

DGER/SDQSPV/BSPIC/CASDAR

N° du projet : AAP SSV 2018 n° C-2018-06

Titre du projet : **Résistance à *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* chez le pêcher RéXapPêch**

**COMPTE RENDU FINAL DU PROJET
2018 - 2021
17 mars 2021**

Organisme chef de file : **Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement (INRAE)**

Nom: INRAE GAFL UR1052

Adresse: INRAE GAFL - 67 allée des Chênes - CS 60094 - 84143 Montfavet Cedex

Téléphone: 04.32.72.27.02

Nom et organisme du chef de projet : **QUILOT-TURION Bénédicte, INRAE**

ANNEXES

- 1. Résultats de génotypage de nouvelles variétés 2020**
27 juillet 2020
Naïma Dlah INRAE-GAFL
- 2. Suite étude de variétés françaises en lien avec Xanthomonas**
Rapport d'étape du 3 juillet 2019
Bénédicte Quilot-Turion _ Naïma Dlah INRAE-GAFL ; Yannick Montrognon SEFRA
- 3. CR de réunion**
12 juin 2019
Bénédicte Quilot-Turion _ Naïma Dlah INRAE-GAFL ; Yannick Montrognon SEFRA
- 4. Point sur l'Analyse haplotypes Xanthomonas**
2 avril 2019
Naïma Dlah INRAE-GAFL
- 5. Point Xanthomonas : infos et matériels disponibles**
13 novembre 2018
Naïma Dlah INRAE-GAFL
- 6. Point sur l'étude réalisée par l'INRA sur le Xanthomonas, en lien avec la SEFRA et l'AOP pêcheurs, nectarines et abricots de France**
Pour diffusion aux producteurs
3 août 2018
Bénédicte Quilot-Turion _ Naïma Dlah INRAE-GAFL ; Yannick Montrognon SEFRA
- 7. Etude préliminaire de quelques variétés françaises en lien avec Xanthomonas**
2 août 2018
Bénédicte Quilot-Turion _ Naïma Dlah INRAE-GAFL ; Yannick Montrognon SEFRA
- 8. Calendrier des variétés conseillées en 2020 pour la plantation en zone de forte pression de la maladie**
Yannick Montrognon SEFRA

1. Résultats de génotypage de nouvelles variétés 2020

Naïma Dlah INRA-GAFL
27 juillet 2020

Résultats de marquage des 17 variétés 2020 proposées pour génotypage par Yannick Montrognon, qui a fourni les feuilles.

à recommander		
meilleur génotype		
à éviter		
	LG1	LG6
PSB_5709_52	R1	R2/Alm
PSB_5781_59	SU/R1	SU/R2
PSB_Omega	R1	R1/R2
PSB_5661_56	SU/R1	SU/R1
Crispdream_ASF	SU/R1	SU
Pajeny_ACF	R1	SU
PSB_5904-21	R1	SU/R2
IPS_763_11_PB	R1	SU
SF_10039	R1	SU
ASF_16168	SU	SU
PSB_Atanais	SU/R1	SU/R2
ASF_1325	SU/R1	SU/R1
SF14099_ACF	SU/R1	SU
ASF_1330	R1/?	SU/R1
Blanto_IPS	R1	SU/?
Melissa_PSB	R1	SU/R2
Burma_PSB	SU/R1	SU/R2

Conclusions :

- Omega ne porte que des allèles de résistance, aux 2 loci
- 9 variétés sont au minimum hétérozygotes résistantes aux 2 loci
Ces 10 variétés sont à privilégier en zone de forte pression de la maladie.

- les 7 restantes ne portent pas d'allèle de résistance sur le groupe de liaison 6.
Ces 7 variétés sont à éviter en zone de forte pression de la maladie.

2. Suite étude de variétés françaises en lien avec Xanthomonas

Bénédicte Quilot-Turion _ Naïma Dlah INRA-GAFL
Réalisée en lien avec Yannick Montrignon SEFRA
3 juillet 2019

Rappel

2 zones du génome identifiées par Ksenija Gasic, Université de Clemson, comme liée à la tolérance des fruits à Xanthomonas : sur les groupes de liaison 1 et 6.

La pratique a montré que la liaison avec la tolérance est bien meilleure pour le groupe 6.

3 SNP pour le groupe de liaison 1 et 4 SNP pour le groupe 6.

2 variétés de référence américaines :

- Clayton 'peu sensible' _ allèles G1 : R1|SU_ allèles G6 : R1|R2
- O'Henry 'sensible' _ allèles G1 : SU|SU_ allèles G6 : SU|SU

R1 et R2 correspondent à 2 allèles de résistance différents.

SU veut dire sensible ('susceptible').

I correspond à un allèle procurant une sensibilité 'intermédiaire'.

Mise au point analyse des haplotypes

L'ADN de 8 variétés témoins a été transmis par l'université pour affiner l'analyse :

Loring, Bradley, Intrepid, Caroking, Raritan rose, Red globe, Crimson lady, Zin dai.

Cela nous a permis d'optimiser le génotypage des SNP.

Matériel végétal (prélèvements, extractions ADN, génotypage)

- **39 variétés avec observations (2018)**

Dires d'experts et enquêtes :

- 10 'sensibles'
- 11 peu sensibles

Dires producteurs en situation de forte pression :

- 10 'sensibles'
- 8 'peu sensibles'

- **85 variétés supplémentaires testées sans observations (2018)**

- **54 nouvelles variétés (2019)** : parents des variétés analysées. Les analyses ont été effectuées en aveugle. Chaque sélectionneur recevra ses propres résultats.

Résultats

Cf. en annexe le tableau regroupant les 124 variétés analysées en 2018 ainsi que les nouveaux résultats obtenus en 2019.

Pour les **39 variétés avec observations**, grâce à l'optimisation du génotypage des SNP et à l'étude de parents ou descendants des variétés, cela permet de savoir comment les SNP se transmettent et d'en déduire les haplotypes avec certitude.

Cependant, du fait de la forte hétérozygotie des variétés, il est parfois impossible de connaître avec certitude leurs haplotypes. D'où les '?' dans le tableau.

N.B. pour les sélectionneurs concernés: pour Nectarperf, Cripsol, Flatelse 11_100, Flatstar, il y a un doute sur la généalogie (prélèvement de l'accession ou des parents, mauvaise info sur le croisement,...).

Mais pour Flatelse 11_100 il n'y a pas de doute sur le génotype, cohérent avec le phénotype. C'est sans doute une autofécondation de A022.

Conclusions

Sur la base de ces éléments, observations et marqueurs du LG6, on peut conseiller de planter, en zone de forte pression Xanthomonas, certaines variétés plutôt que d'autres, sans cependant pouvoir garantir leur niveau de résistance.

- Les variétés bénéficiant d'observations, nombreuses et diverses, quant à leur comportement en situation de forte pression, sont à privilégier, d'autant plus si elles portent potentiellement un allèle de résistance sur LG6.
- Parmi les nouvelles variétés (pas d'observations), l'aide des marqueurs et de l'origine des variétés permet d'identifier des variétés qui devraient bien se comporter mais pour lesquelles on n'a pas de recul en situation de verger.
- Parmi les autres variétés, certaines pourraient porter d'autres facteurs de résistance que ceux portés par les 2 zones du génome (sur LG1 et LG6) décrites par les américains et testés par les marqueurs moléculaires ; c'est sans doute le cas des 8 variétés 'peu sensible' qui ne portent pas d'allèle de résistance sur LG6.

2 populations bi-parentales initiées par l'INRA

1/ Zéphir x Loring (101 individus)

Zéphir : allèles G1 : R1|R1_allèles G6 : SU|SU

Loring : allèles G1 : R1|R1_allèles G6 : R2|R2

La population F1 est homogène : R1/R1 (G1) Su/R2 (G6). 2 arbres ont été autofécondés pour analyser la ségrégation. Le potentiel calibre et couleur des fruits pour le choix de géniteurs 2020 est en cours de notation.

Dans l'autofécondation réalisée (environ 40 fruits), nous aurons forcément les génotypes suivants :

¼ R1/R1 (G1) et R2/R2 (G6) → les plus intéressants

¼ R1/R1 (G1) et Su/Su (G6)

½ R1/R1 et R2/Su (G6)

Suite au criblage moléculaire, les fruits les plus intéressants seront collectés et transmis à l'INRA pour élevage.

2/ Zéphir x SC08-26008 (218 individus)

Zéphir : allèles G1 : R1|R1_allèles G6 : SU|SU

SC08_26008 : allèles G1 : R1|I_allèles G6 : R1|R2

Dans la population F1, nous aurons forcément les génotypes suivants :

R1/R1 (G1) et R1/I (G1)

Su/R2 (G6) et Su/R1 (G6)

Le potentiel calibre et couleur des fruits pour le choix de géniteurs 2020 est en cours de notation pour ceux qui sont :

R1/R1 (G1) et Su/R2 (G6)

R1/R1 (G1) et Su/R1 (G6)

3. Compte-rendu de réunion

Bénédicte Quilot-Turion _ Naïma Dlah INRAE-GAFL
Yannick Montrognon SEFRA
12 juin 2019

1. Variétés

Revoir les conclusions pour les hétérozygotes (si on a les parents, on peut conclure, sinon, pas de conclusion).
Rédiger texte avec classement des résistances pour les producteurs (ne pas donner le détail)
Rédiger (tableau) les conclusions pour chaque sélectionneur

Idéalement avant le 27/06 ou sinon 25/07/2019 (réunions Sefra)

2. Population INRA biparentales

2.1. Zéphir x Loring (100 individus)

Zéphir R1/R1 (G1) Su/Su (G6)
Loring R1/R1 (G1) et R2/R2 (G6)

La population F1 est homogène : R1/R1 (G1) Su/R2 (G6)
YM note le type de fruit (P ou N), le potentiel calibre et couleur des fruits pour choix de géniteurs 2020
Éliminer les hors type (sans doute autoF Zephir) : **41, 44, 50, 58, 59, 60, 64, 73, 74, 78, 79, 86, 89, 92, 96, 97 et 98.**

Dans l'autofécondation réalisée (environ 40 fruits), nous aurons forcément :

¼ R1/R1 (G1) et R2/R2 (G6) → **les plus intéressants**

¼ R1/R1 (G1) et Su/Su (G6)

½ R1/R1 et R2/Su (G6)

YM collecte les fruits et nous les transmet pour élevage.

Les cribler avec marqueurs G6 Xantho et également pour pêche/nectarine

2.2. Zéphir x SC08-26008 (173 individus)

Individus supplémentaires plantés en G2 Garrigues. Naïma doit prélever et génotyper.

Zéphir R1/R1 (G1) et Su/Su (G6)

SC08 R1/l (G1) et R1/R2 (G6)

Éliminer les hors type (sans doute autoF Zephir) : **14, 54, 59, 132, 103, 96, 83, 25, 53, 56, 109, 144, 149 et 172.**

Dans la population F1, nous aurons forcément :

R1/R1 (G1) et R1/l (G1)

Su/R2 (G6) et Su/R1 (G6)

YM note le type de fruit, le potentiel calibre et couleur des fruits pour choix de géniteurs 2020 de ceux qui sont :

R1/R1 (G1) et Su/R2 (G6)

R1/R1 (G1) et Su/R1 (G6)

Voir page suivante pour les numéros.

3. Collection CaressPrunus

- Tester le porte greffe GF305.
- Montclar est sensible alors qu'il a R2 sur le G6.
- Phénotyper la qualité des fruits (potentiel calibre et couleur) de ceux qui sont R1 et ou R2. Liste transmise à Véronique
- Bolinha est R1/R1 (G1) et R1/R1 (G6) : phénotyper potentiel calibre et couleur des fruits des descendance issues de Bolinha (tous hétérozygotes R1) _ G2 aux Garrigues

Individus Zephir x SCO8 qui sont R1/R1 sur G1 :

ZS08_2
ZS08_4
ZS08_3
ZS08_5
ZS08_6
ZS08_7
ZS08_8
ZS08_10
ZS08_12
ZS08_15
ZS08_17
ZS08_22
ZS08_24
ZS08_26
ZS08_27
ZS08_31
ZS08_33
ZS08_34
ZS08_35
ZS08_36
ZS08_39

ZS08_42
ZS08_46
ZS08_48
ZS08_49
ZS08_60
ZS08_62
ZS08_63
ZS08_67
ZS08_72
ZS08_73
ZS08_75
ZS08_76
ZS08_79
ZS08_80
ZS08_84
ZS08_85
ZS08_86
ZS08_87
ZS08_89
ZS08_93
ZS08_95

ZS08_98
ZS08_99
ZS08_101
ZS08_110
ZS08_111
ZS08_112
ZS08_114
ZS08_115
ZS08_117
ZS08_118
ZS08_119
ZS08_121
ZS08_122
ZS08_123
ZS08_124
ZS08_127
ZS08_128
ZS08_129
ZS08_130
ZS08_131
ZS08_133

ZS08_136
ZS08_141
ZS08_145
ZS08_146
ZS08_148
ZS08_154
ZS08_155
ZS08_156
ZS08_158
ZS08_159
ZS08_160
ZS08_161
ZS08_162
ZS08_166
ZS08_167
ZS08_168
ZS08_169
ZS08_170
ZS08_171

4. Point Analyse haplotypes Xanthomonas

Naïma Dlah INRAE-GAFL
2 avril 2019

1. Réception variétés étudiées

05-2018 : plaque pech7 (accessions avec phénotypage) – 39 variétés (Cf document avec premières conclusions « 180802 Etude préliminaire de quelques variétés françaises en lien avec Xanthomonas BQT »)

07-2018 : infos concernant la généalogie de certaines accessions

07-2018 : plaque pech10 (autres accessions) – 85 variétés

09-2018 : plaque pech16 (parents et descendants) – 54 variétés

Cf fichier excel

2. Marqueurs moléculaires utilisés

Nom SNP	G1Xap1	G1Xap2	G1Xap4	G6Xap1	G6Xap2	G6Xap3	G6Xap4
Code INRA Avignon	SP928	SP929	SP931	SP953	SP954	SP958	SP956
Groupe liaison prunus persica	Pp01	Pp01	Pp01	Pp06	Pp06	Pp06	Pp06
Position (V2.0)	13 367 604	13 459 887	15 954 607	24 156 699	24 157 299	24 159 588	24 166 391
Détail SNP	TC	AG	AG	TC	TC	AG	TC

Par la suite, les nucléotides T et A sont codés **A**, les nucléotides G et C sont codés **B**.
h pour hétérozygote.

3. Haplotypes possibles des marqueurs moléculaires utilisés _ données de l'Université de Clemson

G1		G6	
AAAB	SU	BAAB	SU
BBAA	R1	BBBB	R1
BBAB	I	AABB	I
BBBB	R2	ABAA	R2
BAAB	alm	ABBA	Alm
AhAB	SU		
BB-A	I		
BhhA	R1		
AAAB	SU		
AA-B	SU		
BBhA	R1		
h--h	SUJR		
BB-h	R1 I		
hhAh	SUJR1		
hh-h	SUJR1		
h-Ah	SUJR1		
hAAh	SU alm		
hhAB	SU I		
BBAh	R1 I		
hhAh	SUJR1		

SU : Susceptible

Alm : Almond

I : Intermediate

R1 : R1 resistance

R2 : R2 resistance

4. Accessions témoins

4.1. Transmis par l'université de Clemson en 2018

	G1					G6				Phénotypage	
	Xap1	Xap2	Xap3	Xap4		Xap1	Xap2	Xap3	Xap4		
	SP928	SP929	SP930	SP931		SP953	SP954	SP958	SP956		
	Pp01	Pp01	Pp01	Pp01	Pp06	Pp06	Pp06	Pp06			
Clayton	h	h		h	SUJR1	h	B	B	h	R1	Résistant
O'Henry	A	A		B	SUJSU	B	A	A	B	SUJSU	Sensible

Nous avons bien retrouvé ces haplotypes pour ces accessions.

4.2. Transmis fin 2018

	G1					G6				Haplotypes attendus (Ksenija)		
	Xap1	Xap2	Xap3	Xap4		Xap1	Xap2	Xap3	Xap4			
	SP928	SP929	SP930	SP931		SP953	SP954	SP958	SP956			
	Pp01	Pp01	Pp01	Pp01	Pp06	Pp06	Pp06	Pp06	G1XapF	G6XapF		
Loring	B	B		A	R1 R1	A	B	A	A	R2 R2	R1 R1	R2 R2
Bradley	A	A		B	SUJSU	A	B	A	A	R2 R2	S S	R1 R1
Intrepid	A	A		B	SUJSU	h	B	h	h	R1 R2	S S	R1 R2
Caroking	B	B		A	R1 R1	h	h	A	h	SUJR2	R1 R1	S R2
Raritan rose	B	B		h	R1 I	B	B	B	B	R1 R1	R1 I	R1 R1
Red globe	h	h		h	SUJR1	B	A	A	B	SUJSU	S I	S S
Crimson lady	h	h		h	SUJR1	B	A	A	B	SUJSU	S R1	S S
Zin dai	h	h		B	alm R2	B	h	h	B	SUJR1	S R2	S R1

Cela a permis de consolider la validation des haplotypes et également de connaître les températures pour les programmes PCR :

SP928	SP929	SP930	SP931		SP953	SP954	SP958	SP956
60°C	60°C		55°C		60°C	56°C	56°C	60°C

4.3. Accessions de l'INRA d'Avignon (séquence du génome connue)

	G1Xap1		G1Xap2		G1Xap4		G6Xap1		G6Xap2		G6Xap3		G6Xap4	
	SP928		SP929		SP931		SP953		SP954		SP958		SP956	
	Pp01		Pp01		Pp01		Pp06		Pp06		Pp06		Pp06	
	13 367 604		13 459 887		15 954 607		24 156 699		24 157 299		24 159 588		24 166 391	
	TC		AG		AG		TC		TC		AG		TC	
	CC		GG		AA		TT		TT		AA		TT	
	TC		AG		AG		TC		TC		AG		TC	
	Séq	TT	Séq	AA	Séq	GG	Séq	CC	Séq	CC	Séq	GG	Séq	CC
WFP	TT	HEXHEX	GG	Negative	GG	HEXHEX	del 3 pb*	HEXHEX	CC	HEXHEX	GG	HEXHEX	CC	HEXHEX
Summergrand	TC	FAMHEX	AG	FAMHEX	AG	FAMHEX	CC	HEXHEX	TT	FAMFAM	AA	FAMFAM	CC	HEXHEX
SD40_23	TT	HEXHEX	AA	HEXHEX	GG	HEXHEX	del 3 pb	HEXHEX	TC	FAMHEX	AG	FAMHEX	CC	HEXHEX
D6090	TC	Negative	AG	FAMHEX	GG	HEXHEX	TC	FAMHEX	TC	FAMHEX	AA	FAMFAM	TC	FAMHEX
Zephir	CC	FAMFAM	GG	FAMFAM	AA	FAMFAM	CC	HEXHEX	TT	FAMFAM	AA	FAMFAM	CC	HEXHEX
Malokonaré	CC	FAMFAM	GG	FAMFAM	AA	FAMFAM	TC	FAMHEX	TC	FAMHEX	AA	FAMFAM	TC	FAMHEX
Rubira	TC	FAMHEX	AG	FAMHEX	AG	FAMHEX	CC	HEXHEX	TT	FAMFAM	AA	FAMFAM	CC	HEXHEX
Pamir	CC	FAMFAM	GG	Negative	AA	FAMFAM	CC	HEXHEX	TT	FAMFAM	AA	FAMFAM	CC	HEXHEX

*del 3 pb : délétion 3 paires de bases

5. Population bi-parentale Zephir x Loring (101 individus)

5.1. Haplotypes des parents

	G1Xap1	G1Xap2	G1Xap4	G6Xap1	G6Xap2	G6Xap3	G6Xap4
	Pp01	Pp01	Pp01	Pp06	Pp06	Pp06	Pp06
	TC	AG	AG	TC	TC	AG	TC
Loring	CC	GG	AA	TT	CC	AA	TT
Zephir	CC	GG	AA	CC	TT	AA	CC
Haplotype sensible	TT	AA	AA	CC	TT	AA	CC
Haplotype résistant R2	CC	GG	GG	TT	CC	AA	TT

Loring : G1 : R1|R1_ allèles G6 : R2|R2

Zephir : G1 : R1|R1_ allèles G6 : SU|SU

Certains individus sont notés « nectarine » (hors-types) donc non extraits : **41, 44, 50, 58, 59, 60 et 64.**

Après analyse des marqueurs, d'autres individus sont aussi hors types : **73, 74, 78, 79, 86, 89, 92, 96, 97 et 98.**

6. Population bi-parentale Zephir x SC08_26008

	G1Xap1	G1Xap2	G1Xap3	G1Xap4	G6Xap1	G6Xap2	G6Xap3	G6Xap4
	Pp01	Pp01	Pp01	Pp01	Pp06	Pp06	Pp06	Pp06
	TC	AG	TC	AG	TC	TC	AG	TC
SC08_26008	CC	GG		AG	TC	CC	AG	TC
Zephir	CC	GG		AA	CC	TT	AA	CC
Haplotype S	TT	AA		AA	CC	TT	AA	CC
Haplotype R2	CC	GG		GG	TT	CC	AA	TT

Certains individus sont notés « nectarine » (hors-types) donc non extraits : **14, 54, 59, 132, 103, 96 et 83.**

Après analyse des marqueurs, d'autres individus sont aussi hors types : **25, 53, 56, 109, 144, 149 et 172.**

5. Point Xanthomonas

Naïma Dlalah INRAE-GAFL
13 novembre 2018

Nouveaux échantillons

- 29 échantillons ASF : compléments de variétés et parents
- 18 échantillons amenés par Yannick : compléments de variétés et parents et descendants
- ➔ 47 échantillons extraits _ marqueurs à passer.

Tester les 4 mk LG6 sur

- o Diversité PG
- o La core-collection CaRessPrunus
- 2 populations biparentales : en priorité 4 marqueurs du LG6

ZexSC008	118
ZexLoring	101

A extraire en tubes (feuilles congelées, pas possible de poinçonner)

Informations généalogie

De Ksenjia (Clemson):

- ADN des différents haplotypes
- génotype de nouvelles variétés ? développement amorces ? Groupe SNP 3

6. Point sur l'étude réalisée par l'INRA sur le *Xanthomonas*, en lien avec la SEFRA et l'AOP pêchers, nectarines et abricots de France

Bénédicte Quilot-Turion _ Naïma Dlah INRAE-GAFL
Yannick Montrognon SEFRA
3 août 2018

*Contexte : les producteurs de pêches sont confrontés à une forte pression en *Xanthomonas* dans certaines zones, notamment dans les Costières et la moyenne vallée du Rhône. Afin d'essayer de connaître la sensibilité des variétés au *Xanthomonas* pour les futures plantations, l'INRA d'Avignon a réalisé une étude sur la résistance génétique (par marqueurs). Ce travail a été réalisé en partenariat avec la SEFRA. Il est soutenu par l'AOP Pêches, nectarines et abricots de France.*

Important :

il n'est pas connu à ce jour de variétés présentant une résistance totale. Les variétés présentées ci-dessous sont conseillées plutôt que d'autres sans pouvoir garantir leur niveau de résistance. Les variétés bénéficiant d'observations, nombreuses et diverses, quant à leur comportement en situation de forte pression, sont à privilégier.

Introduction :

2 zones du génome ont été identifiées par Ksenija Gasic, Université de Clemson, comme liée à la tolérance des fruits à *Xanthomonas* sur les chromosomes 1 et 6. La pratique a montré que la liaison avec la tolérance est bien meilleure pour le groupe 6.

L'INRA d'Avignon a dans un premier temps, essayé de vérifier la cohérence entre la présence de ces allèles de tolérances et le comportement des variétés en verger. L'étude a été réalisée sur 39 variétés dont le comportement est connu dans le verger : 20 variétés « dites sensibles » et 19 variétés « dites peu sensibles ». Dans un second temps, 85 variétés « commerciales ou nouvelles » ont été testées.

Résultats :

Sur les 19 variétés « dites peu sensibles », 2 présenteraient au moins un allèle de résistance, **Pamela cov et Magique®** sur le chromosome 6. Certaines ne présentent pas les allèles de résistances décrits par les américains et testés par les marqueurs moléculaires (8 variétés). Il existe donc certainement d'autres zones de résistances. Les autres variétés sont très hétérozygotes, il n'est donc pas possible de conclure, mais ont potentiellement un allèle de résistance sur le chromosome 6.

Sur les 85 variétés (commerciales et récentes), 9 disposeraient d'au moins un allèle de résistance sur le chromosome 6 et devraient bien se comporter, mais nous n'avons pas de certitudes.

Il s'agit des nectarines blanches Nectasweet®Nectardream cov, Nectasweet®Nectarlove cov et Big White®, des pêches plates REGALCAKE®Flatreine cov, REGALCAKE®Flatwo cov, REGALCAKE®Flatelse cov, Samantha cov, PSB 5927-3 et de la nectarine jaune Monbassa cov.

Conclusion :

Cette première étude est incomplète. Pour pouvoir interpréter les résultats, il est indispensable que les obtenteurs mettent à disposition du matériel végétal des parents des variétés et leurs descendants. L'étude va se poursuivre afin de permettre une meilleure interprétation des résultats.

Il est rappelé que sur la base de ces éléments préliminaires, observations et marqueurs du LG6, on peut conseiller de planter, en zone de forte pression *Xanthomonas*, certaines variétés plutôt que d'autres, sans cependant pouvoir garantir leur niveau de résistance.

Rappels :

En zone de forte pression *Xanthomonas*, il est conseillé :

- de planter les pêchers sur les parcelles qui présentent des sols « lourds »
- de mettre des haies brise-vent
- de ne pas arroser par aspersion
- de ne pas sur-irriguer et sur-fertiliser
- de ne pas tailler par barre de coupe
- de passer en dernier sur les parcelles contaminées avec les engins
- **d'arracher les parcelles dont les variétés présentent beaucoup de symptômes car elles « polluent » tout l'environnement (indispensable)**

7. Etude préliminaire de quelques variétés françaises en lien avec Xanthomonas

Bénédicte Quilot-Turion _ Naïma Dlah INRAE-GAFL
Réalisée en lien avec Yannick Montrignon
2 Août 2018

2 zones du génome identifiées par Ksenija Gasic, Université de Clemson, comme liée à la tolérance des fruits à Xanthomonas : sur les groupes de liaison 1 et 6.

La pratique a montré que la liaison avec la tolérance est bien meilleure pour le groupe 6.

Marqueurs moléculaires pour caractériser ces 2 zones

– 1 microsatellite par zone

– 4 SNP par zone : fonctionnent en haplotype _ il est nécessaire de connaître la suite des 4 SNP venant du même parent pour conclure sur l'allèle. Problématique quand plusieurs SNP sont hétérozygotes

Exemple pour LG6 :

BAAB = sensible (SU); BBBB = allèle résistant 1 (R1) ; ABAA = allèle résistant 2 (R2); AABB = intermédiaire (I)

Clayton a les 2 allèles de résistance : ABAA |BBBB.

Sans connaître les parents ou les descendants il n'est cependant pas possible de conclure avec le simple génotypage des 4 SNP qui donne pour Clayton : hétérozygote AB / homozygote BB / hétérozygote AB / hétérozygote AB et donc 4 haplotypes possibles : ABAA|BBBB _ ABAB|BBBA _ ABBB|BBAA _ BBAB|ABBA.

2 variétés de référence américaines :

– Clayton 'peu sensible' _ allèles G1 : R1|SU_ allèles G6 : R1|R2

– O'Henry 'sensible' _ allèles G1 : SU|SU_ allèles G6 : SU|SU

Matériel végétal (prélèvements, extractions ADN, génotypage)

Variétés avec observations : 39

Dires d'experts et enquêtes :

– 10 'sensibles'

– 11 peu sensibles

Dires producteurs en situation de forte pression :

– 10 'sensibles'

– 8 'peu sensibles'

85 variétés supplémentaires à caractériser

Résultats

LG1 :

Microsatellite : non discriminant _ la majorité des variétés 'sensibles' possèdent l'allèle de Clayton 'peu sensible'. Du coup on ne l'a pas génotypé sur les 85 autres variétés.

– 4 SNP :

Variétés avec observations

o le 3eme marqueur SNP ne fonctionne pas bien : les amorces développées ne sont pas assez spécifiques. Il faudra qu'on en tente d'autres. Résultat : il ressort hétérozygote très souvent.

o de très nombreuses variétés observées (25/39) sont hétérozygotes à 2 ou 3 des 4 SNP (25/39) : il y a de nombreuses combinaisons possibles donc impossible de prédire les haplotypes.

o 5 variétés 'peu sensibles' et 2 variétés 'sensibles' sont R1|I

o 2 variétés 'peu sensibles' et 5 variétés 'sensibles' sont SU|SU

➔ **Il n'y pas assez de résultats concluants pour que ces 4 SNP soient utilisés comme indicateurs.**

85 variétés supplémentaires

Génotypées avec 3 des 4 SNP : le 3eme SNP n'a pas été passé

o beaucoup d'hétérozygotie sur les 2 premiers marqueurs SNP

o l'allèle R1 est présent à l'état hétérozygote chez 32 variétés, potentiellement plus compte-tenu des haplotypes possibles pour les autres variétés...

➔ **On ne peut pas conclure**

LG6 :

– **Microsatellite** : il donne parfois 3 pics de tailles différentes. Aucune variété n'a le profil à 2 pics avec un allèle résistant come Clayton.

6 variétés ont l'allèle résistant : 4 'peu sensibles' mais malheureusement aussi 2 'sensibles'. Du coup on ne l'a pas génotypé sur les 85 autres variétés.

– 4 SNP :

Sur 20 variétés 'sensible', 16 sont homozygotes pour le même allèle sensible, 1 est hétérozygote sensible, 3 variétés ont 2 ou 3 SNP hétérozygotes et donc on ne peut pas conclure sur les haplotypes.

Du côté des 'peu sensible', sur 19 une seule est homozygote avec l'allèle de résistance R2 (Pamela), 8 sont homozygotes avec un allèle sensible : elles ont un profil sensible en LG6, donc d'autres facteurs de résistance peuvent être importants que celui sur LG6. 2 de ces 8 variétés portent une résistance en LG1 et les 6 autres sont indéterminées mais peuvent potentiellement avoir R1 en LG1.

Les 10 autres variétés sont très hétérozygotes, il n'est donc pas possible de conclure sur les haplotypes qu'elles portent. Mais toutes ont parmi les haplotypes possibles un haplotype avec un allèle de résistance.

85 variétés supplémentaires

Génotypées avec les 4 SNP.

- 1 variété, Nectardream, est homozygote pour l'allèle R2. Elle vient d'un croisement Parent_1 x Parent_2 et Parent_1 est une autofécondation de GP_1 qui potentiellement porte R2. C'est cohérent si Parent_2 porte aussi R2. Nectarlove a été obtenue comme Nectardream. Nectarlove est hétérozygote, on ne peut pas être sûr, mais elle porte sans doute R2.
- 8 autres variétés sont hétérozygotes mais parmi les haplotypes possibles il y en a qui correspondent à des allèles de résistance. 3 auraient 1 seul allèle R2 : Nectarlove, Flatreine, PSB5927_3 ; 5 auraient les 2 allèles différents R1|R2 : Big_white, Flatwo, Flatelse, Monbassa, Samantha.
- 3 variétés, Gardeta, Tiffany, Big_bang (elles ont une même origine ?), ont un haplotype nouveau, que les américains n'ont pas observé. On ne peut pas dire s'il est résistant ou sensible. Il est absent des 40 variétés avec observations.
- Toutes les autres variétés ont des haplotypes sensibles

Conclusions

Cette première étude est très incomplète. Du fait de la forte hétérozygotie des variétés, il n'est pas possible de connaître avec certitude leurs haplotypes. Il faudrait génotyper les parents ou des descendants pour savoir comment les SNP se transmettent et en déduire les haplotypes avec certitude.

Ksenija Gasic doit nous envoyer de l'ADN de variétés aux haplotypes différents pour qu'ils nous servent de référence.

Sur la base de ces éléments préliminaires, observations et marqueurs du LG6, on peut conseiller de planter, en zone de forte pression Xanthomonas, certaines variétés plutôt que d'autres, sans cependant pouvoir garantir leur niveau de résistance.

- Les variétés bénéficiant d'observations, nombreuses et diverses, quant à leur comportement en situation de forte pression, sont à privilégier, d'autant plus si elles portent potentiellement un allèle de résistance sur LG6 [1].

- Parmi les nouvelles variétés, l'aide des marqueurs et de l'origine des variétés permet d'identifier 5 variétés [2] qui devraient bien se comporter mais pour lesquelles on n'a pas de recul en situation de verger et 4 supplémentaires pour lesquelles il est plus risqué de s'engager (plusieurs haplotypes possibles) [3].

- Parmi les autres variétés, certaines pourraient porter d'autres facteurs de résistance que ceux portés par les 2 zones du génome (sur LG1 et LG6) décrites par les américains et testés par les marqueurs moléculaires ; c'est sans doute le cas des 8 variétés 'peu sensible' qui ne portent pas d'allèle de résistance sur LG6.

Variété	Phenotype	LG6	LG1
Pamela	Peu sensible	R2 R2	R1?
Magique	Peu sensible	R2	R1?
Early_top	Peu sensible	R1?	R1 I
Orine	Peu sensible	R1?	R1 I
Carene	Peu sensible	R2?	R1 I
Surprise	Peu sensible	R1?	R1?
Endogust	Peu sensible	R2?	R1?
Ruby_bel	Peu sensible	R1?	SU
Spring_belle	Peu sensible	R2?	SU
Couloured	Peu sensible	R2?	SU
Nectarrubby	Peu sensible	R2?	SU
Nectardream		R2 R2	R1 SU
Nectarlove		R2 -	SU
Flatelse 11_100		R2 R1	R1 -
Flatwo 12092		R2 R1	R1 SU
Flatreine		R2 -	R1 -
Samantha		R1 R2 ?	R1 -
Big_white		R1 R2 ?	R1 SU
Monbassa		R1 R2 ?	SU
PSB5927_3		R2?	SU

8. Calendrier des variétés conseillées en 2020 pour la plantation en zone de forte pression de la maladie

VARIETES CONSEILLEES DANS LES ZONES A FORTE PRESSION *Xanthomonas*

Important : il n'est pas connu à ce jour de variétés présentant une résistance totale. Les variétés présentées ci-dessous sont conseillées plutôt que d'autres sans pouvoir garantir leur niveau de résistance.

Calendrier de maturité 2020

PECHES ET NECTARINES

