



HAL
open science

Combinaison gène majeur/QTL : quel intérêt pour la résistance du melon à *Aphis gossypii*

Sophie Thomas, Nathalie Boissot, Pascale Mistral, Virginie Chareyron, Flavie
Vanlerberghe-Masutti, Catherine Dogimont

► **To cite this version:**

Sophie Thomas, Nathalie Boissot, Pascale Mistral, Virginie Chareyron, Flavie Vanlerberghe-Masutti, et al.. Combinaison gène majeur/QTL : quel intérêt pour la résistance du melon à *Aphis gossypii*. Innovations Agronomiques, 2011, 15, pp.45-54. 10.17180/59je-e042 . hal-02643696

HAL Id: hal-02643696

<https://hal.inrae.fr/hal-02643696v1>

Submitted on 28 May 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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0
International License

Combinaison gène majeur/QTL : Quel intérêt pour la résistance du melon à *Aphis gossypii*?

Thomas S.* , Boissot N.* , Mistral P.* , Chareyron V.* , Vanlerberghe F.** , Dogimont C.*

*INRA, UR1052, Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes, B.P. 94, F-84143 Montfavet cedex

**INRA, CBGP, UMR1062, Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, Campus international de Baillarguet, CS 30016, 34988 Montferrier-sur-Lez cedex

Correspondance : Nathalie.Boissot@avignon.inra.fr

Résumé : *Aphis gossypii*, puceron ravageur majeur des cultures, est structuré en race d'hôtes. Huit marqueurs microsatellite ont permis d'identifier 21 génotypes multilocus (MLG) parmi les individus développant des colonies sur les Cucurbitacées. De nombreuses sources de résistance ont été identifiées chez le melon, la résistance est contrôlée par un gène majeur, *Vat*, et des loci à effet quantitatif (QTL). Nous avons construit des populations de melon combinant différemment ces loci dans un fond génétique homogène. Elles ont été cultivées en plein champ dans trois zones de production du melon présentant des populations de pucerons très contrastées. Sur la densité des populations, nous avons observé un effet significatif du gène *Vat* mais aucun effet des QTL. Parmi les 2596 pucerons collectés dans les essais, 102 MLG ont été identifiées, dont 54 une seule fois. Dix-neuf MLG ont été observés dans le Sud-est et le Sud-ouest ; seulement cinq MLG ont été observés aux Antilles (non identifiées en métropole). On n'observe pas d'effet significatif du gène *Vat* et des QTL sur l'indice de diversité de Shanon. Parmi 125 clones échantillonnés dans des colonies, nous avons identifié seulement 10 MLG dont 5 dans des clones échantillonnés sur des melons porteurs du gène *Vat*. L'effet du gène *Vat* et des QTL sur la diversité des populations serait restreint à la région Sud-est.

Mots-clés *Cucumis melo*, *Vat*, Puceron, Durabilité

Abstract: Combining major gene and QTL: potential for melon resistance to *Aphis gossypii*

The melon aphid, *Aphis gossypii*, is a major pest of many crops. Molecular markers have revealed a host race organization of the species and 8 microsatellite markers have allowed the identification of 21 multilocus genotypes (MLGs) among clones collected into colonies on Cucurbits. Aphid resistance have been identified in several melon accessions; it is controlled by a major gene, *Vat*, and some quantitative trait loci (QTLs). We built melon populations combining different loci of resistance, in a homogenous genetic background. They were cultivated in melon producing areas with contrasted aphid populations. Then, we showed a significant effect of the *Vat* gene on aphid density but non effect of the QTLs. One hundred and two MLGs were attributed to 2596 collected in trials, 54 MLGs were observed only once, five MLGs were only observed in the French West Indies, 19 MLGs were observed both in South eastern and South western France. Nevertheless, we did not observe a significant effect of the resistance loci on the diversity index of Shanon. Among clones collected into 125 colonies, we only identified 10 MLGs, five out of them were identified in clones collected on *Vat*-melon. The resistance loci might have an effect on the diversity of the South-eastern populations.

Keywords: *Cucumis melo*, *Vat*, Aphid, Durability

Introduction

Aphis gossypii est un puceron cosmopolite, très polyphage ; il a été observé sur 912 espèces de plantes appartenant à 116 familles (Inaizumi, 1980) mais possède une préférence pour les Cucurbitacées (melon, concombre, courgette), les Malvacées (cotonnier, Hibiscus) et les Rutacées (Citrus). On le rencontre dans les deux hémisphères, dans toutes les régions tempérées, subtropicales et tropicales à l'exception des zones désertiques. En Europe, son aire de répartition s'étend, au nord,

jusqu'au sud de la Scandinavie. Sa reproduction est principalement parthénogénétique (i.e. clonale), mais des morphes sexués ont été observés dans des zones septentrionales de son aire de répartition, en particulier en Italie (Ferrari and Nicoli, 1994) et dans le Nord-Est des Etats-Unis (Kring, 1959). De plus, des empreintes génétiques de reproduction sexuée ont été mises en évidence dans des populations du Sud et de l'Ouest de la France (Thomas, 2011; Thomas et al., 2009). *A. gossypii* est très dommageable en agriculture surtout dans les régions tempérées. L'espèce a été décrite à partir d'individus récoltés sur cotonnier, d'où son nom. Les Anglo-saxons l'appellent donc cotton aphid mais aussi melon aphid car il fait, aux États-Unis, d'importants dégâts sur la pastèque et le melon.

La diversité génétique de l'espèce a été étudiée principalement à l'aide de huit marqueurs microsatellites (SSR) qui permettent d'attribuer à chaque individu analysé un génotype multilocus (MLG). Une étude menée au niveau mondial, sur des populations ayant développé des colonies, a permis d'identifier 44 MLG parmi 3611 individus échantillonnés sur différentes espèces (Carletto et al., 2009). Ces 44 MLG se structurent en six clusters dont quatre correspondent à des races d'hôtes - Cucurbitacées, coton, piment et Solanum- et 2 groupes non définis. Une étude, menée en France métropolitaine et en Guadeloupe sur des cultures de melon, a révélé une diversité beaucoup plus large dans des populations migrantes de début de printemps (morphes ailés) avec 596 MLG identifiés (Kring, 1959; Thomas, 2011). En prenant en compte l'ensemble des données, 21 MLG ont été identifiés parmi des populations ayant développé des colonies sur des Cucurbitacées (Carletto et al., 2009; Lombaert et al., 2009; Thomas, 2011). Dix-neuf MLG se regroupent dans un cluster clairement déterminé dans lequel se trouve le MLG C9 présent dans toute l'aire de répartition d'*A. gossypii* (Figure 1). Le MLG NM1, retrouvé uniquement en France, se trouve génétiquement isolé des autres MLG observés sur Cucurbitacées.

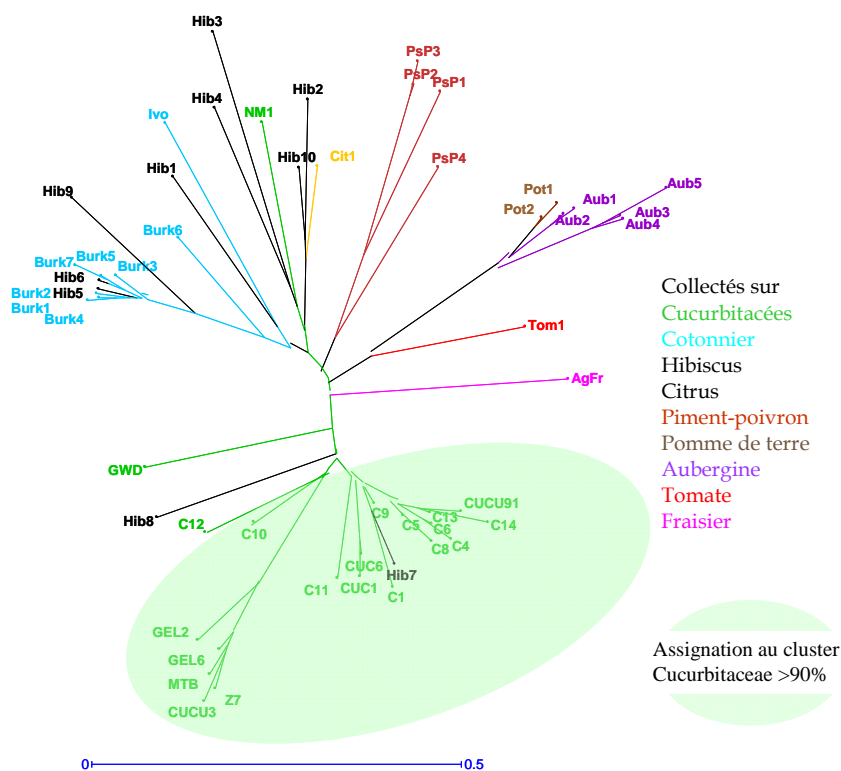


Figure 1 : Arbre de Neighbor-Joining basé sur la distance calculée à partir du nombre d'allèles partagés entre les 44 MLG d'*A. gossypii* décrits par (Carletto et al., 2009; Lombaert et al., 2009; Thomas, 2011) en fonction des plantes hôtes où ils ont été collectés et MLG assignés au cluster Cucurbitaceae par approche bayésienne

De nombreuses sources de résistances à *A. gossypii* ont été identifiées chez le melon; elles sont originaires aussi bien du Moyen-Orient que d'Europe ou d'Afrique (Boissot et al., 2008; Kishaba et al.,

1971; MacCarter and Habeck, 1974; Pitrat and Lecoq, 1980; Pitrat et al., 1988; Soria et al., 2000). Selon les populations de pucerons auxquelles elle est confrontée, l'efficacité de la résistance est variable. Dès 1971, (Kishaba et al., 1971) notaient que la résistance au biotype d'*A. gossypii* présent dans le Sud-Est des Etats-Unis était inefficace contre le biotype présent dans le Sud-Ouest ; (MacCarter and Habeck, 1974) ont observé que la résistance au biotype d'*A. gossypii* présent dans le Sud-Ouest des Etats-Unis était inefficace contre le biotype présent dans le Sud-Est. L'accession PI 161375, fortement résistante à un clone de MLG NM1, apparaît peu résistant à un clone espagnol (non identifié) et un clone de MLG C9 (Boissot et al., 2008; Soria et al., 2000). Par ailleurs, il existe une relation forte entre la diversité des MLG obtenus grâce à huit marqueurs SRR et le phénotype d'*A. gossypii* face aux résistances chez le melon (Thomas et al., 2011); ce résultat permet d'inférer des biotypes à partir de leur MLG établi en utilisant des marqueurs SSR.

L'hérédité de la résistance a été établie chez plusieurs accessions. Un gène majeur, *Vat*, confère la résistance à *A. gossypii*. Le locus *Vat* a été positionné sur le groupe de liaison V (Périn et al., 2002) puis cloné dans l'accession PI 161375 (Dogimont et al., 2008). Des études d'hérédité et de cartographie permettent de conclure que ce gène de résistance est présent dans les accessions PI 414723, Anso AL77, PI 164723, PI 482480 et 90625, avec différentes formes alléliques conférant la résistance à différents clones d'*A. gossypii* (Boissot et al., 2008; Dogimont et al., 2008; Klingler et al., 2001; Pitrat and Lecoq, 1988; Soria et al., 2003). Le gène *Vat* appartient à la famille de gène de résistance de type NBS-LRR (Dogimont et al., 2010). Il induit une fuite des pucerons et une réduction de leur potentiel biotique. Des gènes à effet mineur sont aussi impliqués dans la résistance. Dans les accessions PI 164320 et PI 414723 leur rôle dans la résistance a été suggéré par (Kishaba et al., 1976; MacCarter and Habeck, 1974). Plusieurs gènes de résistance partielle (appelés QTL) à effets additifs ou épistatiques impliqués dans la fuite des pucerons et dans la réduction de leur potentiel biotique ont été détectés et localisés sur le génome (Boissot et al., 2010). Deux QTL à effet additif, localisés sur le groupe de liaison IX, et un couple de QTL à effet épistatique, localisés sur les groupes de liaison VII et XI, sont impliqués dans la fuite des pucerons. L'effet de ces QTL a été validé dans des populations différentes de celles utilisées pour leur cartographie. Un QTL à effet additif, localisé sur le groupe de liaison IV et un couple de QTL à effet épistatique, localisé sur les groupes de liaison VII et XII, induisent un allongement de la durée du développement larvaire, ayant pour conséquence une réduction du potentiel biotique.

La résistance conférée par le gène *Vat*, est largement utilisée dans les variétés cultivées. La moitié des nouvelles variétés de type Charentais inscrites chaque année au Catalogue français des Obtentions Variétales possèdent la résistance. Cette résistance est principalement déployée dans le Sud-est de la France où 80 % des hybrides cultivés sous serre possèdent la résistance. Et par conséquent la résistance exerce une pression de sélection sur les populations d'*A. gossypii* à une échelle régionale. On peut craindre, de la même manière que des populations de pucerons résistantes aux insecticides ont été sélectionnées par l'usage intensif de certains aphicides, que des pucerons capables de surmonter la résistance chez le melon se développent. En effet, depuis quelques années, des foyers d'*A. gossypii* capables de se développer sur des variétés de melon porteuses du gène *Vat* ont été observés chez des agriculteurs (Lombaert et al., 2009). Le travail présenté ici a pour objectif de préciser les stratégies d'utilisation de la résistance conférée par le gène *Vat* afin de lutter contre son contournement, en y associant des QTL. La stratégie a été 1) de construire des combinaisons de génotype de melon associant le gène *Vat* et des QTL dans des fonds génétiques homogènes et 2) de mesurer la pression de sélection que le gène *Vat* et les QTL exercent sur les populations d'*A. gossypii* dans trois bassins de production du melon : le Sud-est, le Sud-ouest et les Antilles en utilisant les combinaisons de résistance construites.

1- Construction de populations de melon combinant le locus *Vat* et différents QTL dans un fond génétique homogène

Parmi les QTL de résistance à *A. gossypii* identifiés, nous avons retenu pour cette étude ceux qui induisent une fuite des pucerons. En effet, ce type de résistance agit *a priori* au stade précoce de l'infestation, sur les populations ailées qui visitent les cultures. Ce type de résistance devrait permettre *in situ* de réduire la taille des populations impliquées dans le processus de colonisation des cultures.

Notre stratégie a été de créer différentes combinaisons de loci de résistance dans un fond génétique homogène au niveau populationnel par l'obtention d'un fond génétique hétérozygote. Cinq loci impliqués dans la fuite des pucerons de MLG NM1 ou C9, dont le locus *Vat*, ségrégent dans une population de lignées recombinantes (RIL) issues du croisement Védrantais x PI 161375 (Boissot et al., 2010). Sur la base de la composition allélique des marqueurs les plus proches des cinq loci retenus (5 à 15 cM), nous avons sélectionné 70 RIL. Ces RIL ont été divisées en deux familles, la première famille comprend les RIL sélectionnées sur la base des loci qui affectent les pucerons de MLG NM1, la deuxième famille comprend les RIL sélectionnées sur la base des loci qui affectent les pucerons de MLG C9 (Tableau 1). Pour chacune des familles, les RIL se répartissent en trois groupes de combinaison génétique de résistance : 1) les RIL portant les allèles de résistance au locus *Vat* et aux QTL, 2) les RIL portant l'allèle de résistance au locus *Vat* et les allèles de sensibilité aux QTL et 3) les RIL portant l'allèle de sensibilité au locus *Vat* et les allèles de résistance aux QTL.

Tableau 1 Comportement de fuite des clones NM1-lab (MLG NM1) et 4-104 (MLG C9) d'*A. gossypii* - adultes restants 48h après l'infestation par 10 adultes- sur 6 populations combinant le gène *Vat* et des QTL de résistance.

Famille Combinaison	Allèle de résistance au locus ^y				Fuite de 2 clones d' <i>A. gossypii</i>	
	<i>Vat</i>	<i>AgA</i> - <i>IX. 1^m</i>	<i>AgA</i> - <i>VII. 1-XI. 1^m</i>	<i>AgA</i> - <i>IX. 2ⁿ</i>	NM1-lab	4-104
I <i>Vat</i> QTL	R	R	R	H	3.8 ^a	4.6 ^a
<i>Vat</i> -	R	S	S	H	5.0 ^b	5.8 ^b
-QTL	S	R	R	H	8.4 ^c	6.7 ^c
II <i>Vat</i> QTL	R	H	H	R	2.6 ^a	3.1 ^a
<i>Vat</i> -	R	H	H	S	3.7 ^b	3.9 ^a
-QTL	S	H	H	R	6.7 ^c	6.9 ^b

^l Détecté pour les deux clones

^m QTL seulement détecté avec le clone NM1-lab

ⁿ QTL seulement détecté avec le clone 4-104

^y R: homozygote pour l'allèle de résistance, H: soit homozygote (allèles R ou S) soit hétérozygote, S homozygote pour l'allèle de sensibilité

Afin d'homogénéiser le fond génétique entre les 3 groupes d'une même famille et d'obtenir des génotypes cultivables en plein champ (ce qui est difficile pour certaines RIL), nous avons intercroisé les RIL appartenant à un même groupe puis constitué une population par groupe - appelée dans la suite du texte combinaison de résistance - en mélangeant un nombre égal de graines provenant de chaque RIL. La fuite des pucerons a été évaluée en laboratoire sur les six combinaisons créées (Tableau 1). Pour ce caractère, les combinaisons de la famille I se classent '*Vat*QTL' > '*Vat*-' > '-QTL' pour les clones de MLG NM1 et C9, celles de la famille II se classent '*Vat*QTL' > '*Vat*-' > '-QTL' pour le clone de MLG NM1 et '*Vat*QTL' = '*Vat*-' > '-QTL' pour le clone de MLG C9.

Afin de vérifier l'homogénéité du fond génétique entre les combinaisons d'une même famille, nous avons calculé le taux théorique d'hétérozygotie moyen dans chacune des six combinaisons. Dans un groupe de RIL utilisées pour fabriquer une combinaison, au marqueur i , l'allèle PI 161375 a une probabilité p_i , l'allèle Védrantais a une probabilité q_i tel que $p_i + q_i = 1$. L'hétérozygotie attendue dans la combinaison au marqueur i est $H_i = 2p_iq_i$. Quand $p_i = q_i = 0,5$ dans le groupe de RIL constitutives d'une , l'hétérozygotie attendue dans la combinaison dérivée est maximum ($H_i = 0,5$), c'est à dire que 50% des plantes sont hétérozygotes au marqueur i et 25% des plantes sont homozygotes pour chaque allèle, au marqueur i les combinaisons sont génétiquement homogènes lorsque $H_i=0,5$ dans chaque combinaison. Nous avons calculé les H_i à plus de 100 marqueurs pour les trois combinaisons de la famille I et à plus de 200 marqueurs pour les combinaisons de la famille II, ils sont présentés dans la Figure 2. H_i est supérieur à 0,4 pour environ 70% des marqueurs des combinaisons de la famille I et pour 80% des marqueurs des combinaisons de la famille II. $H_i = 0$ à moins de 7% des marqueurs quelle que soit la combinaison considérée; ces marqueurs sont localisés au voisinage des cinq loci sélectionnés pour leur implication dans la résistance (et donc homozygotes dans les combinaisons créées). Ces résultats montrent que l'homogénéité entre les combinaisons d'une même famille, populations créées en un seul croisement, est équivalente à l'homogénéité attendue entre une lignée porteuse d'un caractère sélectionné et une lignée récurrente après 5 à 6 rétro-croisements.

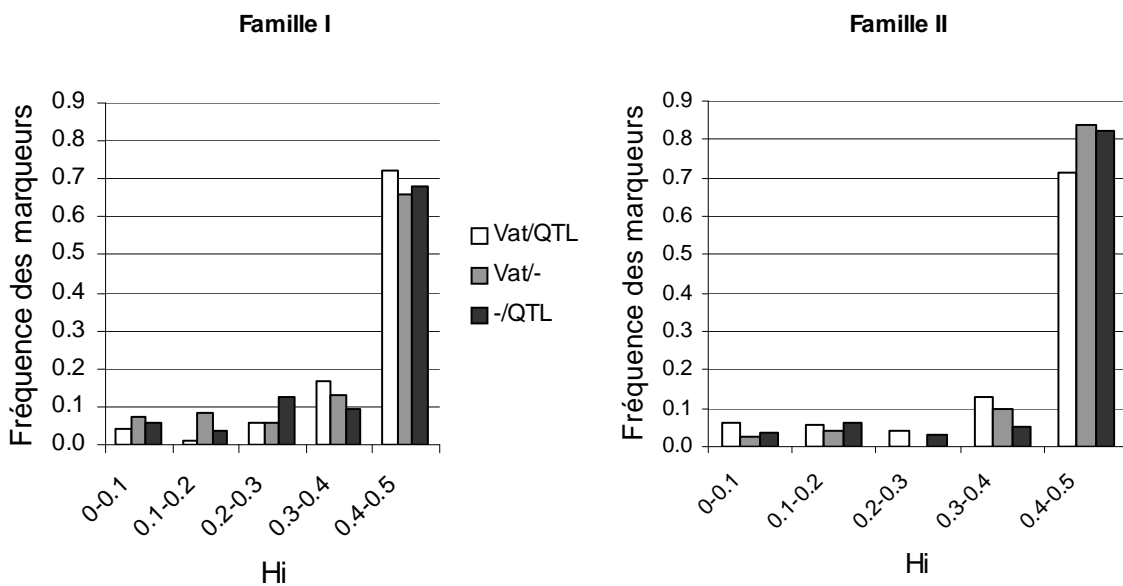


Figure 2 : Fréquence théorique des marqueurs avec différents taux d'hétérozygotie (H_i) dans les combinaisons de résistance à *A. gossypii* construites (combinaison du gène majeur *Vat* et de QTL)

Ces combinaisons sont constituées d'un mélange d'hybrides F1 (entre RIL dérivant d'un même croisement), elles ont un développement végétatif relativement homogène. Elles ont été étudiées *in situ* pour leur effet sur la densité des populations de pucerons et sur la diversité de ces populations.

2- Evaluation des combinaisons de résistance à *A. gossypii* chez le melon dans différents bassins de production

Les combinaisons de résistance ont été cultivées dans 10 essais en plein champ dans trois zones de production du melon : le Sud-est, le Sud-ouest et les Antilles. Les caractéristiques climatiques de ces régions et la diversité des populations ailées qui visitent les cultures de melon sont indiquées dans le Tableau 2. Les populations ailées présentent une très forte diversité dans le Sud-est et le Sud-ouest alors que leur diversité est faible aux Antilles. Les populations présentes dans chacune des régions sont très différentes les unes des autres. Par contre, les populations infestant les parcelles d'un même bassin de production sont très proches (Thomas et al., 2011). Les conséquences de ces résultats sur la durabilité des résistances sont les suivantes : i) la diversité disponible pour contourner les résistances est plus large en France métropolitaine qu'aux Antilles, ii) la diversité des populations étant structurée en fonction des bassins de production, il faudra probablement raisonner la durabilité des résistances en fonction des bassins de production.

Tableau 2 : Caractéristiques des zones de production : Températures pendant les mois les plus chauds et les plus frais, diversité des populations ailées d'*A. gossypii* visitant les cultures de melon

Régions	Localités	Températures	^a Diversité (<i>V</i>) des populations
Sud-Est	Aramon	2-10°C	[0.78-0.86]
	Saint-Andiol	18-31°C	[0.85-0.91]
Sud-Ouest	Moissac	2-9°C	[0.67-0.84]
		15-27°C	
Antilles	Petit-Canal	21-28°C	[0.09-0.22]
		24-31°C	

^a D'après Thomas *et al.* soumis, *V* est un index qui décrit la répartition et la quantité relative de clones, *V* varie entre 0 (pas de diversité) et 1 (tous les individus génétiquement différents).

Les cultures de melon sont colonisées par des formes aptères. Nous avons observé une diversité réduite dans les populations aptères en comparaison avec les populations ailées (Thomas, 2011). Cette réduction de la diversité entre les deux types de populations est principalement due à la sélection par la plante hôte, et seuls les individus ailés ayant un MLG adapté aux Cucurbitacées auront une descendance dans les populations aptères. Au final, parmi la diversité présente dans les populations ailées, seule une partie des individus peut potentiellement se développer sur les cultures de melon, et c'est ce sous-échantillon qui contient la diversité dans laquelle peuvent être sélectionnés des individus contournant la résistance. Nous estimons que parmi les populations ailées, 70% à 90% des individus sont *a priori* capables de coloniser les cultures de melon (Thomas, 2011).

Deux paramètres ont été mesurés sur les populations aptères présentes sur les différentes combinaisons de résistance : la densité et la diversité génétique des pucerons *A. gossypii*. L'effet du locus *Vat* ou des QTL a été étudié en considérant chaque essai, d'un point de vue statistique, comme un évaluateur des paramètres (densité et diversité). Pour chaque paramètre, la concordance des rangs des combinaisons de résistance entre évaluateurs (=essais) est évaluée par le test de Kendall (Kendall, 1955) avec *W* qui varie entre 0 (aucune concordance entre les notes données par les évaluateurs) et 1 (concordance totale entre les évaluateurs). L'effet du gène *Vat* a été estimé en comparant les rangs des

combinaisons d'une même famille *Vat*/QTL vs *-*/QTL car elles diffèrent uniquement par leur allèle au locus *Vat*. L'effet des QTL a été estimé en comparant les combinaisons d'une même famille *Vat*/QTL vs *Vat*- car elles diffèrent uniquement par leurs allèles aux QTL.

2-1- Effet des loci de résistance sur la densité des populations

La densité des populations de pucerons sur les différentes combinaisons de résistance est présentée dans la Figure 3. Les niveaux de populations sont extrêmement variables, d'une part, d'une année sur l'autre et, d'autre part, d'un bassin de production à un autre (547 pucerons/m² à Moissac en 2008 et 694 000 pucerons/m² à Saint-Andiol en 2009). Quelles que soient la localité ou l'année considérée, les plus fortes densités de pucerons ont été observées sur les combinaisons avec l'allèle de sensibilité au locus *Vat* (*-*/QTL). On observe un effet significatif du gène *Vat* sur la densité des populations ($W=1$, i.e. les densités de populations sont toujours plus faibles sur les combinaisons *Vat*/QTL que sur les combinaisons *-*/QTL ($p=0.02$). En revanche, on n'observe aucun effet des QTL sur la densité des populations ($W=0$, $p=1$).

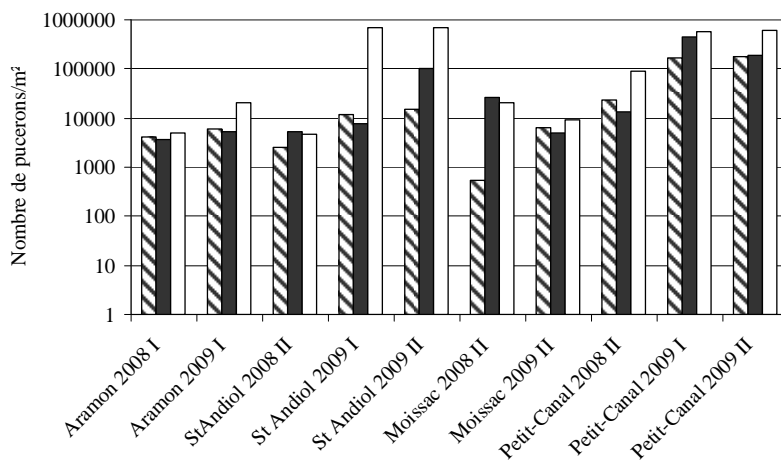


Figure 3: Densité des populations de pucerons (aires sous la courbe du nombre de pucerons/m² pendant toute la culture) sur melon portant différentes combinaisons de résistance : en zébré les combinaisons *Vat*/QTL, en noir les combinaisons *Vat*/-, en blanc les combinaisons *-*/QTL.

2-2 Effet des loci de résistance sur la diversité des populations

Dans les essais conduits, nous avons collecté 2596 pucerons aptères et identifié 103 allèles et 102 MLG parmi ces individus à l'aide de huit marqueurs SSR. Cinquante-quatre MLG n'ont été observés qu'une seule fois. Dix-neuf MLG ont été observés dans le Sud-est et le Sud-ouest dont neuf les deux années d'échantillonnage. Seulement cinq MLG ont été observés aux Antilles, avec un MLG dominant (90% des individus), nommé GWD. Les cinq MLG observés aux Antilles n'ont pas été observés en métropole.

La diversité clonale des populations de pucerons échantillonnées sur les différentes combinaisons de résistance est présentée dans la Figure 4. On n'observe aucun effet du gène *Vat* et des QTL sur la diversité des populations quand on considère tous les lieux d'expérimentation ($W=0$, $p=1$ quand on compare *Vat*/QTL vs *-*/QTL et *Vat*/QTL vs *Vat*-). Cependant, quand on considère uniquement les cinq expérimentations menées dans le Sud-est, on observe une bonne concordance entre les résultats pour les paires *Vat*/QTL vs *-*/QTL et *Vat*/QTL vs *Vat*- ($W=0,36$). Cette corrélation n'est pas significative ($p=0,18$) à cause du manque de puissance statistique et cette tendance mériterait d'être confirmée dans

des essais complémentaires. Pour 4 des 5 expérimentations considérées, le gène *Vat* et les QTL ont un effet de réduction de la diversité.

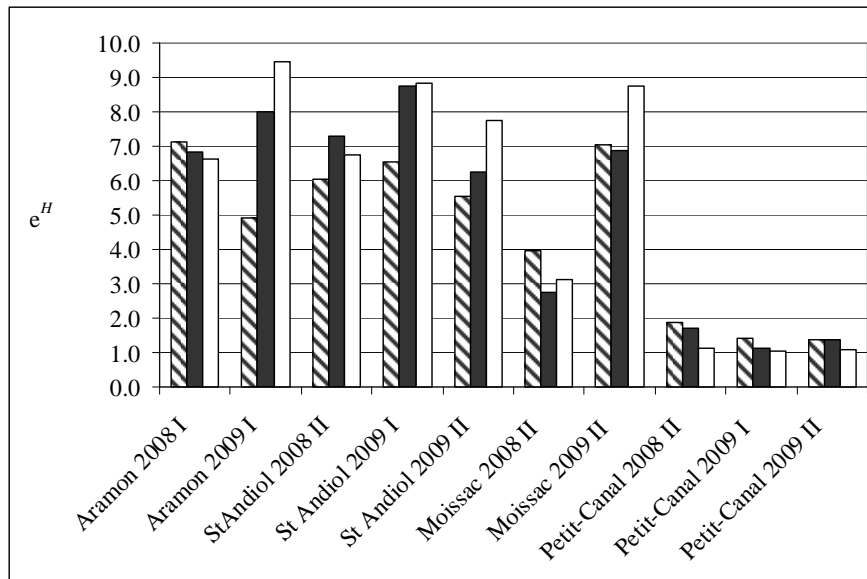


Figure 4 : Diversité génétique d'*A. gossypii* (e^H Index de Shanon pouvant varier de 1 à 40) sur melon portant différentes combinaisons de résistance : en zébré les combinaisons *Va//QTL*, en noir les combinaisons *Vat*-, en blanc les combinaisons -/QTL.

Dans les 125 colonies de puceron observées dans cette étude (une colonie dérive d'une seule femelle fondatrice et comprend des centaines d'individus ayant le même MLG), nous avons identifié seulement 10 MLG. Cinq MLG ont été identifiés dans des colonies sur les combinaisons de résistance *Va//QTL* ou *Vat*-, dont deux aux Antilles. Cinq MLG (dont NM1 et C9) n'ont été observés que dans des colonies sur les combinaisons de résistance -/QTL, suggérant que ces MLG ne sont pas capables de développer des colonies sur les melons porteurs du gène *Vat*.

Conclusions

Ces travaux ont mis en évidence une très large diversité chez *A. gossypii*. Cependant l'espèce hôte, le melon dans notre étude, exerce une très forte sélection sur cette diversité et au final nous n'avons observé qu'une centaine de MLG dans les populations aptères. Le potentiel adaptatif de cette diversité reste à mieux caractériser. En effet, la diversité génétique est très fortement réduite au cours de la phase de développement des colonies : nous avons identifié seulement 10 MLG dans les colonies, cette réduction drastique de la diversité pourrait être due à des effets de fondation et/ou à une moindre adaptation de certains MLG au melon.

Nous avons abordé la mesure de la pression de sélection exercée par différents loci de résistance sur les populations d'*A. gossypii*. L'effet du gène majeur *Vat* est très marqué sur la **densité des populations** alors que l'effet des QTL apparaît nul sur la densité des populations. La structuration régionale des populations d'*A. gossypii* a des conséquences sur l'efficacité des loci de résistance. Aux Antilles, bien que la densité des populations soit réduite en présence du gène *Vat*, nous avons observé de très nombreux foyers sur les combinaisons *Va//QTL* et *Vat*-, indiquant un contournement de ce gène combiné ou non à des QTL. Ce contournement de la résistance au puceron a été confirmé par des tests en laboratoire pour le MLG GWD (Thomas, 2011). Au final, les QTL retenus dans cette étude n'ont pas d'intérêt pour améliorer l'efficacité de la résistance. Nous disposons à ce jour d'un jeu de données trop réduit pour tirer des conclusions définitives sur les effets des différents loci de résistance sur la **diversité des populations** d'*A. gossypii*. L'effet du gène *Vat* et des QTL sur la diversité des

populations serait restreint à la région Sud-est. Il serait surtout dû à une réduction de la fréquence des MLG de type NM1 ou proche de NM1. Etant donné que le MLG NM1 n'est présent qu'en France, et qu'il est fréquent surtout dans le Sud-est, l'effet local de *Vat* et des QTL sur la diversité s'expliquerait par l'effet plus fort de ces loci sur le MLG NM1 que sur les autres MLG. Les conséquences de la réduction de la diversité sur le risque de développement de clones contournants reste à analyser.

Remerciements

Ces travaux, soutenus par le Ministère de l'Agriculture (Convention n° C06/02), ont été conduits en collaboration avec une unité expérimentale de l'INRA en Guadeloupe, le Centre d'Expérimentation des Fruits et Légumes et les sociétés Gautier, Rijk Zwaan, ASL, Takii, et De Ruiter; nous les remercions pour leur assistance technique. Sophie Thomas a reçu une bourse de thèse de l'INRA et de la Région Provence-Alpes-Côte d'Azur.

Références bibliographiques

- Boissot N., Mistral P., Chareyron V., Dogimont C. (2008) A new view on aphid resistance in melon: The role of *A. gossypii* variability, in: M. Pitrat (Ed.), Cucurbitaceae 2008, IXth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae, INRA, Avignon, France. pp. 163-171.
- Boissot N., Thomas S., Sauvion N., Marchal C., Pavis C., Dogimont C. (2010) Mapping and validation of QTLs for resistance to aphids and whiteflies in melon. *Theoretical and Applied Genetics* 121:117-125 DOI: 10.1007/s00122-010-1287-8.
- Carletto J., Lombaert E., Chavigny P., Brevault T., Lapchin L., Vanlerberghe-Masutti F. (2009) Ecological specialization of the aphid *Aphis gossypii* Glover on cultivated host plants. *Molecular Ecology* 18:2198-2212.
- Dogimont C., Bendahmane A., Chovelon V., Boissot N. (2010) Aphid resistance in cultivated crops: genetic and molecular bases and interaction with aphid populations. *Comptes Rendus de Biologies* 333:566-576.
- Dogimont C., Chovelon V., Tual S., Boissot N., Rittener V., Giovinazzo N., Bendahmane A. (2008) Molecular diversity at the *Vat/Pm-W* resistance locus in melon, in: M. Pitrat (Ed.), Cucurbitaceae 2008, Proceedings of the IXth EUCARPIA meeting on genetics and breeding of Cucurbitaceae, INRA, Avignon, France. pp. 219-227.
- Ferrari R., Nicoli G. (1994) Life cycle and natural enemies of *Aphis gossypii* Glover: first observations. *Informatore Fitopatologico* 44:59-62.
- Inaizumi M. (1980) Studies on the life cycle and polymorphism of *Aphis Gossypii* Glover (Homoptera, Aphididae) Special Bulletin of the College of Agriculture, Utsunomiya University.
- Kendall M. (1955) Rank Correlation Methods Charles Griffin and Company, London, UK.
- Kishaba A.N., Bohn G.W., Toba H.H. (1971) Resistance to *Aphis gossypii* in muskmelon. *Journal of Economic Entomology* 64:935-937.
- Kishaba A.N., Bohn G.W., Toba H.H. (1976) Genetic aspects of antibiosis to *Aphis gossypii* in *Cucumis melo* from India. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 101:557-561.
- Klingler J., Kovalski I., Silberstein L., Thompson G., Perl-Treves R. (2001) Mapping of cotton-melon aphid resistance in melon. *Journal of American Society of Horticultural Science* 126:56-63.
- Kring J.B. (1959) The life cycle of the melon aphid, *Aphis gossypii* glover, an example of facultative migration. *Ann. Entomol. Soc. Am.* 52:284-286.
- Lombaert E., Carletto J., Piotte C., Fauvergue X., Lecoq H., Vanlerberghe-Masutti F., Lapchin L. (2009) Response of the melon aphid, *Aphis gossypii*, to host-plant resistance:

- evidence for high adaptative potential despite low genetic variability. *Entomologia experimentalis et applicata* 133:46-56.
- MacCarter L.E., Habeck D.H. (1974) Melon aphid resistance in *Cucumis spp.* *Florida Entomologist* 57:195-204.
- Périn C., Hagen L., De Conto V., Katzir N., Danin-Poleg Y., Portnoy V., Baudracco-Arnas S., Chadoeuf J., Dogimont C., Pitrat M. (2002) A reference map of *Cucumis melo* based on two recombinant inbred line populations. *Theoretical and Applied Genetics* 104:1017-1034.
- Pitrat M., Lecoq H. (1980) Inheritance of resistance to cucumber mosaic virus transmission by *Aphis gossypii* in *Cucumis melo*. *Phytopathology* 70:958-961.
- Pitrat M., Lecoq H. (1988) Quelques exemples de résistance de la plante à un vecteur et effet sur une épidémie virale. *Annales de l'ANPP* 2:319-331.
- Pitrat M., Maestro C., Ferrière C., Ricard M., Alvarez J. (1988) Resistance to *Aphis gossypii* in Spanish melon (*Cucumis melo*). *Cucurbit Genetics Cooperative Report* 11:50-51.
- Soria C., Diaz J.A., Moriones E., Gomez-Guillamon M.L. (2000) Resistance to *Aphis gossypii* and to virus transmission by this aphid in melon, in: N. Katzir and H. Paris (Eds.), 7th EUCARPIA Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding, International Society for Horticultural Science, Ma'ale Ha Hamisha, Israel. pp. 305-312.
- Soria C., Moriones E., Fereres A., Garzo E., Gomez-Guillamon M.L. (2003) New source of resistance to mosaic virus transmission by *Aphis gossypii* in melon. *Euphytica* 133:313-318.
- Thomas S. (2011) Pressions de sélection exercées par les résistances génétiques du melon sur les populations d'*Aphis gossypii*, *Sciens Agronomiques*, Université d'Avignon et des pays de Vaucluse, Avignon-France.
- Thomas S., Dogimont C., Boissot N. (Sous presse) Association between *Aphis gossypii* genotype and phenotype on melon accessions. *Arthropod-Plant Interactions*
- Thomas S., Mistral P., Chareyron V., Barral B., Boissot N., Vanlerberghe-Masutti F. (2009) Genetic diversity of the melon aphid *Aphis gossypii* Glover in different melon growing areas of France, in: S. Barbagallo (Ed.), 8th International Symposium on Aphids, REDIA, Catania, Italy. pp. 47-50.