

ESTIMATION DE LA VALEUR GÉNÉTIQUE DE POMMIERS HYBRIDES POUR PLUSIEURS CARACTÈRES GÉNÉTIQUES D'INTÉRÊT AGRONOMIQUE ET SUR LA BASE DE LEUR APPARENTEMENT

par Alix ALLARD

Françoise Dosba¹. – Cette thèse réalisée par Alix ALLARD, au sein de l'UMR AGAP à l'Inra de Montpellier et de l'UMR IRHS à l'Inra d'Angers, et en collaboration avec l'Université de Wageningen, dans le cadre du projet Européen Fruit Breedomics, a eu pour objet de cartographier chez le pommier des QTL (Quantitative Trait Loci) pour **trois caractères complexes**, à savoir la **phénologie de la floraison, l'alternance de production et la qualité du fruit**. Les 2 premiers caractères sont adaptatifs et sont devenus très importants en raison des évolutions réglementaires récentes et du changement climatique. Notamment la régularité de production était maîtrisée jusqu'à présent par l'utilisation de produits chimiques car elle influence la régularité du rendement et la qualité des fruits. Il s'est agi ensuite d'étudier les corrélations entre ces traits afin de d'explorer des stratégies de sélection innovantes et efficaces, permettant de combiner ces trois caractères dans des géniteurs potentiels ou dans de nouvelles variétés.

Un dispositif expérimental très important mis en place par l'Inra à Montpellier et à Angers, composé de 5 familles hybrides en ségrégation, apparentées entre elles par leurs parents ou leurs ancêtres plus éloignés, a permis de prendre en compte les apparentements entre individus lors des cartographies de QTL pour les trois caractères, en s'appuyant sur un modèle bayésien, le « Pedigree Based Analysis ».

Les principaux résultats obtenus et discutés concernent quatre points majeurs :

- **La définition de nouvelles variables pertinentes pour caractériser les phénotypes** entre levée de dormance et débourrement des bourgeons, puis entre débourrement et floraison à partir de données collectées pendant trois années successives sur les deux sites géographiques Montpellier et Angers et pour 466 hybrides. De même, pour la régularité de production, de nouvelles variables ont pu être définies pour mieux caractériser le comportement global de l'arbre, sur un grand nombre de génotypes.

- **L'identification de zones chromosomiques associées aux différents caractères analysés**. Notamment des QTL majeurs ont été identifiés sur 4 chromosomes pour la phénologie de la floraison ; d'autres sur 6 chromosomes pour l'alternance, ces deux caractères ayant un déterminisme génétique très polygénique.

- **L'intégration de ces différents traits analysés dans un contexte d'amélioration variétale**. Elle soulève de nombreuses questions, liées à la gestion d'un contexte multi-caractères et à l'évaluation des corrélations positives, ou des antagonismes entre eux (par exemple rendement et régularité de production). Une approche exploratoire, sous forme d'étude de cas a été proposée.

- **La notion d'idéotype variétal abordée par la prédiction de la valeur génétique multi-caractères**. Pour chaque combinaison de caractères un index de sélection a été déterminé et une valeur multi caractères des individus a été calculée; ceci a permis d'identifier les meilleurs

¹ Membre de l'Académie d'Agriculture de France. Professeur émérite de Montpellier SupAgro

individus selon l'idéotype considéré et en prenant en compte l'ensemble des marqueurs en s'appuyant sur un modèle pan-génomique.

Enfin la discussion générale fait état de la variabilité des effets, des modes d'action des QTL et de l'efficacité supérieure de certaines combinaisons de QTL. Les différents fonds génétiques et aussi les conditions de milieu ont aussi un rôle non négligeable. La nécessité d'un travail multidisciplinaire est également soulignée. Les perspectives de ce travail sont exprimées, notamment au plan de la génétique par la possibilité de transposer la démarche à d'autres fonds génétiques et à d'autres caractères d'intérêt.

Une première publication, très documentée, a été acceptée dans *Journal of Experimental Botany*

- ALLARD A, BINK MCAM, MARTINEZ S, KELNER JJ, LEGAVE JM, GUARDO M DI, PIERRO EAD, LAURENS F, WEG EW VAN DE, COSTES E. 2016. – Detecting QTLs and putative candidate genes involved in budbreak and flowering time in an apple multiparental population. *Journal of Experimental Botany* **67**, doi: 10.1093/jxb/erw130.

Un deuxième article est en révision mineure pour publication dans *Frontiers in Plant Science*

- DURAND JB+ ALLARD A+, GUITTON B, WEG EWV , BINK MCAM, COSTES E. 2017. – Predicting flowering behavior and exploring its genetic determinism in an apple multi-family population based on statistical indices and simplified phenotyping. (+ co first author)

Enfin une troisième publication est en préparation pour présenter la démarche exploratoire d'estimation des valeurs génétiques multi-caractères.