Approche intégrée de la sélection pour la résistance chez le pommier

Francois Laurens

IRHS Institut de Recherche en Horticulture et Semences

INRAE

l'institut Agro agriculture • alimentation • environnement

université angers

Angers, France

Webinaire SNHF: santé des plantes: ressources naturelles et biologie contemporaine ; 23 Nov 2020

Les programmes de sélection pour la créer de variétés « résistantes aux parasites » à l'IRHS-Angers

		Collaboration/Partenariat
Poirier	Porte-greffe	cep INNOVATION
	greffon-dessert	cep INNOVATION
Pommier	greffon-dessert	NOVADI
	greffon-Cidre	IFPC

Quelques caractéristiques du verger de pommier français

Faible nombre de variétés
(pour la plupart, sensibles aux principaux bioagresseurs)

Vergers à forte densité

2000 → 3500 arbres/ha

Coûts de Main d'œuvre élevés
Taille
Récolte

↗ traitements phytosanitaires

↗ éclaircissage

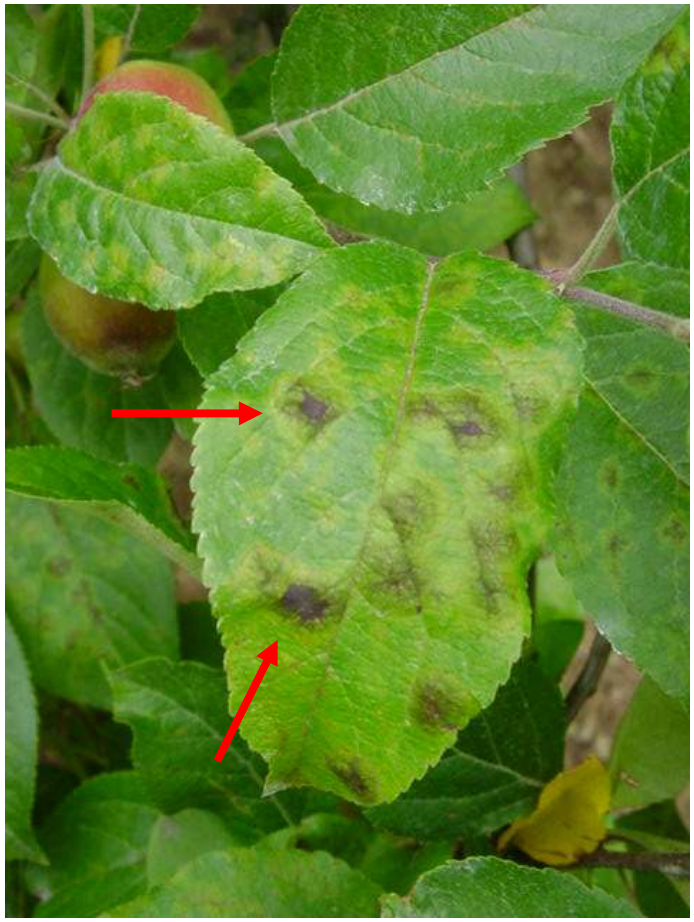
↗ fertilisation

Principaux objectifs du programme d'amélioration génétique du pommier à couteau

- **Production régulière et forte ("pack out")**
- **Excellente qualité organoleptique**
- **Résistance aux parasites (tavelure, oïdium, pucerons, chancres, …)**

et nouveaux challenges:
- changements climatiques
- nouvelles régulations phytosanitaires
- nouvelles attentes des consommateurs

Symptômes de tavelure (*Venturia inaequalis*)



Amélioration génétique pour la résistance à la tavelure

Les sources de résistance

-Résistance à déterminisme génétique simple (gène majeur) = résistance « spécifique »

-Résistance à déterminisme génétique complexe (QTL) = résistance « générale », « partielle »

Amélioration génétique pour la résistance à la tavelure

Introgression d'un gène majeur de résistance à la tavelure : Rvi6/V_f

Historique de l'amélioration génétique pour la résistance à la tavelure

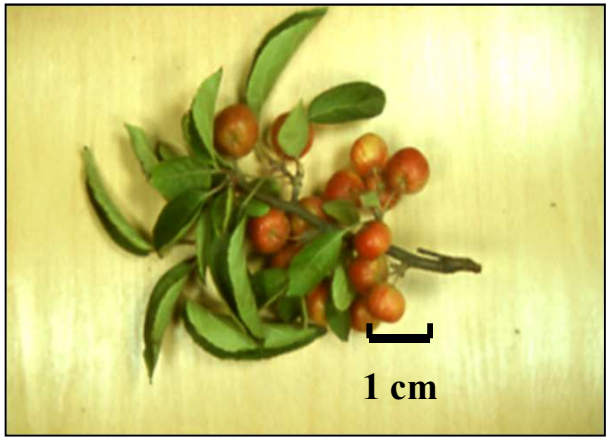
- ✓ *Vf:* **gène « majeur » issu de** ***Malus floribunda*** **821**
- ✓ **début 194… (Hough, US))**
- ✓ **à la base de (presque) tous les programmes de sélection pour la résistance à la tavelure**

INRAE

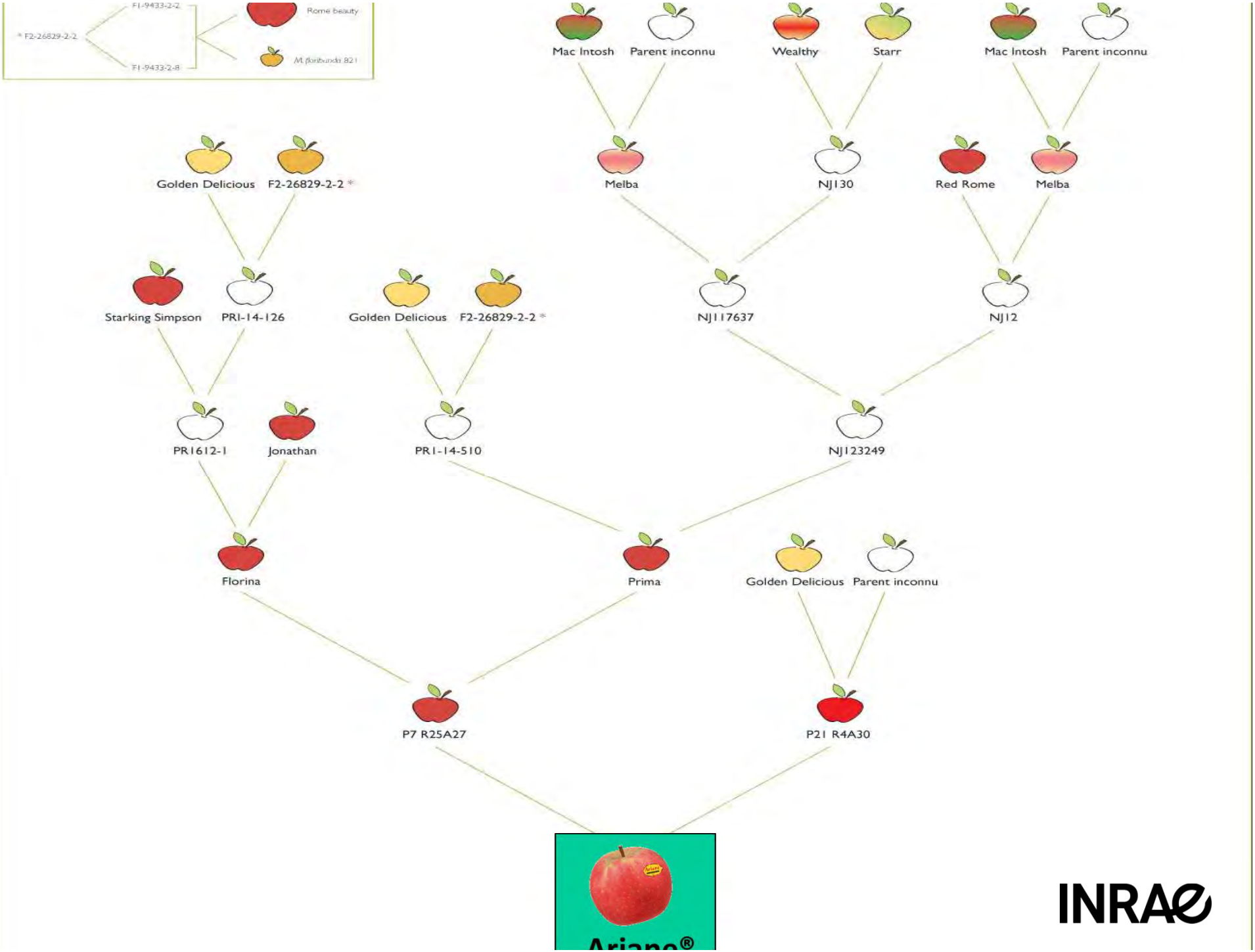
Généalogie des hybrides résistant à la tavelure

Rome Beauty x *M. floribunda (821)*

Rvi6/V_f



INRAE


F1-9433-2-2
* F2-26829-2-2
F1-9433-2-8
Rome beauty
M. floribunda 821
Mac Intosh
Parent inconnu
Wealthy
Starr
Mac Intosh
Parent inconnu
Golden Delicious
F2-26829-2-2 *
Melba
NJ130
Red Rome
Melba
Starking Simpson
PRI-14-126
Golden Delicious
F2-26829-2-2 *
NJ117637
NJ12
PR1612-1
Jonathan
PR1-14-510
NJ123249
Florina
Prima
Golden Delicious
Parent inconnu
P7 R25A27
P21 R4A30
Ariane®

INRAE

Evolution du partenariat INRA-profession dans le programme de création variétale pommier

1970 — 1982 — 1997

INRA

INRA-DL

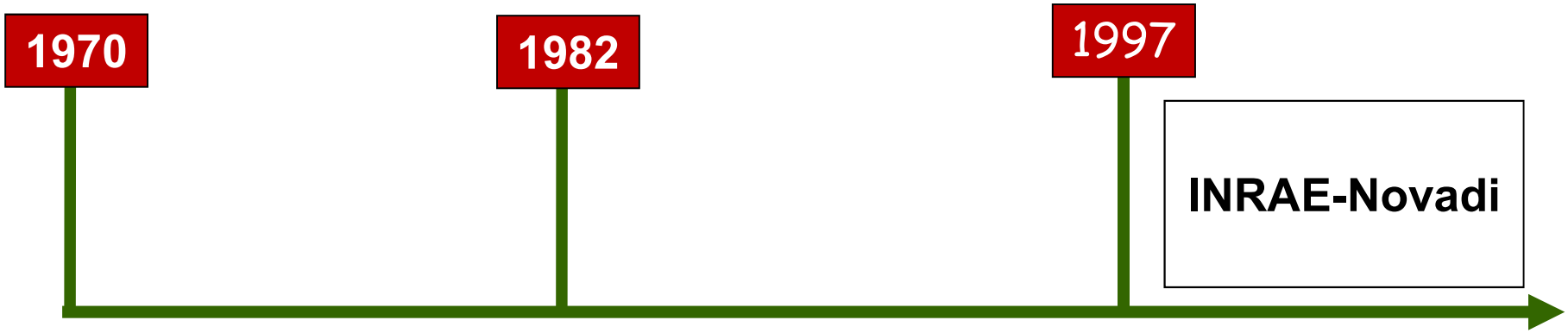
INRA- Du Valois

Ariane®

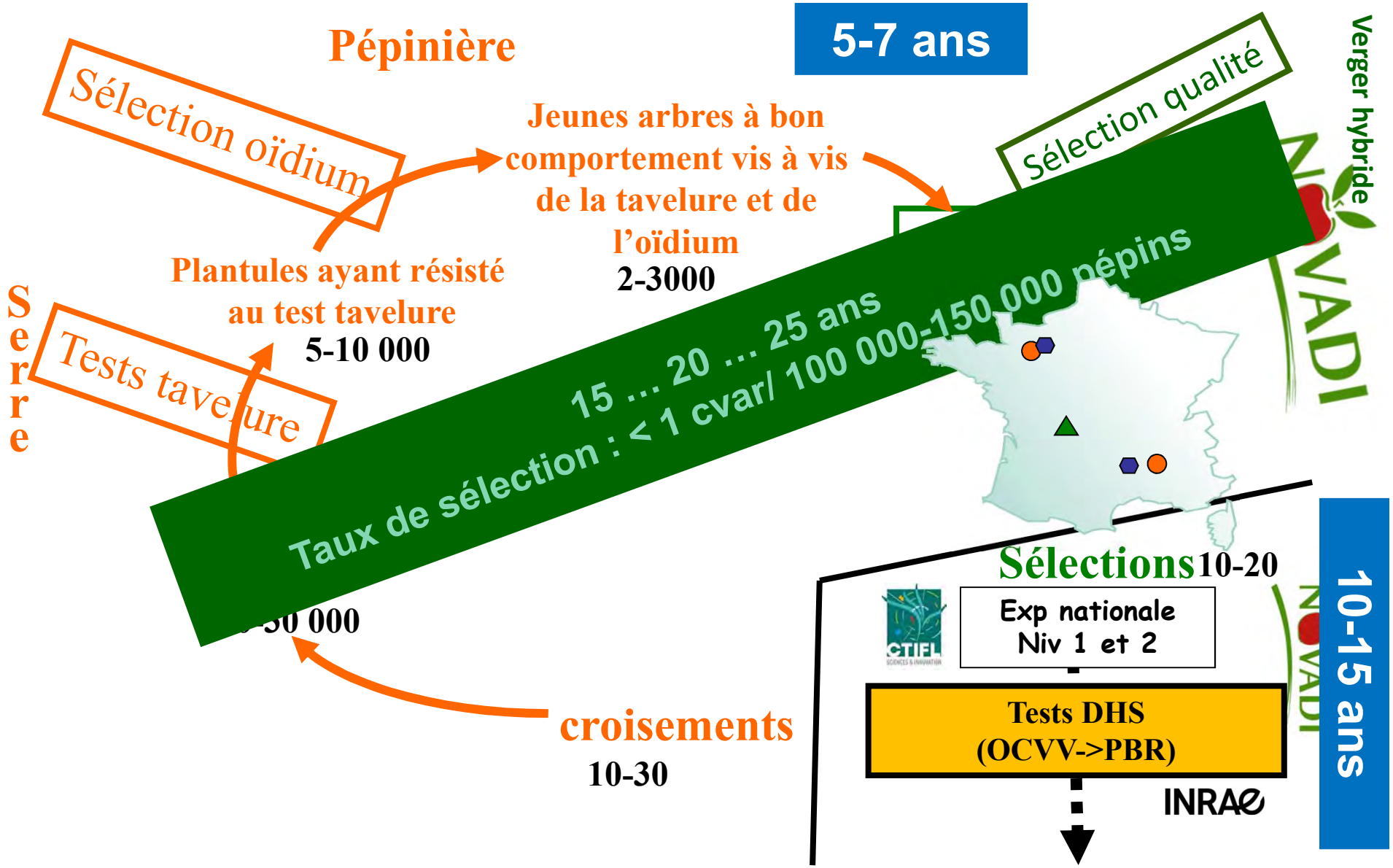
Dalinbel Antares®

Dalinred Choupette®

Evolution du partenariat INRAE-profession dans le programme de création variétale pommier



Programme de sélection INRAE-Novadi (1997- ….)



Story® Inored

INRAE

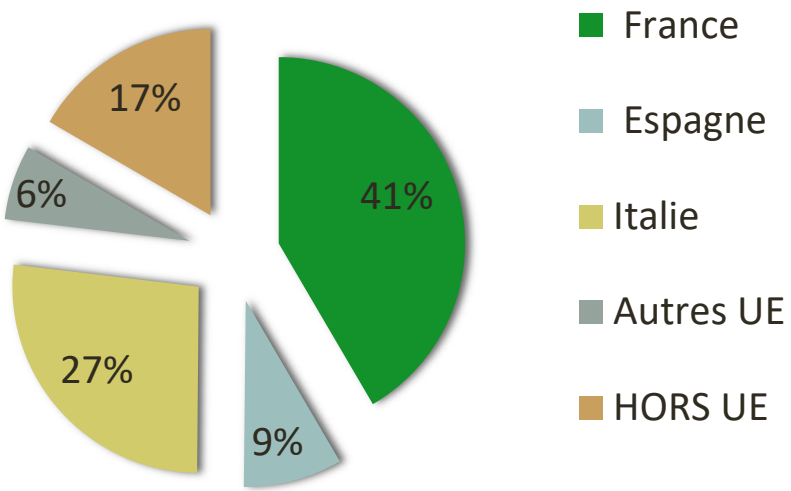
Mandy® Inolov

INRAE

Dévelopment

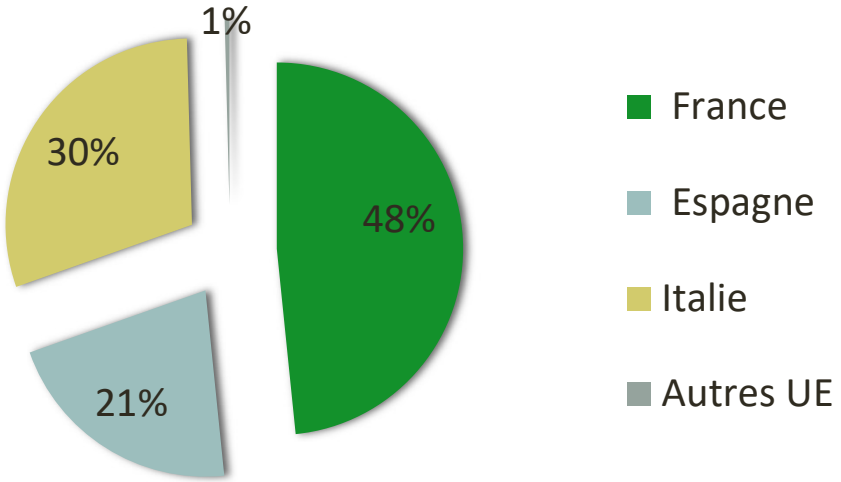
Ventes d'arbres de Story® Inored

Total 2012-2020 : >2 500 000 arbres



Ventes d'arbres de Mandy® Inolov

Total 2015-2020 : > 250 000 trees



INRAE

Bilan de la création variétale pour la résistance à la tavelure dans le monde

≈ toutes les équipes impliquées dans la créati d pommier s'intéressent à la résista ure

➔ très n des RVi6/V_f créés
Mais peu ont l nisantes pour devenir des variétés

ujourd'hui, seulement qqs variétés porteuses du gènes Vf/Rvi6 ont des niveaux significatifs de plantation

0,02% des surfaces mondiales en 2018

Mais ces variétés porteuses de gènes majeurs peuvent être contournées par des souches virulentes du parasite

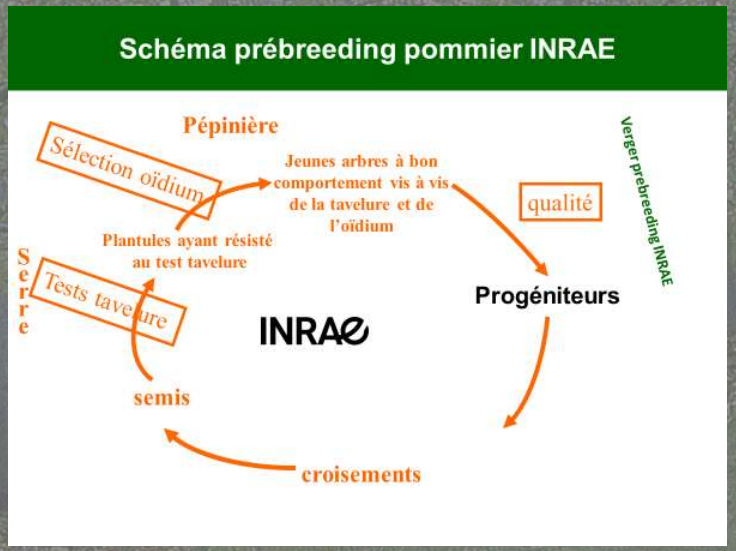
INRAE

Principales limites; développements en cours

- sources de résistance monogéniques (tavelure : V_f/R_{vi6}) susceptibles d'être contournées
  - Elargissement de la base génétique
  - Amélioration des connaissances génétiques sur la résistance
  - Cumul de sources de résistance => 'prébreeding'

Principales limites; développements en cours

- sources de résistance monogéniques (tavelure : V_f/R_{vi6}) susceptibles d'être contournées
  - Elargissement de la base génétique
  - Amélioration des connaissances génétiques sur la résistance
  - Cumul de sources de résistance => 'prébreeding'



Principales limites; développements en cours

- Sources de résistance monogéniques (tavelure : V_f/R_{Vi6}) susceptibles d'être contournées
  - Elargissement de la base génétique
  - Amélioration des connaissances génétiques sur la résistance
  - Cumul de sources de résistance => 'prébreeding'

- **Programmes d'amélioration longs et couteux**

⇒besoin d'outils et de méthodologie pour améliorer leur efficacité

- **Sélection assistée par marqueurs**
-

Amélioration génétique pour la résistance durable à la tavelure

stratégies :

-Cumul de gènes majeurs (Rvi1….12…)

-Association de gènes + QTLs

↓

Sélection assistée par marqueurs

Principales limites; développements en cours

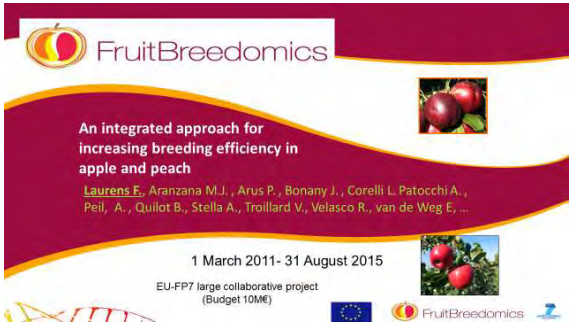
- Sources de résistance monogéniques (tavelure : V_f/R_{vi6}) susceptibles d'être contournées
  - Élargissement de la base génétique
  - Amélioration des connaissances génétiques sur la résistance
  - Cumul de sources de résistance => 'prébreeding'

- **Programmes d'amélioration longs et couteux**

⇒besoin d'outils et de méthodologie pour améliorer leur efficacité

- **Sélection assistée par marqueurs**
- **à moyen terme:**
  - **Sélection génomique**
  - **NBT**
  - **Phénotypage haut débit**

Principaux travaux en cours pour améliorer l'efficacité des programmes de sélection



I. Améliorer les outils de génotypage

II. Etudes et prise en compte de la diversité génétique

III. Etudes génétiques sur les principaux caractères agronomiques en se basant sur une large variabilité génétique

IV. Améliorer les méthodes de breeding et pré-breeding

I. Amélioration des outils de génotypage

…HiDRAS

RosBREED

FruitBreedomics

< 2007	2008-09	2010	2011	2012	2013	2014
SSRs	SNPs					
≈100	384		9 000		20 000	487 000

…

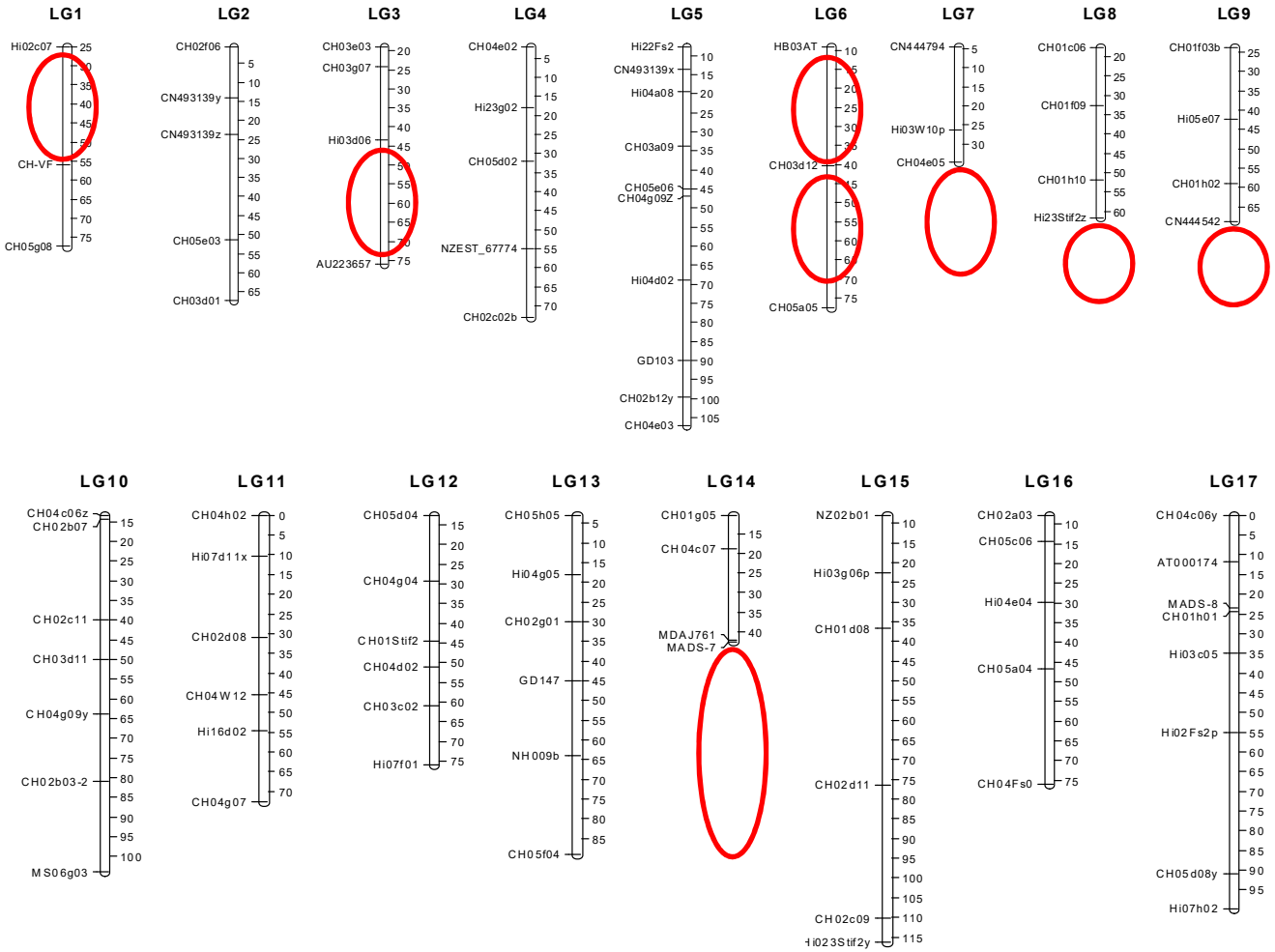
Velasco et al, 2010
1ère séquence pommier

Chagné et al, 2012

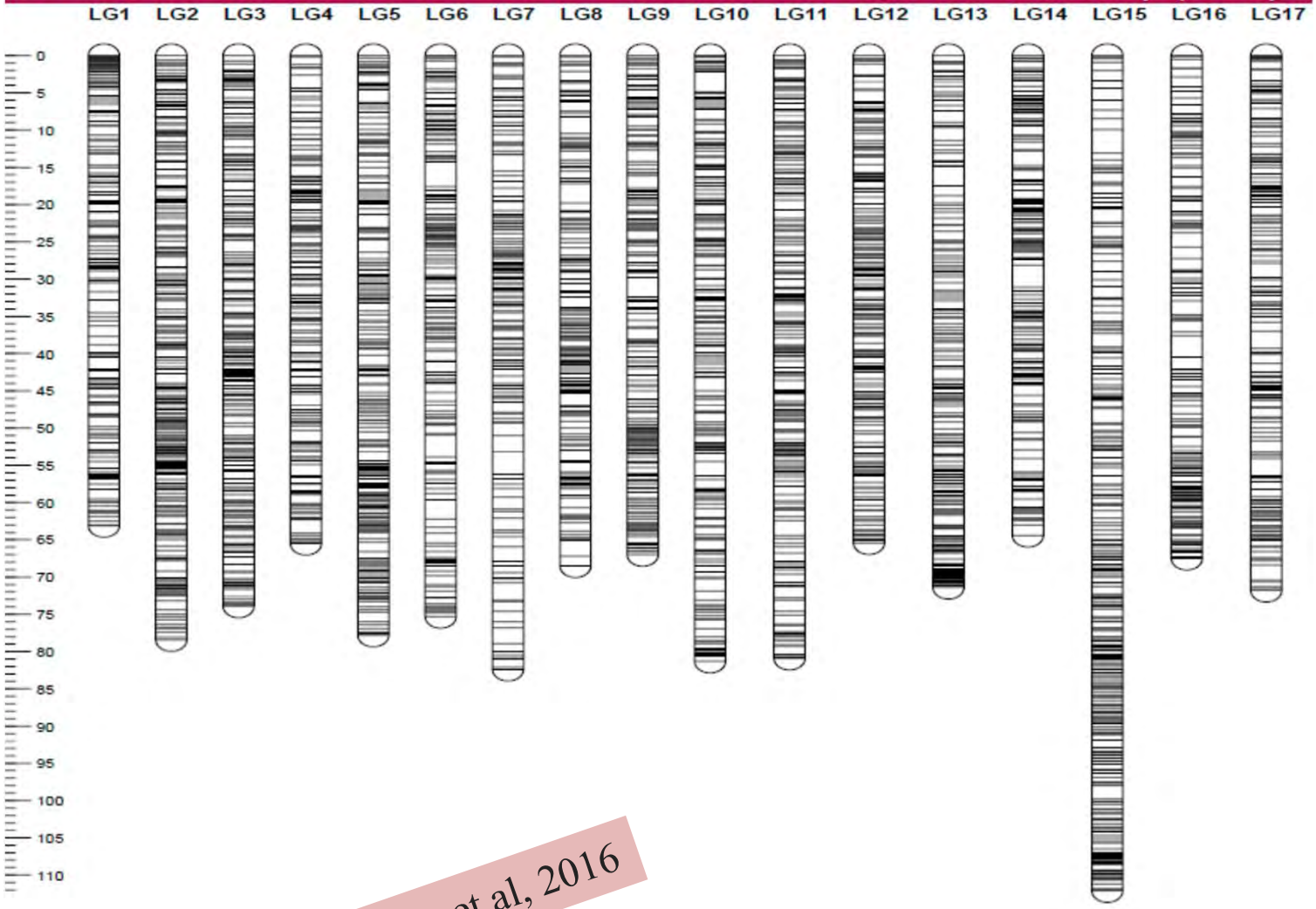
Bianco et al, 2014

Bianco et al, 2017

Une carte génétique du pommier, il y a ≈ 10 ans



HIGH DENSITY FPs GENETIC MAP *Join Map (V4.1)*



Di Pierro et al, 2016

IV. Améliorer les méthodes de breeding et pré-breeding

Sélection Assistée par Marqueurs (SAM)

Objectif : utiliser les marqueurs moléculaires pour remplacer une partie de la sélection phénotypique

↘ Coûts and ↗Efficacité

- **↘ durée**
- **↘ surface**
- **↗ qualité**

IV. Améliorer les méthodes de breeding et pré-breeding

Sélection Assistée par Marqueurs (SAM)

Quelques exemples de caractères et marqueurs q… être utilisés en SAM

SAM efficace pour la sélection de caractères à déterminisme simple

Peu/pas efficace pour les caractères complexes

⇒ Sélection génomique (Muranty et al, 2015)

Trait / Locus	marqueur
Res tavelure Rvi6=Vf (LG1)	R…
Res tavelure Rvi2=Vh2 (LG…	…(SNP)
Res oïdium Pl2…	…(SNP)
tex…	…G_FEM_LC…
…)	ACC…
…cS1 (LG15)	…_5 (SNP)
…quant (LG16)	…ness_SNP1 (ss475881704; SNP1 from RosBREED)
Acidité(LG16)	Acidity_SNP2 (ss475876558; SNP2 from RosBREED)

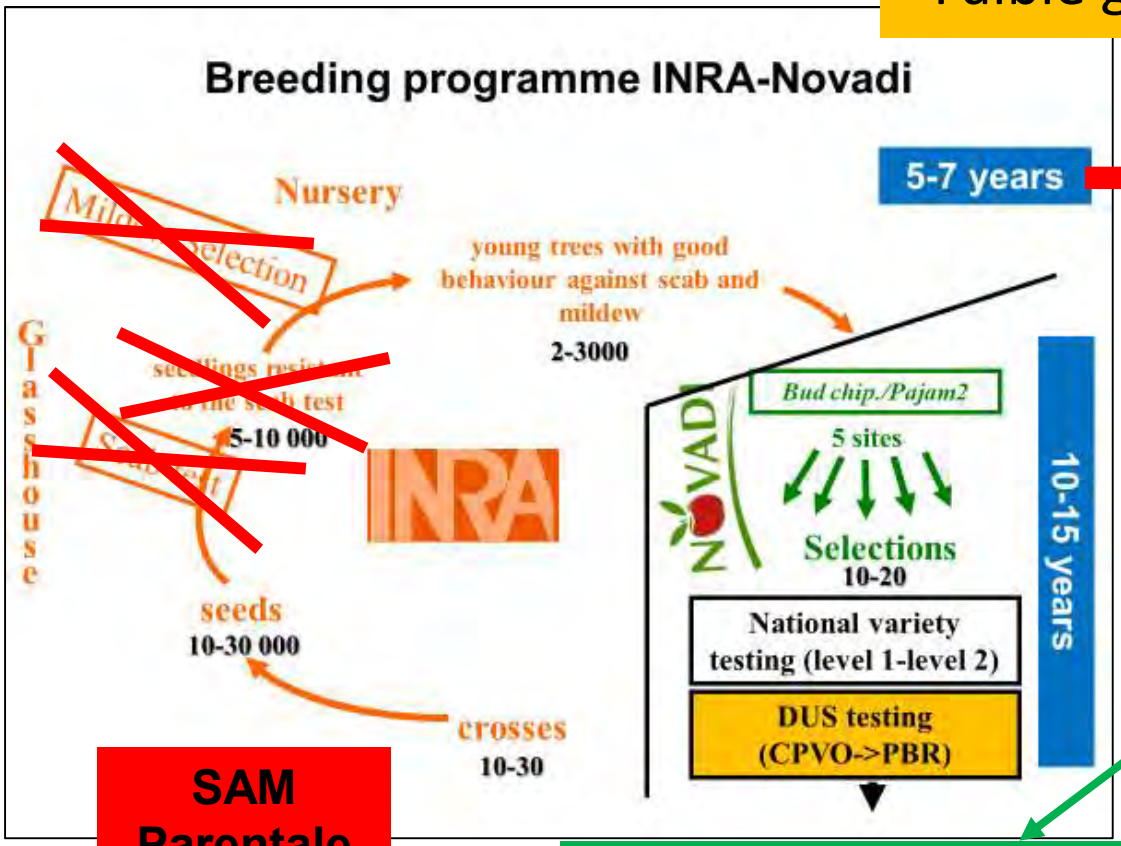
Jänsch et al 2015
Pagliarani et al, 2016
Baumgartner,et al, 2016

Programme d'amelioration génétique du pommier

Impacts des marqueurs moléculaires en breeding et en prebreeding

- ↗ efficacité
- Faible gain de temps

SAM
tavelure,
Oïdium,
Feu bact
…



< ≈2 y

=

SAM
Parentale

Prochaine étape: améliorer l'efficacité des tests variétaux

Perspectives

- **Création variétale**
  - Généralisation de la SAM ;
  - Dvt de la Sélection génomique
  - Dévt de nouvelles variétés multi-résistantes et porteuses de résistance durable

- **Recherche d'amont**
  - Exploitation de la diversité génétique, pedigree => haplotypage –équipe IRHS - ResPom
  - Combinaisons de méthodes de lutte (génétique x SDP x pratiques culturales, …) – équipe IRHS-ResPom
  - Explorations de nouvelles approches pour la sélection:
    - épigénétique (travail sur la couleur de l'épiderme de la pomme)- équipe IRHS Valema
    - Phénotypage- équipe IRHS ImorPhen

  - Meilleure prise en compte des interactions **génotype x Environnement x pratiques culturales** pour optimiser l'expérimentation des variétés

31st International Horticultural Congress

IHC 2022
INTERNATIONAL HORTICULTURAL CONGRESS
ANGERS – FRANCE
14 – 20 August 2022

Horticulture for a world in transition

3000 participants (formule « hybride »)
25 symposia
Recherche-Industrie-Education
Liens entre pays du Sud et du Nord

www.ihc2022.org