HAL
open science

Recherche de QTL de résistance quantitative aux maladies chez l'abricotier dans le but d'engager une démarche de sélection assistée par marqueurs

Typhaine Briand

To cite this version:

Typhaine Briand. Recherche de QTL de résistance quantitative aux maladies chez l'abricotier dans le but d'engager une démarche de sélection assistée par marqueurs. Sciences du Vivant [q-bio]. 2019. dumas-02450525

HAL Id: dumas-02450525

https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-02450525v1

Submitted on 23 Jan 2020

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.

☐ CFR Angers ☑ CFR Rennes

Année universitaire : 2018-2019 Master Biologie, Agrosciences Parcours Amélioration, Production, Valorisation du végétal Option : Génétique, Génomique et Amélioration des Plantes	**Rapport de stage** ☐ 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)

Recherche de QTL de résistance quantitative aux maladies chez l'abricotier dans le but d'engager une démarche de sélection assistée par marqueurs

Par : Typhaine BRIAND

Soutenu à Rennes le 26/06/2019

Devant le jury composé de :

Président : Mélanie Jubault

Maître de stage : Jean-Marc Audergon

Enseignant référent : Mélanie Jubault

Autres membres du jury (Nom, Qualité)

Rapporteur : Marie-Laure Pilet

Examinateur : Maria Manzanares-Dauleux

Les analyses et les conclusions de ce travail d'étudiant n'engagent que la responsabilité de son auteur et non celles d'AGROCAMPUS OUEST et l'université de Rennes 1

Ce document est soumis aux conditions d'utilisation

« Paternité-Pas d'Utilisation Commerciale-Pas de Modification 4.0 France »

disponible en ligne http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.fr

Remerciements

C'est avec plaisir que j'adresse mes remerciements aux personnes qui m'ont soutenue et aidée pendant ce travail. Tout d'abord, je tiens à adresser un grand merci à Jean-Marc AUDERGON qui m'a prise sous son aile dès mon arrivée et m'a apporté énormément de connaissances, de soutien et de son temps tout au long du projet. Je remercie également Guillaume ROCH, qui m'a fait une petite place dans son bureau, pour avoir pris le temps de répondre à mes interrogations, pour ses sifflements entêtants et pour les cinq « bonjour » de la journée. Je n'oublie pas non plus Patrick LAMBERT, Naïma DLALAH et Marien NSIBI qui m'ont épaulé dans les démarches à suivre et ont été présent lors des nombreuses réunions hebdomadaires.

Ce stage m'a également apporté une formation sur le terrain que j'ai eu la chance de partager avec Jean LEONETTI, toujours de bonne humeur, Guy CLAUZEL, qui a pris le temps de m'enseigner une petite partie de son travail, Laurent BRUN et Simon RUZAND, avec qui j'ai pu échanger sur le projet, et Alain BLANC, sans qui on ne s'en serait jamais sorti avec les notations monilia à l'Amarine.

Je remercie également l'équipe pédagogique d'Agrocampus Ouest, en particulier Anne LAPERCHE, Maria MANZANARES-DAULEUX et Mélanie JUBAULT qui animent la spécialité génétique, génomique et amélioration des plantes et m'ont permis d'acquérir les compétences nécessaires pour entrer dans le monde du travail.

De manière plus personnelle, je voudrais remercier tous les stagiaires présents à l'Inra cette année et qui ont animé les journées et les soirées à Avignon.

Pour terminer, je remercie ma famille, certes loin des yeux, mais présente, pour leur soutien et la confiance qu'ils ont eu en moi tout au long de mes études malgré mes nombreux changements de direction. Cela m'a permis de trouver un domaine dans lequel je m'épanouis chaque jour et pour ça, je leur en serais éternellement reconnaissante.

Table des matières

Remerciements 3
Glossaire et liste des acronymes 7
I. Introduction 9
II. Contexte de l'étude 9
A. Caractéristiques de l'espèce : l'abricotier 9
1. Origine et diversification 9
2. Contexte économique 11
3. Biologie 11
4. Evolution de la sélection variétale 13
B. Bioagresseurs 15
C. Focus sur le monilia sur fleurs 15
D. Contrôle génétique et méthodologie de sélection dans un contexte multi-caractères 17
E. Objectifs du stage et question de recherche 19
III. Matériel et Méthode 19
A. Matériel végétal 19
A. Conditions d'expérimentation 21
B. Cartes génétiques 21
C. Traitement statistique des données 21
1. Tri des données 21
1. Modèle exprimant le risque d'être confronté au monilia 23
2. Analyse des données phénotypiques 23
3. Détection de QTL : analyse de liaison 27
IV. Résultats 29
A. Phénotypage et effets génétiques 29
1. Monilia 29
2. Oïdium, rouille et tavelure 29
B. Analyse de liaison 31
1. Monilia 31
1. Oïdium, rouille et tavelure 33
C. Cartes consensus 35
V. Discussion 35
A. Démarche de modélisation VS utilisation des données brutes annuelles 35
A. Déterminants génétiques des caractères 37
B. Utilisation des résultats 41
C. Limites 41
A. Perspectives 43
VI. Conclusion 43
Bibliographie 47
Mémoire 48
Webographie 49
Annexes 50

Glossaire et liste des acronymes

ACCESSION : lot identifié d'un cultivar.
AL : Analyse de Liaison.
ALLELES : différentes variantes d'un même gène au même locus.
AUTO-COMPATIBILITE : capacité du pollen d'un individu à assurer la fécondation de ses propres ovules.
AUTO-FERTILITE : capacité à la fécondation de l'ovule d'un individu par son propre pollen.
AUTO-INCOMPATIBILITE : le pollen d'un individu ne peut pas assurer la fécondation de ses propres ovules.
AUTO-STERILITE : inaptitude à s'autoféconder.
BIOAGRESSEURS : organismes vivants qui attaquent les plantes cultivées et sont susceptibles de causer des pertes économiques.
CADUQUE : définit une feuille qui tombe durant la saison d'hiver et se renouvelle chaque année.
COLINEAIRE : les alignements des séquences du génome sont identiques mais avec des positions qui diffèrent.
CULTIVAR : variété cultivée d'une espèce végétale.
CIM : Composite Interval Mapping.
CM : CentiMorgan.
COVARIABLE : variable mesurée en même temps qu'une variable étudiée et dont on veut évaluer l'interaction avec celle-ci.
DIPLOÏDE : génome contenant deux paires de chromosomes.
DIVERSITE GENETIQUE : variété des allèles des gènes dans une population ou une espèce.
DRUPE : fruit indéhiscent, charnu, à noyau (amande, pêche, cerise…).
ECA : Enroulement Chlorotique de l'Abricotier.
ENTOMOPHILE : dont la fécondation se fait par l'intermédiaire d'insectes qui transportent le pollen.
F1 : première génération du croisement de lignées pures.
FRUCTIFICATION : formation du fruit.
GENOTYPE : patrimoine héréditaire (d'un individu) dépendant de l'ensemble des gènes (génome).
GWAS : génétique d'association (Genome Wide Association Study).
HERITABILITE : probabilité pour qu'une caractéristique observable d'un individu soit transmise par les facteurs génétiques à la génération suivante.
HYBRIDE : qui provient du croisement de variétés ou d'espèces différentes.
IC : Intervalle de Confiance.
INDEHISCENT : qui ne s'ouvre pas spontanément à maturité.
LOD : Logarithm of odds, probabilité de liaison entre deux locus chromosomiques.
PERENNE : espèce vivant plus de deux années.
PHENOTYPE : ensemble des caractéristiques observables d'un individu.
POOL DE GENES : ensemble de l'information génétique possédée en commun par les membres d'une population d'organismes sexuellement compatibles.
POPULATION BERBA : population d'hybrides recombinants issue du croisement entre deux variétés d'abricoter Bergeron et Bakour.
POPULATIONS INTERCONNECTEES : populations issues du croisement entre un hybride F1 pré-sélectionné dans la population BerBa et un hybride d'intérêt.
PROPHYLAXIE : ensemble des mesures physiques, variétales et culturales tendant à empêcher l'apparition d'ennemis des cultures ou en minimiser les effets.
QTL : Quantitative Trait Loci.
SAM : Sélection Assistée par marqueurs.
SIM : Simple Interval Mapping.
SNP : Single Nucleotide Polymorphism.
SSR : Simple Sequence Repeats.

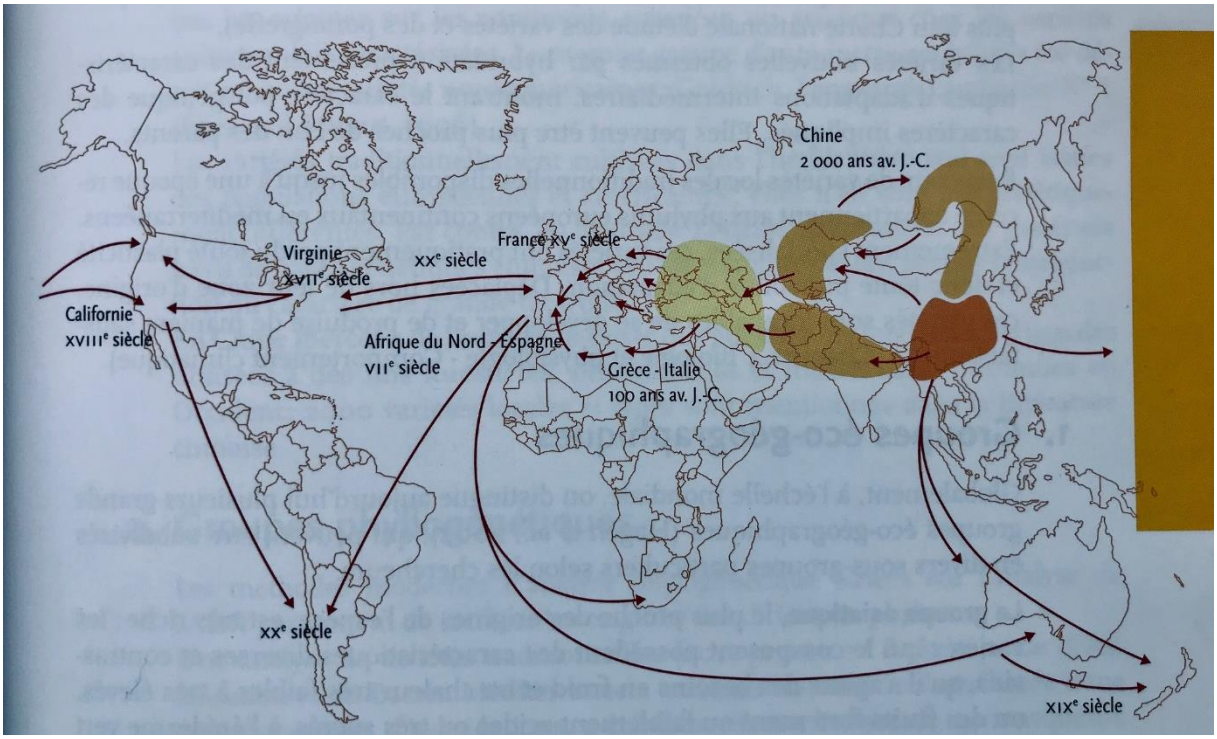


Figure 1 : Extension géographique de la culture de l'abricotier. (Lichou et Jay 2012)

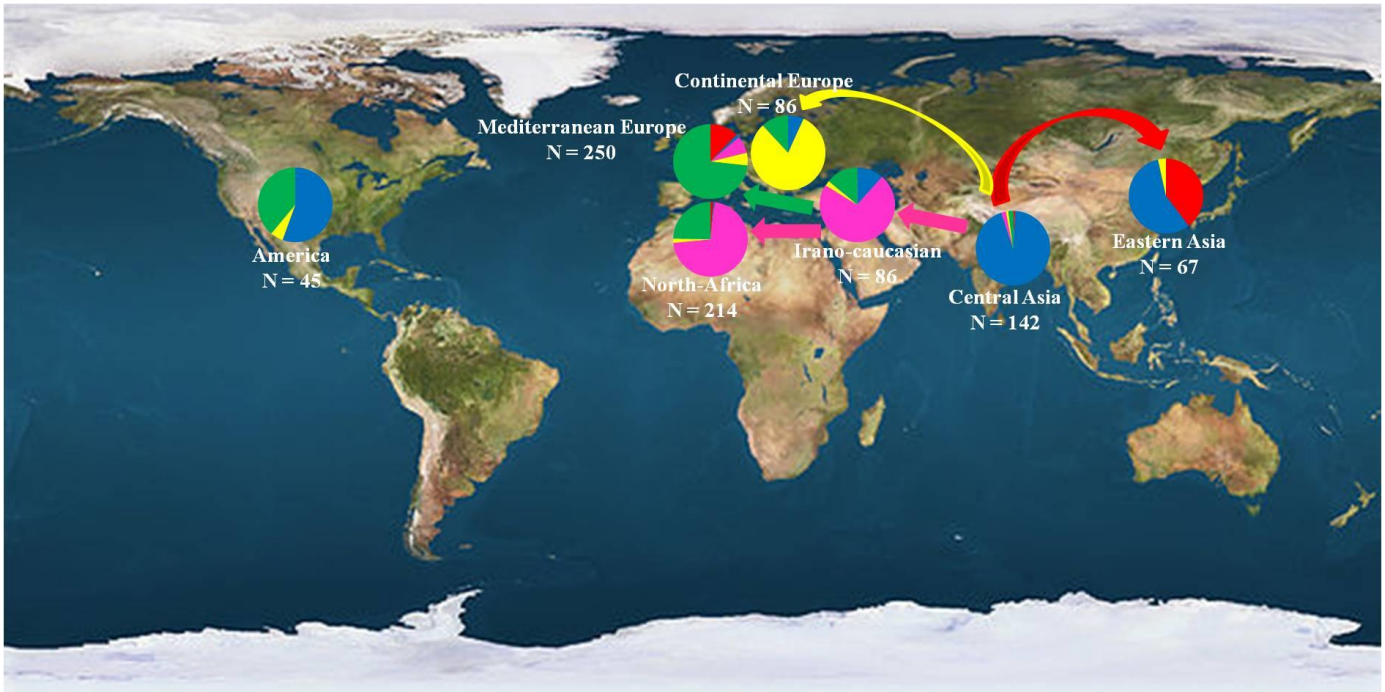


Figure 2 : Diffusion phylogéographique de l'abricotier cultivé établie sur la base des profils SSR de 890 accessions locales d'abricot issues des différentes régions de culture (Bourguiba 2019).

I. Introduction

L'abricotier, appartenant au genre *Prunus*, est une culture d'intérêt économique et nutritionnel, notamment en région méditerranéenne. Or, malgré un développement important, le modèle économique associé est fragilisé par la sensibilité aux bio-agresseurs. Parmi ceux-ci, l'ECA (Enroulement Chlorotique de l'Abricotier), le chancre bactérien et la sharka conduisent à la disparition des arbres en verger (mort ou arrachage réglementaire). Le monilia, la rouille, la tavelure et l'oïdium entraînent annuellement une perte de production commercialisée, que ce soit en quantité ou en qualité, le monilia étant la maladie dont l'impact économique est le plus important sur la production mondiale. Pour remédier à cela, des traitements phytosanitaires sont utilisés, notamment contre le monilia, avec efficacité lorsque les conditions climatiques le permettent mais avec des conséquences environnementales avérées. De nouvelles stratégies de luttes sont envisageables en mobilisant les composantes de résistance génétique disponibles naturellement ce qui permettrait le déploiement de résistances plus durables et non-polluantes contre les bioagresseurs dans les vergers. Du matériel résistant à la sharka étant d'ores et déjà disponible, les efforts de recherche se concentrent sur le monilia et le chancre bactérien auquel il va être important d'associer la rouille qui provoque la chute des feuilles dans un objectif de cultures sous de faibles niveaux d'intrants et de régularité de production. L'ECA ne peut malheureusement pas être pris en considération à ce jour faute de levier génétique connu, la tavelure et l'oïdium seront pris en compte secondairement car moins dommageables.

II. Contexte de l'étude

A. Caractéristiques de l'espèce : l'abricotier

1. Origine et diversification

L'abricotier (*Prunus armeniaca*) appartient à la famille des *rosacées* et au genre *prunus* qui contient lui-même trois sous-genres : *Amygdalus* (amandier et pêcher), *Cerasus* (cerisier) et *Prunophora* (abricotier, prunier) (Dirlewanger et al. 2012). C'est une espèce diploïde (2n=16). (Bedrane 2016) caractérisée par des problématiques d'adaptation variétale à des zones de cultures très restreintes.

L'abricotier a pour origine de domestication l'Asie Centrale où l'on retrouve le plus de diversité génétique (cluster bleu sur la figure 1). Il y a ensuite eu une diversification secondaire vers l'Est de l'Asie mais ce groupe a gardé une grande partie de la diversité variétale présente en Asie Centrale. Un centre de diversification secondaire s'est également déployé dans la zone irano-caucasienne (figure 1) avec des cultivars auto-compatibles possédant des besoins en froid réduits. Les abricotiers méditerranéens que nous connaissons aujourd'hui dérivent de ce centre de diversification secondaire (figure 2). Cette dissémination de l'espèce au cours du temps s'est traduite par une perte significative de diversité génétique (de 37 à 49%) entre le centre irano-

caucasien et l'extrémité sud du bassin méditerranéen. Elle s'est structurée selon deux routes, l'une au Nord et l'autre au Sud du bassin méditerranéen (Bourguiba et al. 2012). Des flux de

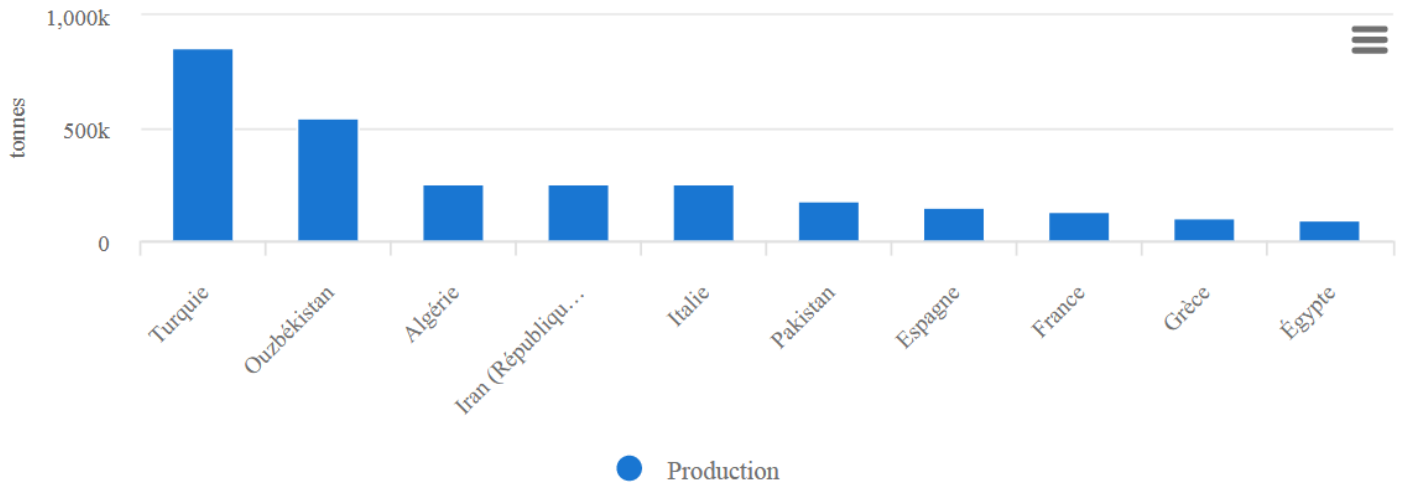


Figure 3 : Top 10 des producteurs d'abricots dans le monde (en tonnes) entre 2016 et 2017 (FAOstat).

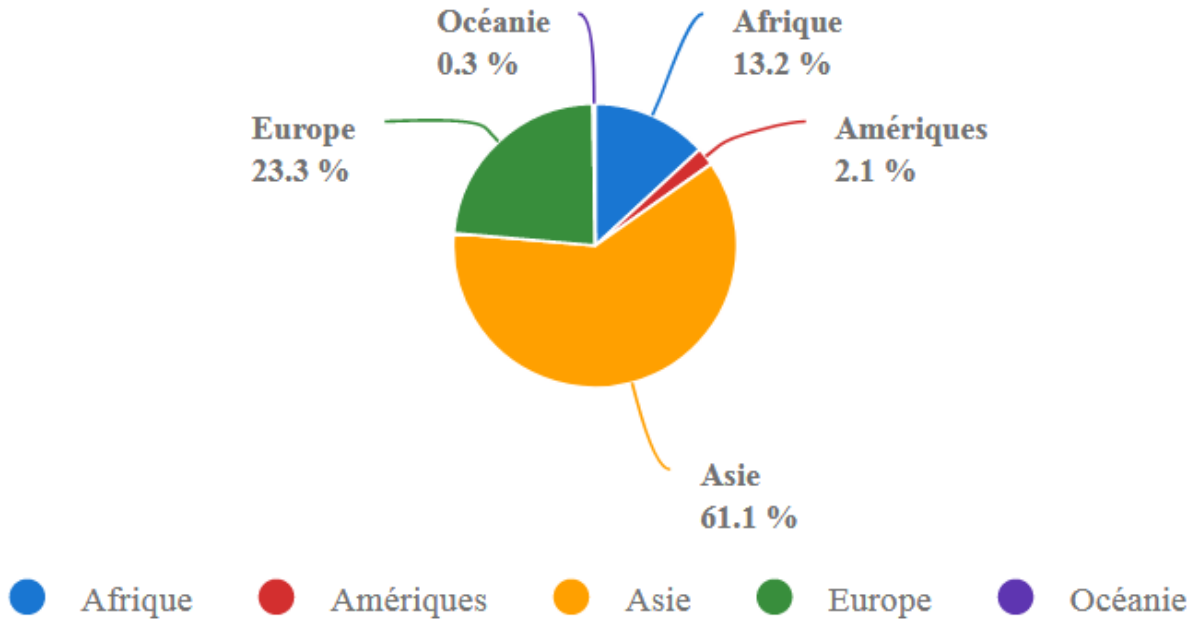


Figure 4 : Pourcentage de la production mondiale d'abricot par continent entre 2016 et 2017 (FAOstat).

gènes ont toutefois été observés entre les populations situées au Nord et au Sud de la méditerranée en lien avec les migrations humaines (Bourguiba et al. 2013).

Pour ce qui est des abricotiers cultivés en Amérique, il s'agit de cultivars plus diversifiés provenant de la région Nord méditerranéenne, d'Asie centrale et orientale (Hagen et al. 2002).

Grâce à ces études sur la diversité, il a pu être établi quatre grands groupes éco-géographiques (Lichou et Jay 2012) :

- Le **groupe asiatique** étant le groupe le plus diversifié aux plans génétiques et phénotypiques,
- Le **groupe irano-causasien** possède également une diversité importante avec des variétés majoritairement auto-incompatibles,
- Le **groupe européen** continental aurait lui une diversité plus faible avec des variétés principalement auto-compatibles et des besoins en froid élevés.
- Le groupe **nord-africain** aurait également une diversité faible avec des variétés auto-compatibles et auto-incompatibles, des besoins en froid faibles et des besoins en chaleur élevés.

2. Contexte économique

L'abricotier, développé en zone méditerranéenne comme fruit de dessert, est la septième production mondiale chez les fruits tempérés. Si cette culture a connu une progression importante au cours des vingt dernières années, le chevauchement entre les productions espagnoles tardives et les productions françaises précoces a conduit à une chute des prix de l'abricot français en 2017 (Agreste Conjoncture 2017).

En 2018, la production française d'abricots, localisée dans les régions PACA, Rhône-Alpes et Languedoc-Roussillon, atteignait près de 130 000 tonnes, plaçant la France au troisième rang européen derrière l'Espagne et l'Italie (France Agrimer 2018). La France est actuellement le huitième producteur mondial (figure 3) et l'Europe représente 23.3% de la production mondiale (figure 4) (FAOstat).

Entre 2016 et 2017, la production mondiale était de 4.2 millions de tonnes et représentait une surface cultivée de 536 000 hectares (FAOstat).

3. Biologie

L’abricotier est une espèce pérenne ayant besoin de plusieurs années de croissance avant fructification (Legave 2009). Dans la production arboricole, les abricotiers sont greffés sur

différents porte-greffes de type *Prunus* permettant une adaptation au type de sol, un contrôle de la vigueur ainsi que des résistances aux stress et à certains bioagresseurs (Doré et Varoquaux 2006).

Le cycle annuel de développement commence en fin d'hiver, lorsque les besoins en froid et en chaleur sont satisfaits, alors les bourgeons floraux et végétatifs vont évoluer pour devenir respectivement des fleurs et des feuilles. Les fleurs, qui apparaissent en premier, peuvent être de couleur blanche ou rose avec cinq sépales et cinq pétales ainsi que plusieurs verticilles d'étamines. Les feuilles, caduques, sont grandes, arrondies et généralement lisses avec les bords dentelés et un apex en pointe. Le pétiole, lui, est reconnaissable à sa couleur rouge (Bedrane 2016). Plus tard, les fleurs vont donner naissance à des fruits et les feuilles vont entrer progressivement en sénescence après la maturation des fruits (Legave 2011). Le fruit de l'abricotier est une drupe avec des formes, des tailles, des compositions et des activités physiologiques très variables en fonction de la variété, de la zone de culture, des pratiques culturales, de la position du fruit sur l'arbre ou encore de son exposition (Lichou et Jay 2012).

Actuellement, il co-existe en production des cultivars d'abricotier auto-incompatible et auto-compatibles. L'autofertilité permet d'assurer une fécondation lorsque les conditions sont défavorables à la fécondation entomophile. Les cultivars traditionnels possèdent une très forte dépendance (adaptation) aux conditions de la région ou du pays où ils ont été sélectionnés et où ils sont cultivés. Ils sont aussi caractérisés par une très forte diversité de besoins en froid et en chaleur.

4. Evolution de la sélection variétale

L'espèce abricotier possède une zone d'adaptation large qui va du climat glacial de la Sibérie au climat tropical d'Afrique du Nord.

Il y a une trentaine d'années, seules une ou deux variétés étaient cultivées dans chacune des régions, augmentant ainsi les risques de fluctuations de la production en fonction des conditions climatiques et sanitaires. Pour remédier à cela, une introduction de variétés a été effectuée afin d'apporter de la diversité, qu'elle soit positive (élargissement de la période de production) ou négative (autostérilité, sensibilité…) et des programmes d'amélioration génétique ont été développés en appui avec les laboratoires de recherche publique.

L'objectif des sélectionneurs est aujourd'hui de proposer des variétés avec de meilleurs intérêts commerciaux et agronomiques permettant d'élargir et diversifier la production. Plusieurs caractères intéressants ont ainsi été sélectionnés comme la résistance/tolérance à la sharka, l'adaptation aux conditions climatiques changeantes, l'élargissement de la période de production grâce aux variétés précoces (Lichou et Jay 2012).

Tableau 1 : Description des maladies affectant la culture de l'abricotier avec le type de bioagresseur, les symptômes de la maladie, les facteurs la favorisants et les moyens de lutte (Elaboration à partir de (Lichou et Jay 2012)).

Nom de la maladie	Cause	Symptômes	Facteurs favorisants	Moyens de lutte
Moniliose	*Monilia laxa* *Monilia fructicola* *Monilia fructigena*	Sur fleurs : brunissement, dessèchement. Sur rameaux : apparition de chancre, écoulement de gomme et dessèchement. Sur fruits : taches brunes arrondies puis pourrissement des fruits (momies).	Fleurs : humidité, température (15-20°C). Fruits : Blessures diverses. Présence de sources d'inoculum (momies, chancre)	Prophylaxie : choix variétal, pratiques culturales, élimination des foyers infectieux. Lutte chimique : alternance de substances actives à différents stades.
Oïdium	*Podosphaera tridactyla* *Sphaerotheca pannosa*	Sur fruits : taches blanchâtres aux contours diffus et rougeâtres. Sur feuilles : ondulation du limbe et apparition de taches blanchâtres.	Températures autour de 20°C et une humidité relative supérieure à 90%.	Prophylaxie : éliminer les arbres présentant des symptômes d'ECA (limite les foyers primaires). Lutte chimique : traitements réguliers ou ponctuels selon le risque.
Rouille	*Tranzscheli a discolor Tranzschel & Litv Tranzscheli a pruni-spinosae*	Sur feuilles : Apparition de pustules noires sur la face inférieure et décoloration jaune-orangée sur la face supérieure provoquant la chute précoce des feuilles.	Climat humide (principalement les pluies printanières)	Lutte chimique : traitement contre l'oïdium efficace contre la rouille.
Tavelure	*Fusicladium carpophilum* *Venturia carpophila*	Sur feuilles : taches grisâtres ou noires sur les deux faces. Sur rameaux : taches superficielles rougeâtre circulaires puis noirâtre. Sur fruits : taches circulaires rouges ou noirâtre qui peuvent craqueler le fruit.	Conditions climatiques (humidité saturante). Présence de drageons porteurs de taches. Pratiques en verger (taille, aération…). Attaques les années précédentes.	Prophylaxie : élagage et taille. Lutte chimique : utilisation de produits en fonction des traitements utilisés contre les autres maladies.
Sharka	*Plum pox virus*	Sur feuilles : taches chlorotiques pâles en arabesques, réseaux jaunâtres le long des nervures et des déformations. Sur fruits : marbrure avec taches jaunâtres pouvant se nécroser, déformations, taches sur les noyaux.	Greffage et transport de matériel végétal contaminé. Présences de nombreux pucerons (vecteurs de la maladie).	Arrachage des arbres malades.
ECA	*European Stone Fruit Yellows (ESFY)* ou *Candidatus phytoplasma prunorum*	Dérèglement végétatif généralement suivi du dépérissement de l'arbre. Débourrement végétatif très précoce avec possibilité de floraison anticipée.	Présence de psylle vecteur (*Cacopsylla pruni*).	Prophylaxie : choix du matériel végétal à la plantation, assainissement des vergers. Lutte chimique : utilisation raisonnées de produits contre le vecteur.
Chancre Bactérien	*Pseudomonas sp.*	Taches noires et huileuses autour des bourgeons sur les charpentières ou les rameaux avec présence de gomme. Débourrement tardif des branches avec flétrissement des pousses.	Facteurs environnementaux (pluviométrie, durée de froid, consistance du sol). Pratiques culturales (alimentation hydrominérale). Influence du matériel végétal (variétés et porte-greffe).	Prophylaxie : Mesures préventives pour limiter la propagation de la maladie.

Pour ce faire, des recherches de QTL sont effectuées via des analyses de liaison ou de la génétique d'association. Des cartes génétiques sont aujourd'hui adossées sur un génome de référence afin de pouvoir cibler les régions du génome liées aux caractères qui intéressent les sélectionneurs. Le génome de l'abricotier n'ayant pas encore été séquencé de manière définitive (Une version Beta est disponible depuis peu (Aranzana et al. 2019)), c'est la version 2 du génome du pêcher qui est utilisé, les deux espèces ayant des génomes proches (Verde et al. 2017).

B. Bioagresseurs

De nos jours, les productions fruitières et notamment celle de l'abricotier, sont fortement impactées par la présence de bio-agresseurs (tableau 1). Certains d'entre eux vont conduire à la mort de l'arbre ou à son arrachage (ECA, chancre bactérien et sharka) alors que d'autres vont entraîner une perte plus ou moins importante de la production (monilia, rouille, tavelure et oïdium) et donc provoquer des pertes économiques. Pour remédier à cela, plusieurs moyens de luttes sont utilisés tels que la prophylaxie ou l'utilisation de traitements phytosanitaires, ces derniers ayant un impact écologique avérés (Lichou et Jay 2012). Un des enjeux majeurs des améliorateurs repose sur l'exploitation de la diversité génétique pour réduire le nombre et l'impact des traitements phytosanitaires.

C. Focus sur le monilia sur fleurs

Le monilia est une maladie causée par trois champignons : *Monilia laxa*, *Monilia fructicola* et *Monilia fructigena*. *M. laxa* est l'espèce la plus communément retrouvée sur les cultures françaises et également dans le monde. Depuis vingt ans, on rencontre également *M. fructicola* dans les vergers français (Lane 2002).

Le monilia sur fleurs, qui impacte le plus fortement les abricotiers, est une maladie fortement influencée par les conditions environnementales lors de la période de floraison. En effet, une étude réalisée par Paul Tresson ((Tresson 2018), a démontré que les niveaux de pluviométrie et de température durant la période de floraison influaient sur le risque de présence du bioagresseur dans la parcelle. Ces conditions vont également avoir un impact sur l'espèce de champignons qui va attaquer le verger (des températures plus fraîches vont favoriser la présence de *M. fructicola*) malgré une présence majoritaire de *M. laxa*. C'est ce que l'on va appeler le risque d'être confronté à la maladie. Ce risque nous permet d'analyser nos résultats en fonction des années à forte pression de maladie des années où le bioagresseur est absent. Cela va permettre de distinguer les individus résistants, ceux avec une note proche de 0 lors des années à forte pression, des individus qui n'ont pas été confrontés à la maladie, avec une note proche de 0 mais avec un bioagresseur peu présent dans le verger. C'est grâce à cela que l'on peut parler d'années informatives ou non. Les années informatives, à forte pression de maladie, sont celles qui vont permettre de mettre en avant toutes les réponses à la maladie, allant de la sensibilité à la résistance alors que les années peu informatives ou à faible pression de maladie

ne vont pas nous permettre d'interpréter correctement les réponses des individus dans la parcelle.

D. Contrôle génétique et méthodologie de sélection dans un contexte multi-caractères

La connaissance génétique des déterminants des caractères d'intérêt est limitée chez l'abricotier. Elle s'est focalisée sur la connaissance des composantes de la résistance à la sharka et dans la moindre mesure sur la phénologie et la qualité des fruits. Les enjeux associés au développement d'une culture durable produite sous faible niveau d'intrants conduisent à élargir le nombre de cibles. Les efforts de recherche se concentrent sur le monilia et le chancre bactérien auquel il va être important d'associer la rouille qui provoque la chute des feuilles et donc des problèmes de régularité de production dans un objectif de cultures sous de faibles niveaux d'intrants. L'ECA ne peut, pour l'instant, être pris en compte faute de levier génétique connu. La tavelure et l'oïdium sont étudiés secondairement car moins dommageables pour les cultures.

Une étude a été menée l'an dernier sur la résistance au monilia sur fleurs, à l'oïdium, à la rouille et à la tavelure chez l'abricotier (Jammes 2018). Elle a permis de mettre en évidence plusieurs QTL de résistance pour la population BerBa : trois QTL pour les groupes de liaison 3, 6 et 7 pour la carte génétique de Bakour et quatre QTL sur les groupes de liaison 1, 2, 3 et 6 sur la carte génétique de Bergeron. Une étude sur le chancre bactérien a également été menée chez l'abricotier sur la même population (Omrani et al. 2018). Elle a permis de mettre en avant 5 QTL respectivement sur les groupes de liaison 1, 4, 6 et 7. Le chancre bactérien n'étant pas une des maladies étudiées dans notre étude, ce sont les résultats de cette thèse qui sont utilisés afin de mettre en avant des co-localisations entre les régions du génome impliquées dans les résistances.

Plusieurs études de détection de QTL ont été faites sur des espèces différentes espèces et peuvent nous apporter, le cas échéant, des informations non seulement sur les régions du génome impliquées dans la résistance aux maladies mais également sur les synténies qu'il peut exister entre les espèces.

Pour la sensibilité à l'oïdium, deux études ont été menées chez le pêcher et une espèce proche (*Prunus davidiana*) avec mise en évidence des mêmes six régions sur les groupes de liaison 1, 2, 3, 5, 6 et 8 (Foulongne et al. 2003) (Dirlewanger et al. 1996). La recherche de régions impliquées dans la résistance à l'oïdium a également été menée chez l'orge avec cette fois mise en évidence d'un gène candidat : le gène *Mlo* (Lyngkjær et al. 2000).

Aucune détection de QTL pour la sensibilité à la rouille n'a été effectuée sur des espèces proches de l'abricotier. Plusieurs ont cependant été menées sur le blé avec mise en évidence de

2 QTL majeurs sur les chromosomes 1 et 3 et un QTL mineur sur le chromosome 6 (Zeng et al. 2019).

La résistance à la tavelure est très étudiée chez le pommier qui est une espèce fruitière fortement touchée par la maladie. Une étude a été menée sur une population bi-parentale et a mis en avant des QTL sur les chromosomes 2 et 3 (McClure et al. 2016).

E. Objectifs du stage et question de recherche

Ce projet s'inscrit dans une démarche plus globale d'amélioration de la résistance de l'abricotier aux maladies suivantes : monilia, rouille, tavelure et oïdium.

Les objectifs de ce stage sont, dans un premier temps, d'identifier les facteurs génétiques liés à la résistance pour les différentes maladies de l'abricotier grâce notamment à un travail de modélisation des données sdet, dans un second temps, d'identifier des géniteurs cumulant les traits d'intérêts afin qu'une sélection assistée par marqueurs puisse être engagée par la suite. Une attention particulière sera accordée au monilia du fait de son importance économique et des travaux conduits parallèlement en termes d'épidémiologie.

De plus, le projet a permis de répondre aux questions suivantes :

1. L'utilisation d'individus issus du croisement entre une variété sensible et une variété résistante nous permet-elle de détecter des QTL de résistance aux maladies ?
2. S'agit-il de QTL nouveaux (non détectés jusqu'à présent) ?

III. Matériel et Méthode

A. Matériel végétal

Pour ce projet, une population biparentale a été utilisée : la population « **BerBa** » F1 de 270 individus issue du croisement entre les variétés d'abricotier Bergeron et Bakour :

- La variété Bergeron (variété française) a été choisie pour ses bonnes qualités agronomiques, elle est néanmoins très sensible au chancre bactérien, au monilia et à la rouille,
- La variété Bakour (variété tunisienne) présente de mauvaises qualités agronomiques mais avec une faible sensibilité au monilia et au chancre bactérien.

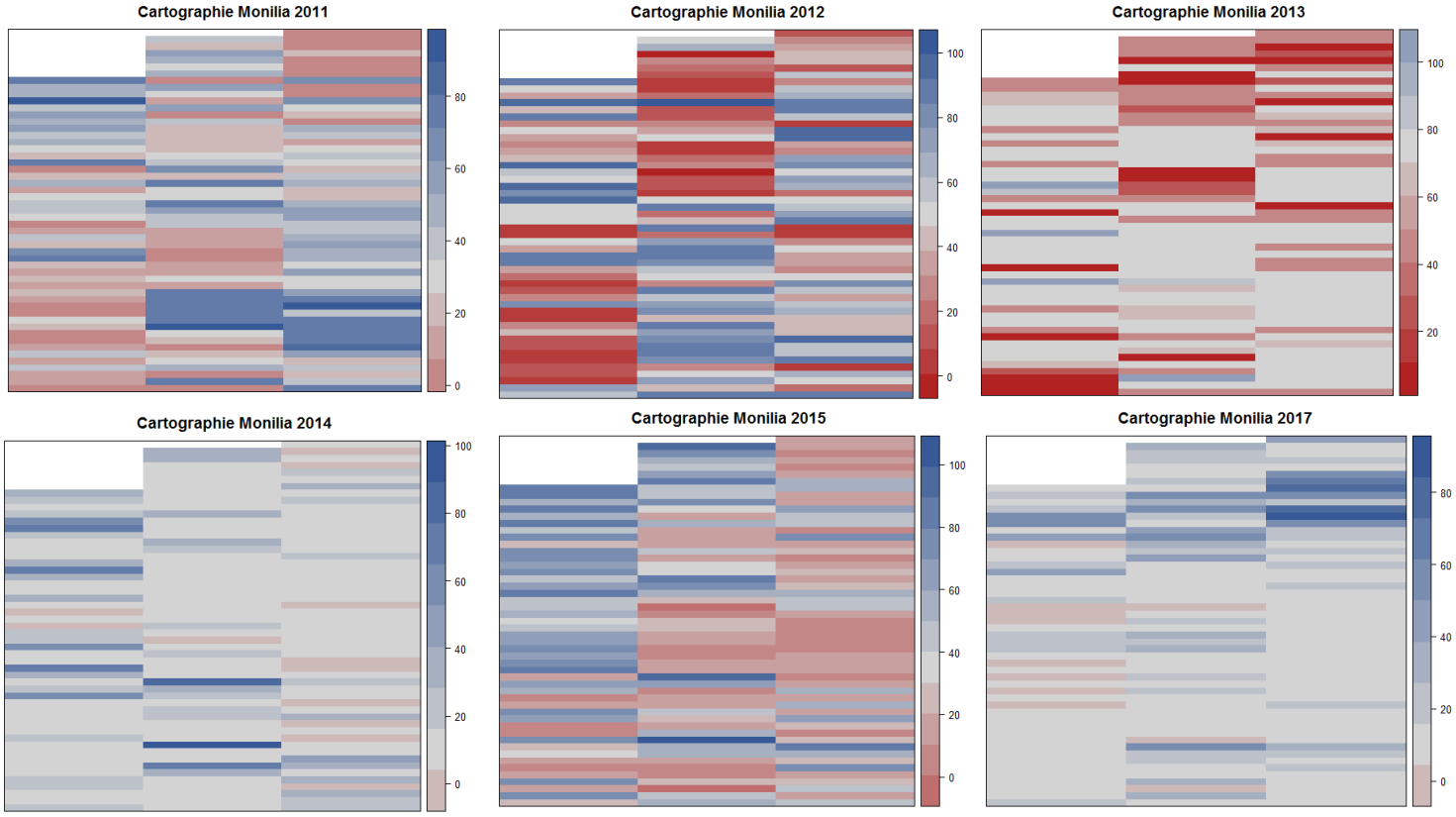


Figure 5 : Cartographie de la plateforme expérimentale comprenant les notes de sensibilité au monilia sur fleurs (de 0 à 100) des 151 individus de la population « BerBa » au cours des six années d'observation.

A. Conditions d'expérimentation

La population F1 « BerBa » a été implantée dans un verger hybride sur la plateforme expérimentale de Gotheron (Drôme). Les 270 individus ont été cultivés sur leurs propres racines de 2004 à 2018 et observés pendant 6 années (de 2011 à 2015 et en 2017), chaque arbre est donc unique.

Des cartographies de la plateforme expérimentale ont été réalisées afin de visualiser la note de sensibilité au monilia des individus au cours des six années d'observation (figure 5). L'objectif étant de mettre en avant les effets liés au terrain (effet de bordure, pente…), et l'influence des individus les plus sensibles sur les autres (foyer de contamination). Aucune de ces hypothèses n'a pu être vérifiée, nous avons donc décidé de ne pas prendre en compte les effets liés au terrain dans nos analyses.

B. Cartes génétiques

Les observations de la population « BerBa » ayant été faites sur la descendance F1, les cartes génétiques des deux parents Bergeron et Bakour ont été établies pour réaliser l'analyse de liaison. Le génome de l'abricotier n'étant pas disponible au moment de l'étude, les marqueurs de ces deux cartes ont été définis à partir de la version 2 du séquençage du génome du pêcher car les génomes pêcher et abricotier sont colinéaires (Verde et al. 2017). L'alignement est identique même si les positions attendues sont un peu différentes entre les génomes des deux espèces.

La carte génétique de Bergeron possède 139 SNP qui couvrent 606.5 cM pour une taille totale de 685.9 cM, ce qui fait une couverture moyenne du génome de 88,42%. La densité de marquage est de 4.36 cM en moyenne.

La carte génétique de Bakour possède 149 SNP qui couvrent 773.9 cM pour une taille totale de 1003 cM, ce qui fait une couverture moyenne du génome de 77.16%. La densité de marquage est de 5.19 cM en moyenne.

C. Traitement statistique des données

1. Tri des données

Parmi les 270 individus de la population « BerBa », une population réduite de 151 individus a été conservée dans un premier temps afin de réaliser les analyses statistiques. Ces individus ont

Tableau 2 : Système de notation des maladies étudiées ainsi que les années d'observation pour la population BerBa (toutes les observations ont été encadré par un processus d'intercalibration des observateurs).

Maladie étudiée	Années d'observation	Système de notation
Monilia	2011/12/13/14/15/17	0 à 100% de rameaux infectés
Oïdium	2014/2015	0 à 100% de fruits infectés
Rouille	2014/2015	0 à 5 sur fruits
Tavelure	2014/2015	0 à 100% du feuillage infecté

été sélectionnés car ils présentaient des jeux de données complets pour les six années d'observations[1].

1. Modèle exprimant le risque d'être confronté au monilia

L'expression du monilia étant fonction des conditions climatiques de la plante au moment de la floraison, il s'est avéré important de mettre en regard des observations effectuées le risque climatique calculé. Les études antérieures avaient été basées sur un modèle prenant en compte la température et l'humectation (Tamm 1995), les travaux réalisés en 2018 par Paul Tresson (Tresson 2018) ont permis de développer un nouveau modèle plus optimal reposant non plus sur l'humectation mais sur la pluviométrie comme facteur explicatif de la pression maladie. Nous avons donc utilisé de nouveau modèle à des fins de caractérisation des facteurs de risque individu par individu et année par année en utilisant les données de phénologie de la floraison.

2. Analyse des données phénotypiques

Une note a été attribuée pour chaque maladie étudiées selon le système de notation en vigueur et ce sur toutes les années d'observation pour la population BerBa (Tableau 2).

a. Modèles annuels

Les essais ayant été conduits sans répétition, les modèles annuels se basent sur la note attribuée lors de l'observation de chaque maladie (monilia, oïdium, rouille et tavelure). Cela permet de mettre en évidence la pression maladie en fonction des années et également de faire ressortir les années les plus informatives.

b. Modèles multi-années

Pour caractériser l'effet génétique dû au monilia, nous avons étudié plusieurs modèles linéaires et mixtes afin d'examiner si l'ajout de facteurs ou paramètres aux modèles permet de mieux expliquer la variabilité des symptômes observés. Dans ces modèles, les années constituent des répétitions. Nous avons testé deux modèles linéaires et trois modèles mixtes pour l'analyse de la sensibilité au monilia et un modèle linéaire pour l'oïdium, la rouille et la tavelure.

1. Monilia : modèles linéaires

[1] Un jeu de données complet avec les valeurs manquantes ainsi qu'un jeu de données avec des valeurs imputées seront utilisés ultérieurement afin de consolider les analyses (résultats non présentés).

Le premier modèle linéaire prend en compte uniquement l'effet du génotype ainsi que l'effet des répétitions. Le second modèle intègre en plus une covariable de risque à l'effet du génotype afin de mettre en évidence un effet de la pression de la maladie, différente en fonction des années. Les deux modèles mis en place sont les suivant :

$$Yij = \mu + Gi + \beta j + \varepsilon ij \qquad (1)$$

$$Yij = \mu + Gi/\alpha i + \beta j + \varepsilon ij \qquad (2)$$

Avec :

- Yij : note monilia
- μ : moyenne
- Gi : effet génotype
- βj : effet année
- αi : risque d'être exposé au monilia
- εij : résiduelle

2. Monilia : modèles mixtes

Les deux premiers modèles sont identiques aux modèles linéaires mais avec l'effet génotype en effet aléatoire au lieu de fixe dans les modèles linéaires. Le troisième modèle a été construit en associant l'ensemble des effets significatifs, c'est-à-dire captant une part de la variabilité liée au monilia. Les trois modèles mis en place sont les suivant :

$$Yij = \mu + \underline{Gi} + \beta j + \varepsilon ij \qquad (3)$$

$$Yij = \mu + \underline{Gi}/\alpha i + \beta j + \varepsilon ij \qquad (4)$$

$$Yij = \mu + \underline{Gi}/\alpha ij + \gamma ij + \underline{Gi}\gamma ij + \delta ij + \beta j + \varepsilon ij \qquad (5)$$

Avec :

- Yij : note monilia
- μ : moyenne
- Gi : effet génotype
- βj : effet année
- αi : risque d'être exposé au monilia l'année j
- γij : effet de la précocité de floraison l'année j sur l'individu i
- δij : effet de la floribondité l'année j pour l'individu i
- εij : résiduelle
- ___ : effet aléatoire

a. Oïdium, rouille et tavelure

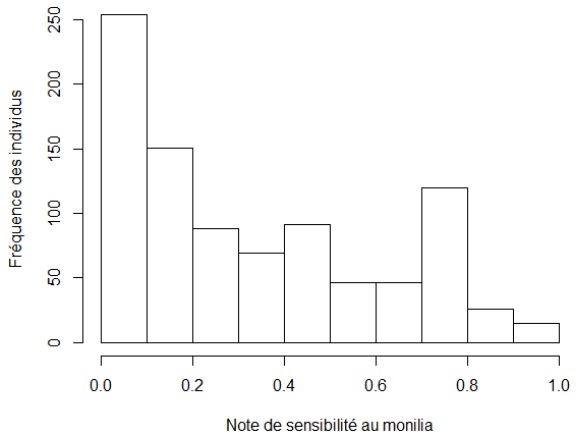


Figure 6 : Distribution de la note de sensibilité au monilia sur fleurs de l'ensemble des individus (151 par année d'observation) de la population « BerBa » retenus dans le croisement entre les variétés « Bakour » et « Bergeron » pour toutes les années d'observation (906 individus dont les notes sont présentées sur le graphique).

Pour l'oïdium, la rouille et la tavelure, le modèle multi-années mis en place est le suivant :

$$Yij = \mu + Gi + \beta j + \varepsilon ij \qquad (6)$$

Avec :

- Yij : note oïdium, rouille ou tavelure
- μ : moyenne
- Gi : effet génotype
- βj : effet année
- αi : risque d'être exposé au monilia
- εij : résiduelle

3. Héritabilités des caractères

Pour chaque maladie, le modèle annuel a été utilisé pour calculer l'héritabilité au sens large :

$$H^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma_e^2}$$

Avec :

- H^2 : l'héritabilité au sens large
- σ^2_G : la variance génotypique
- σ^2_e : la variance résiduelle

3. Détection de QTL : analyse de liaison

Pour l'analyse de liaison, le package R/qtl a été utilisé (Broman et al. 2003). Deux types d'analyses ont été menés : une analyse en Simple Interval Mapping (SIM) dans un premier temps suivi d'une analyse en Composite Interval Mapping (CIM) a été testée. Ces deux analyses sont réalisées conjointement car l'analyse en SIM va supposer qu'il existe au plus un QTL par groupe de liaison alors que l'analyse en CIM va utiliser le ou les QTL détectés dans une première analyse comme covariable afin de détecter de nouveaux QTL auparavant masqués.

Pour chaque analyse de liaison, un seuil de LOD-score indépendant a été estimé par 1000 permutations ($\alpha = 0.05$). L'intervalle de confiance des QTL a été estimé avec la méthode de décroissance des LOD (fonction « lodint », drop = 1). Le pourcentage de variabilité expliqué par le QTL (R^2) a été obtenu avec la fonction « fitqtl ».

Tableau 3 : Indicateurs caractérisant les différents modèles utilisés pour déterminer l'effet génétique de la sensibilité au monilia sur fleurs et à l'oïdium, la rouille et la tavelure sur fruits.

Variable	Approche	Indicateurs	Modélisation (Gi)	Modélisation (Gi+αi)	Modélisation (Gi+αi+γi+δi)
Monilia	Modèles linéaires (1) Et (2)	R^2	50.1	61.72	
		h^2	28.39	34.07	
	Modèles mixtes (3), (4) et (5)	AIC	108.23	106.23	101.21
Oïdium	Modèle linéaire (6)	R^2	79.82		
		h^2	70.34		
Rouille	Modèle linéaire (6)	R^2	70.02		
		h^2	68.76		
Tavelure	Modèle linéaire (6)	R^2	79.81		
		h^2	77.93		

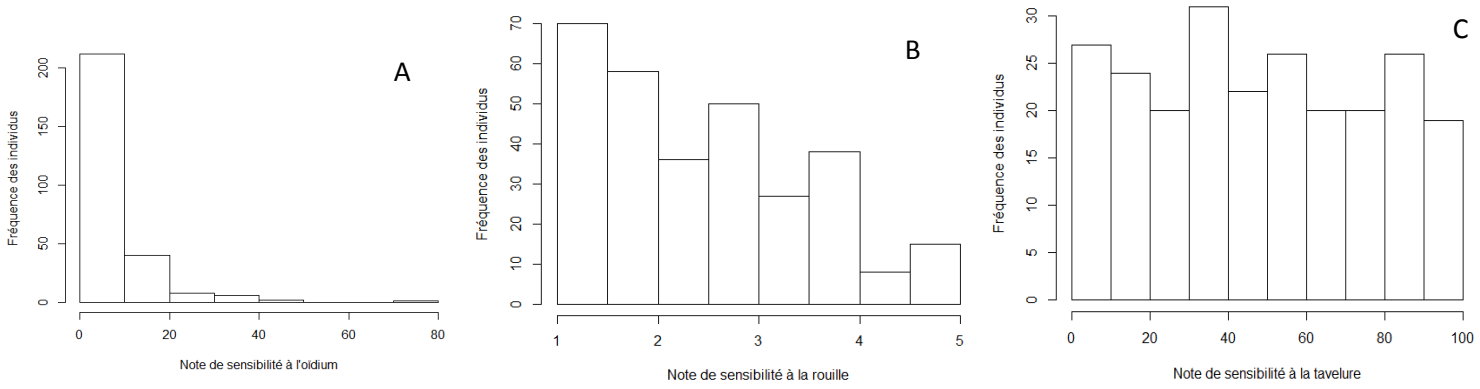


Figure 7 : Distribution de la note de sensibilité à chaque maladie de l'ensemble des individus (151 par année d'observation) de la population « BerBa » retenus dans le croisement entre les variétés « Bakour » et « Bergeron » sur les deux années d'observation (906 individus dont les notes sont présentées sur les graphiques de chaque maladie). A : distribution de la note de sensibilité à l'oïdium, B : rouille, et C : tavelure.

Tableau 4 : Résultats de la détection de QTL par analyse de liaison pour la note de sensibilité au monilia sur fleurs.

Carte génétique	Groupe de liaison	Position (cM)	Marqueur	LOD score	Intervalle de confiance (IC)	Variance expliquée (%)	Allèle de résistance
Bergeron	1	156.0	Sp474	14.02	147.6-167.3	29.62	A
Bakour	1	199.2	Sp744	3.55	191.0-199.2	9.10	H
	3	71.0	ssrPaCITA4	4.69	66.4-81.2	9.62	A

IV. Résultats

A. Phénotypage et effets génétiques

1. Monilia

La sensibilité au monilia a été observée pendant six années. La figure 6 montre la distribution de la note de sensibilité au cours de ces années. On observe une réponse variée à l'infection avec un effet année très important. Cependant, il est à noter une sur-représentation de génotypes peu sensibles ou non confrontés à la maladie. Cela s'explique par le fait que les années 2011 et 2012 ont eu un risque très fort de présence de monilia alors que les années 2013 à 2017 ont été caractérisées par une très faible pression de la maladie. La moyenne de la note de sensibilité au monilia sur les six années d'observation est de 36.

Dans le but d'apporter un maximum de précision à nos résultats, plusieurs modèles ont été utilisés pour réaliser les analyses. Les résultats sont présentés dans le tableau 3.

Les modèles linéaires utilisés peuvent être caractérisés par le R^2 qui exprime la part de variabilité expliquée par le modèle et par l'héritabilité du caractère. On voit que le modèle (2) explique une part de variabilité plus importante que le modèle (1) ainsi qu'une héritabilité plus élevée.

Les trois modèles mixtes sont eux caractérisés par l'AIC. Plus l'AIC est petit, meilleur est le modèle. Ici, on peut voir que le modèle complet (5) (prenant en compte tous les facteurs significatifs influençant la note de sensibilité au monilia), est celui qui présente l'AIC le plus faible.

2. Oïdium, rouille et tavelure

La sensibilité à l'oïdium, la rouille et la tavelure sur fruits a été observée pendant deux années. Les figures 7A, B et C montrent respectivement la distribution de la note de sensibilité à l'oïdium, la rouille et à la tavelure au cours des deux années d'observation. Les résultats des analyses statistiques sont reportés de manière synthétique dans le tableau 3 pour chacune des maladies.

Pour l'oïdium (figure 7A), on observe un très faible niveau de sensibilité à la maladie dû principalement au fait que les deux années d'observation ont été caractérisées par une très faible pression de maladie. En effet, la très grande majorité des individus présentent une note de sensibilité proche de 0. La moyenne de la note de sensibilité à l'oïdium sur fruits au cours de ces deux années d'observation est de 6.65. Le modèle linéaire (6) a été utilisé dans le but de faire ressortir l'effet génétique du caractère qui explique 79.82% de la variabilité observée. Le caractère présente une héritabilité de 70.34%.

Tableau 5 : tableau récapitulatif des différentes approches utilisées pour l'analyse de liaison et de leur influence sur la détection de QTL pour la sensibilité au monilia sur fleurs.

Carte génétique	Groupe de liaison	Position (cM)	Approche	Modèle	LOD score	Intervalle de confiance (IC)	Variance expliquée (%)
Bergeron	1	156.0	Données brutes	2011	10.99	154.0-161.0	26.83
		163.9		2012	8.97	156.0-167.3	22.57
				2013			
				2014			
				2015			
				2017			
		156.0		Moyenne 2011-2012	14.02	156.0-161.0	29.62
				Moyenne 2011-2017			
		156.0	Modélisation	(1)	3.92	151.0-162.0	10.40
		156.0		(2)	2.94	148.0-167.3	7.76
		163.9		(3)	3.88	151.0-161.0	10.55
		156.0		(4)	3.88	151.0-161.0	11.10
		156.0		(5)	4.40	153.0-161.0	11.55
Bakour	1		Données brutes	2011			
		191.0		2012	3.24	182.0-199.2	4.95
				2013			
		191.0		2014	2.17	139.2-199.2	1.40
				2015			
				2017			
		191.0		Moyenne 2011-2012	3.55	182.0-199.2	5.71
				Moyenne 2011-2017			
		199.2	Modélisation	(1)	3.25	194.0-199.2	8.67
		199.2		(2)	2.71	194.0-199.2	7.05
		199.2		(3)	3.25	194.0-199.2	9.02
		199.2		(4)	3.25	194.0-199.2	8.57
		199.2		(5)	3.40	194.0-199.2	9.10
	3	71.0	Données brutes	2011	4.33	54.0-71.0	9.62
		81.2		2012	3.88	81.2-94.0	7.70
				2013			
				2014			
				2015			
				2017			
		71.0		Moyenne 2011-2012	4.69	56.1-78.7	6.75
				Moyenne 2011-2017			
		71.0	Modélisation	(1)	3.35	66.4-78.7	4.71
		71.0		(2)	3.35	66.4-78.7	3.50
		71.0		(3)	3.34	66.4-78.7	4.55
		71.0		(4)	3.35	66.4-78.7	5.36
		71.0		(5)	3.60	66.4-78.7	5.52

Pour la rouille (figure 7B), on observe des réponses assez variées à la maladie. Il est cependant à noter la faible représentation de génotypes très sensibles (note proche de 5). Le niveau d'infection à la maladie est resté plutôt constant entre les deux années d'observation avec une moyenne de sensibilité à la rouille de 2.65. Le modèle linéaire (6) a été utilisé dans le but de faire ressortir l'effet génétique du caractère qui explique 70.02% de la variabilité observée. Le caractère présente une héritabilité de 68.76%.

Pour la tavelure (figure 7C), la distribution de la note de sensibilité est assez homogène. En effet, tous les niveaux d'infection sont représentés, allant du génotype sensible (note proche de 100) au génotype résistant (note proche de 0). La moyenne de la note de sensibilité sur les deux années d'observation est de 45.65. Le modèle linéaire (6) a été utilisé dans le but de faire ressortir l'effet génétique du caractère qui explique 79.81% de la variabilité observée. Le caractère présente une héritabilité de 77.93%.

B. Analyse de liaison

1. Monilia

Pour la sensibilité au monilia, les analyses de liaison ont été réalisées à partir des données annuelles, des données moyennées sur plusieurs années et à partir des effets génétiques ressortis des différents modèles linéaires et mixtes utilisés afin de comparer les résultats issus de chacune des méthodes. Ces résultats sont synthétisés dans le tableau 4.

Trois QTL associés à la résistance au monilia ont été détectés : un premier QTL sur la carte génétique de Bergeron et deux QTL sur la carte génétique de Bakour. Le QTL sur Bergeron est situé sur le groupe de liaison 1 entre les positions 156.0 et 163.9 cM et explique jusqu'à 29.62% de la variance phénotypique observée. Ici, l'allèle de sensibilité au monilia est porté par « A ». Les deux QTL détectés sur la carte de Bakour se situent sur les groupes de liaison 1 (entre 191.0 et 199.2 cM) et 3 (entre 71.0 et 81.2 cM) et expliquent respectivement 9.10% et 9.62% de la variance phénotypique observée. L'allèle de résistance est ici porté par « H » pour le QTL sur le groupe de liaison 1 et par « A » pour le QTL sur le groupe de liaison 3.

Pour examiner plus finement les QTL significatifs détectés à l'issus des analyses de liaison (tableau 5), nous nous sommes appuyés sur les indicateurs suivant :

- le LOD score qui va indiquer la probabilité de présence du QTL dans cette région du génome,
- l'intervalle de confiance qui définit l'intervalle entre lequel il est le plus probable de trouver le QTL,
- le R^2 qui rend compte de la part de variabilité phénotypique totale par le QTL détecté.

Tableau 6 : Résultats de la détection de QTL par analyse de liaison pour la note de sensibilité à l'oïdium, à la rouille et à la tavelure sur fruits.

Variable	Carte génétique	Groupe de liaison	Position (cM)	Marqueur	LOD score	Intervalle de confiance	Variance expliquée (%)	Allèle de résistance
Oïdium	Bergeron							
	Bakour	6	73.0	Sp620	3.33	68.0-87.0	9.42	A
Rouille	Bergeron	4	46.4	Sp502	6.82	42.0-48.0	17.55	A
	Bakour	4	126.2	Sp596	5.10	122.0-136.0	12.26	A
Tavelure								

Tableau 7 : Tableau récapitulatif des différentes approches utilisées pour l'analyse de liaison et de leur influence sur la détection de QTL pour la sensibilité à l'oïdium, la rouille et la tavelure sur fruits.

Variable	Carte génétique	Groupe de liaison	Position (cM)	Approche	Modèle	LOD score	Intervalle de confiance (IC)	R^2 (%)
Oïdium	Bergeron							
	Bakour	6	87.0	Données brutes	2014	3.10	84.0-92.0	8.74
					2015			
			68.0		Moyenne	2.65	64.0-76.0	7.65
			73.0	Modélisation	(6)	3.33	68.0-76.0	9.42
Rouille	Bergeron	4	46.4	Données brutes	2014	3.36	50.0-87.0	9.48
			46.4		2015	5.66	41.0-51.8	15.38
			46.4		Moyenne	6.70	41.0-49.0	17.63
			45.0	Modélisation	(6)	6.82	42.0-48.0	17.55
	Bakour	4	126.2	Données brutes	2014	2.47	65.0-148.4	4.61
			126.2		2015	4.45	122.0-131.0	11.18
			126.2		Moyenne	4.52	128.0-136.0	11.82
			129.0	Modélisation	(6)	5.10	129.0-136.0	12.26
Tavelure								

Sur ces bases on peut voir que ce sont les données brutes annuelles moyennées sue les années d'observation 2011 et 2012 qui ont donné des QTL avec les LOD scores les plus élevés. En effet, ces deux années sont celles ayant présenté la pression de monilia la plus forte. Par ailleurs, si on prend en compte toutes les années d'observation, de la même manière en moyennant les notes de sensibilité au monilia, on remarque qu'aucun QTL ne peut être mis en évidence. En regardant les résultats obtenus suite à l'utilisation des différents modèles, on remarque, certes, que les LOD score des QTL détectés sont plus faibles qu'avec les données brutes annuelles de 2011 et 2012 mais que ce sont les mêmes QTL qui ressortent, ce qui laisse à penser que les composantes de résistance sont stables selon les années.

1. Oïdium, rouille et tavelure

Pour la sensibilité à l'oïdium, à la rouille et à la tavelure sur fruits, les analyses de liaisons ont été réalisées à partir des données brutes annuelles, à partir des données moyennées sur les deux années d'observation ainsi qu'à partir des effets génétiques ressortis du modèle linéaire utilisé pour chaque maladie. Les résultats des analyses de liaison sont disponibles dans le tableau 6.

Un seul QTL associé à la résistance à l'oïdium a été détecté sur la carte génétique de Bakour. Ce QTL est situé sur le groupe de liaison 6, il est positionné entre 68.0 et 87.0 cM et explique 9.42% de la variance phénotypique observée. Ici, l'allèle de résistance est porté par « A ».

Deux QTL associés à la résistance à la rouille ont été détectés : un premier QTL sur la carte génétique de Bergeron et un QTL sur la carte génétique de Bakour. Le QTL sur Bergeron est situé sur le groupe de liaison 4 entre les positions 45.0 et 46.4 cM et explique jusqu'à 17.55% de la variance phénotypique observée. Ici, l'allèle de sensibilité au monilia est porté par « A ». Le QTL détecté sur la carte de Bakour, qui se situe également sur le groupe de liaison 4, est situé entre les positions 126.2 et 129.0 cM et explique 12.26% de la variance phénotypique observée. L'allèle de résistance est ici porté par « A ».

Aucun QTL associé à la résistance à la tavelure n'a pu être mis en évidence avec ce jeu de données. En effet, les analyses de liaison n'ont pas fait ressortir de QTL avec des LOD score supérieurs à 2.

Comme pour la sensibilité au monilia, des QTL significatifs ont été sélectionnés pour permettre de comprendre l'influence des méthodes utilisées (données brutes vs modélisation) sur la détection de QTL (tableau 7). En premier lieu, et contrairement aux résultats obtenus pour la sensibilité au monilia, on remarque que la démarche de modélisation permet d'obtenir une détection de QTL avec des LOD score ainsi que des variances expliquée plus élevée qu'en utilisant les données brutes annuelles. On remarque également que la modélisation permet de

restreindre les régions du génome impliquées dans la résistance grâce à un intervalle de confiance plus réduit pour chaque QTL.

C. Cartes consensus

Les QTL détectés par analyse de liaison pour chaque maladie sont repositionnés sur une carte consensus en cM grâce au logiciel MapChart (Annexe 1) et reprenant les cartes génétiques de Bergeron et de Bakour. On peut voir qu'il y a superposition des QTL significatifs détectés sur la fin des groupes de liaison 1 de chaque carte génétique.

V. Discussion

Le but de notre étude était de rechercher les composantes de résistance quantitative au monilia sur fleurs et à l'oïdium, la rouille et la tavelure sur fruits. Les résultats préliminaires obtenus indiquent l'existence d'effets génétiques hautement significatifs et précisent la localisation de QTL associés à la population BerBa. Ces résultats sont consolidés sur trois populations biparentales interconnectées qui en sont dérivées (résultats non présentés).

Pour la population BerBa, trois QTL ont été mis en évidence pour la sensibilité au monilia (un sur le groupe de liaison 1 de Bergeron et deux, respectivement sur les groupes de liaison 1 et 3, de Bakour), un QTL sur le groupe de liaison 6 de Bakour pour la sensibilité à l'oïdium et deux QTL sur les groupes de liaison 4 de Bakour et Bergeron pour la sensibilité à la rouille. Aucun QTL n'a pu être mis en évidence pour la sensibilité à la tavelure.

L'analyse plus fine des résultats obtenus nous conduit à structurer les éléments de discussion en différentes sous-parties liées à la méthodologie de détection des effets génétiques, au déterminisme génétique des traits, aux possibilités d'utilisation des résultats et aux limites de nos travaux avant d'ouvrir les perspectives.

A. Démarche de modélisation VS utilisation des données brutes annuelles

Dans cette étude, nous avons fait le choix de faire les analyses sur les données brutes de chaque année, c'est-à-dire en utilisant uniquement la note de maladie (monilia, oïdium, rouille ou tavelure), et également de faire des modèles prenant en compte les années voire les facteurs influençant la pression de la maladie.

La démarche habituellement utilisée pour la détection de QTL est basée sur l'exploitation des données annuelles. Pour la sensibilité au monilia, on s'aperçoit que pour les

années très explicatives (2011-2012), les QTL sélectionnés ressortent très significatifs avec, souvent, les LOD score et les R^2 les plus élevés. C'est pourquoi cette démarche reste très utilisée. Par contre lorsque l'on passe en multi-années en utilisant les données moyennées sur les six années d'observation, on s'aperçoit que les QTL ne ressortent plus. Le fait qu'il y ait un poids plus important des années non significatives va accroître la part des effets non contrôlés et empêcher une détection de QTL correcte. La démarche peut, en revanche, être utilisée en ne sélectionnant que les années les plus explicatives. Cela permet notamment de faire ressortir de manière encore plus importante les QTL détectés année par année et justifie les approches habituellement mises en œuvre dans ces analyses chez les espèces fruitières. La démarche complémentaire de modélisation du risque arbre par arbre devait permettre de prendre en compte non seulement l'effet génétique de sensibilité au monilia mais également le risque d'être exposé à la maladie pour chacune des différentes années d'observation. Si les modèles permettent de gagner en part de variabilité phénotypique expliquée pour la note de sensibilité au monilia, l'utilisation des effets génétiques qui en sont ressortis pour l'analyse de liaison ne permet pas d'augmenter le LOD score des QTL détectés par rapport à l'utilisation des données brutes annuelles et nous pouvons imaginer que le facteur limitant à l'augmentation de la précision dans ce cas soit le nombre de recombinant dans la zone d'intérêt. La modélisation permet cependant la détection des mêmes QTL à des LOD score plus faibles, ce que l'utilisation des données brutes moyennées sur toutes les années d'observation n'a pas été en mesure de détecter.

Pour la sensibilité à l'oïdium et à la rouille, on remarque que la modélisation apporte véritablement quelque chose et permet d'apporter plus de précision à la détection de QTL. En effet, on observe une augmentation des LOD score, de la variance expliquée par le QTL et la réduction de son intervalle de confiance. Le fait de modéliser la note de sensibilité permet de capter une part de la variabilité qui n'est pas valorisée en ne prenant en compte que les données brutes annuelles. Ces résultats ne sont pas négligeables car, ayant pour objectif d'engager par la suite une sélection assistée par marqueurs, il est important que les régions du génome susceptibles de conférer une résistance aux maladies soient les plus restreintes possibles. Ces effets sont d'autant plus intéressants qu'ils ont été observés sur un nombre d'années limité.

A. Déterminants génétiques des caractères

Une étude sur la population biparentale « BerBa » a été réalisée l'an passé avec la recherche de QTL de résistance au monilia, à l'oïdium, la rouille et la tavelure à partir des données brutes (Jammes 2018). Plusieurs QTL ont été mis en évidence pour chaque maladie.

Pour la sensibilité au monilia sur fleurs, trois QTL ont été mis en évidence sur la carte génétique de Bakour, respectivement sur les groupes de liaison 3, 6 et 7 et quatre QTL sur la carte génétique de Bergeron sur les groupes de liaison 1, 2, 3 et 6. Nos résultats montrent des groupes de liaison identiques associés à la résistance au monilia entre les deux études, à savoir le groupe de liaison 1 de Bergeron et le groupe de liaison 3 de Bakour mais les positions de ces QTL ne sont pas les mêmes et sont plus précises dans notre cas.

Pour la sensibilité à l'oïdium, un QTL a été identifié sur la carte génétique de Bergeron sur les groupes de liaison 1. Deux QTL ont été mis en évidence sur la carte génétique de Bakour sur les groupes de liaison 6 et 7 avec une position proche du QTL pour la sensibilité à l'oïdium trouvé dans notre étude sur le groupe de liaison 6 (Jammes 2018). Deux études ont également été menées sur le pêcher et une sur une espèce proche du pêcher pour la détection de QTL de résistance à l'oïdium (*prunus davidiana)* (Dirlewanger et al. 1996) (Foulongne et al. 2003) . Les deux études ont mis en évidence les mêmes régions. Six QTL ont été détectés sur les groupes de liaison 1, 2, 3, 5, 6 et 8. Le QTL expliquant la part de variabilité la plus important est celui se trouvant sur le groupe de liaison 6 et co-localise avec le QTL décelé dans notre étude pour la résistance à l'oïdium. Il va donc être particulièrement intéressant d'examiner la synténie entre les deux espèces pour ce caractère. La résistance à l'oïdium a également été étudiée chez l'orge La recherche de régions impliquées dans la résistance à l'oïdium a également été menée chez l'orge (Lyngkjær et al. 2000) avec cette fois mise en évidence d'un gène candidat : le gène *Mlo*. N'étant pas encore à ce stade dans notre étude, nous ne pouvons pas affirmer que le gène est présent également chez l'abricotier.

Pour la sensibilité à la rouille, quatre QTL ont été détectés sur la carte génétique de Bergeron sur les groupes de liaison 4, 5, 6 et 7 et trois QTL sur la carte génétique de Bakour sur les groupes de liaison 3, 4 et 6 (Jammes 2018). Les deux QTL trouvés sur le groupe de liaison 4 des deux cartes génétiques se trouvent de nouveau à des positions proches de ceux trouvés dans notre étude. Aucune autre étude n'a été menée sur la sensibilité à la rouille chez l'abricotier ou chez des espèces proches. En revanche, une étude a été menée sur le blé (Zeng et al. 2019) révélant trois régions du génome pouvant être impliquées dans la résistance à l'oïdium sur les chromosomes 1, 3 et 6 mais ne peuvent pas être mis en relation avec nos résultats.

Pour la sensibilité à la tavelure, un seul QTL sur la carte de Bergeron a été détecté sur le groupe de liaison 5 (Jammes 2018). Malheureusement, aucun QTL significatif pour la sensibilité à la tavelure n'a pu être mis en avant dans le projet que nous avons mené. Une étude sur la sensibilité du pommier à la tavelure (McClure et al. 2016) a été menée sur deux populations biparentales et à mis en avant des QTL sur les chromosomes 2 et 3. Ces QTL ne se sont cependant pas montrés stables sur les différentes années d'observation.

Une étude d'analyse de liaison a été menée chez l'abricotier sur la sensibilité au chancre bactérien (Omrani et al. 2018) sur la population BerBa. Plusieurs QTL ont pu être mis en évidence sur la carte génétique de Bergeron. En effet, cinq QTL ont été détectés respectivement sur les groupes de liaison 1, 4, 6 et 7. On peut remarquer que la résistance au chancre bactérien décelée dans cette étude intervient sur les mêmes groupes de liaison que les QTL de sensibilité au monilia (groupe de liaison 1) et de résistance à la rouille (groupe de liaison 4) mis en évidence dans notre étude. Cependant, aucune co-localisation n'a pu être décelée entre les positions des QTL de résistance au chancre bactérien et les positions des QTL détectés pour le monilia et la rouille. Ces caractères importants en sélection s'avèrent donc portés par des régions différentes et indépendantes.

B. Utilisation des résultats

Les analyses de liaison ont permis d'identifier des régions du génome susceptibles d'être impliquées dans la résistance au monilia sur fleurs et à l'oïdium, la rouille et la tavelure sur fruits. L'identification des allèles conférant la résistance ayant été réalisée, nous avons pu mettre en avant des individus possédant un maximum de caractères d'intérêts.

Parmi les individus F1 issus du croisement entre les variétés Bergeron et Bakour, trois sont ressortis du lot car ils possèdent les allèles conférant une résistance pour chacune des maladies. Les individus ressortis sont C085, D047 et D072. Ce ne sont pas les individus qui ont été utilisés comme géniteurs pour les populations interconnectées (C092, C109 et D099). Il serait donc intéressant de créer de nouvelles populations avec comme géniteurs les trois individus qui, d'après nos résultats, apporteraient les allèles nécessaires à la résistance aux maladies étudiées afin d'observer la ségrégation des caractères dans la descendance.

C. Limites

Dans notre étude, les analyses de la population « BerBa » ont été réalisées sur un jeu de données réduit à 151 individus au lieu des 270 individus de la population de base. Ce choix a été fait afin d'avoir des individus présentant des informations pour toutes les années d'observations. Cependant, la réduction du nombre d'individus peut réduire la précision des analyses QTL effectuées. Il va donc être important d'intégrer les individus supplémentaires dans les analyses afin d'évaluer si les recombinants complémentaires ne vont pas augmenter la précision attendue, au moins pour les QTL liés aux années les plus sensibles.

Pour ce qui est de la distribution des notes de sensibilité dans la population, si pour la sensibilité au monilia, à la rouille et à la tavelure la répartition des individus est convenable, en revanche, pour la sensibilité à l'oïdium, il y a une absence totale de génotypes sensibles ou très sensibles dû au fait de la faible pression maladie au cours des deux années d'observations. La consolidation des jeux de données et leur validation sur des fonds génétiques dérivés devra être abordée avec attention.

Au niveau des résultats obtenus grâce à la modélisation, il est nécessaire de prendre en compte la grande importance de la précision du phénotypage. En effet, les modèles vont permettre d'apporter de la précision dans les analyses uniquement si les notations, aussi bien les notations des conditions climatiques (températures, pluviométrie…) que celle liées à la phénologie (notations des stades phénologiques, de la floribondité…), sont réalisées de la manière la plus consciencieuse possible.

De plus, les observations sur la sensibilité au monilia sur fleurs ne prennent pas en compte la variabilité de l'agent pathogène, dans la mesure où les travaux ont été menés en contamination naturelle (Brun et al. 2012). En effet, le monilia peut être causé par trois champignons : *Monilia laxa*, *monilia fructicola* et *monilia fructigena*. Or, il a été mis en évidence une prévalence de *monilia laxa* ou de *monilia fructicola* en fonction des conditions de températures. Le fait que des inoculums de souches de pathogènes différentes soient présentes dans le verger pourrait être en partie responsable de la variabilité des comportements observés. Il conviendra donc de s'assurer de la robustesse des composantes de résistance vis-à-vis de la diversité des agents pathogènes concernés, même si comme nous avons pu le remarquer nous observons une grande stabilité des QTL.

A. Perspectives

Par la suite, notre étude va se poursuivre en utilisant le jeu de données complet avec des données manquantes ainsi qu'avec un jeu de données complet avec des valeurs imputées afin de pouvoir confronter les résultats que nous avons mis en avant avec un jeu de données réduit et de gagner en précision dans nos analyses, notamment dans la détection attendues des QTL.

Nous avons focalisé nos analyses sur la descendance Bi-parentale BerBa. Cette pseudo-F1 ne permet pas de révéler les régions qui étaient à l'état homozygote chez l'un des deux parents. L'examen de populations dérivées de ces F1 sera abordé notamment grâce à trois populations interconnectées. Les géniteurs de ces populations sont des génotypes qui ont été pré-sélectionés dans la F1 de la « BerBa » pour leur résistance au monilia et au chancre bactérien et croisés avec un hybride d'intérêt choisi pour sa résistance à la sharka et sa capacité d'auto-fertilité.

Le travail sera complété par une étude de génétique d'association sur la core-collection abricotier dans le but de comparer les résultats avec ceux obtenus à partir de l'analyse de liaison de la population « BerBa ». Enfin, nos travaux ont été conduits en interaction étroite avec les collègues molécularistes en charge du développement des marqueurs. Malgré des efforts importants de densification du marquage dans les zones d'intérêt et les régions avec des gaps importants, nous ne sommes pas parvenus à gagner en précision. Nous venons d'avoir accès à la version Béta du génome de l'abricotier (Issu du travail conduit par l'équipe de Véronique Decroocq à Bordeaux (Aranzana et al. 2019)), ceci devrait nous permettre par un alignement des deux parents sur ce génome de sélectionner objectivement de nouveaux marqueurs pertinents qui permettront de consolider notre approche.

VI. Conclusion

Les objectifs de ce projet sont, par l'étude d'une population biparentale issue du croisement entre la variété Bakour, apportant plusieurs sources de résistances, et la variété Bergeron, sensible mais avec de bonnes qualités agronomiques, d'identifier les marqueurs liés à la résistance pour les maladies de l'abricotier : monilia, oïdium, rouille et tavelure. Des notations

maladies ont été réalisées au cours de six années d'observation ainsi que des informations sur les conditions climatiques et la phénologie pour le monilia afin de mettre en place une notion de risque d'être confronté à la maladie de façon annuelle. Des modèles linéaires et mixtes ont été établis afin de capter un maximum de la variabilité phénotypique observée. A partir des observations, des analyses de liaisons ont été effectuées en utilisant les données brutes annuelles (note de sensibilité), celles moyennées sur plusieurs années ainsi qu'à partir des effets génétiques ressortis des différents modèles linéaires et mixtes choisis précédemment. Les analyses de liaison ont permis de mettre en évidence des régions du génome associées à la résistance aux différentes maladies étudiées. Pour la résistance au monilia, trois QTL ont été mis en évidence, un sur la carte génétique de Bergeron (groupe de liaison 1) et deux sur la carte génétique de Bakour (respectivement sur les groupes de liaison 1 et 3) qui suggèrent qu'une région importante de la résistance au monilia se trouve en fin du groupe de liaison 1. Un seul QTL a été mis en évidence pour la résistance à l'oïdium sur le groupe de liaison 6 de Bakour, marqueur co-localisant avec un QTL mis en évidence par une étude sur le pêcher et *prunus davidiana*. Deux QTL ont été mis en évidence sur le groupe de liaison 4 de Bergeron et de Bakour pour la résistance à la rouille. Les QTL présentés dans cette étude présentent une certaine robustesse du fait de leur stabilité sur plusieurs années d'observations. Suite aux résultats de l'analyse de liaison, les individus de la population ont été triés en fonction des caractères d'intérêts qu'ils possédaient. Il s'avère que trois individus possèdent tous les caractères d'intérêts, à savoir C085, D047 et D072. Ces individus peuvent d'ores et déjà être utilisés de la même façon que ceux sélectionnés comme géniteurs pour les populations interconnectées afin d'observer la ségrégation des caractères d'intérêts dans de nouvelles descendances. Une analyse de liaison sera effectuée sur les individus des trois populations interconnectées déjà existantes et de manière complémentaire, une étude de génétique d'association sera effectuée sur la core-collection abricotier afin de prendre en compte un panel avec un fond génétique plus large. La confrontation des résultats de ces différentes méthodes pourra augmenter la précision et la robustesse des régions du génome associées à la résistance aux différentes maladies de l'abricotier et ainsi permettre d'envisager l'extension de la sélection assistée par marqueurs engagée pour PPVrès et l'autofertilité aux caractères de résistance au monilia sur fleurs, au chancre bactérien, à l'oïdium et à la rouille.

Bibliographie

Aranzana, Maria José, Véronique Decroocq, Elisabeth Dirlewanger, Iban Eduardo, Zhong Shan Gao, Ksenija Gasic, Amy Iezzoni, et al. 2019. « Prunus Genetics and Applications after de Novo Genome Sequencing: Achievements and Prospects ». *Horticulture Research* 6 : 6-58.

Bourguiba, Hedia. 2019. « Genetic structure of a worldwide germplasm collection of Prunus armeniaca L. reveals three major diffusion routes for the varieties issued from the species' centre of origin » *BMC Genetics* : in press.

Bourguiba, Hedia, Jean-Marc Audergon, Lamia Krichen, Neila Trifi-Farah, Ali Mamouni, Samia Trabelsi, Claudio D'Onofrio, Bayram M Asma, Sylvain Santoni, et Bouchaib Khadari. 2012. « Loss of Genetic Diversity as a Signature of Apricot Domestication and Diffusion into the Mediterranean Basin ». *BMC Plant Biology* 12 (1): 49.

Bourguiba, Hedia, Bouchaib Khadari, Lamia Krichen, Neila Trifi-Farah, Ali Mamouni, Samia Trabelsi, et Jean-Marc Audergon. 2013. « Genetic Relationships between Local North African Apricot (Prunus Armeniaca L.) Germplasm and Recently Introduced Varieties ». *Scientia Horticulturae* 152: 61‑69.

Broman, Karl W., Hao Wu, Saunak Sen, et Gary A. Churchill. 2003. « R/qtl: QTL mapping in experimental crosses. » *Bioinformatics* 7: 889.

Brun, L, F. Warlop, V. Mercier, JM. Broquaire, G. Clauzel, C. Gomez, CE. Parveaud, et JM. Audergon. 2012. « Quelle sélection fruitière pour une production durable, à faible niveau d'intrants ? Méthodologie pour un réseau de sélection variétale décentralisée » *Innovations Agronomiques* 15 : 105-115.

Dirlewanger, E, T Pascal, C Zuger, et J Kervella. 1996. « Analysis of Molecular Markers Associated with Powdery Mildew Resistance Genes in Peach (Prunus Persica (L.) Batsch) x Prunus Davidiana Hybrids » *Theor Appl Genet* 93 : 909-919.

Dirlewanger, E, J Quero-García, L Le Dantec, P Lambert, D Ruiz, L Dondini, E Illa, et al. 2012. « Comparison of the Genetic Determinism of Two Key Phenological Traits, Flowering and Maturity Dates, in Three Prunus Species: Peach, Apricot and Sweet Cherry ». *Heredity* 109: 280‑92.

Doré, Claire, et Fabrice Varoquaux. 2006. "*Histoire et amélioration de cinquante plantes cultivées*" *Inra*

Foulongne, Marie, Thierry Pascal, Frédéric Pfeiffer, et Jocelyne Kervella. 2003. « QTLs for Powdery Mildew Resistance in Peach × Prunus Davidiana Crosses: Consistency across Generations and Environments » *Molecular Breeding* 12: 33-50.

Hagen, L., B. Khadari, P. Lambert, et J.-M. Audergon. 2002. « Genetic Diversity in Apricot Revealed by AFLP Markers: Species and Cultivar Comparisons ». *Theoretical and Applied Genetics* 105: 298‑305.

Lane, C. R. 2002. « A Synoptic Key for Differentiation of Monilinia Fructicola, M. Fructigena and M. Laxa, Based on Examination of Cultural Characters ». *EPPO Bulletin* 32: 489‑93.

Legave, Jean-Michel. 2009. « Comment faire face aux changements climatiques en arboriculture fruitière » *Innovations Agronomiques* 7: 165-177.

Legave, Jean-Michel. 2011. « Changements phénologiques chez les arbres fruitiers liés aux évolutions climatiques et recherche de variétés adapatées » *Inra*

Lichou, Jean, et Michel Jay. 2012. *Monographie Abricot*. *Ctifl*

Lyngkjær, Michael F., Adrian C. Newton, Jannie L. Atzema, et Susan J. Baker. 2000. « The Barley Mlo-Gene: An Important Powdery Mildew Resistance Source ». *Agronomie* 20: 745‑56.

McClure, Kendra A, Kyle M Gardner, Peter MA Toivonen, Cheryl R Hampson, Jun Song, Charles F Forney, John DeLong, Istvan Rajcan, et Sean Myles. 2016. « QTL Analysis of Soft Scald in Two Apple Populations ». *Horticulture Research* 3.

Tamm. 1995. « Phenological Analysis of Brown Rot Blossom Blight of Sweet Cherry Caused by Monilinia Laxa ». *Phytopathology* 12 : 1321-1326.

Verde, Ignazio, Jerry Jenkins, Luca Dondini, Sabrina Micali, Giulia Pagliarani, Elisa Vendramin, Roberta Paris, et al. 2017. « The Peach v2.0 Release: High-Resolution Linkage Mapping and Deep Resequencing Improve Chromosome-Scale Assembly and Contiguity ». *BMC Genomics* 18: 18-225.

Zeng, Qingdong, Jianhui Wu, Shuo Huang, Fengping Yuan, Shengjie Liu, Qilin Wang, Jingmei Mu, et al. 2019. « SNP-Based Linkage Mapping for Validation of Adult Plant Stripe Rust Resistance QTL in Common Wheat Cultivar Chakwal 86 ». *The Crop Journal* 7: 176‑186.

Mémoire

Jammes, Margaux. 2018. « Identification et caractérisation de composantes génétiques liées à la résistance aux maladies chez l'abricot » *Agrocampus Ouest* : 58 pages.

Omrani, Mariem, M. Roth, G. Roch, A. Blanc, CE. Morris, et JM. Audergon. 2018. « Caractérisation des déterminants génétiques et moléculaires de la résistance au dépérissement bactérien de l'abricotier et analyse de risques associés » *INRA* : 258 pages.

Tresson, Paul. 2018. « Quelles seront les conséquences du changement climatique sur le développement des monilioses sur fleurs et rameaux d'abricotiers ? » *INRA* : 32 pages.

Webographie

Agreste Conjoncture. 2017. « Fruits d'été ». http://agreste.agriculture.gouv.fr/IMG/pdf/conjpanoram201711pano.pdf.

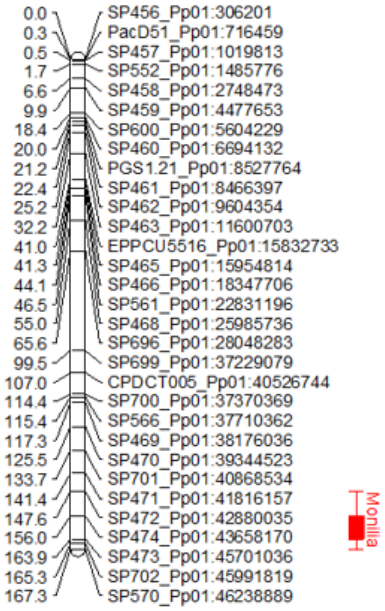
Bedrane, Mohamed Amine. 2016. « Généralités sur l'abricotier ». *agronomie* (blog). 19 février 2016. https://agronomie.info/fr/generalites-sur-labricotier/.

« FAOSTAT ». s. d. Consulté le 28 mai 2019. http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC.
France Agrimer. 2018. « L'abricot en 2018 ». https://rnm.franceagrimer.fr/bilan_campagne?abricot.

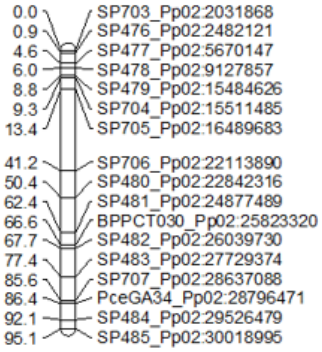
Annexes

Annexe 1 : Cartes génétiques de Bergeron et de Bakour avec les QTL ressortis des analyses de liaison avec leur intervalle de confiance

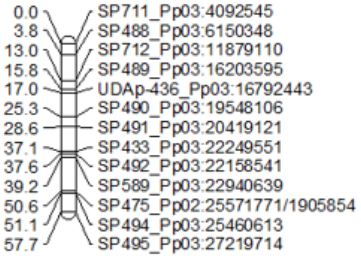
1_Bergeron



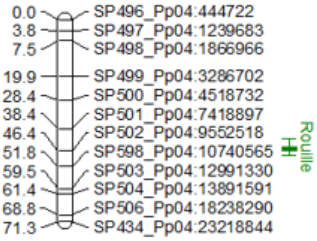
2_Bergeron



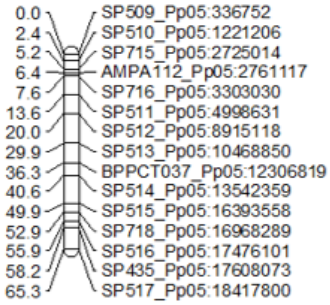
3_Bergeron



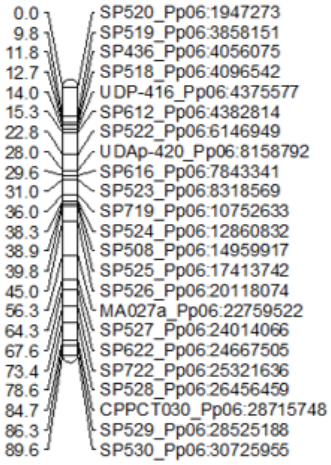
4_Bergeron



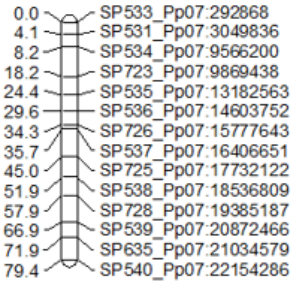
5_Bergeron



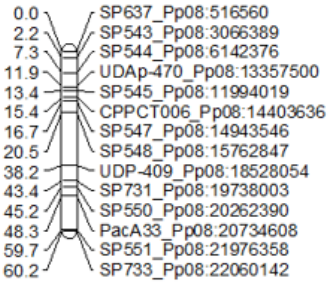
6_Bergeron

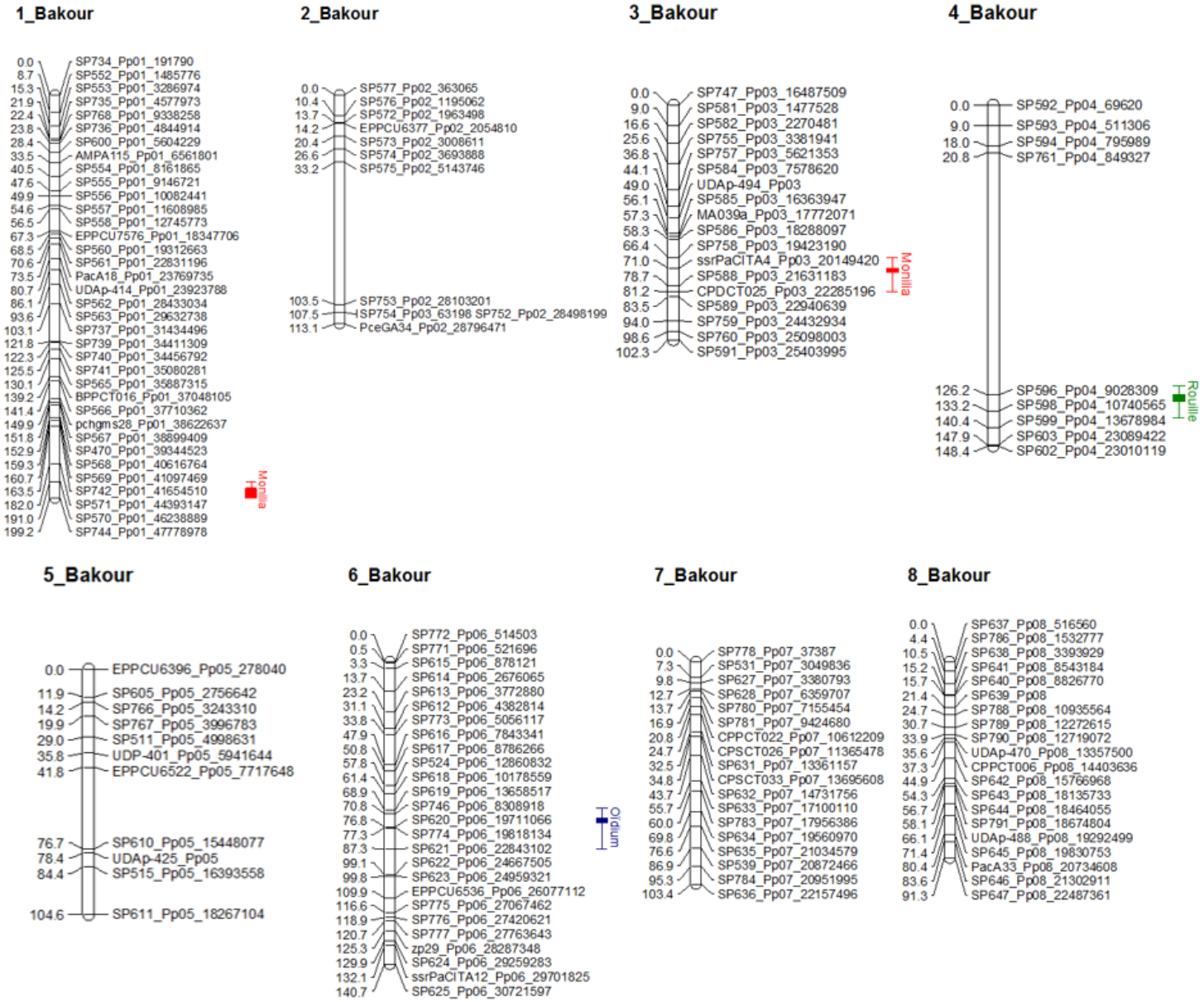


7_Bergeron



8_Bergeron




1_Bakour
0.0 SP734_Pp01_191790
8.7 SP552_Pp01_1485776
15.3 SP553_Pp01_3286974
21.9 SP735_Pp01_4577973
22.4 SP768_Pp01_9338258
23.8 SP736_Pp01_4844914
28.4 SP600_Pp01_5604229
33.5 AMPA115_Pp01_6561801
40.5 SP554_Pp01_8161865
47.6 SP555_Pp01_9146721
49.9 SP556_Pp01_10082441
54.6 SP557_Pp01_11608985
56.5 SP558_Pp01_12745773
67.3 EPPCU7576_Pp01_18347706
68.5 SP560_Pp01_19312663
70.6 SP561_Pp01_22831196
73.5 PacA18_Pp01_23769735
80.7 UDAp-414_Pp01_23923788
86.1 SP562_Pp01_28433034
93.6 SP563_Pp01_29632738
103.1 SP737_Pp01_31434496
121.8 SP739_Pp01_34411309
122.3 SP740_Pp01_34456792
125.5 SP741_Pp01_35080281
130.1 SP565_Pp01_35887315
139.2 BPPCT016_Pp01_37048105
141.4 SP566_Pp01_37710362
149.9 pchgms28_Pp01_38622637
151.8 SP567_Pp01_38899409
152.9 SP470_Pp01_39344523
159.3 SP568_Pp01_40616764
160.7 SP569_Pp01_41097469
163.5 SP742_Pp01_41654510
182.0 SP571_Pp01_44393147
191.0 SP570_Pp01_46238889
199.2 SP744_Pp01_47778978
Mouna
2_Bakour
0.0 SP577_Pp02_363065
10.4 SP576_Pp02_1195062
13.7 SP572_Pp02_1963498
14.2 EPPCU6377_Pp02_2054810
20.4 SP573_Pp02_3008611
26.6 SP574_Pp02_3693888
33.2 SP575_Pp02_5143746
103.5 SP753_Pp02_28103201
107.5 SP754_Pp03_63198 SP752_Pp02_28498199
113.1 PceGA34_Pp02_28796471
3_Bakour
0.0 SP747_Pp03_16487509
9.0 SP581_Pp03_1477528
16.6 SP582_Pp03_2270481
25.6 SP755_Pp03_3381941
36.8 SP757_Pp03_5621353
44.1 SP584_Pp03_7578620
49.0 UDAp-494_Pp03
56.1 SP585_Pp03_16363947
57.3 MA039a_Pp03_17772071
58.3 SP586_Pp03_18288097
66.4 SP758_Pp03_19423190
71.0 ssrPaCITA4_Pp03_20149420
78.7 SP588_Pp03_21631183
81.2 CPDCT025_Pp03_22285196
83.5 SP589_Pp03_22940639
94.0 SP759_Pp03_24432934
98.6 SP760_Pp03_25098003
102.3 SP591_Pp03_25403995
Monilia
4_Bakour
0.0 SP592_Pp04_69620
9.0 SP593_Pp04_511306
18.0 SP594_Pp04_795989
20.8 SP761_Pp04_849327
126.2 SP596_Pp04_9028309
133.2 SP598_Pp04_10740565
140.4 SP599_Pp04_13678984
147.9 SP603_Pp04_23089422
148.4 SP602_Pp04_23010119
Rouille
5_Bakour
0.0 EPPCU6396_Pp05_278040
11.9 SP605_Pp05_2756642
14.2 SP766_Pp05_3243310
19.9 SP767_Pp05_3996783
29.0 SP511_Pp05_4998631
35.8 UDP-401_Pp05_5941644
41.8 EPPCU6522_Pp05_7717648
76.7 SP610_Pp05_15448077
78.4 UDAp-425_Pp05
84.4 SP515_Pp05_16393558
104.6 SP611_Pp05_18267104
6_Bakour
0.0 SP772_Pp06_514503
0.5 SP771_Pp06_521696
3.3 SP615_Pp06_878121
13.7 SP614_Pp06_2676065
23.2 SP613_Pp06_3772880
31.1 SP612_Pp06_4382814
33.8 SP773_Pp06_5056117
47.9 SP616_Pp06_7843341
50.8 SP617_Pp06_8786266
57.8 SP524_Pp06_12860832
61.4 SP618_Pp06_10178559
68.9 SP619_Pp06_13658517
70.8 SP746_Pp06_8308918
76.8 SP620_Pp06_19711066
77.3 SP774_Pp06_19818134
87.3 SP621_Pp06_22843102
99.1 SP622_Pp06_24667505
99.8 SP623_Pp06_24959321
109.9 EPPCU6536_Pp06_26077112
116.6 SP775_Pp06_27067462
118.9 SP776_Pp06_27420621
120.7 SP777_Pp06_27763643
125.3 zp29_Pp06_28287348
129.9 SP624_Pp06_29259283
132.1 ssrPaCITA12_Pp06_29701825
140.7 SP625_Pp06_30721597
Oidium
7_Bakour
0.0 SP778_Pp07_37387
7.3 SP531_Pp07_3049836
9.8 SP627_Pp07_3380793
12.7 SP628_Pp07_6359707
13.7 SP780_Pp07_7155454
16.9 SP781_Pp07_9424680
20.8 CPPCT022_Pp07_10612209
24.7 CPSCT026_Pp07_11365478
32.5 SP631_Pp07_13361157
34.8 CPSCT033_Pp07_13695608
43.7 SP632_Pp07_14731756
55.7 SP633_Pp07_17100110
60.0 SP783_Pp07_17956386
69.8 SP634_Pp07_19560970
76.6 SP635_Pp07_21034579
86.9 SP539_Pp07_20872466
95.3 SP784_Pp07_20951995
103.4 SP636_Pp07_22157496
8_Bakour
0.0 SP637_Pp08_516560
4.4 SP786_Pp08_1532777
10.5 SP638_Pp08_3393929
15.2 SP641_Pp08_8543184
15.7 SP640_Pp08_8826770
21.4 SP639_Pp08
24.7 SP788_Pp08_10935564
30.7 SP789_Pp08_12272615
33.9 SP790_Pp08_12719072
35.6 UDAp-470_Pp08_13357500
37.3 CPPCT006_Pp08_14403636
44.9 SP642_Pp08_15766968
54.3 SP643_Pp08_18135733
56.7 SP644_Pp08_18464055
58.1 SP791_Pp08_18674804
66.1 UDAp-488_Pp08_19292499
71.4 SP645_Pp08_19830753
80.4 PacA33_Pp08_20734608
83.6 SP646_Pp08_21302911
91.3 SP647_Pp08_22487361

	Diplôme et Mention : Master Biologie, Agrosciences Parcours : Amélioration, Production et Valorisation du Végétal Option : Génétique, Génomique et Amélioration des Plantes Responsable d'option : Mélanie JUBAULT

Auteur(s) : Typhaine Briand Date de naissance* : 04/04/1994	Organisme d'accueil : Inra Centre PACA, UR 1052 GAFL, Domaine Saint-Maurice Adresse : Allée des Chênes, 84143 Montfavet
Nb pages : Annexe(s) :	
Année de soutenance : 2019	Maître de stage : Jean-Marc AUDERGON

Titre français : Recherche de QTL de résistance quantitative aux maladies chez l'abricotier dans le but d'engager une démarche de sélection assistée par marqueurs.

Titre anglais : Identification of QTL related to resistance to diseases in apricot.

Résumé (1600 caractères maximum) : L'abricotier est une culture à fort intérêt économique et nutritionnel cependant sa production est affectée par des bioagresseurs tels que la sharka, le monilia, l'oïdium, la rouille, la tavelure et le chancre bactérien. Dans un objectif de culture sous de faibles niveaux d'intrants, de nouvelles stratégies de lutte sont envisagées en mobilisant les composantes de résistances génétiques présentes naturellement. Suite à des travaux qui ont mis en évidence l'intérêt de la variété Bakour pour sa résistance au monilia sur fleurs et au chancre bactérien, une population F1 issue du croisement des variétés d'abricotier « Bakour » et « Bergeron » a été suivie sur six ans. Les résultats ont montré que les caractères de résistance au monilia, à la rouille et à l'oïdium étaient héritables et indépendants. Des QTL de résistance ont été mis en évidence : trois QTL sur les groupes de liaison 1 et 3 pour la résistance au monilia sur fleurs, un QTL sur le groupe de liaison 6 pour la résistance à l'oïdium et deux QTL sur le groupe de liaison 4 pour la résistance à la rouille. Ces travaux ouvrent des perspectives de valorisation dans le cadre d'une démarche de sélection assistée multi-caractères. Toutefois, il conviendra préalablement de vérifier la stabilité des marqueurs dans des populations dérivées.

Abstract (1600 caractères maximum) : Apricot is a Mediterranean crop with a strong economic and nutritional interest, But the development of the production is hampered by a huge impact of several diseases such as sharka, monilia on flowers, powdery mildew, rust, scab and bacterial canker. In order to protect the crop and to promote the development of cultivar able to be grown under low input system, new control strategies are envisaged by mobilizing the components of genetic resistance naturally present in the cultivar.Taking advantage of previous studies expressing the interest of Bakour for its resistance to monilia on flowers and bacterial canker, a cross has been studied overs six years for the phenology, the susceptibility to monilia, rust, powdery mildew and scab. The quantitative inheritances of the investigated traits and their independency have been highlighted. Several QTLs of resistance to diseases have been demonstrated: three QTLs on linkage groups 1 and 3 for monilia, a QTL on linkage group 6 for powdery mildew, two QTLs on linkage group 4 for rust and none for scab. These results are opening new perspectives in term of marker assisted selection, even if validation phases have now to be completed such as the analyze of derived.

Mots-clés : Abricotier, résistance aux maladies, analyse de liaison, QTL, monilia, rouille, tavelure, oïdium

Key Words: Apricot tree, disease resistance, linkage analysis, QTL, brown rot, rust, scab, powdery mildew

* *Elément qui permet d'enregistrer les notices auteurs dans le catalogue des bibliothèques universitaires*