	1202	484	457	327	474	3053		
Zerdali	1091	750	787	3721	3114	3568	497	503	552	910	2556	2110	657	656	459	2556	3549	2493	3156	4092	3947	3164	6669	3636	

Annexe I : Distance entre les lieux de prélèvement (km)-Partie 3 (fin).

Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type
kz_104_8	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_125_4	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_143D4	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_151_6	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_73B_2	Kazakhstan	wine yard	landrace	kz73A_3	Kazakhstan	wine yard	sauvage
kz_104_9	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_125_5	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_143D5	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_152_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_73B_3	Kazakhstan	wine yard	landrace	kz73B_8	Kazakhstan	wine yard	landrace
kz_106	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_126_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_144_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_152_2	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_73B_4	Kazakhstan	wine yard	landrace	ouz_10_1	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kz_107	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_127_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_144_2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_152_3	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_73B_5	Kazakhstan	wine yard	landrace	ouz_10_2	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kz_108	Kazakhstan	wine yard	landrace	kz_128	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_145_1	Kazakhstan	Soutjetskoe	landrace	kz_152_4	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_73B_7	Kazakhstan	wine yard	landrace	ouz_10_3	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kz_109	Kazakhstan	wine yard	landrace	kz_129	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_145_2	Kazakhstan	Soutjetskoe	landrace	kz_152_5	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_73B_9	Kazakhstan	wine yard	landrace	ouz_11_1	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kz_11_1	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_130_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_145_3	Kazakhstan	Soutjetskoe	landrace	kz_152_6	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_74_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_11_2	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kz_11_2	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_131_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_145_4	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_152_8	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_74_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_11_3	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kz_11_3	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_132_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_146_1	Kazakhstan	Soutjetskoe	landrace	kz_154_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_74_3	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_11_5	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kz_11_3	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_132_2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_146_2	Kazakhstan	Soutjetskoe	landrace	kz_154_2	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_74_4	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_11_6	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kz_11_4	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_133_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_146_3	Kazakhstan	Soutjetskoe	landrace	kz_154_3	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_74_5	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_12_1	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kz_113_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_133_2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_146_4	Kazakhstan	Soutjetskoe	landrace	kz_154_4	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_74_6	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_12_2	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kz_113_3	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_133_3	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_146_5	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_154_5	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_74_7	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_13_1	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kz_113_4	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_134_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_146_6	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_154_6	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_77_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_13_2	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kz_114_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_135_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_146_7	Kazakhstan	Soutjetskoe	landrace	kz_40_1	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_77_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_14_1	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kz_114_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_135_2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_146_8	Kazakhstan	Soutjetskoe	landrace	kz_40_2	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_77_3	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_14_2	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kz_114_3	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_135_3	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_147_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_40_3	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_77_4	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_14_3	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kz_114_4	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_135_4	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_147_2	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_40_4	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_79_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_15_1	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kz_115_3	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_136_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_147_3	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_46_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_8_1	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	ouz_15_2	Ouzbekistan	Samacande	landrace
kz_115_4	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_136_2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_147_4	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_51_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_8_2	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	ouz_1B1	Ouzbekistan	Tashkent	landrace
kz_115_5	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_136_3	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_147_5	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_51_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_8_3	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	ouz_1B2	Ouzbekistan	Tashkent	landrace
kz_116_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_137_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_147_6	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_53_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_82_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_1B3	Ouzbekistan	Tashkent	landrace
kz_116_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138A1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_148_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_53_3	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_82_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_3_1	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_116_3	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138A2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_148_2	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_54_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_82_3	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_3_2	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_116_4	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138B1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_148_3	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_54_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_82_5	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_3_3	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_117_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138B2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_148_4	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_54_3	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_82_6	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_3_4	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_117_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138C1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_148_6	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_54_4	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_86_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_3_6	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_118_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138C2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	kz_148_7	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_54_5	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_86_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_4_1	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_118_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_139_1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_148_8	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_54_6	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_86_3	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_4_3	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_118_3	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_139_2	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_148_9	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_55_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_86_4	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_4_5	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_119_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_139_3	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_149_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_55_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_86_5	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_4_7	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_120_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_139_4	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_149_2	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_56_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_87_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_5_1	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_120_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_139_5	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_149_3	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_56_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_87_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_5_2	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_120_3	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_149_4	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_56_3	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_87_3	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_5_3	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_120_4	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_2	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_149_5	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_6_1	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_87_4	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	ouz_5_4	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_120_5	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_3	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_149_6	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_6_2	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_9_1	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	ouz_5_5	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_121_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_4	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_150_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_6_3	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_9_2	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	ouz_5_6	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_121_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_5	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_150_2	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_6_4	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_90_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	ouz_5_7	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_121_3	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_6	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_150_3	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_66_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_91_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	ouz_5_8	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_121_4	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_141_1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_150_4	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_66_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_91_3	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	ouz_5_9	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kz_121_5	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_141_2	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_150_5	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_66_5	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_ma_1	Kazakhstan	Almaty	marché	ouz_9_1	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kz_122_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_141_3	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_150_6	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_7_1	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_ma_10	Kazakhstan	Almaty	marché	ouz_9_2	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kz_122_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_141_5	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_150_7	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_7_2	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_ma_3	Kazakhstan	Almaty	marché	ouz_9_3	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kz_123_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_142_1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_150_8	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_7_3	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_ma_4	Kazakhstan	Almaty	marché	wine_yard	Kazakhstan	wine yard	landrace
kz_124_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_142_2	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_150_9	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_7_4	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_ma_5	Kazakhstan	Almaty	marché				
kz_124_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_143B1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_151_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_73A_1	Kazakhstan	wine yard	landrace	kz_ma_6	Kazakhstan	Almaty	marché				
kz_125_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_143C1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_151_3	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_73A_2	Kazakhstan	wine yard	landrace	kz_ma_7	Kazakhstan	Almaty	marché				
kz_125_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_143D2	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_151_4	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_73B_1	Kazakhstan	wine yard	landrace	kz_ma_8	Kazakhstan	Almaty	marché				
kz_125_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_143D3	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	kz_151_5	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly	sauvage	kz_73B_10	Kazakhstan	wine yard	landrace	kz_ma_9	Kazakhstan	Almaty	marché				

Annexe II : Liste des accessions utilisées dans chaque partie - Phénotypage. Lecture des noms d'accession : les deux premières lettres indiquent le pays de récolte, le premier chiffre identifie le numéro de prélèvement, le deuxième chiffre indique que plusieurs échantillons ont été prélevés pour un prélèvement. Landrace renvoie aux variétés anciennes et amrché aux variétés locales.

Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type
az_201_1	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	kz_104_8	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_125_4	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	az_201_1	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_131	Chine	Yili	sauvage	kz_25	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage
az_201_2	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	kz_104_9	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_125_5	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	az_201_2	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_136	Chine	Yili	sauvage	kz_27	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage
az_201_3	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	kz_106	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_126_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	az_201_3	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_137	Chine	Urumqi	landrace	kz_29	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage
az_201_4	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	kz_107	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_127_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	az_201_4	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_100	Chine	Wuhan	landrace	kz_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
az_201_5	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	kz_108	Kazakhstan	wine yard	landrace	kz_128	Kazakhstan	Almaty	landrace	az_201_5	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_38	Chine	Xiongyue	landrace	kz_31	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage
az_201_6	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	kz_109	Kazakhstan	wine yard	landrace	kz_129	Kazakhstan	Almaty	landrace	az_201_6	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_40	Chine	Xiongyue	landrace	kz_33	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage
az_223/5_1	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	kz_11_1	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_130_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	az_223_5_1	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	ch_42	Chine	Xiongyue	landrace	kz_35	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage
az_223_5_2	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	kz_11_2	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_131_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	az_223_5_2	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	ch_43	Chine	Xiongyue	landrace	kz_37	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage
az_223_5_3	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	kz_11_3	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_132_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_223_5_3	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	ch_44	Chine	Xiongyue	landrace	kz_39	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage
az_255_1	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	kz_11_3	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_132_2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_255_1	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	ch_45	Chine	Xiongyue	landrace	kz_4	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
az_255_2	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	kz_11_4	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_133_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_255_2	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	ch_46	Chine	Xiongyue	landrace	kz_40	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage
az_255_4	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	kz_113_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_133_2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_255_3	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	ch_50	Chine	Xiongyue	landrace	kz_46	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
az_255_5	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	kz_113_3	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_133_3	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_256_4	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	ch_80	Chine	Beijing	landrace	kz_5	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
az_256_1	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	kz_113_4	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_134_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_256_5	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	Currot		currot	variété	kz_51	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
az_256_2	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	kz_114_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_135_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_256_6	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	goldrich		Goldrich	variété	kz_51_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
az_256_3	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	kz_114_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_135_2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_100	Azerbaïdjan	gange	landrace	kz_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_51_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
az_256_4	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	kz_114_3	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_135_3	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_101	Azerbaïdjan	Goranboy - Balakurd	sauvage	kz_10	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_53	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage
az_256_5	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	kz_114_4	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_135_4	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_111	Azerbaïdjan	Gobustan	landrace	kz_100	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_54	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage
az_256_6	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	kz_115_3	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_136_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_172	Azerbaïdjan	Bakou	landrace	kz_104	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_55	Kazakhstan	Ak-Kain	landrace
az_256_7	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	kz_115_4	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_136_2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_69	Azerbaïdjan	Lərik - Mairie	landrace	kz_11	Kazakhstan	Almaty théatre	landrace	kz_55_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage
az_256_8	Azerbaïdjan	Naxçivan-Ordubbad-NusNus	landrace	kz_115_5	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_136_3	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_71	Azerbaïdjan	Lərik - Mairie	sauvage	kz_113	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_55_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage
ch_123	Chine	Mehe2	sauvage	kz_116_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_137_1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_74	Azerbaïdjan	Lərik - Zuvand	sauvage	kz_114	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_56	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage
ch_124	Chine	Mehe2	sauvage	kz_116_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138A1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_75	Azerbaïdjan	Lərik - Mairie	sauvage	kz_115	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_6	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
ch_127	Chine	Luntaï	landrace	kz_116_3	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138A2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_76	Azerbaïdjan	Lərik - Mairie	landrace	kz_116	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_66	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage
ch_128	Chine	Yili	sauvage	kz_116_4	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138B1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_77	Azerbaïdjan	Lərik - Mairie	landrace	kz_117	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_7	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
ch_129	Chine	Yili	sauvage	kz_117_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138B2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_80	Azerbaïdjan	Péninsule Abseran	sauvage	kz_118	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_71	Kazakhstan	Medeu valley	landrace
ch_130	Chine	Yili	sauvage	kz_117_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138C1	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_84	Azerbaïdjan	Seki Genofond	sauvage	kz_119	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_73	Kazakhstan	Wine yard	sauvage
ch_131	Chine	Yili	sauvage	kz_118_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_138C2	Kazakhstan	Chymkent	landrace	az_86	Azerbaïdjan	Montagne Seki	sauvage	kz_12	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_74	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
ch_136	Chine	Yili	sauvage	kz_118_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_139_1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	az_89	Azerbaïdjan	village Lahic	landrace	kz_120	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_77	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
ch_137	Chine	Urumqi	landrace	kz_118_3	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_139_2	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	az_90	Azerbaïdjan	Montagne Seki	sauvage	kz_121	Kazakhstan	Medeu valley	landrace	kz_79	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
ch_138	Chine	Mehe1	sauvage	kz_119_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_139_3	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	az_91	Azerbaïdjan	Montagne Seki	sauvage	kz_122	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_79	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
kz_10_1	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_120_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_139_4	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	Bakour		Bakour	variété	kz_123	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_8	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
kz_10_2	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_120_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_139_5	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	bergeron		Bergeron	variété	kz_124	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_82	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
kz_10_3	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_120_3	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	canino		Canino	variété	kz_124_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_86	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
kz_100_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_120_4	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_2	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_113	Chine	Turpan	landrace	kz_125	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_87	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
kz_100_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_120_5	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_3	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_114	Chine	Turpan	landrace	kz_126	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_9	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
kz_101_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_121_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_4	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_115	Chine	Turpan	landrace	kz_126_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_90	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage
kz_101_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_121_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_5	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_116	Chine	Tacheng	sauvage	kz_127	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_98	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
kz_101_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_121_3	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_140_6	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_117	Chine	Luntai collection	landrace	kz_127_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_10_1	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace
kz_101_4	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_121_4	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_141_1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_118	Chine	Luntai	landrace	kz_128	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_10_2	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace
kz_101_5	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_121_5	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_141_2	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_119	Chine	Luntai	landrace	kz_130_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_10_3	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace
kz_101_6	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_122_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_141_3	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_120	Chine	Luntai	landrace	kz_131_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_101_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
kz_104_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_122_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_141_5	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_122	Chine	Mehe 1	sauvage	kz_14	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_101_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
kz_104_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_123_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_142_1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_123	Chine	Mehe2	sauvage	kz_16	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_101_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
kz_104_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_124_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_142_2	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_124	Chine	Mehe2	sauvage	kz_18	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_101_4	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
kz_104_4	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_124_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_143B1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_127	Chine	Luntaï	landrace	kz_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_104_5	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
kz_104_5	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_125_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_143C1	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_128	Chine	Yili	sauvage	kz_20	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_104_6	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
kz_104_6	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_125_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_143D2	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_129	Chine	Yili	sauvage	kz_22	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_104_7	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
kz_104_7	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_125_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_143D3	Kazakhstan	proche Sayram	landrace	ch_130	Chine	Yili	sauvage	kz_24	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_11_1	Kazakhstan	Almaty	landrace

Annexe II : Liste des accessions utilisées dans chaque partie - Marqueur SFB - partie 1. Lecture des noms d'accession : les deux premières lettres indiquent le pays de récolte, le premier chiffre identifie le numéro de prélèvement, le deuxième chiffre indique que plusieurs échantillons ont été prélevés pour un prélèvement. Landrace renvoie aux variétés anciennes et amrché aux variétés locales.

Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type
kz_11_2	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_40_3	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_87_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_60	Turquie	Naxçivan	landrace
kz_11_3	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_40_4	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_87_3	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_68	Turquie	Sekit (Iskender)	sauvage
kz_11_4	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_46_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_9_1	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	turc_69	Turquie	Sekit (Iskender)	sauvage
kz_113_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_53_1	Kazakhstan	Ak-Kain	mélange	kz_9_2	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	turc_70	Turquie	Sekit (Iskender)	sauvage
kz_113_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_53_2	Kazakhstan	Ak-Kain	mélange	kz_9_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	turc_9	Turquie	Izmir	landrace
kz_114_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_53_3	Kazakhstan	Ak-Kain	mélange	kz_90_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	us_196	USA	Turkistan	landrace
kz_114_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	kz_54_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_91_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	us_197	USA	Afghanistan	landrace
kz_115_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_54_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_ma_1	Kazakhstan	Almaty	marché	us_204	USA	Pakistan	landrace
kz_115_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_56_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_ma_10	Kazakhstan	Almaty	marché	us_208	USA	Pakistan	landrace
kz_115_3	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_56_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_ma_2	Kazakhstan	Almaty market	marché	us_213	USA	Pakistan	landrace
kz_116_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_6_1	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_ma_3	Kazakhstan	Almaty	marché	us_218	USA	Pakistan	landrace
kz_117_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_6_2	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_ma_4	Kazakhstan	Almaty	marché	us_222	USA	Pakistan	landrace
kz_118_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_6_3	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_ma_5	Kazakhstan	Almaty	marché	us_230	USA	Turkmenistan	landrace
kz_118_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_6_4	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	kz_ma_6	Kazakhstan	Almaty	marché	us_231	USA	Turkmenistan	landrace
kz_119_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_66_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_ma_7	Kazakhstan	Almaty	marché	us_236	USA	Turkmenistan	landrace
kz_120_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_66_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_ma_8	Kazakhstan	Almaty	marché	us_237	USA	Turkmenistan	landrace
kz_120_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_66_3	Kazakhstan	Medeu	sauvage	kz_ma_9	Kazakhstan	Almaty	marché	us_201	USA	Pakistan	landrace
kz_121_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_7_1	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	Luizet		Luizet	variété	us_203	USA	Pakistan	landrace
kz_121_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_7_2	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	moniqui		Moniqui	variété	us_206	USA	Pakistan	landrace
kz_121_3	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_7_3	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	ouz_10	Ouzbekistan	Boukhara	landrace	us_210	USA	Pakistan	landrace
kz_122_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_7_4	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	ouz_11	Ouzbekistan	Boukhara	landrace	us_212	USA	Pakistan	landrace
kz_123_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_71_1	Kazakhstan	Medeu valley	landrace	ouz_12	Ouzbekistan	Samarcande	landrace	us_215	USA	Pakistan	landrace
kz_125_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_72_2	Kazakhstan	Medeu valley	landrace	ouz_13	Ouzbekistan	Samarcande	landrace	us_217	USA	Pakistan	landrace
kz_125_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_73A_1	Kazakhstan	wine yard	landrace	ouz_14	Ouzbekistan	Samarcande	landrace	us_235	USA	Turkmenistan	landrace
kz_125_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_73A_2	Kazakhstan	wine yard	landrace	ouz_15	Ouzbekistan	Samarcande	landrace	us_239	USA	Turkmenistan	landrace
kz_132	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_73A_3	Kazakhstan	Wine yard	landrace	ouz_3	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace	us_240	USA	Turkmenistan	landrace
kz_133	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_73B_1	Kazakhstan	wine yard	landrace	ouz_4	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace	us_241	USA	Turkmenistan	landrace
kz_134	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_73B_10	Kazakhstan	wine yard	landrace	ouz_5	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace				
kz_135	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_73B_2	Kazakhstan	wine yard	landrace	SEO		SEO	variété				
kz_136	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_73B_3	Kazakhstan	wine yard	landrace	Stella		Stella	variété				
kz_137	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_73B_4	Kazakhstan	wine yard	landrace	turc_1	Turquie	Malatya	landrace				
kz_138	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_73B_5	Kazakhstan	wine yard	landrace	turc_13	Turquie	Malatya	landrace				
kz_139	Kazakhstan	Proche Sayram	sauvage	kz_73B_6	Kazakhstan	Wine yard	landrace	turc_14	Turquie	Mediterranée	landrace				
kz_140	Kazakhstan	Proche Sayram	sauvage	kz_73B_7	Kazakhstan	wine yard	landrace	turc_27	Turquie	Adilcevaz	sauvage				
kz_141	Kazakhstan	Proche Sayram	sauvage	kz_73B_8	Kazakhstan	Wine yard	landrace	turc_28	Turquie	Adilcevaz	sauvage				
kz_142	Kazakhstan	Proche Sayram	sauvage	kz_73B_9	Kazakhstan	wine yard	landrace	turc_29	Turquie	Adilcevaz	sauvage				
kz_143	Kazakhstan	Proche Sayram	landrace	kz_74_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_33	Turquie	Ahlat	sauvage				
kz_144	Kazakhstan	Chymkent - Term.arrivée aéropot	landrace	kz_74_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_35	Turquie	Ahlat	sauvage				
kz_145	Kazakhstan	Soujetskoe - Proche Sayram	landrace	kz_74_3	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_36	Turquie	Ahlat	sauvage				
kz_146	Kazakhstan	Soujetskoe - Proche Sayram	landrace	kz_77_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_4	Turquie	Malatya	landrace				
kz_147	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_79_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_41	Turquie	Arapgir	sauvage				
kz_148	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_8_1	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	turc_42	Turquie	Arapgir	sauvage				
kz_149	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_8_2	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	turc_43	Turquie	Arapgir	sauvage				
kz_150	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_8_3	Kazakhstan	Almaty-Pomological garden	landrace	turc_44	Turquie	Edremit	sauvage				
kz_151	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_82_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_45	Turquie	Edremit	sauvage				
kz_152	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_82_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_46	Turquie	Edremit	sauvage				
kz_154	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_86_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_52	Turquie	Zerdali	landrace				
kz_40_1	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_86_2	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_53	Turquie	Zerdali	landrace				
kz_40_2	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_87_1	Kazakhstan	Turgen valley	sauvage	turc_55	Turquie	Zerdali	landrace				

Annexe II : Liste des accessions utilisées dans chaque partie - Marqueur SFB - partie 2. Lecture des noms d'accession : les deux premières lettres indiquent le pays de récolte, le premier chiffre identifie le numéro de prélèvement, le deuxième chiffre indique que plusieurs échantillons ont été prélevés pour un prélèvement. Landrace renvoie aux variétés anciennes et amrché aux variétés locales.

Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type
Bakour	Variété	Bakour	variété	kr_014-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_051-1	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_077-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_092-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_136-2	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange
Bergeron	Variété	Bergeron	variété	kr_014-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_051-2	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_077-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_094-1	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_137-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange
Canino	Variété	Canino	variété	kr_014-3	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_051-3	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_077-3	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_094-2	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_137-2	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange
ch_113	Chine	Turpan	landrace	kr_015-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_051-4	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_078-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_094-3	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_137-3	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange
ch_114	Chine	Turpan	landrace	kr_015-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_051-5	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_078-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_095-1	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_137-4	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange
ch_115	Chine	Turpan	landrace	kr_016-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_055-1	Kirghistan	Arslan Bob/Tashkumyr	landrace	kr_078-3	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_095-2	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_138-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange
ch_117	Chine	Luntai collection	landrace	kr_016-3	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_056-1	Kirghistan	Arslan Bob/Tashkumyr	sauvage	kr_078-4	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_095-3	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_138-2	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange
ch_118	Chine	Luntai	landrace	kr_017-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_056-2	Kirghistan	Arslan Bob/Tashkumyr	sauvage	kr_078-5	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_095-4	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_138-4	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange
ch_119	Chine	Luntai	landrace	kr_018-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_056-3	Kirghistan	Arslan Bob/Tashkumyr	sauvage	kr_078-6	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_095-5	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_139-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange
ch_120	Chine	Luntai	landrace	kr_018-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_056-4	Kirghistan	Arslan Bob/Tashkumyr	sauvage	kr_079-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_099-1	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_139-2	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange
ch_121	Chine	Luntai	landrace	kr_018-3	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_057-1	Kirghistan	Arslan Bob/Tashkumyr	sauvage	kr_079-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_099-2	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_139-3	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange
ch_122	Chine	Mehe 1	sauvage	kr_023-1	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_059-1	Kirghistan	Arslan Bob/Jangijul	sauvage	kr_080-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_100-1	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_140-1	Kirghistan	Issyk Kul-Chon Urukty-Old cemetery	landrace
ch_123	Chine	Mehe 2	sauvage	kr_023-2	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_059-2	Kirghistan	Arslan Bob/Jangijul	sauvage	kr_080-3	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_100-2	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_140-2	Kirghistan	Issyk Kul-Chon Urukty-Old cemetery	landrace
ch_124	Chine	Mehe 2	sauvage	kr_023-3	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_059-3	Kirghistan	Arslan Bob/Jangijul	sauvage	kr_080-4	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_103-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_151-2	Kirghistan	Issyk Kul-Urukty River	sauvage
ch_127	Chine	Luntai collection	landrace	kr_023-4	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_060-1	Kirghistan	Arslan Bob/Jangijul	sauvage	kr_080-5	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_103-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_151-3	Kirghistan	Issyk Kul-Urukty River	sauvage
ch_128	Chine	Yili	sauvage	kr_023-5	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_060-2	Kirghistan	Arslan Bob/Jangijul	sauvage	kr_081-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_104-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_151-4	Kirghistan	Issyk Kul-Urukty River	sauvage
ch_129	Chine	Yili	sauvage	kr_024-1	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_060-3	Kirghistan	Arslan Bob/Jangijul	sauvage	kr_081-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_105-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_158-3	Kirghistan	Issyk Kul-Urukty River	sauvage
ch_130	Chine	Yili	sauvage	kr_024-2	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_061-1	Kirghistan	Arslan Bob/Jangijul	sauvage	kr_082-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_105-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_159-1	Kirghistan	Issyk Kul-Anan'Yevo village	mélange
ch_131	Chine	Yili	sauvage	kr_024-3	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_063-1	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_082-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_107-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_159-2	Kirghistan	Issyk Kul-Anan'Yevo village	mélange
ch_136	Chine	Yili	sauvage	kr_024-4	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_063-2	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_082-3	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_107-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_159-4	Kirghistan	Issyk Kul-Anan'Yevo village	mélange
ch_137	Chine	Urumqi	landrace	kr_024-5	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_063-3	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_082-4	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_107-3	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_160-3	Kirghistan	Issyk Kul-Anan'Yevo village	mélange
Currot	Variété	currot	variété	kr_025-1	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_063-4	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_083-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_107-4	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_160-4	Kirghistan	Issyk Kul-Anan'Yevo village	mélange
Goldrich	Variété	Goldrich	variété	kr_025-2	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_065-1	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_083-3	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_110-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_160-5	Kirghistan	Issyk Kul-Anan'Yevo village	mélange
kr_001-1	Kirghistan	Bishkek	landrace	kr_025-3	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_065-2	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_083-4	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_110-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_160-6	Kirghistan	Issyk Kul-Anan'Yevo village	mélange
kr_001-2	Kirghistan	Bishkek	variété	kr_027-1	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_065-3	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_084-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_111-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_163-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_001-3	Kirghistan	Bishkek	variété	kr_032-1	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_065-5	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_084-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_111-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_164-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_002-1	Kirghistan	Bishkek	variété	kr_032-2	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_066-1	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_085-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_112-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_165-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_002-2	Kirghistan	Bishkek	variété	kr_032-3	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_066-2	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_085-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_112-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_167-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_002-3	Kirghistan	Bishkek	variété	kr_032-4	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_067-1	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_085-3	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_113-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_168-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_003-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_032-5	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_067-2	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_087-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_113-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_169-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_003-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_032-6	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_067-3	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_087-3	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_114-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_170-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_004-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_032-7	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_067-4	Kirghistan	Arslan Bob/vers Sary Chelek	sauvage	kr_087-4	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_114-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_170-2	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_004-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_032-8	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_069-1	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_087-5	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_114-3	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_170-4	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_004-3	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_032-9	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_069-2	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_087-6	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_115-1	Kirghistan	Water Reserve Kurpsay	mélange	kr_170-5	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_005-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_033-1	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_071-1	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_087-7	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_115-2	Kirghistan	Water Reserve Kurpsay	mélange	kr_170-6	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_005-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_033-3	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_071-2	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_088-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_115-3	Kirghistan	Water Reserve Kurpsay	mélange	kr_171-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_005-3	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_033-4	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_071-3	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_088-6	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_116-1	Kirghistan	Water Reserve Kurpsay	mélange	kr_173-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_006-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_033-5	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_071-4	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_089-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_116-2	Kirghistan	Water Reserve Kurpsay	mélange	kr_173-2	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_006-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_033-6	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_071-5	Kirghistan	Sary Chelek	landrace	kr_089-4	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_117-1	Kirghistan	Water Reserve Kurpsay	mélange	kr_173-3	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_008-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_036-1	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_072-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_089-5	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_117-2	Kirghistan	Water Reserve Kurpsay	mélange	kr_173-4	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_008-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_036-2	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_072-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_090-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_118-1	Kirghistan	Water Reserve Kurpsay	mélange	kr_173-5	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_008-3	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_038-2	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_072-3	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_090-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_118-2	Kirghistan	Water Reserve Kurpsay	mélange	kr_173-6	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_008-4	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_038-3	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_073-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_090-3	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_118-3	Kirghistan	Water Reserve Kurpsay	mélange	kr_173-7	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_011-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_038-4	Kirghistan	Arslan Bob	sauvage	kr_075-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_090-4	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_119-1	Kirghistan	Chuy River/Boom Canyon	sauvage	kr_174-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_011-2	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_050-1	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_075-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_090-5	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_119-4	Kirghistan	Chuy River/Boom Canyon	sauvage	kr_174-2	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_011-3	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_050-2	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_075-3	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_091-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_119-5	Kirghistan	Chuy River/Boom Canyon	sauvage	kr_175-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_011-4	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_050-3	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_075-4	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_091-2	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_119-6	Kirghistan	Chuy River/Boom Canyon	sauvage	kr_176-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_012-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_050-4	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_075-5	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_091-3	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_119-7	Kirghistan	Chuy River/Boom Canyon	sauvage	kr_176-2	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage
kr_013-1	Kirghistan	Chychkan river	sauvage	kr_050-5	Kirghistan	Arslan Bob	landrace	kr_076-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_092-1	Kirghistan	Sary Chelek	sauvage	kr_136-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Urukty	mélange	kr_176-3	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage

Annexe II : Liste des accessions utilisées dans chaque partie - Marqueur ZP002 - partie 1. Lecture des noms d'accession : les deux premières lettres indiquent le pays de récolte, le premier chiffre identifie le numéro de prélèvement, le deuxième chiffre indique que plusieurs échantillons ont été prélevés pour un prélèvement. Landrace renvoie aux variétés anciennes et amrché aux variétés locales, mélange à un ensemble d'individus sauvages et landraces.

Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type
kr_176-4	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage	kz_10_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_125_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_39	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_3	Kazakhstan	Wine yard	landrace	Moniqui	Variété	Moniqui	variété
kr_178-1	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage	kz_100	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_125_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_4	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_73B_4	Kazakhstan	Wine yard	landrace	ouz_1	Ouzbekistan	Tashkent	landrace
kr_178-2	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage	kz_101	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_125_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_40	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_5	Kazakhstan	Wine yard	landrace	ouz_10	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kr_178-3	Kirghistan	Issyk Kul-Orto Byrosun river	sauvage	kz_101_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_126	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_40_1	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_6	Kazakhstan	Wine yard	landrace	ouz_11	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kr_180-1	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_101_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_126_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_40_2	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_7	Kazakhstan	Wine yard	landrace	ouz_12	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kr_180-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_101_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_127	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_40_3	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_8	Kazakhstan	Wine yard	landrace	ouz_13	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kr_180-3	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_101_4	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_127_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_40_4	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_9	Kazakhstan	Wine yard	landrace	ouz_14	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kr_181-1	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_104	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_130	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_46	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_74	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	ouz_15	Ouzbekistan	Samarcande	landrace
kr_181-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_104_5	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_130_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_46_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_74_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	ouz_2	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kr_181-3	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_104_6	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_131	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_5	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_74_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	ouz_3	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kr_182-1	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_104_7	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_131_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_51	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_74_3	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	ouz_4	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kr_182-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_11	Kazakhstan	Almaty théatre	landrace	kz_132	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_51_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_77	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	ouz_5	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kr_183-1	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_11_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_133	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_51_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_77_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	ouz_6	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kr_183-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_11_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_134	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_53	Kazakhstan	Ak-Kain	landrace	kz_77_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	ouz_7	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	sauvage
kr_183-3	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_11_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_135	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_53_1	Kazakhstan	Ak-Kain	landrace	kz_79	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	ouz_8	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	sauvage
kr_183-4	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_11_4	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_136	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_53_2	Kazakhstan	Ak-Kain	landrace	kz_79_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	ouz_9	Ouzbekistan	Boukhara	landrace
kr_184-1	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_113	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_137	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_53_3	Kazakhstan	Ak-Kain	landrace	kz_8	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	SEO	Variété	SEO	variété
kr_184-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_113_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_138	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_54	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_8_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	Stella	Variété	Stella	variété
kr_184-3	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_113_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_139	Kazakhstan	Proche Sayram	sauvage	kz_54_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_8_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace				
kr_185-1	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_114	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_14	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_54_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_8_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace				
kr_185-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_114_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_140	Kazakhstan	Proche Sayram	sauvage	kz_55	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_82	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage				
kr_186-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_114_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_141	Kazakhstan	Proche Sayram	sauvage	kz_55_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_82_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage				
kr_186-3	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_115	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_142	Kazakhstan	Proche Sayram	sauvage	kz_55_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_82_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage				
kr_187-1	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_115_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_143	Kazakhstan	Proche Sayram	landrace	kz_56	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_86	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage				
kr_187-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_115_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_144	Kazakhstan	Chymkent - Term.arrivée aéropot	landrace	kz_56_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_86_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage				
kr_189-1	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_115_3	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_145	Kazakhstan	Soujetskoe - Proche Sayram	landrace	kz_56_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_86_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage				
kr_189-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_116	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_146	Kazakhstan	Soujetskoe - Proche Sayram	landrace	kz_6	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_87	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage				
kr_189-3	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_116_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_147	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_6_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_87_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage				
kr_189-4	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_117	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_148	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_6_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_87_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage				
kr_190-1	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_117_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_149	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_6_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_87_3	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage				
kr_190-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_118	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_150	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_6_4	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_9	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace				
kr_191-1	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_118_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_151	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_66	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_9_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace				
kr_191-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_118_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_152	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_66_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_9_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace				
kr_192-1	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_119	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_153	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_66_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_9_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace				
kr_192-2	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_119_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_154	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_66_3	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_90	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage				
kr_192-3	Kirghistan	Chuy River/Boom canyon	sauvage	kz_12	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_16	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_7	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_90_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage				
kr_193-2	Kirghistan	Chon Kemin/Boom canyon	mélange	kz_120	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_18	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_7_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_91_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage				
kr_193-3	Kirghistan	Chon Kemin/Boom canyon	mélange	kz_120_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_7_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_98	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage				
kr_194-1	Kirghistan	Chon Kemin/Boom canyon	mélange	kz_120_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_20	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_7_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_ma_1	Kazakhstan	Almaty market	marché				
kr_204-4	Kirghistan	Ala Archa - Bishkek	sauvage	kz_121	Kazakhstan	Medeu valley	landrace	kz_22	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_7_4	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_ma_10	Kazakhstan	Almaty market	marché				
kr_204-5	Kirghistan	Ala Archa - Bishkek	sauvage	kz_121_1	Kazakhstan	Medeu valley	landrace	kz_24	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_71	Kazakhstan	Medeu valley	landrace	kz_ma_2	Kazakhstan	Almaty market	marché				
kr_205-2	Kirghistan	Ala Archa - Bishkek	sauvage	kz_121_2	Kazakhstan	Medeu valley	landrace	kz_25	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_71_1	Kazakhstan	Medeu valley	landrace	kz_ma_3	Kazakhstan	Almaty market	marché				
kr_206-3	Kirghistan	Ala Archa - Bishkek	sauvage	kz_121_3	Kazakhstan	Medeu valley	landrace	kz_27	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73	Kazakhstan	Wine yard	sauvage	kz_ma_4	Kazakhstan	Almaty market	marché				
kr_206-4	Kirghistan	Ala Archa - Bishkek	sauvage	kz_122_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_29	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73A_1	Kazakhstan	Wine yard	landrace	kz_ma_5	Kazakhstan	Almaty market	marché				
kr_206-5	Kirghistan	Ala Archa - Bishkek	sauvage	kz_123	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_73A_2	Kazakhstan	Wine yard	landrace	kz_ma_6	Kazakhstan	Almaty market	marché				
kz_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_123_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_31	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73A_3	Kazakhstan	Wine yard	landrace	kz_ma_7	Kazakhstan	Almaty market	marché				
kz_10	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_124	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_33	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_1	Kazakhstan	Wine yard	landrace	kz_ma_8	Kazakhstan	Almaty market	marché				
kz_10_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_124_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_35	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_10	Kazakhstan	Wine yard	landrace	kz_ma_9	Kazakhstan	Almaty market	marché				
kz_10_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_125	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_37	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_2	Kazakhstan	Wine yard	landrace	Luizet	Variété	Luizet	variété				

Annexe II : Liste des accessions utilisées dans chaque partie - Marqueur ZP002 - partie 2. Lecture des noms d'accession : les deux premières lettres indiquent le pays de récolte, le premier chiffre identifie le numéro de prélèvement, le deuxième chiffre indique que plusieurs échantillons ont été prélevés pour un prélèvement. Landrace renvoie aux variétés anciennes et amrché aux variétés locales, mélange à un ensemble d'individus sauvages et landraces.

Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type
az_100	Azerbaïdjan	gange	landrace	ch_137	Chine	Urumqi	landrace	kz_119	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_16	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_7_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
az_111	Azerbaïdjan	Gobustan	landrace	ch_38	Chine	Xiongyue	landrace	kz_119_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_18	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_7_4	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
az_172	Azerbaïdjan	Bakou	landrace	ch_40	Chine	Xiongyue	landrace	kz_12	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_71	Kazakhstan	Medeu valley	landrace
az_201_1	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_42	Chine	Xiongyue	landrace	kz_120	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_20	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_71_1	Kazakhstan	Medeu valley	landrace
az_201_2	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_43	Chine	Xiongyue	landrace	kz_120_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_22	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_73	Kazakhstan	Wine yard	sauvage
az_201_3	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_44	Chine	Xiongyue	landrace	kz_120_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_24	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_73A_2	Kazakhstan	Wine yard	landrace
az_201_4	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_45	Chine	Xiongyue	landrace	kz_121	Kazakhstan	Medeu valley	landrace	kz_27	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73A_3	Kazakhstan	Wine yard	landrace
az_201_5	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_46	Chine	Xiongyue	landrace	kz_121_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_29	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_1	Kazakhstan	Wine yard	landrace
az_201_6	Azerbaïdjan	Naxçivan-Badamli village	landrace	ch_50	Chine	Xiongyue	landrace	kz_121_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_73B_10	Kazakhstan	Wine yard	landrace
az_223_5_1	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	ch_80	Chine	Beijing	landrace	kz_121_3	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_31	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_3	Kazakhstan	Wine yard	landrace
az_223_5_2	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	Currot			variété	kz_122_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_33	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_4	Kazakhstan	Wine yard	landrace
az_223_5_3	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	Goldrich			variété	kz_123	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_35	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_5	Kazakhstan	Wine yard	landrace
az_255_1	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	kz_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden (ukraine)	landrace	kz_124	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_37	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_7	Kazakhstan	Wine yard	landrace
az_255_2	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	kz_10	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_124_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_39	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_73B_8	Kazakhstan	Wine yard	landrace
az_255_3	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	kz_10_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_125	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_4	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden ouzbeck	landrace	kz_73B_9	Kazakhstan	Wine yard	landrace
az_256_4	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	kz_10_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_125_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_40	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_74	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
az_256_5	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	kz_10_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_125_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_40_1	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_74_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
az_256_6	Azerbaïdjan	Naxçivan-Arinc mountain	landrace	kz_100	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_125_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_40_2	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_74_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
az_69	Azerbaïdjan	Larik - Mairie	landrace	kz_101	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_126	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_40_3	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_74_3	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
az_71	Azerbaïdjan	Larik - Mairie	sauvage	kz_101_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_126_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_40_4	Kazakhstan	Lake Esik	sauvage	kz_77	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
az_75	Azerbaïdjan	Larik - Mairie	sauvage	kz_101_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_127	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_46	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_77_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
az_76	Azerbaïdjan	Larik - Mairie	landrace	kz_101_3	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_127_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_46_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_77_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
az_77	Azerbaïdjan	Larik - Mairie	landrace	kz_101_4	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_130	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_5	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden ouzbec	landrace	kz_79	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
az_80	Azerbaïdjan	Péninsule Abseran	sauvage	kz_104	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_130_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_51	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_79_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
az_84	Azerbaïdjan	Seki Genofond	sauvage	kz_104_5	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_131	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_51_1	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_8	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
az_86	Azerbaïdjan	Montagne Seki	sauvage	kz_104_6	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_131_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_51_2	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_8_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
az_89	Azerbaïdjan	village Lahic	landrace	kz_104_7	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage	kz_132_1	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_53	Kazakhstan	Ak-Kain	landrace	kz_8_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
az_90	Azerbaïdjan	Montagne Seki	sauvage	kz_11	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_133_1	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_53_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_8_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
az_91	Azerbaïdjan	Montagne Seki	sauvage	kz_11_1	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_134_1	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_53_2	Kazakhstan	Ak-Kain	landrace	kz_82	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	sauvage
Bakour			variété	kz_11_2	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_135_1	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_53_3	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_82_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
Bergeron			variété	kz_11_3	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_136_1	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	landrace	kz_54	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_82_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
Canino			variété	kz_11_4	Kazakhstan	Almaty	landrace	kz_137_1	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	collection	kz_54_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_86	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
ch_100	Chine	Wuhan	#N/A	kz_113	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_138_C_1	Kazakhstan	Chymkent - Dendro Park	collection	kz_54_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_86_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
ch_113	Chine	Turpan	landrace	kz_113_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_139_1	Kazakhstan	Proche Sayram	landrace	kz_55	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_86_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
ch_114	Chine	Turpan	landrace	kz_113_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_14	Kazakhstan	Canyon Belbulak	sauvage	kz_55_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_87	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
ch_117	Chine	Luntai	landrace	kz_114	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_140_3	Kazakhstan	Proche Sayram	landrace	kz_55_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_87_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
ch_118	Chine	Luntai	landrace	kz_114_1	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_141_3	Kazakhstan	Proche Sayram	landrace	kz_56	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_87_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
ch_119	Chine	Luntai	landrace	kz_114_2	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage	kz_142_2	Kazakhstan	Proche Sayram	landrace	kz_56_1	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_87_3	Kazakhstan	Turgen Valley	sauvage
ch_120	Chine	Luntai	landrace	kz_115	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_143_B_1	Kazakhstan	Proche Sayram	landrace	kz_56_2	Kazakhstan	Ak-Kain	sauvage	kz_9	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
ch_121	Chine	Luntai	landrace	kz_115_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_144_1	Kazakhstan	Chymkent - Term.arrivée aéropot	landrace	kz_6	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_9_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
ch_122	Chine	Mehe 1	sauvage	kz_115_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_145_1	Kazakhstan	Soujetskoe - Proche Sayram	landrace	kz_6_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_9_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
ch_123	Chine	Mehe 2	sauvage	kz_115_3	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_146_1	Kazakhstan	Soujetskoe - Proche Sayram	landrace	kz_6_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_9_3	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace
ch_124	Chine	Mehe 2	sauvage	kz_116	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_147_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_66	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_90	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage
ch_127	Chine	Yili	collection	kz_116_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_148_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_66_1	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_90_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage
ch_128	Chine	Yili	sauvage	kz_117	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_149_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_66_2	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_91_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage
ch_129	Chine	Yili	sauvage	kz_117_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_150_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_66_3	Kazakhstan	Medeu valley	sauvage	kz_98	Kazakhstan	Big Almaty Lake	sauvage
ch_130	Chine	Yili	sauvage	kz_118	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_151_6	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_7	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_ma_1	Kazakhstan	Almaty market	marché
ch_131	Chine	Yili	sauvage	kz_118_1	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_152_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_7_1	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_ma_10	Kazakhstan	Almaty market	marché
ch_136	Chine	Yili	sauvage	kz_118_2	Kazakhstan	Canyon Kaskelen	sauvage	kz_154_1	Kazakhstan	Aksu Zhabagyly pop sauvage	sauvage	kz_7_2	Kazakhstan	Almaty - Pomological garden	landrace	kz_ma_2	Kazakhstan	Almaty market	marché

Annexe II : Liste des accessions utilisées dans chaque partie - Marqueurs SSR - partie 1. Lecture des noms d'accession : les deux premières lettres indiquent le pays de récolte, le premier chiffre identifie le numéro de prélèvement, le deuxième chiffre indique que plusieurs échantillons ont été prélevés pour un prélèvement. Landrace renvoie aux variétés anciennes et amrché aux variétés locales, mélange à un ensemble d'individus sauvages et landraces.

Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type
ch_122	China	Mehe 1	sauvage	kz_122_1	Kazakhstan	Almaty lake	sauvage
ch_123	China	Mehe 2	sauvage	kz_123_2	Kazakhstan	Almaty lake	sauvage
ch_127	China	Luntaï	collection	kz_124_1	Kazakhstan	Almaty lake	sauvage
ch_128	China	Yili	sauvage	kz_125_1	Kazakhstan	Almaty lake	sauvage
kr_119_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	kz_126_1	Kazakhstan	Almaty lake	sauvage
kr_167_1	Kyrghystan	Issik-kul Ortobyrosan river	sauvage	kz_127_1	Kazakhstan	Almaty lake	sauvage
kr_168_1	Kyrghystan	Issik-kul Ortobyrosan river	sauvage	kz_137_1	Kazakhstan	Chymkent	collectior
kr_169_1	Kyrghystan	Issik-kul Ortobyrosan river	sauvage	kz_146_1	Kazakhstan	Shoujetskoe	landrace
kr_170_4	Kyrghystan	Issik-kul Ortobyrosan river	sauvage	kz_147_1	Kazakhstan	Aksu	sauvage
kr_171_1	Kyrghystan	Issik-kul Ortobyrosan river	sauvage	kz_148_1	Kazakhstan	Aksu	sauvage
kr_173_1	Kyrghystan	Issik-kul Ortobyrosan river	sauvage	kz_149_4	Kazakhstan	Aksu	sauvage
kr_174_2	Kyrghystan	Issik-kul Ortobyrosan river	sauvage	kz_150_8	Kazakhstan	Aksu	sauvage
kr_175_1	Kyrghystan	Issik-kul Ortobyrosan river	sauvage	kz_151_4	Kazakhstan	Aksu	sauvage
kr_176_1	Kyrghystan	Issik-kul Ortobyrosan river	sauvage	kz_152_2	Kazakhstan	Aksu	sauvage
kr_178_1	Kyrghystan	Issik-kul Ortobyrosan river	sauvage	kz_154_5	Kazakhstan	Aksu	sauvage
kr_180_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	kz_40_4	Kazakhstan	Esik lake	sauvage
kr_181_2	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	kz_6_3	Kazakhstan	Pomological garden	landrace
kr_182_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	kz_66_3	Kazakhstan	Medeu	sauvage
kr_183_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	kz_74_5	Kazakhstan	Turgen	sauvage
kr_184_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	kz_77_1	Kazakhstan	Turgen	sauvage
kr_185_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	kz_8_1	Kazakhstan	Pomological garden	landrace
kr_186_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	kz_8_2	Kazakhstan	Pomological garden	landrace
kr_187_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	kz_82_1	Kazakhstan	Turgen	sauvage
kr_188_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	kz_86_1	Kazakhstan	Turgen	sauvage
kr_189_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	kz_87_2	Kazakhstan	Turgen	sauvage
kr_190_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	ouz_11_5	Uzbekistan	Boukhara	landrace
kr_191_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	ouz_14_1	Uzbekistan	Samarcande	landrace
kr_192_1	Kyrghystan	Chuy river Boom canyon	sauvage	ouz_4_5	Uzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace
kr_72_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_76_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_78_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_79_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_81_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_83_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_84_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_87_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_88_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_89_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_90_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_91_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_92_1	Kyrghystan	Sary Chelek	sauvage				
kr_94_1	Kyrghystan	Sary Chelek	landrace				
kz_10_2	Kazakhstan	Pomological garden	landrace				
kz_100_2	Kazakhstan	Turgen	sauvage				
kz_101_1	Kazakhstan	Turgen	sauvage				
kz_104_1	Kazakhstan	Turgen	sauvage				
kz_113_2	Kazakhstan	Turgen	sauvage				
kz_114_1	Kazakhstan	Turgen	sauvage				
kz_116_1	Kazakhstan	Kaskelen	sauvage				

Annexe II : Liste des accessions utilisées dans chaque partie - Marqueurs SNP. Lecture des noms d'accession : les deux premières lettres indiquent le pays de récolte, le premier chiffre identifie le numéro de prélèvement, le deuxième chiffre indique que plusieurs échantillons ont été prélevés pour un prélèvement. Landrace renvoie aux variétés anciennes et amrché aux variétés locales, mélange à un ensemble d'individus sauvages et landraces.

Accession	Pays	Population	Type	Accession	Pays	Population	Type
kz_ma_3	Kazakhstan	Almaty market	marché	us_218	USA	Pakistan	landrace
kz_ma_4	Kazakhstan	Almaty market	marché	us_230	USA	Turkmenistan	landrace
kz_ma_5	Kazakhstan	Almaty market	marché	us_231	USA	Turkmenistan	landrace
kz_ma_6	Kazakhstan	Almaty market	marché	us_235	USA	Turkmenistan	landrace
kz_ma_7	Kazakhstan	Almaty market	marché	us_239	USA	Turkmenistan	landrace
kz_ma_8	Kazakhstan	Almaty market	marché	us_240	USA	Turkmenistan	landrace
kz_ma_9	Kazakhstan	Almaty market	marché	us_241	USA	Turkmenistan	landrace
Luizet			variété				
Moniqui			variété				
ouz_10_1	Ouzbekistan	Boukhara	landrace				
ouz_11_2	Ouzbekistan	Boukhara	landrace				
ouz_13_2	Ouzbekistan	Samarcande	landrace				
ouz_15_1	Ouzbekistan	Samarcande	landrace				
ouz_3_2	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace				
ouz_4_3	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace				
ouz_5_2	Ouzbekistan	Chimgan Beldersay	landrace				
SEO			variété				
Stella			variété				
turc_04	Turquie	İsmailağa	landrace				
turc_27	Turquie	Adilcevaz	sauvage				
turc_28	Turquie	Adilcevaz	sauvage				
turc_29	Turquie	Adilcevaz	sauvage				
turc_33	Turquie	Ahlat	sauvage				
turc_35	Turquie	Ahlat	sauvage				
turc_36	Turquie	Ahlat	sauvage				
turc_41	Turquie	Arapgir	sauvage				
turc_42	Turquie	Arapgir	sauvage				
turc_43	Turquie	Arapgir	sauvage				
turc_44	Turquie	Edremit	sauvage				
turc_45	Turquie	Edremit	sauvage				
turc_46	Turquie	Edremit	sauvage				
turc_52	Turquie	Zerdali	landrace				
turc_53	Turquie	Zerdali	landrace				
turc_55	Turquie	Zerdali	landrace				
turc_60	Turquie	Naxçivan	landrace				
turc_68	Turquie	Sekit (Iskender)	sauvage				
turc_69	Turquie	Sekit (Iskender)	sauvage				
turc_70	Turquie	Sekit (Iskender)	sauvage				
us_196	USA	Turkistan	landrace				
us_197	USA	Afghanistan	landrace				
us_201	USA	Pakistan	landrace				
us_203	USA	Pakistan	landrace				
us_204	USA	Pakistan	landrace				
us_206	USA	Pakistan	landrace				
us_210	USA	Pakistan	landrace				
us_212	USA	Pakistan	landrace				
us_213	USA	Pakistan	landrace				
us_215	USA	Pakistan	landrace				
us_217	USA	Pakistan	landrace				

Annexe II : Liste des accessions utilisées dans chaque partie - Marqueurs SSR - partie 2. Lecture des noms d'accession : les deux premières lettres indiquent le pays de récolte, le premier chiffre identifie le numéro de prélèvement, le deuxième chiffre indique que plusieurs échantillons ont été prélevés pour un prélèvement. Landrace renvoie aux variétés anciennes et amrché aux variétés locales, mélange à un ensemble d'individus sauvages et landraces.

Annexe II : Amorces ciblant l'insertion de 358 pb dans le gène *SFB* et conditions PCR correspondantes.
F=amorce sens, R=amorce anti-sens, pb=paires de bases.

Nom de la paire d'amorces	Séquence des amorces (5'->3')	Taille du fragment attendu (pb)	Conditions PCR	Référence
SFBc_F	F-TCGACATCCTAGTAAGACTACCCGC R-TCAAGAACTTGGTTGGATTCG	972	94°C-2min, 35x(94°C-1min, 60°C-40s, 72°C-1min), 72°C-20 min	Vilanova et al. 2006
SFBc_Fv1	F-TGAATTTCGATAGTCCTATACA R-TCAAGAACTTGGTTGGATTCG	633	94°C-2min, 35x(94°C-1min, 50°C-40s, 72°C-40s), 72°C-20 min	Amorce sens développée au laboratoire, Vilanova et al. 2006
SFBc_Fv2	F-TCATAGCACCAGATGCCATTTGC R-TCAAGAACTTGGTTGGATTCG	265	94°C-2min, 35x(94°C-1min, 60°C-40s, 72°C-30s), 72°C-20 min	Amorce sens développée au laboratoire, Vilanova et al. 2006

Annexe III: Protocole pour l'extraction d'ADN

Tampon 1 : tris-HCl pH8 à 0,2M, EDTA pH8 à 0,07M, NaCL à 2M et ajout à la dernière minute de sodium metabisulfite à 0,02M.

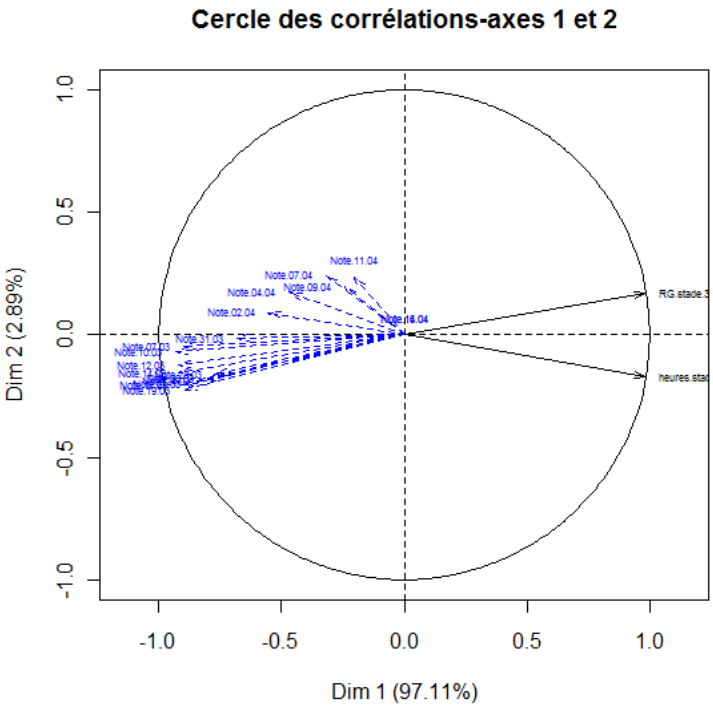
Tampon 2 : HATMAB à 2%, NaCl à 1,4M, ADTA pH8 à 0,02M, tris-HCl ph8 à 0,1M.

Broyer environ 5 feuilles dans un sachet ELISA dans 10mL de tampon 1. Placer 600µL dans un tube eppendorf et ajouter 450µL et mélanger. Placer au bain-marie 1h à 65°C. Ajouter 10µL de RNAse à 10mg/mL et attendre 10 minutes puis centrifuger à 4°C (10000rpm-20 min).

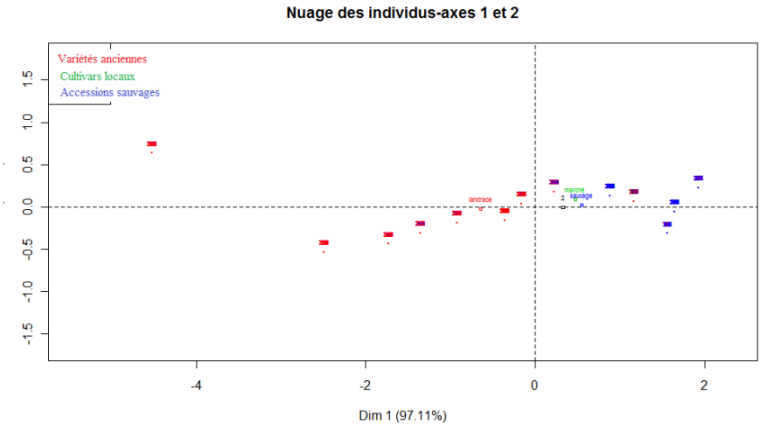
Transférer 1ml de surnageant dans une autre tube eppendorf avec 900µL de chloroforme:octanol(24 :1). Mélanger jusqu'à la formation d'un mélange blanchâtre, placer sur la glace puis remélanger. Centrifuger 5min à 10000rpm (4°C). Transférer 800µl de surnageant dans une autre tube eppendorf avec 800µL de chloroforme:octanol(24 :1). Mélanger jusqu'à la formation d'un mélange blanchâtre, placer sur la glace puis remélanger. Centrifuger 5min à 10000rpm (4°C).

Transvaser les 800µL de surnageant dans un tube contenant 800µL Isopropanol à -20°C et 400µL d'acétate d'ammonium à 10M et replacer dans la glace. Mélanger et placer à -20°C pendant au moins 25°C en mélangeant régulièrement. Centrifuger 30min à 10000rmp à 4°C. Jeter le surnageant puis ajouter 750µL d'éthanol à 70% glacé, mélanger pour décoller le culot., centrifuger 10 min à 10000rpm, jeter le surnageant et retourner le tube sur du papier absorbant. Sécher le culot pendant 10min au speedvac et diluer le culot dans 100-200µL d'EDTA à 0,1X pour la nuit.

Vérifier la quantité d'ADN présente sur gel d'agarose à 0,8%.



(Rayonnement solaire nécessaire pour atteindre le stade 3).



Annexe IV : Sorties graphiques de l'ACP sur les deux premiers axes à partir des données HF (heures de froid nécessaire pour atteindre le stade 3) et RG

Annexe V : Coordonnées du barycentre de chaque population et ses caratéristiques. Dim 1 correspond aux coordonnées sur le premier axe de l'ACP et Dim 2 correspond aux coordonnées sur le deuxième axe de l'ACP. La colonne Pays indique le pays dans lequel la population a été échantillonnée et la colonne GPS (Global Positioning system) contient les informations de localisation géographique et d'altitude (alt) lorsqu'elles sont disponibles (dnd -données non disponibles- dans le cas contraire).

Population	Dim1	Dim2	Pays	GPS
proche Sayram	3.91638816	-1.41567883	Kazakhstan	42°14'58N - 70°04'31E alt.1014m
Chymkent	3.50317616	-1.03805347	Kazakhstan	Dnd
Chimgan Beldersay	3.0344981	-0.74772422	Ouzbékistan	41°30'57N - 69°57'31E alt.1502m
Samarcande	2.94145798	-0.48866605	Ouzbékistan	Dnd
Boukhara	2.39074798	-0.40425476	Ouzbékistan	39°46'39N - 64°24'24E alt.228m
Urumqi	2.28349943	0.13430387	Chine	Dnd
Soutjetskoe	1.89854143	0.30547768	Kazakhstan	Dnd
Naxçivan-Arinc mountain	1.83074651	0.36751844	Azerbaïdjan	39°27'54,27N - 45°35'57,04E
Mehe2	1.27725914	0.66232072	Chine	43°14'11.52N - 82°44'07.69E
Naxçivan-Badamli village	1.05058551	0.70243238	Azerbaïdjan	39°26'58,16N - 45°31'43,49E alt. 1400m
Tashkent	1.00482673	0.64105835	Ouzbékistan	dnd
Naxçivan-Ordubbad-NusNus	0.92801943	0.57188455	Azerbaïdjan	38°56'46,71N - 46°01'15,02E
Luntaï	0.86260513	0.70447113	Chine	dnd
Aksu Zhabagyly	0.46024415	0.15915745	Kazakhstan	42°24'35N - 70°32'45E
Yili	-0.11334718	1.05310227	Chine	43°22'42.97N - 83°34'50.33E
Ak-Kain	-0.48410846	0.80701637	Kazakhstan	43°10'32.48N - 76°58'11.73E alt. 1220m
wine yard2	-0.7570249	1.05938793	Kazakhstan	43°29'26.26N - 77°42'30.82E
Canyon Kaskelen	-1.23377152	0.30538519	Kazakhstan	43°10'00.77N - 76°36'56.12E
Almaty	-1.23544468	0.92783295	Kazakhstan	43°13'36.10N - 76°52'52.35E
Almaty-Pomological garden	-1.3129843	1.13270203	Kazakhstan	43°16'48.48N - 77°12'05.84E
Lake Esik	-1.86738593	1.09544393	Kazakhstan	43°15'15.55N-77°29'11.61E
Turgen valley	-2.38638571	0.07698984	Kazakhstan	43°20'20.37N - 77°36'44.27E
Mehe1	-2.73275533	1.02217357	Chine	43°14'45.44N - 82°42'10.06E
Big Almaty Lake	-3.53108349	-0.17907121	Kazakhstan	43°05'39.15N - 76°57'19.06E
Medeu valley	-4.02312991	-1.76872651	Kazakhstan	43°09'24.40N - 77°03'41.06E

Annexe VI : Résultats des ANOVAs sur le nombre d'heures de froid (HF), la quantité de rayonnement solaire (RG) et le nombre d'heures de jour (HJ) nécessaires pour atteindre le stade 3 du débourrement en fonction des critères 'type d'accession', 'population d'origine' et 'pays d'origine'.*** signifie que la valeur est significative au seuil de 0%.

	HF			RG			HJ		
Effet	F	p-value		F	p-value		F	p-value	
Population	7.6632	<2E-16	***	10.8795	<2E-16	***	12.2269	<2E-16	***
Type	0.8454	0.4304		0.7847	0.4572		1.197	0.3035	
Pays d'origine	0.0204	0.9798		0.2018	0.8174		0.0073	0.9928	

Annexe VII : Résultats de la MANOVA sur les notes attribuées tout au long du débourrement en fonction des effets du type d'accession, de la population et du pays d'origine.*** signifie que la valeur est significative au seuil de 0%.

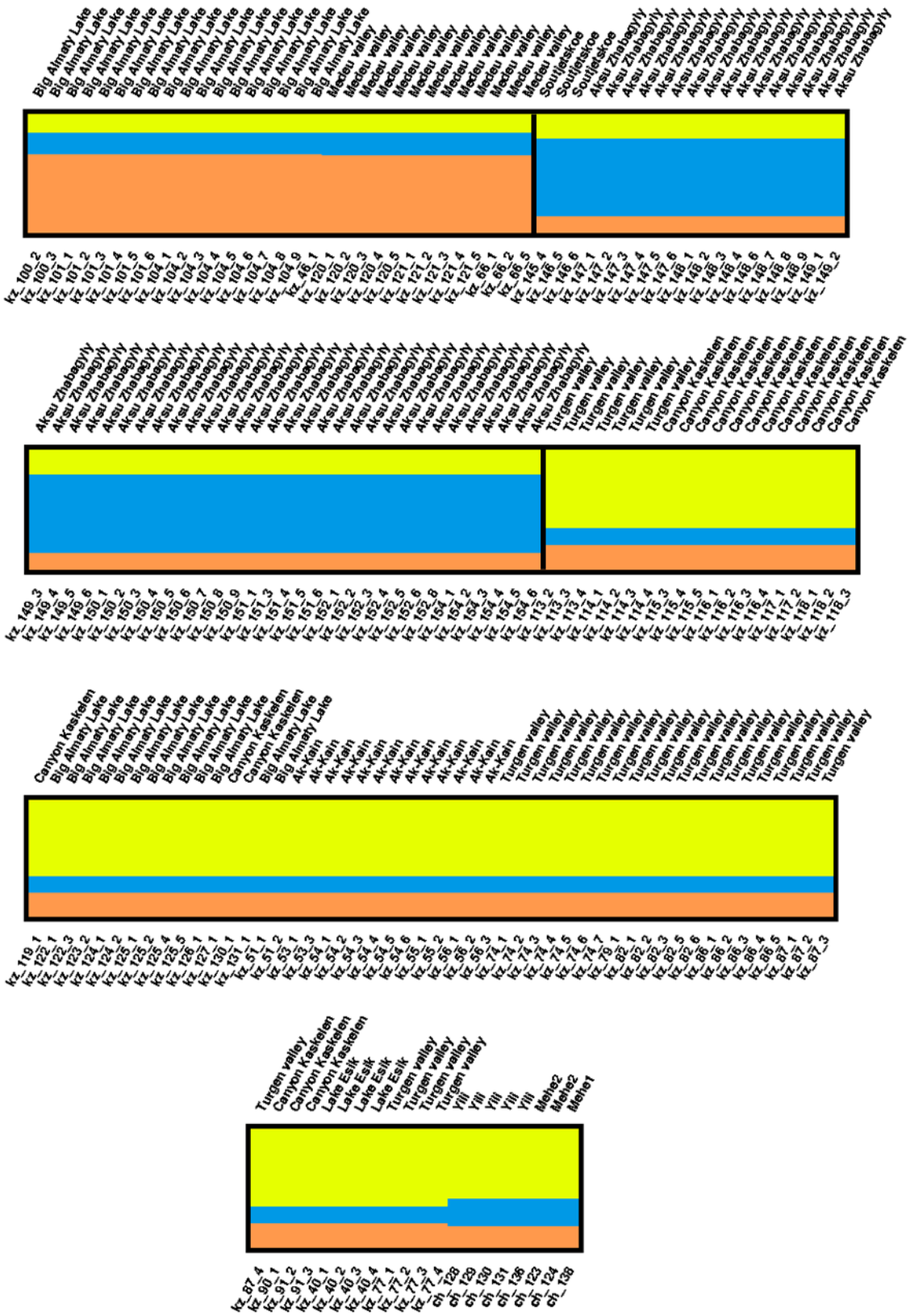
	ensemble des accessions			Accessions sauvages			Variétés anciennes		
Variables qualitatives	λ de Wilks	p-value		λ de Wilks	p-value		λ de Wilks	p-value	
Type	0.57774	<2.20E-16	***	-	-	-	-	-	-
Population	0.18444	2.51E-14	***	0.28415	0.0001017	***	0.12945	3.13E-08	***
Origine	0.9016	0.1965		-	-	-	0.94851	0.8523	

Annexe VIII : Résultats de la MANOVA sur les notes attribuées tout au long du débourrement en fonction des effets du nombre d'heures de froid (HF), de la quantité de rayonnement solaire (RG) et du nombre d'heures de jour (HJ) nécessaires pour atteindre le stade 3 du débourrement.*** signifie que la valeur est significative au seuil de 0%, ** est significatif au seuil de 0,1%.

	ensemble des accessions			**Accessions sauvages**			**Variétés anciennes**		
Variables quantitatives	λ de Wilks	p-value		λ de Wilks	p-value		λ de Wilks	p-value	
HF	0.05389	<2.20E-16	***	0.06277	<2.20E-16	***	0.06556	<2.20E-16	***
RG	0.24869	<2.20E-16	***	0.324	<2.20E-16	***	0.1693	<2.20E-16	***
HJ	0.1411	<2.20E-16	***	0.22916	<2.20E-16	***	0.16103	<2.20E-16	***
HF:RG	0.42336	<2.20E-16	***	0.38983	<2.20E-16	***	0.29823	<2.20E-16	***
HF:HJ	0.72534	<2.20E-16	***	0.68688	8.97E-08	***	0.50177	1.57E-15	***
RG:HJ	0.91231	0.004357	**	0.91631	0.3974		0.72212	6.48E-06	***
HF:RG:HJ	0.61889	<2.20E-16	***	0.62654	2.19E-10	***	0.52409	2.48E-14	***

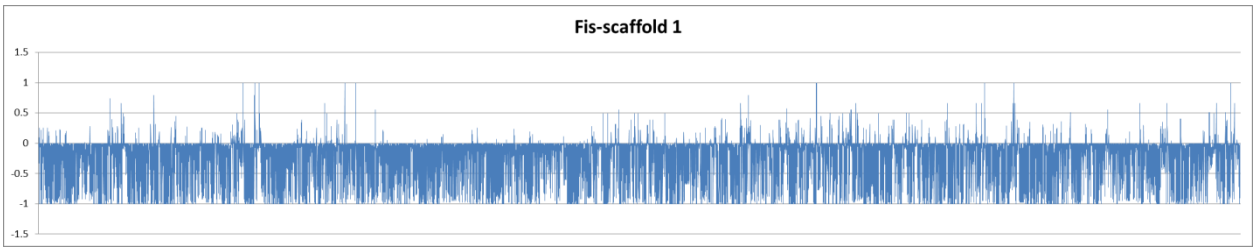
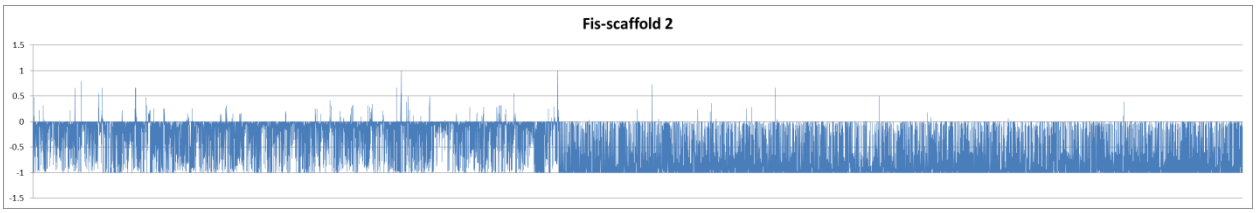
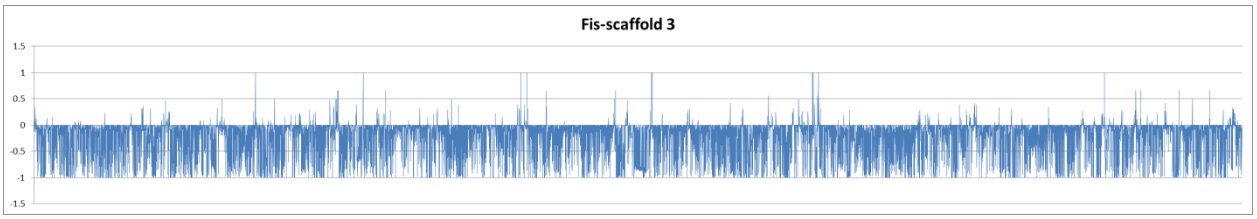
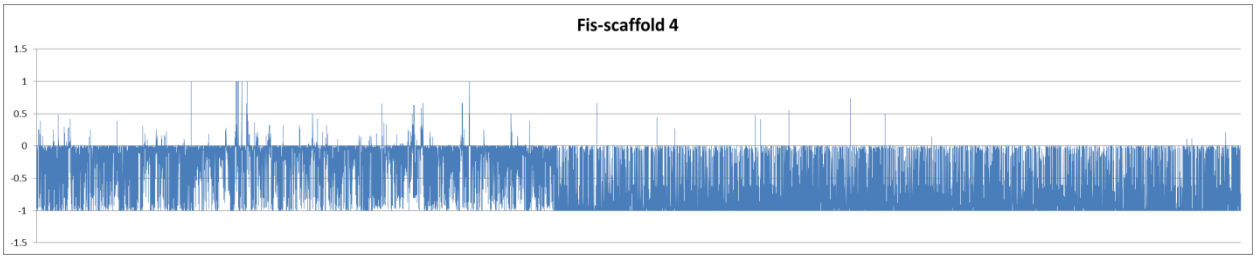
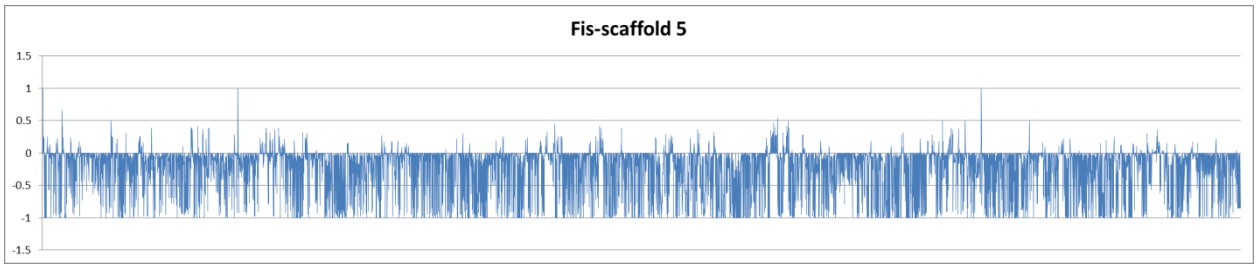
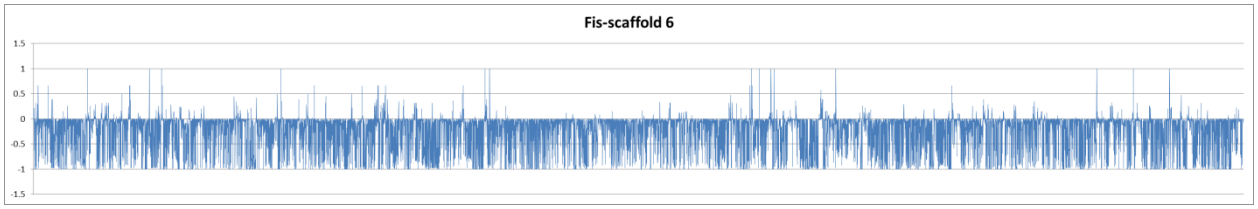
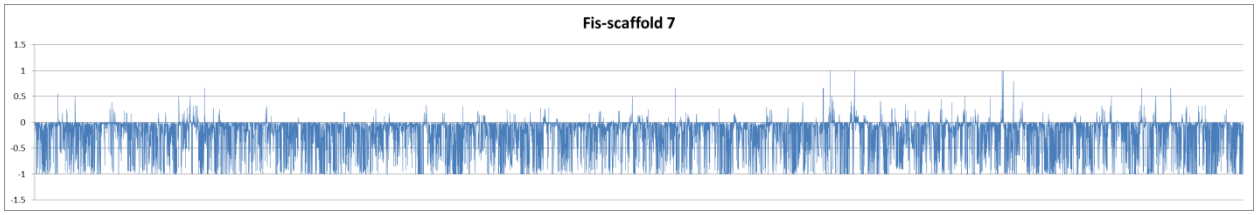
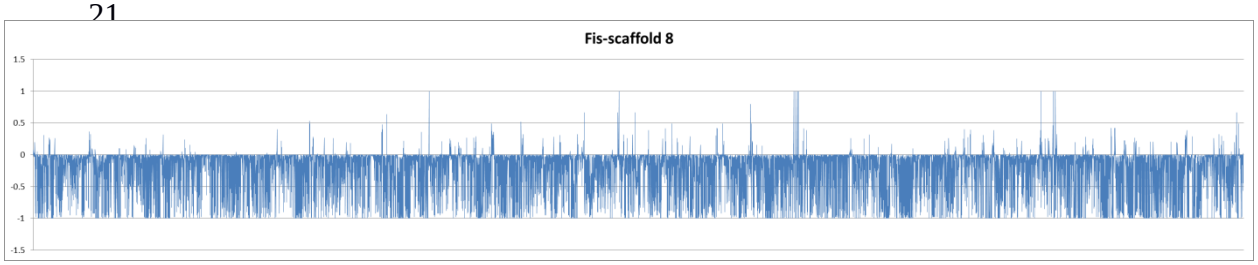
Annexe IX : Résultats de la MANOVA sur le nombre d'heures de froid la quantité de rayonnement solaire et le nombre d'heures de jour nécessaires pour atteindre le stade 3 du débourrement en fonction des effets type d'accession, population d'origine et pays d'origine.*** signifie que la valeur est significative au seuil de 0%.

	ensemble des accessions			sauvages			Variétés anciennes		
Variables qualitatives	λ de Wilks	p-value		λ de Wilks	p-value		λ de Wilks	p-value	
Type	0.69726	<2E-16	***	-	-	-	-	-	-
Population	0.49625	<2E-16	***	0.6288	8.36E-06	***	0.47158	7.70E-08	***
Origine	0.98559	0.6035		-	-	-	0.9954	0.8876	



Annexe X : Structuration détectée par GENELAND sur le phénotype (HF=nombre d'heures de froid pour atteindre le stade 3) des individus sauvages. Les individus apparentés sont conservés. La population du lac de Big Almaty se scinde en deux.

Annexe XI : Comparaison des Fis obtenus avec les marqueurs SSR et SNP. Lorsque la position du marqueur SSR n'est pas renseignée, cela signifie que ce marqueur n'apparait pas dans la base de données sur le génome des rosacées (http://www.rosaceae.org/).

Marqueur SSR	Scaffold	Position	Fis (kazakhs sauvages)	Position du SNP le plus proche	Fis au SNP le plus proche
BPPCT001	2	16 134 154	0.0196	16 161 717	-0.4323
UDP98-409	8	-	-0.1189	-	-
AMPA116	2	25 108 684	0.079	25 108 258	-1
AMPA100	6	-	0.0295	-	-
BPPCT004	2	-	-0.0228	-	-
BPPCT040	4	6 460 443	-0.0625	6 454 079	0
UDP97-402	4	10 486 180	0.56	10 485 850	-0.9241
AMPA109	1	39 337 498	0.4518	38 344 006	0
CPPCT006	8	13 659 021	-0.0752	13 660 657	-0.027
AMPA119	3	6 357 496	0.0281	6 346 989	0
AMPA101	3	3 595 324	0.0781	4 592 725	0
BPPCT017	5	11 174 442	-0.2001	11 192 782	0.3812
BPPCT008	6	10 280 088	-0.0958	11 292 934	1
BPPCT038	5	14 658 198	-0.1306	14 649 267	0
UDP98-412	6	24 753 513	0.1584	24 755 315	0
CPPCT022	7	10 225 365	-0.009	10 186 462	0.1253
BPPCT030	2	22 248 484	-0.1012	22 264 778	-1
BPPCT025	6	21 129 947	-0.0204	21 125 929	-0.617
CPPCT033	7	16 702 195	0.3245	16 695 993	0
CCPCT030	6	26 851 012	0.1282	26 851 581	0.1399
PGS1_21	1	8 157 718	-0.0421	8 157 918	0.0194

Annexe XII : Valeur de Fis pour chaque SNP le long du génome.