

---

# CARACTÉRISATION DES DÉTERMINANTS GÉNÉTIQUES ET MOLÉCULAIRES DE LA RÉSISTANCE AU DÉPÉRISSEMENT BACTÉRIEN DE L'ABRICOTIER ET ANALYSE DE RISQUES ASSOCIÉS

Thèse de Mariem OMRANI<sup>1</sup>

Analysée par Françoise DOSBA<sup>2</sup>

**Directrice de thèse :** Cindy MORRIS, Directrice de recherches, INRAE UR Pathologie Végétale, Avignon

**Co-encadrant de thèse :** Jean-Marc AUDERGON, Ingénieur de recherche, INRAE UR Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes, Avignon

La thèse de Mariem OMRANI présente deux objectifs principaux :

- Identifier chez l'abricotier des régions génomiques liées à la résistance partielle vis-à-vis de la bactérie *Pseudomonas syringae*
- Etudier, selon un plan factoriel, l'interaction entre diverses variétés de l'arbre fruitier et de souches représentatives de la pathogénicité de la bactérie, afin d'apprécier la durabilité de la résistance.

**La première partie** de la thèse est une longue introduction comportant trois chapitres. Un premier chapitre décrit les concepts et méthodologies de la cartographie des caractères quantitatifs ; le deuxième recense les types de résistance (déterminisme génétique, moléculaire et durabilité) ; le troisième chapitre présente le pathosystème abricotier x *Pseudomonas syringae*.

Le dépérissement bactérien, ou bactériose-chancres bactérien, touche l'ensemble des organes aériens de l'abricotier. Certains symptômes sont localisés au niveau des tissus parenchymateux (lésions et criblures des feuilles et fruits), alors que d'autres atteignent le système vasculaire, ce qui peut conduire à la mort de l'arbre. C'est la première cause de mortalité des arbres en zone nord de la vallée du Rhône (Valence).

Les différents niveaux de résistance à *P. syringae* sont de type quantitatif. La création de variétés à résistance partielle par associations de plusieurs QRLs (Quantitative Resistance Loci) devrait être la voie la plus prometteuse pour contenir la maladie.

---

<sup>1</sup> Thèse de doctorat de l'Université d'Avignon et des Pays de Vaucluse, ED 536 « Agrosociétés et Sciences », préparée au sein des Unités de recherche Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes et Pathologie Végétale Centre INRA PACA d'Avignon, présentée et soutenue le 6 novembre 2018.

<sup>2</sup> Membre correspondant de l'Académie d'agriculture de France, section 1 « Productions végétales ».

**La deuxième partie** présente le matériel végétal et bactérien.

Le matériel végétal est constitué de trois ensembles :

- 73 génotypes issus d'une core-collection présentant la gamme de comportement (de la sensibilité extrême à la résistance) et couvrant la diversité phylogénétique de l'espèce,
- une descendance biparentale issue de la variété 'Bergeron' (sensible) et de 'Bakour' (résistante),
- trois descendances interconnectées constituées à partir de trois hybrides sélectionnés pour leur bon niveau de résistance dans la descendance biparentale, croisés avec la même variété servant de testeur commun et apportant l'auto-fertilité et la résistance à la maladie virale de la sharka.

Le matériel bactérien est représenté par neuf souches issues des phylogroupes 1 et 2, les plus répandus en vallée du Rhône, associés à la population présente sur les arbres ou l'environnement des vergers et présentant des niveaux de pathogénicité contrastés.

**La troisième partie** présente les résultats obtenus, sous la forme d'un article, soumis puis accepté dans la revue BMC Plant Biology : une analyse d'association (étude de la diversité naturelle de l'abricotier) qui permet d'identifier des gènes candidats à la résistance partielle au sein de la collection de 73 accessions.

**La quatrième partie** exploite les résultats obtenus par une analyse de liaison au sein de la descendance bi-parentale ainsi que les trois descendances interconnectées.

**La cinquième partie** présente l'étude des interactions Génotype abricotier x Génotype *P. syringae*, abordées à la fois sur boutures inoculées en laboratoire et rameaux inoculés en verger. L'analyse statistique d'un plan factoriel d'interactions entre vingt génotypes abricotier et les neuf souches de *P. syringae*, a permis de mettre en évidence l'importance primordiale de la souche dans la variabilité des symptômes étudiés.

**La sixième partie** propose une synthèse et une discussion des principaux résultats :

- Cette étude a permis d'identifier 27 QRLs, dont un QRL majeur situé sur le chromosome 3 propre au phénomène de mortalité de l'arbre.
- 20 régions génomiques ont été détectées, dont deux QRLs majeurs sur les chromosomes 5 et 6.
- Deux mécanismes de résistance sous-jacents aux QRLs sont postulés : l'un agirait de façon systémique au niveau de l'entrée de la bactérie, vraisemblablement les bourgeons, afin de bloquer l'infection – l'autre, de manière plus localisée en limitant la progression de la bactérie dans les tissus.
- Deux souches de *P. syringae* ressortent significativement plus agressives et présentent un pouvoir pathogène supérieur aux sept autres, toutes deux appartenant au phylogroupe 2.
- L'effet souche est prédominant face aux facteurs liés au génotype de l'abricotier.
- Les accessions du groupe d'Europe continentale, partiellement résistantes à *P. syringae*, présentent un grand intérêt comme géniteurs dans les programmes

d'introggression de la résistance au chancre bactérien, mais aussi du fait de leur proximité génétique avec les caractères d'auto-fertilité et de résistance à la sharka.

Des perspectives de recherches futures sont présentées afin d'approfondir la caractérisation de l'interaction plante ligneuse – *P. syringae* et des facteurs de risque au contournement des composantes de résistance identifiées.

L'architecture génétique de la résistance au chancre bactérien de l'abricotier repose sur un nombre limité de QRLs à effets majeurs complétés par des QRLs à faibles effets ; le pyramidage de l'ensemble de ces QRLs pourrait contrôler de manière durable la maladie.

La thèse de Mariem OMRANI, intégrée dans le prolongement d'un projet CASDAR, lui a permis de découvrir la pluridisciplinarité ainsi que l'importance de la valorisation de ses travaux par un article publié dans BMC Plant Biology, plusieurs communications, en particulier au PAG XXVI à San Diego en 2018. Elle a eu le mérite d'aborder un sujet très difficile à propos de la résistance partielle polygénique chez une espèce fruitière pérenne nécessitant des expériences en verger soumises aux aléas climatiques et au temps long de la réponse. Il faut souligner la qualité et la quantité de travail réalisé au cours de sa thèse. Les résultats obtenus contribuent à une meilleure compréhension des bases génétiques de la résistance à *P. syringae*, pouvant générer de nouveaux projets de création variétale chez l'abricotier, voire d'autres espèces de Prunus.

En conséquence, cette thèse qui dresse des perspectives en termes de recherche et de sélection, mérite que cette analyse figure sur le site de l'Académie d'agriculture de France, à titre de valorisation.

Mots-clés : Abricotier, *Pseudomonas syringae*, Quantitative Resistance Loci, durabilité des résistances, analyse de liaison, analyse d'association.

Publications à comité de lecture :

- Omrani, M., Roth, M., Roch, G., Blanc, A., Morris, C.E., Audergon, J.M., 2019. Genome-wide association multi-locus and multi-variate linear mixed models reveal two linked loci with major effects on partial resistance of apricot to bacterial canker', BMC Plant Biology, 19,31, <https://doi.org/10.1186/s12870-019-1631-3>
- Omrani, M., Confolent, C., Roth, M., Clauzel, G., Roch, G., Brun, L., Dalah, N., Lambert, P., Morris, CE., Audergon, JM., (finalisation en cours pour soumission à Tree Genetics and Genomes), Detecting QTLs involved in partial resistance of apricot to *Pseudomonas syringae* in biparental and interconnected progenies.