



**HAL**  
open science

## La diversité des agrumes

François Luro

► **To cite this version:**

François Luro. La diversité des agrumes. École thématique. Mise à niveau des professeurs de SVT de Corse, Université de Corse, France. 2024, pp.59. hal-04706447

**HAL Id: hal-04706447**

**<https://hal.inrae.fr/hal-04706447v1>**

Submitted on 23 Sep 2024

**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.



# La diversité des agrumes

*Ses origines, ses mécanismes et les moyens de l'évaluer*

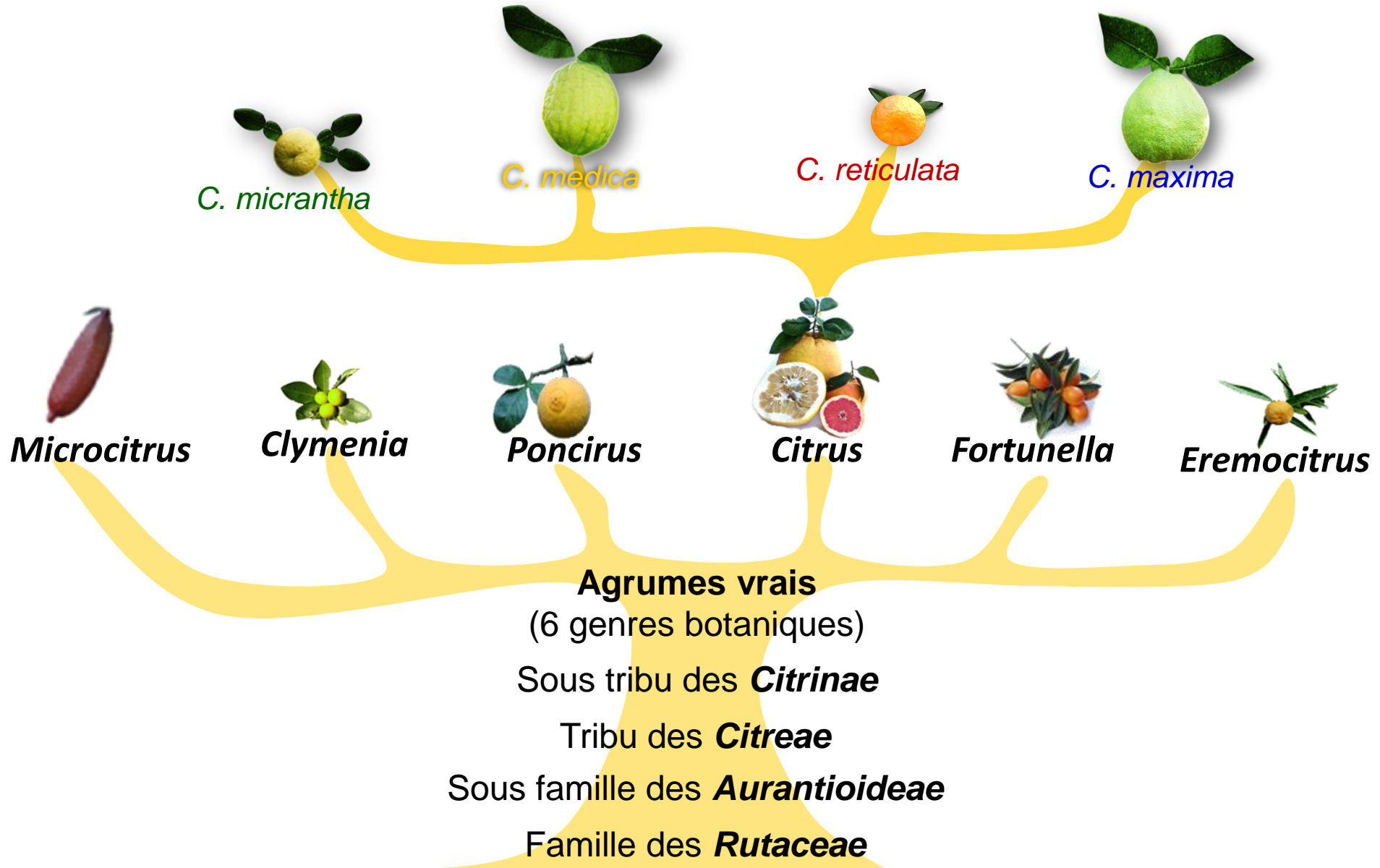
François Luro

CR HDR INRAE San Giuliano



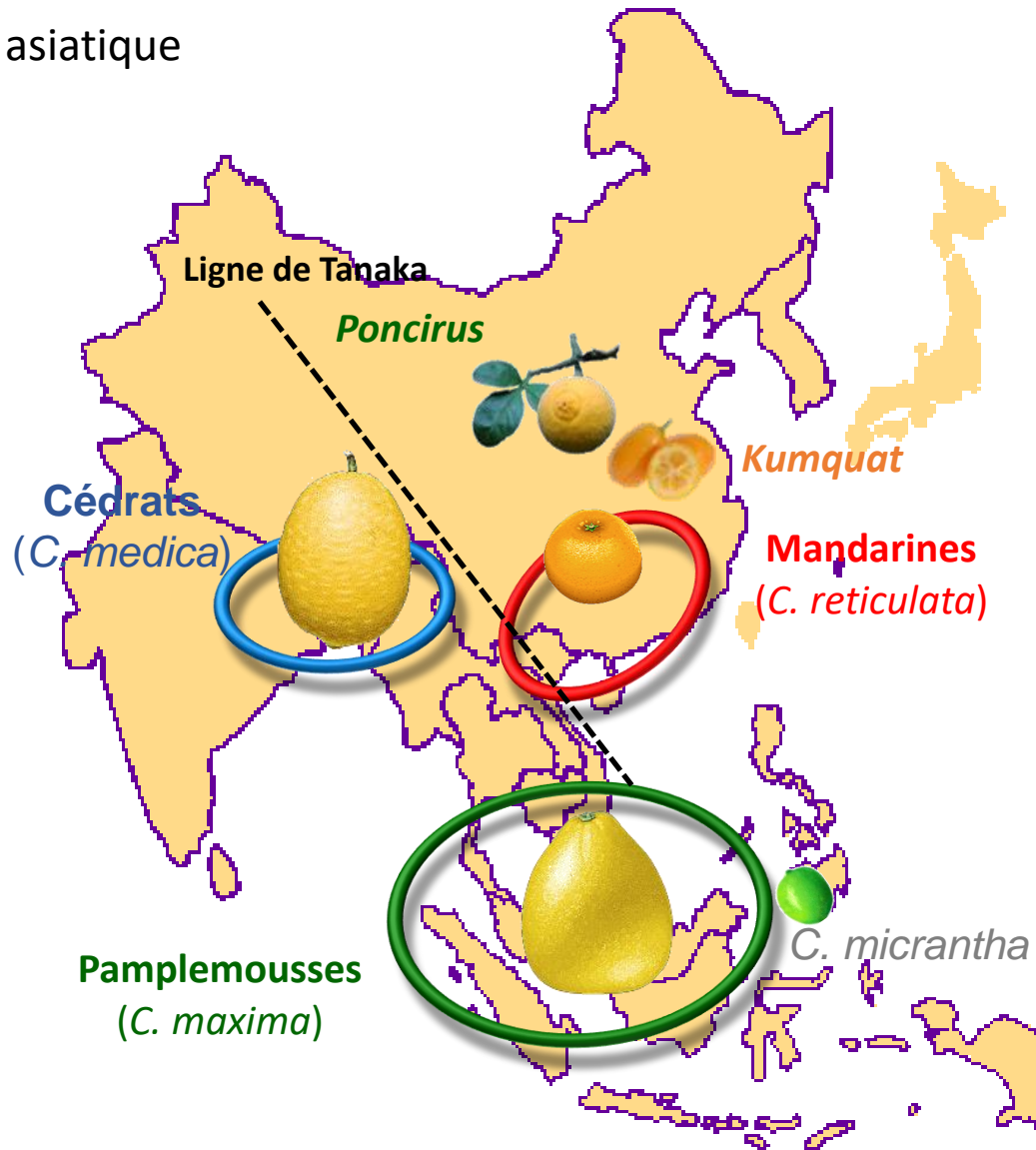
*Corte le 27 mars 2024*

# La taxonomie des agrumes

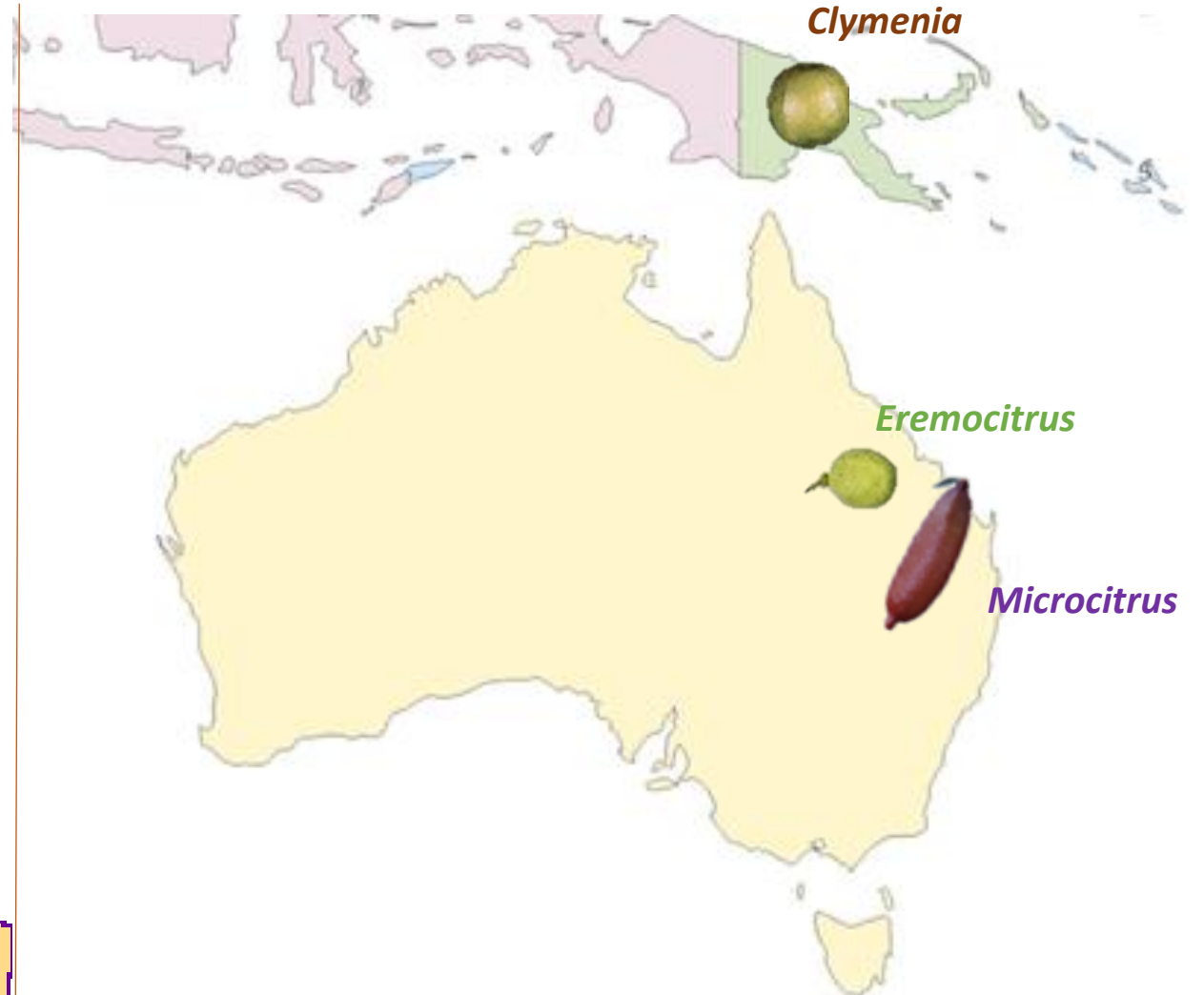


# Les zones origines de diversification

Zone asiatique



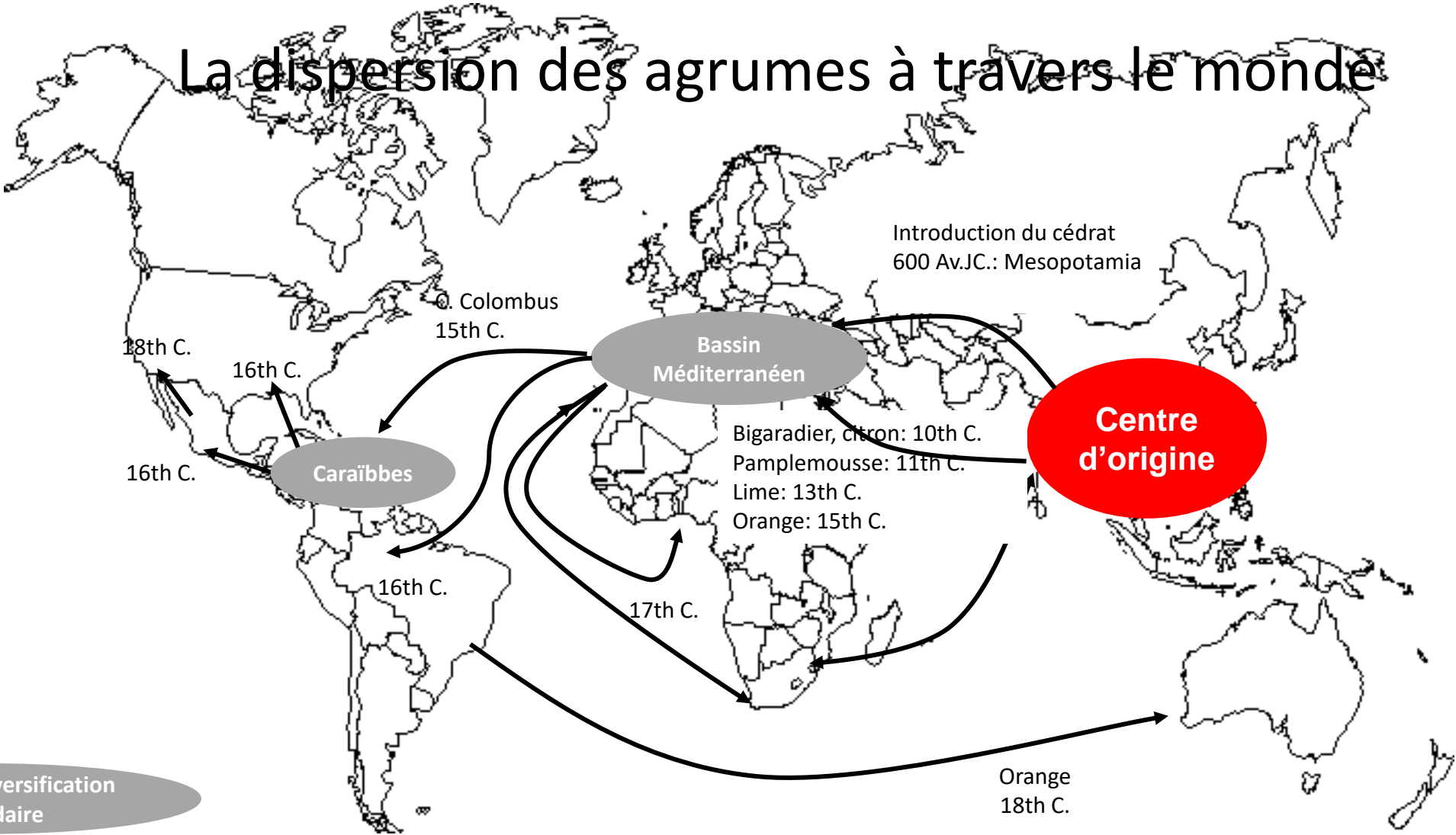
Zone océanique



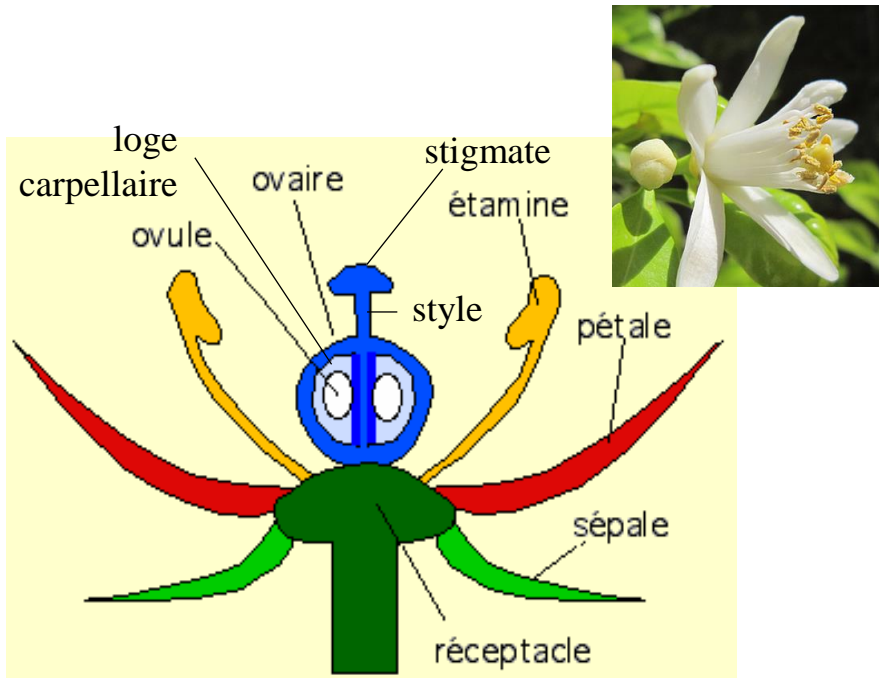


# La dispersion des agrumes au cours du temps

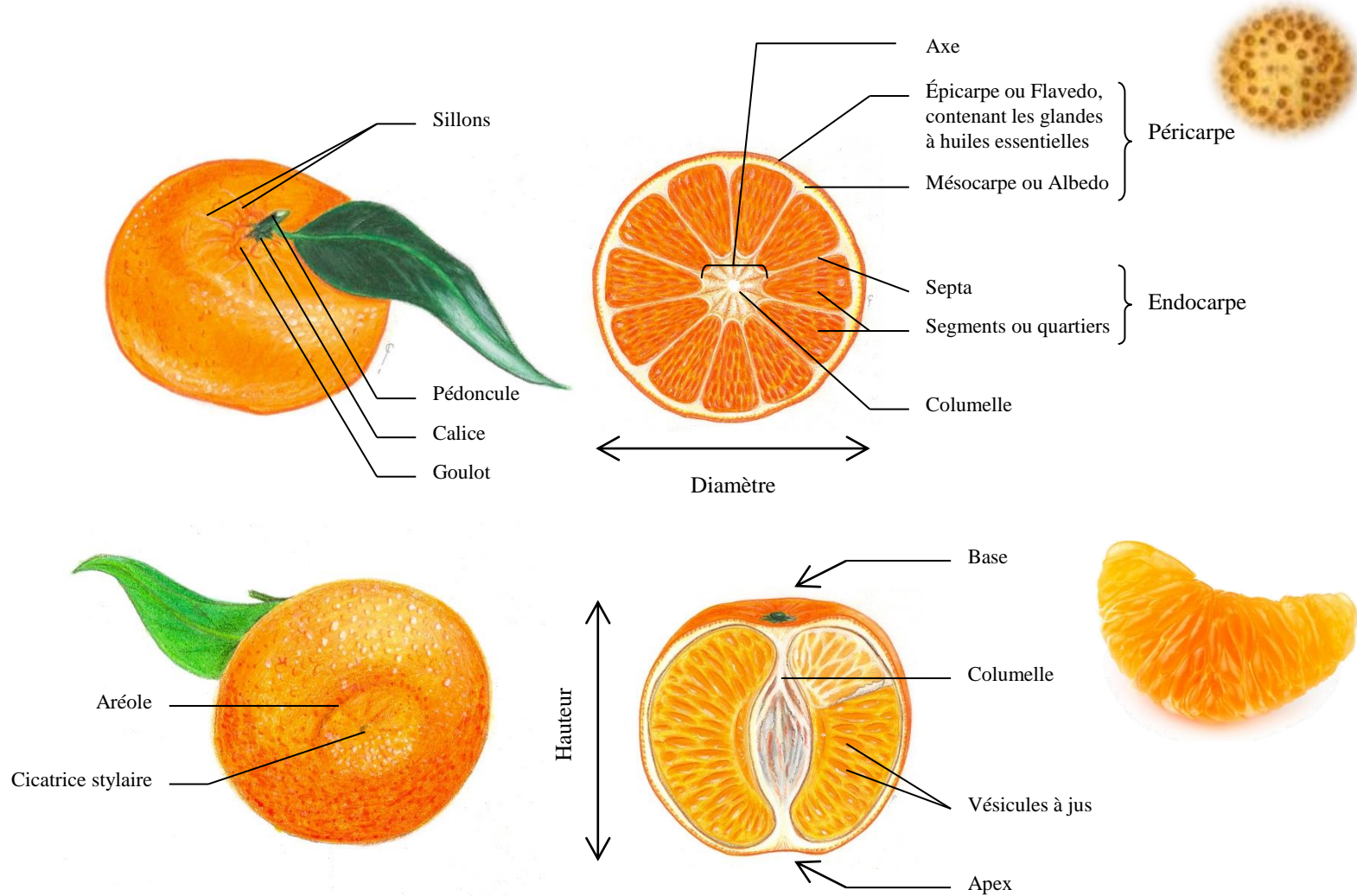
## La dispersion des agrumes à travers le monde



# Description botanique et anatomique

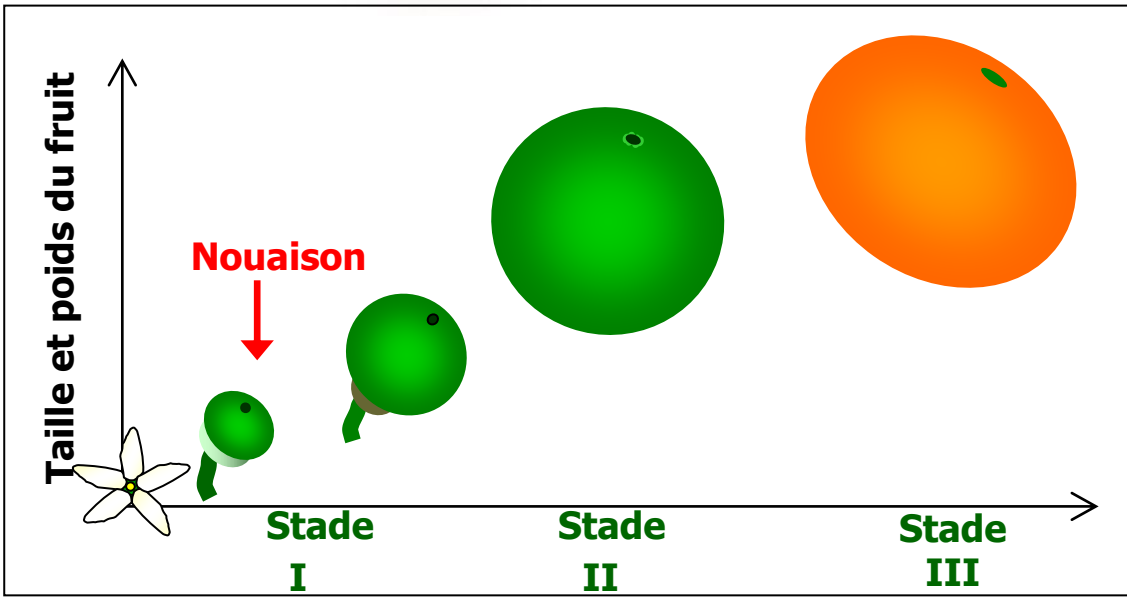
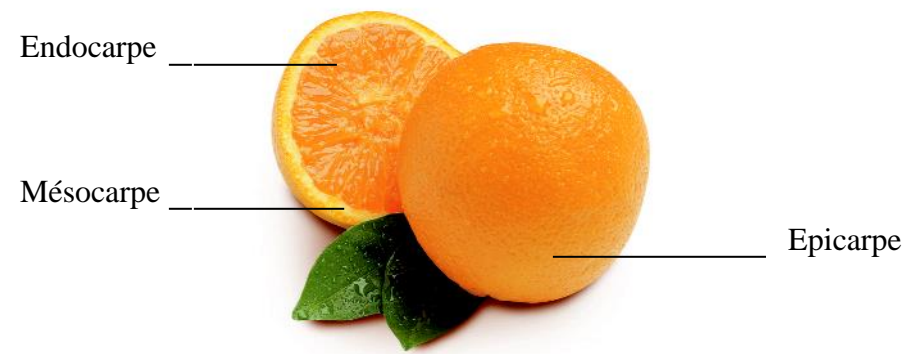


La fleur est **hermaphrodite** avec un **ovaire supère** - le gynécée (partie femelle) est formé de **plusieurs carpelles soudés** qui se transforme en fruit. Après fécondation les **ovules** se transforment en **graines**.



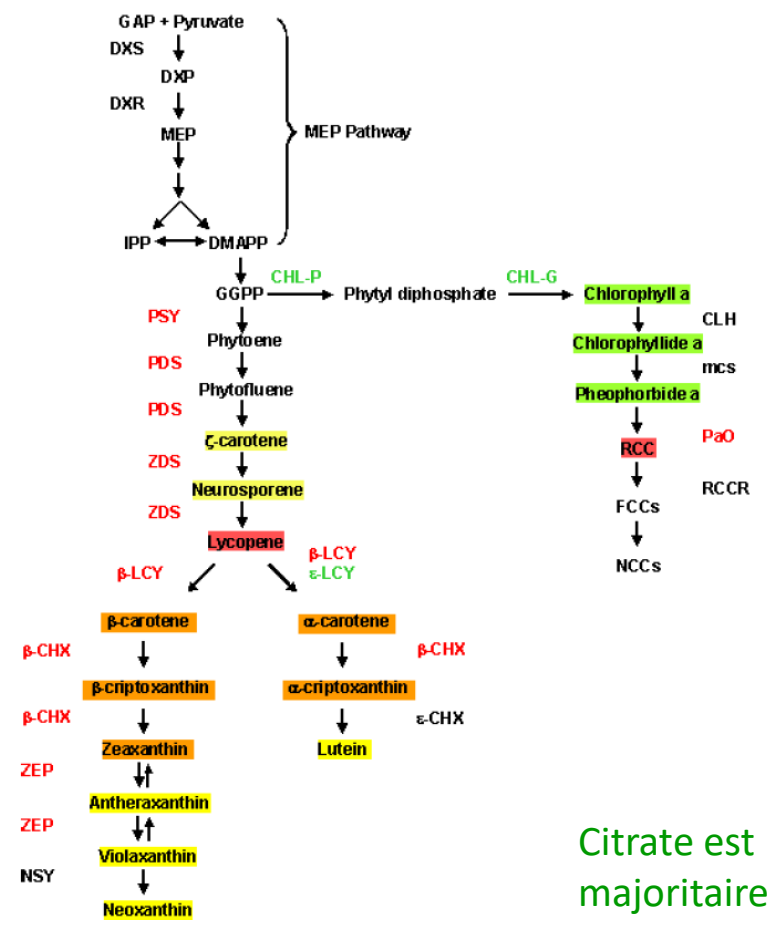
Les agrumes sont des **baies charnues** type **fruits simples** (développement de l'ovaire d'1 seule fleur) la partie charnue très juteuse est due à la prolifération de **poils succulents** dans l'endocarpe.

# Le développement du fruit et ses indicateurs



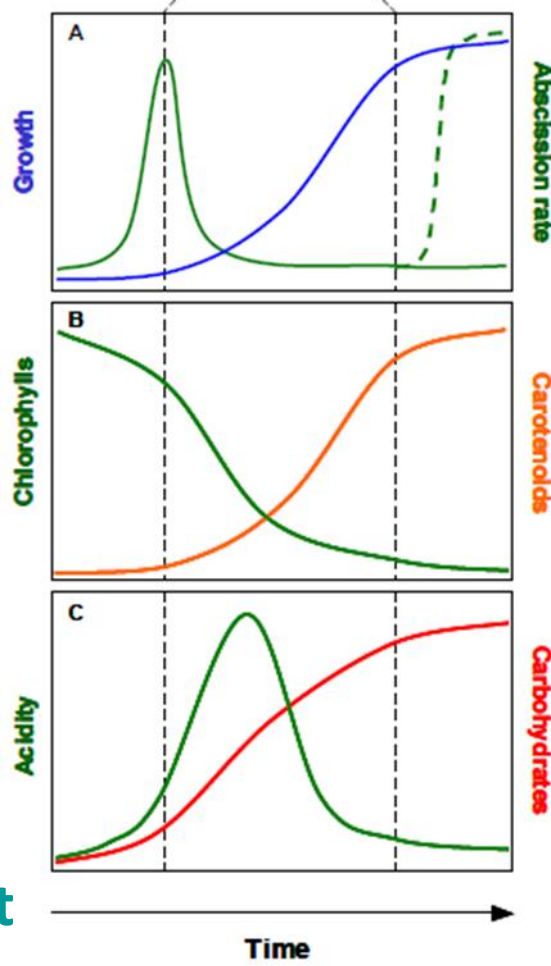
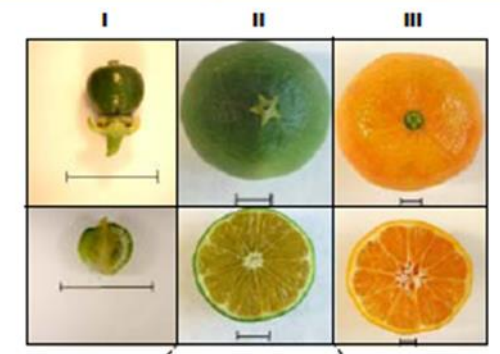
I : Multiplication cellulaire; II: Grossissement cellulaire; III: Maturation

## Voie de synthèse des caroténoïdes



Citrate est majoritaire

## Phases of fruit growth & development



Les critères de maturité (= qualité) sont dépendants de l'environnement

# Les moyens d'évaluation de la diversité des agrumes

## ✓ Le phénotype

L'ensemble des caractères observables visuellement ou par des procédés analytiques

Exemples:

forme, couleur, dimension, phénologie  
acidité, sucrosité, composition HE  
tolérance à un stress

## ✓ Le génotype

Procédés qui révèlent les variations de structure de l'ADN

## ✓ La collection

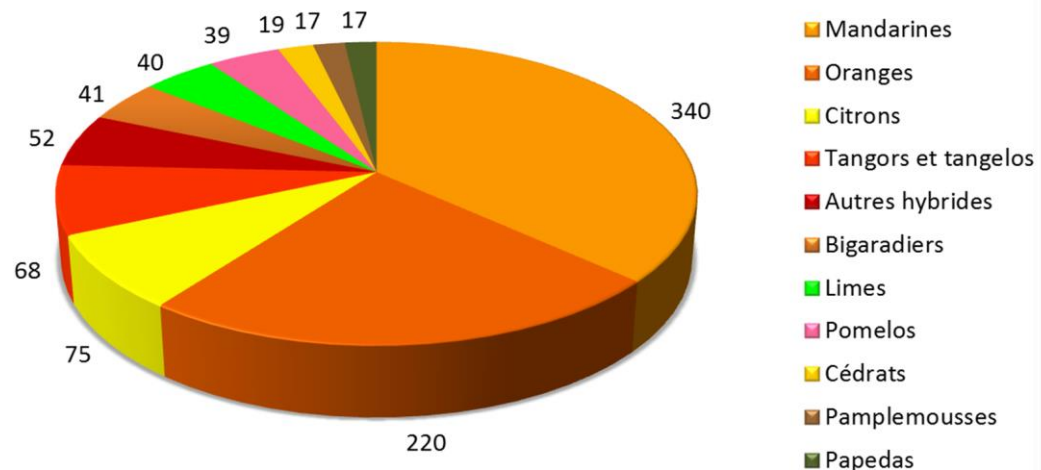
Représentativité des espèces / références



# La collection d'agrumes INRAE-Cirad San Giuliano

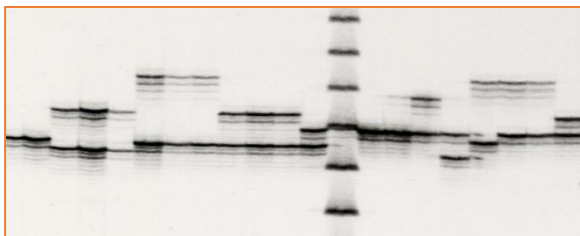
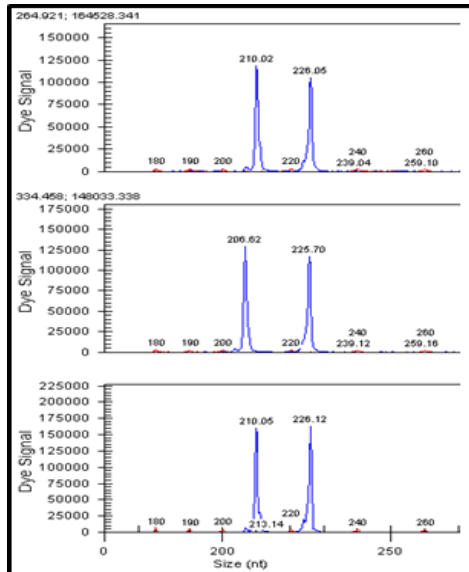


A partir de 1961, construction d'un conservatoire de la diversité de agrumes sous forme d'arbres sains en vergers



# Les marqueurs génétiques de l'ADN utilisés

- PCR amplification & électrophorèse techniques
- DNA séquençage techniques



## SSR

Single Sequence Repeat  
or microsatellite

## InDel

Insertion or deletion

## SNP

Single nucleotide  
polymorphism

2 varieties

## Variations structurelle du génome

1 variety

Var1

GTAGTCCAGCGCGCGCGCAGCTTGAATCG  
CATCAGGTTCGCGCGCGCGTCGAACTTAGC

Chro1

Var2

GTAGTCCAGCGCGCGC--AGCTTGAATCG  
CATCAGGTTCGCGCGCG--TCGAACTTAGC

Chro1'

Var1

GTAGTCCAGTAAGCGCTTGAATCG  
CATCAGGTCATTCGCGAACTTAGC

Chro1

Var2

GTAGTCCAGTA---GCTTGAATCG  
CATCAGGTCAT---CGAACTTAGC

Chro1'

Var1

GTAGTCCAGTAAGCTTGAATCG  
CATCAGGTCATTGAACTTAGC

Chro1

Var2

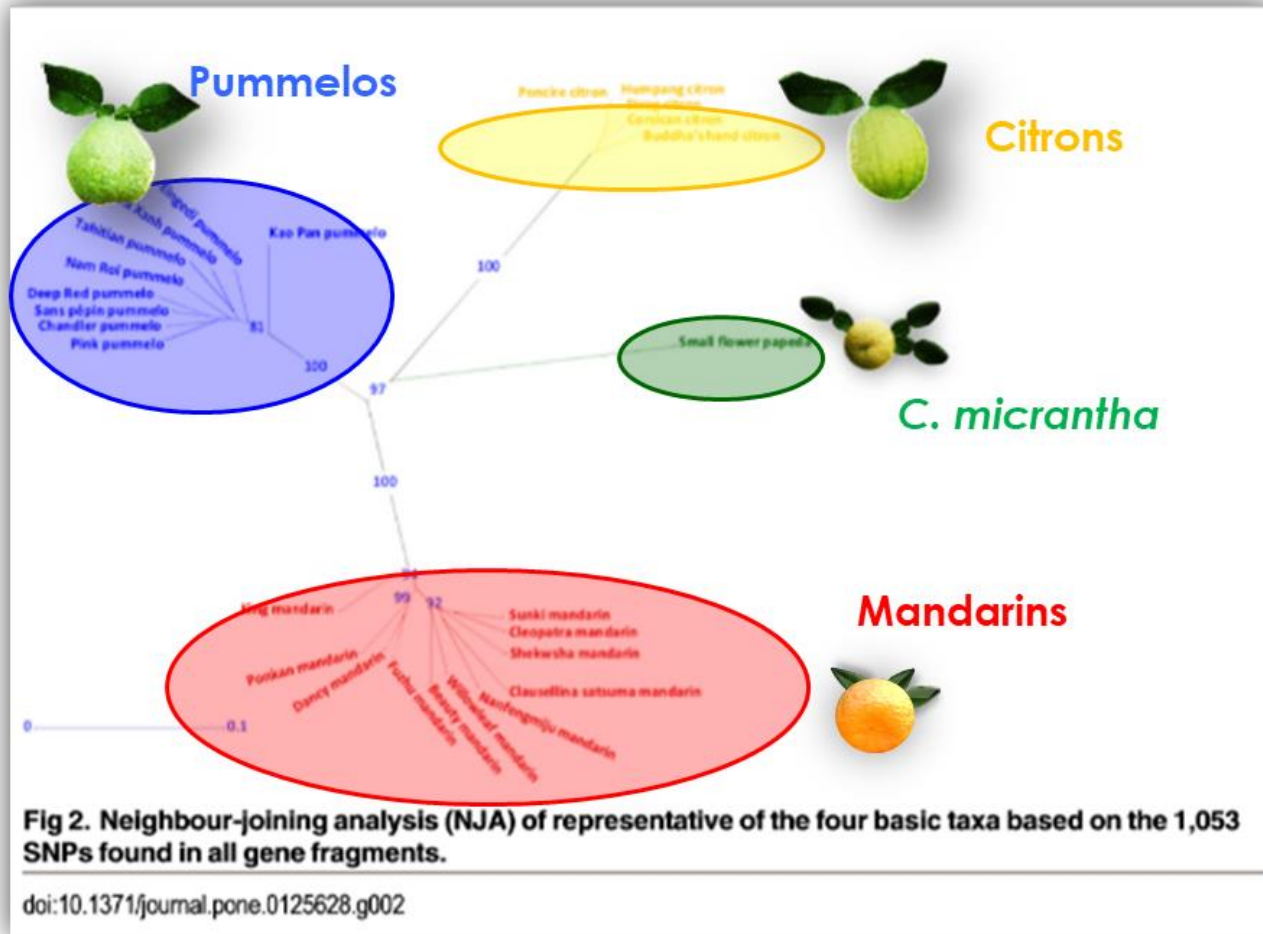
GTAGTCCAGTAGGCTTGAATCG  
CATCAGGTCATCGAACTTAGC

Chro1'

Des marqueurs co-dominants

# Les marqueurs pour études de diversité et d'origine

Deux variétés génétiquement proches ont plus d'allèles en commun que deux variétés d'espèces différentes  
Les relations entre les variétés et les espèces sont évaluées sur la base des différences alléliques des marqueurs



*Index de dissimilarité*

$$d_{ij} = 1 - \frac{1}{L} \sum_{l=1}^L \frac{m_l}{\pi}$$

$d_{ij}$  : dissimilarity between units  $i$  and  $j$

$L$  : number of loci

$\pi$  : ploidy

$m_l$  : number of matching alleles for locus  $l$

la distance génétique (indice de dissimilarité) entre individus est proportionnelle à la longueur des branches du dendrogramme

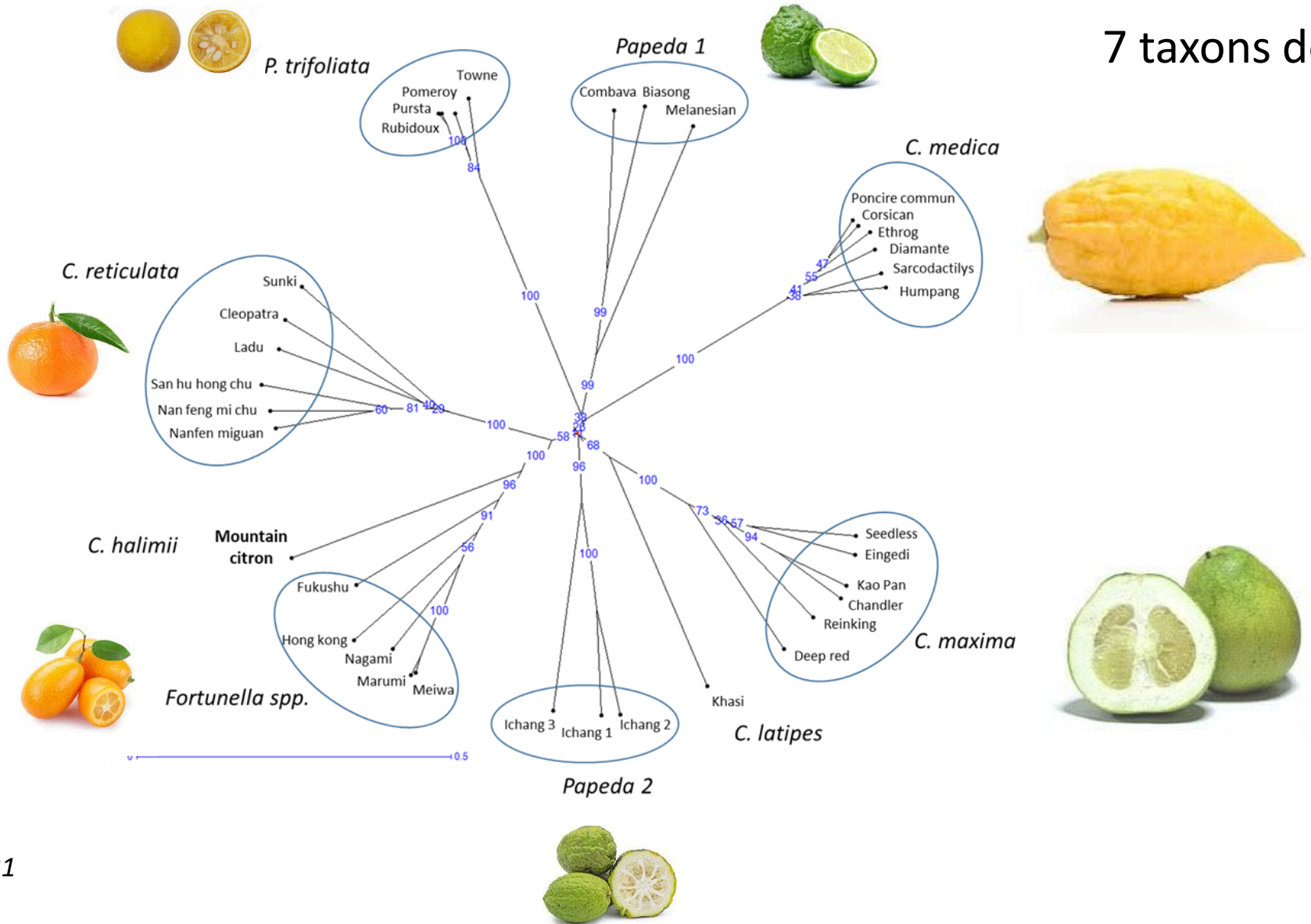
4 espèces ancestrales\* génétiquement différenciées

\* *Parents d'agrumes cultivés*



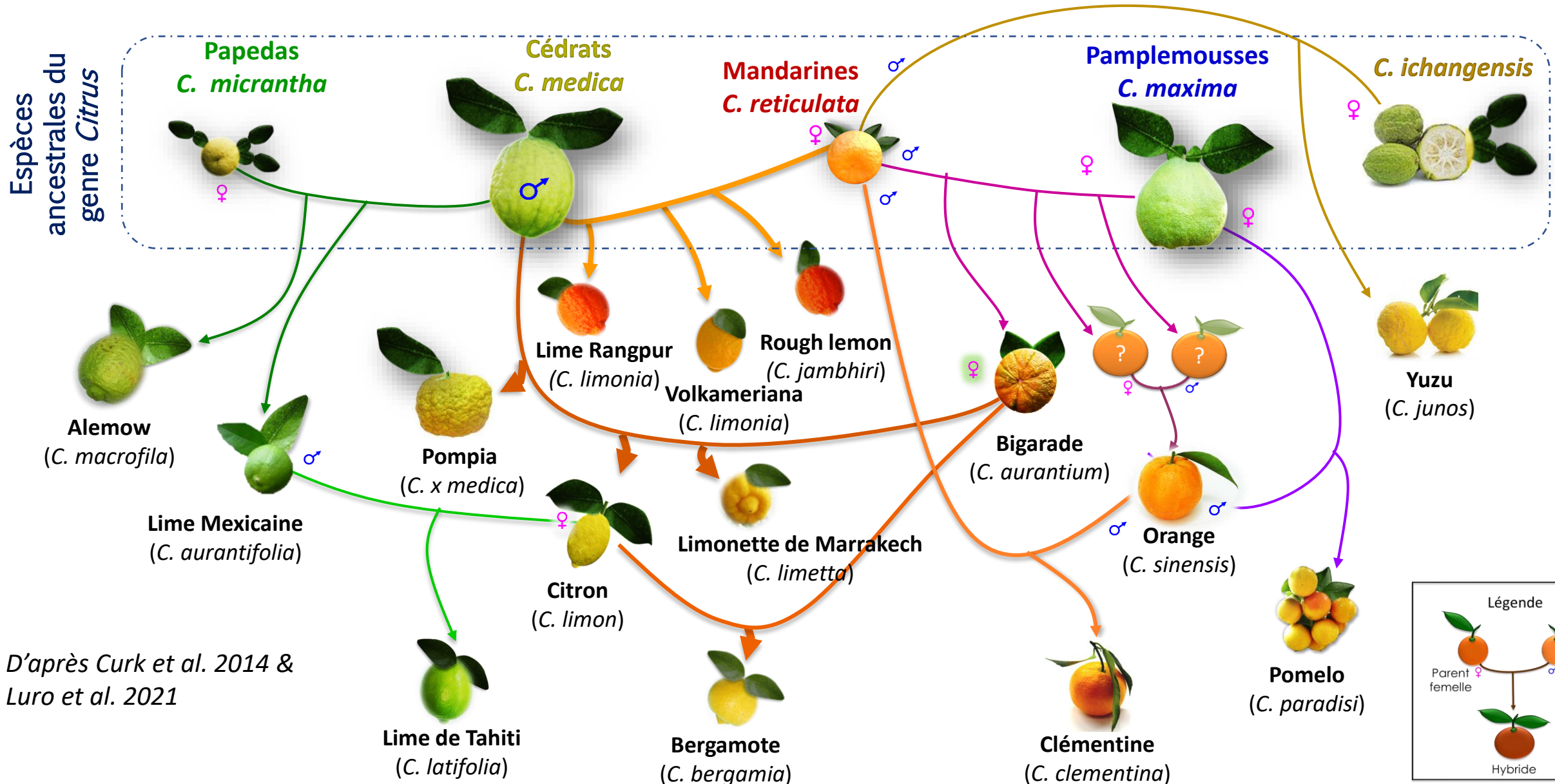
# Diversité génétique entre espèces de base, *Citrus*

45 marqueurs SSR





# Phylogénie des agrumes cultivés des agrumes



D'après Curk et al. 2014 & Luro et al. 2021

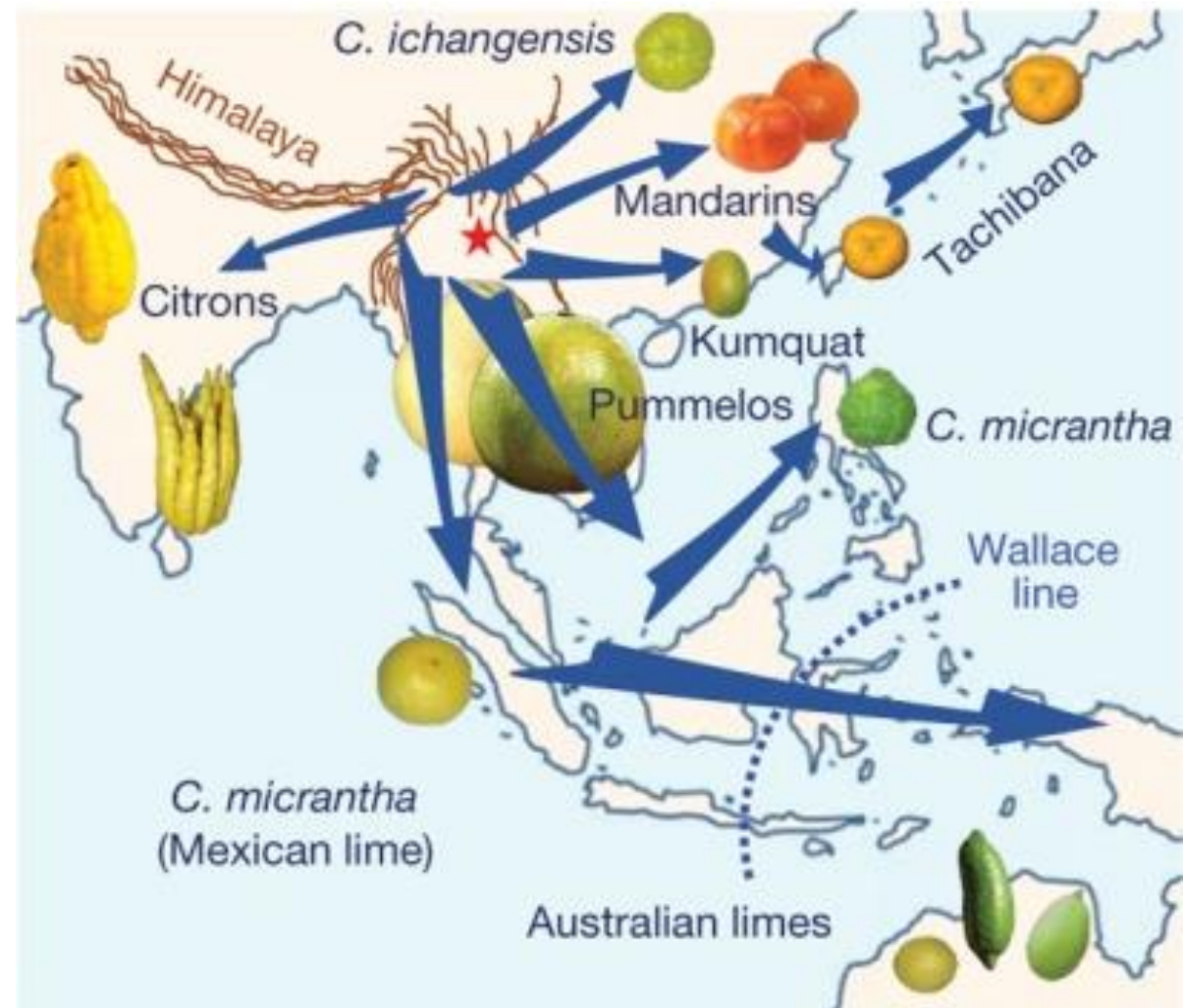
**Les facteurs génétiques et génomiques et les modes de reproduction qui contribuent à la diversité génétique des agrumes**

# L'évolution réticulée : base de la diversité

Radiation des populations dans le sud-est asiatique (Miocène) et en Océnanie (Pliocène)

L'évolution **allopatrique** a conduit à la diversification des populations ancestrales et à l'apparition des espèces fondatrices de la diversité actuelle

**Adaptation** à des environnements variés dans le temps et l'espace: grande diversité (caractères d'intérêt)



# Le génome des agrumes



Un « petit » génome (**360** Mpb. - **398** Mpb.) [Ollitrault *et al.* 1994]



*Arabidopsis thaliana* **119** Mpb



*Zea mays* **5.000** Mbp



*Populus trichocarpa* **485** Mbp



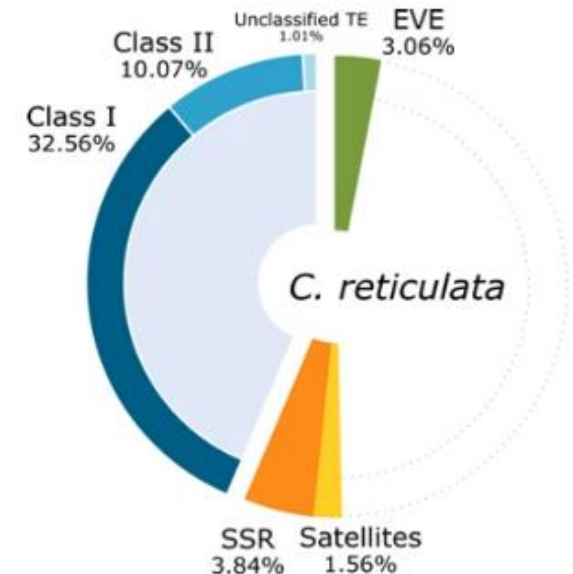
*Triticum* **17.000** Mbp



n = 9 chromosomes

Environ 37 000 gènes

Séquences répétées ~50% génome

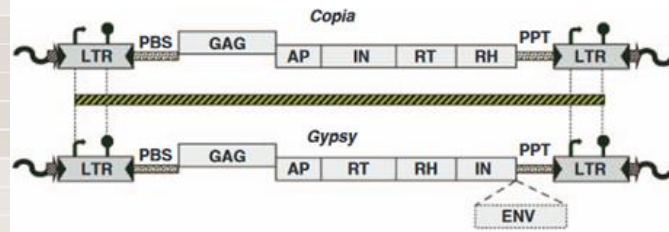




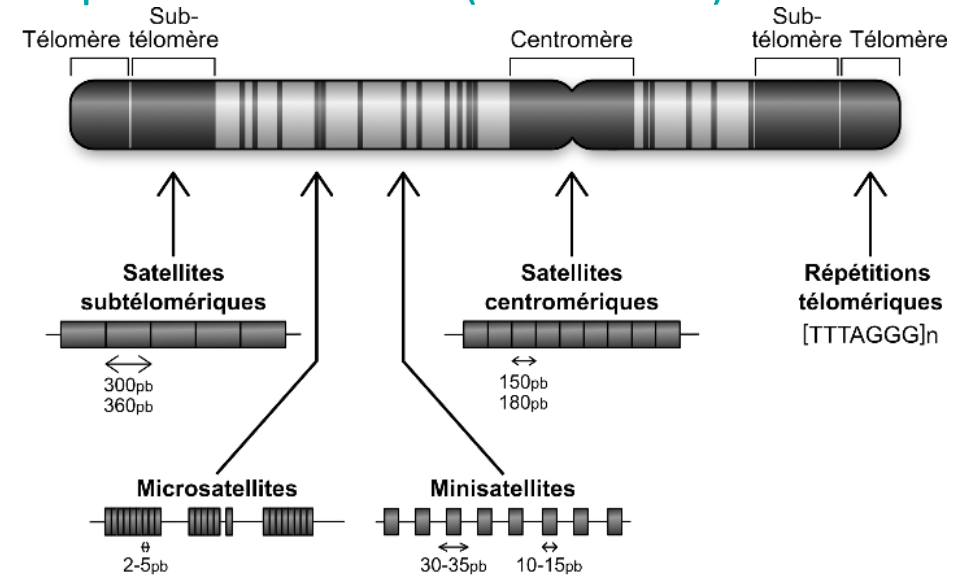
# Les séquences répétées

## - Les éléments transposables ET (*dispersés*)

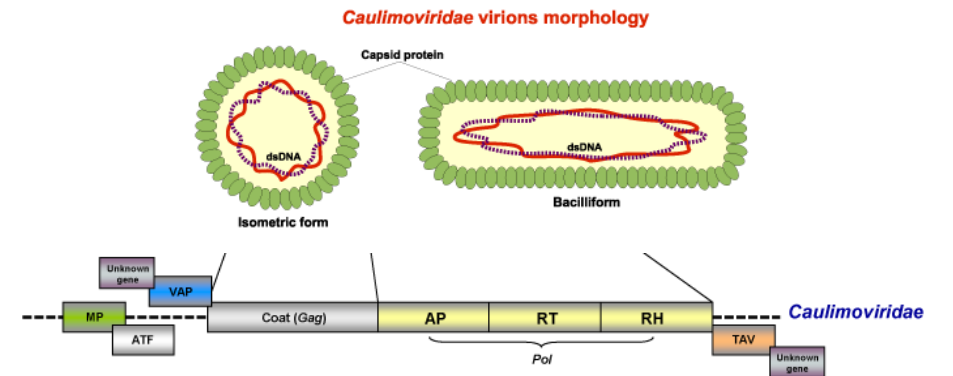
Classification	Structure
Order	Superfamily
<b>Class I (retrotransposons)</b>	
LTR	Copia
	Gypsy
	Bel-Pao
	Retrovirus
	ERV
DIRS	DIRS
	Ngaro
	VIPER
PLE	Penelope
LINE	R2
	RTE
	Jockey
	L1
	I
SINE	iRNA
	7SL
	5S
<b>Class II (DNA transposons) - Subclass 1</b>	
TIR	Tc1-Mariner
	hAT
	Mutator
	Merlin
	Transib
	P
	PiggyBac
	PIF-Harbinger
	CACTA
Crypton	Crypton
<b>Class II (DNA transposons) - Subclass 2</b>	
Helitron	Helitron
Maverick	Maverick



## - Les séquences satellites (*en tandem*)

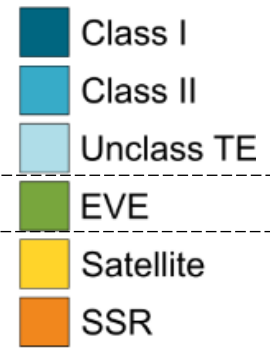
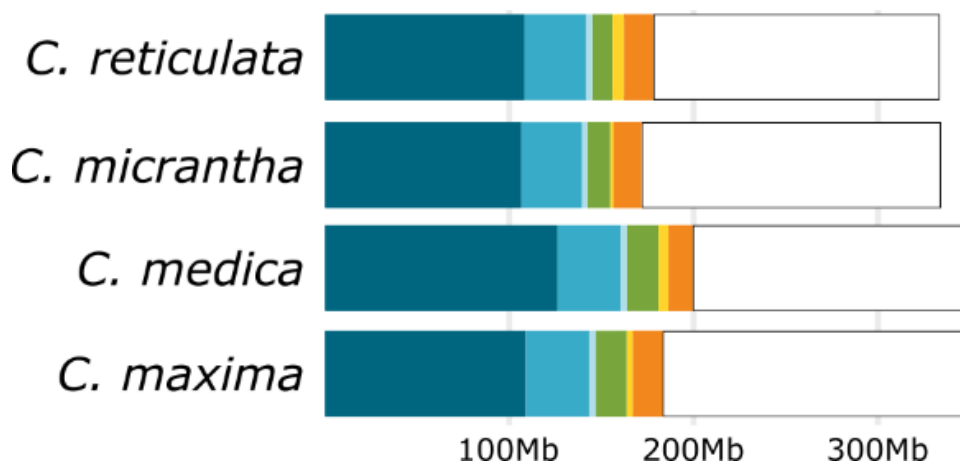


## - Les éléments viraux endogènes (EVE)

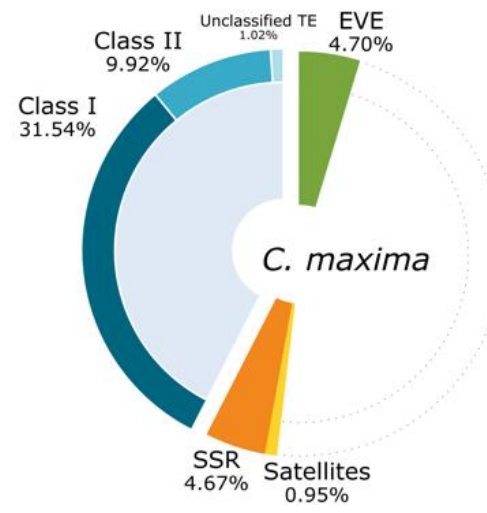
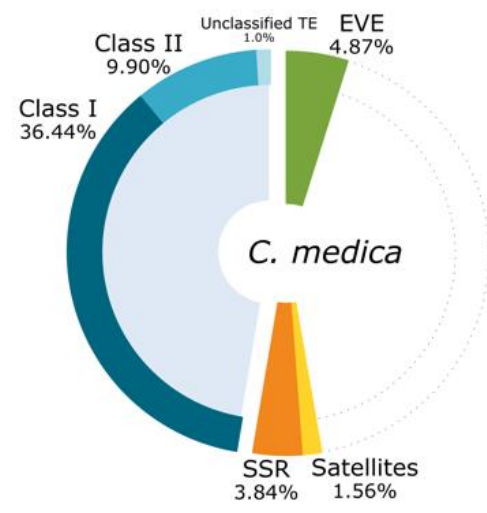
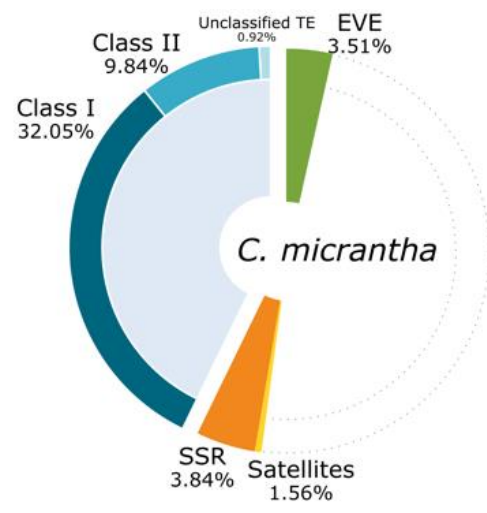
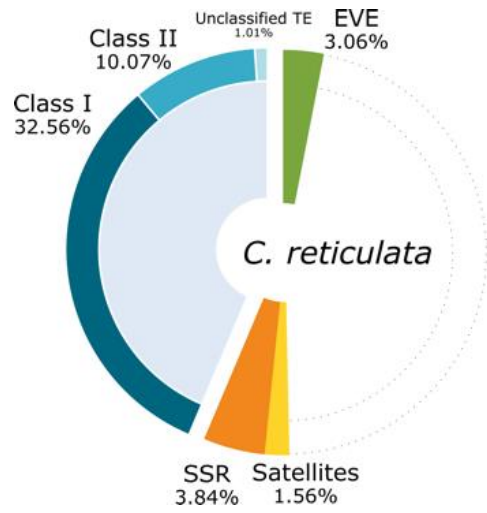


Wicker et al. (2007)

# Diversité des séquences répétées



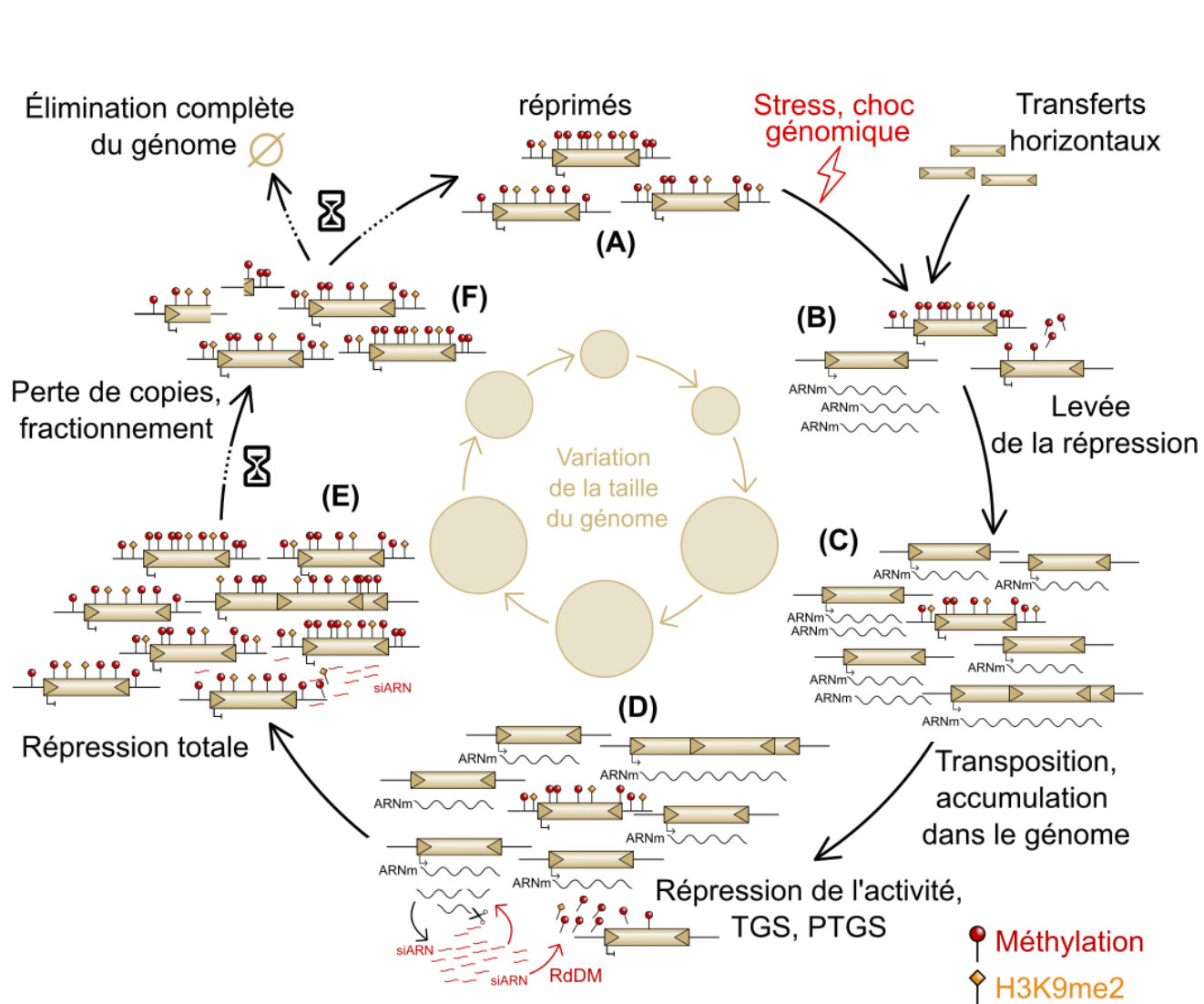
	<i>C. reticulata</i>	<i>C. micrantha</i>	<i>C. medica</i>	<i>C. maxima</i>
Eléments transposables	43,6%	42,8%	47,3%	42,5%
Eléments viraux endogènes	3,1%	3,5%	4,9%	4,7%
Satellites	6,7%	5,0%	5,4%	5,7%
<b>Total</b>	<b>53,4%</b>	<b>51,4%</b>	<b>57,6%</b>	<b>52,8%</b>



→ Plus de la moitié des génomes est constituée de séquences répétées

Différences entre espèces → Dynamique / évolution au cours du temps

# Dynamique des ET au cours du temps



## Stress:

- Augmentation T°
- Stress salin
- Stress hydrique
- UV
- Blessure des tissus
- Infection virale
- Culture *in vitro*



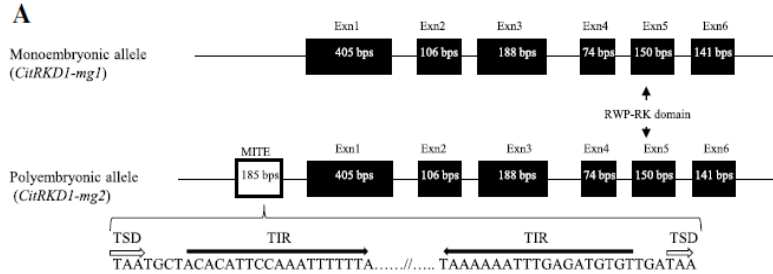
**Choc génomique** → hybridation, polyploïdie, ...





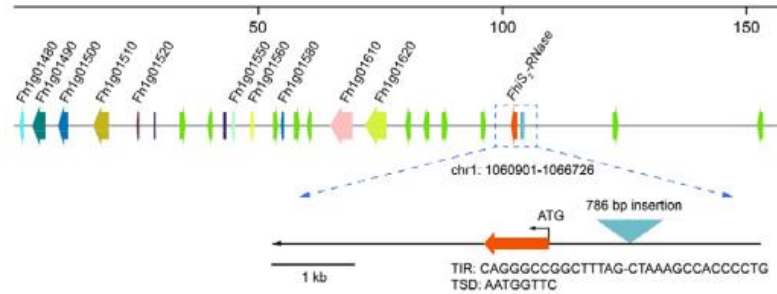
# Diversité de traits liée à l'insertion des ET

## Apomixie (Polyembryonie) (Shimada et al. 2018)

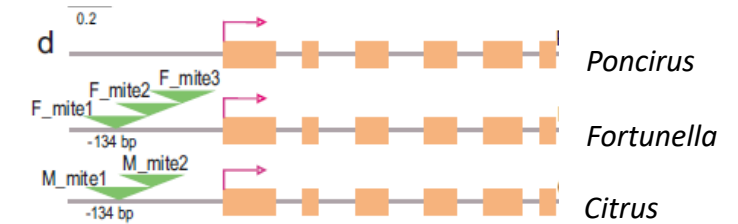


## L'auto-compatibilité

(Hu et al. 2023)



## L'acidité de la pulpe (Wang et al. 2022)



## Couleur sanguine de la pulpe d'orange (Butelli et al. 2012)

The Plant Cell, Vol. 24:1242-1255, March 2012, www.plantcell.org © 2012 American Society of Plant Biologists. All rights reserved.

**Retrotransposons Control Fruit-Specific, Cold-Dependent Accumulation of Anthocyanins in Blood Oranges**<sup>WIGDA</sup>

Eugenio Butelli,<sup>a</sup> Concetta Licciardello,<sup>b</sup> Yang Zhang,<sup>a</sup> Jianjun Liu,<sup>c</sup> Steve Mackay,<sup>a</sup> Paul Bailey,<sup>a</sup> Giuseppe Reforgiato-Recupero,<sup>b</sup> and Cathie Martin<sup>a,1</sup>

<sup>a</sup>John Innes Centre, Norwich NR4 7UH, United Kingdom  
<sup>b</sup>Centro di Ricerca per l'Agricoltura e le Colture Mediterranee, 95024 Acireale, Italy  
<sup>c</sup>Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu City, Sichuan 610066, China

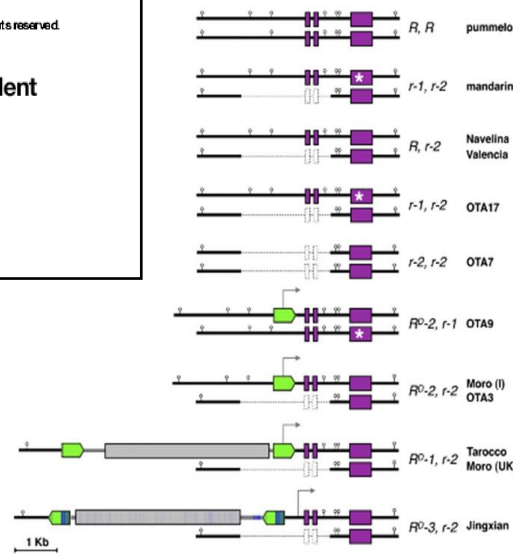
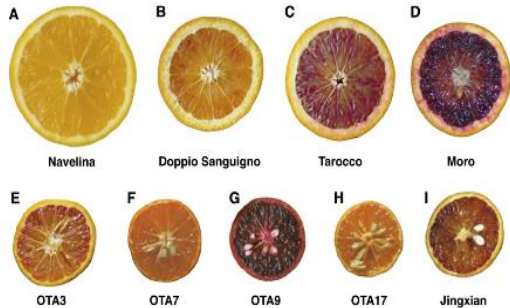
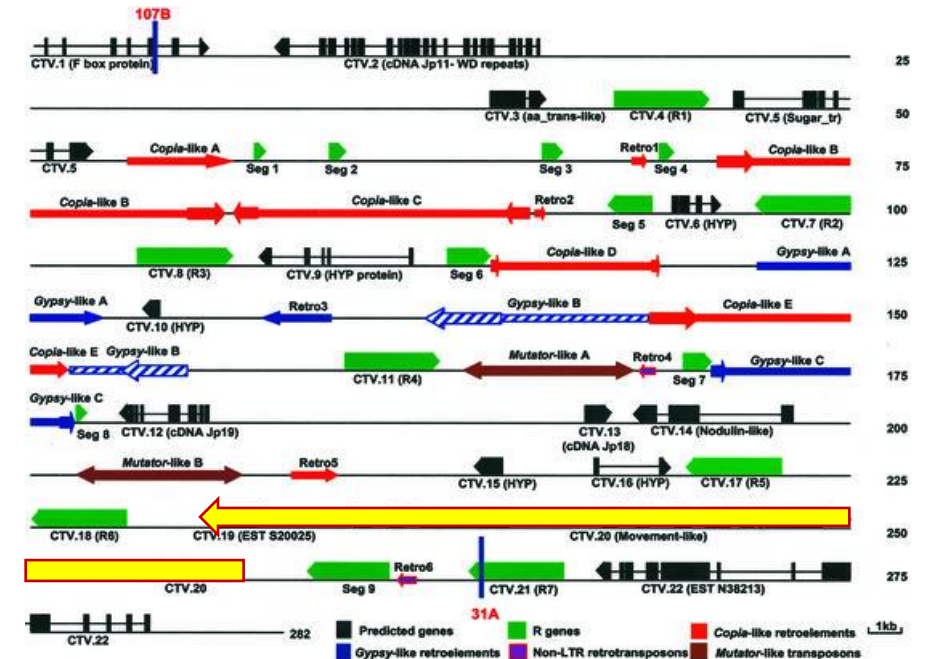


Figure 6. Maps of Structures of the Ruby Locus in the Different Citrus Species, Orange Accessions, and Hybrids.

## Résistance virus Tristeza du Poncirus (Yang et al, 2003)





# Le génome des agrumes



Un « petit » génome (360 Mpb. - 398 Mpb.) [Ollitrault *et al.* 1994]



*Arabidopsis thaliana* 119 Mpb



*Zea mays* 5.000 Mbp



*Populus trichocarpa* 485 Mbp



*Triticum* 17.000 Mbp

n = 9 chromosomes

Environ 37 000 gènes

Séquences répétées: ~50% génome

## La ploïdie



Majoritairement diploïde (2X)

*Triploïdes*

Fécondation entre gamètes  
dont 1 n'est pas réduit  
(méiose imparfaite)



*Citrus latifolia*

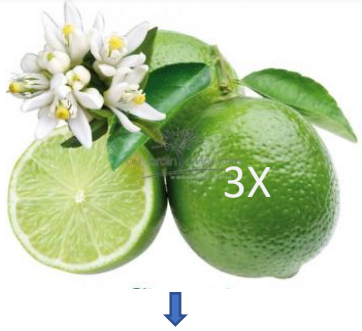
*Tétraploïdes*

Doublement chromosomique  
chez l'embryon  
(mitose incomplète)



*Fortunella hindsii*

# La fréquence des polyploïdes chez les agrumes



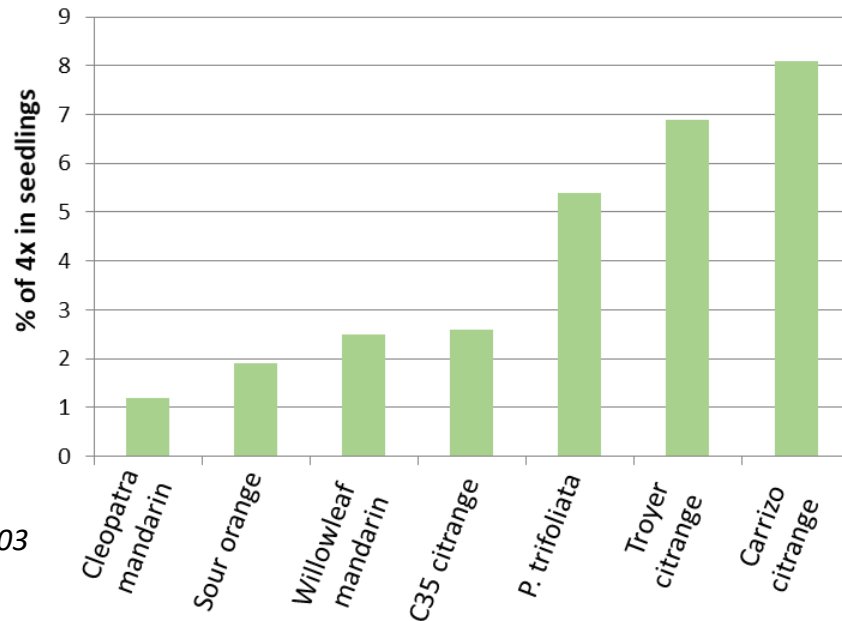
Fruit apyrénique

La fréquence des hybrides **triploïdes** dépend de la variété et l'environnement

Clémentine	1%	Wiling mandarine	14,6%
Citron	4%	Orange	8 to 33%
King mandarine	7%	Ortanique tangor	25%

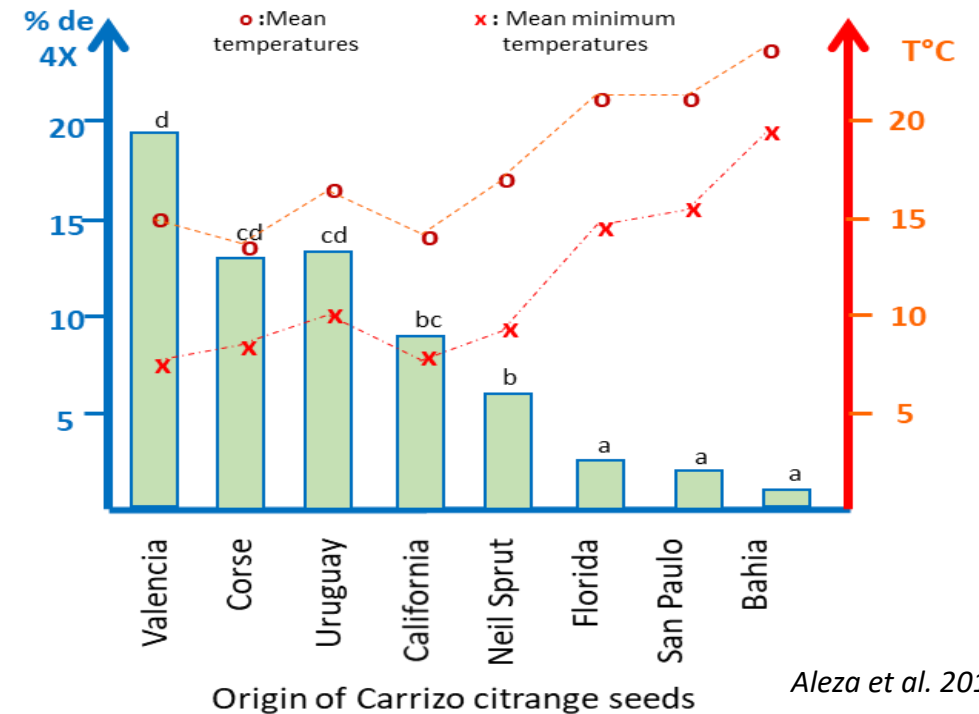
La fréquence des **diploïdes doublés** dans les semis dépend de la variété et l'environnement

Frequency of 4x in rootstock seedlings (2003)



Medecin 2003

Relation between temperature during blossom and frequency of 4X



Aleza et al. 2011

# Les modes de reproduction

Tous les agrumes sont **parthénocarpiques** (développement du fruit sans fécondation)



*pamplemoussiers*

**Reproduction allogame**  
(auto-incompatibilité  
gamétophytique)

# Les modes de reproduction

Mol Genet Genomics (2017) 292:325–341  
DOI 10.1007/s00438-016-1279-8

Liang et al. 2020

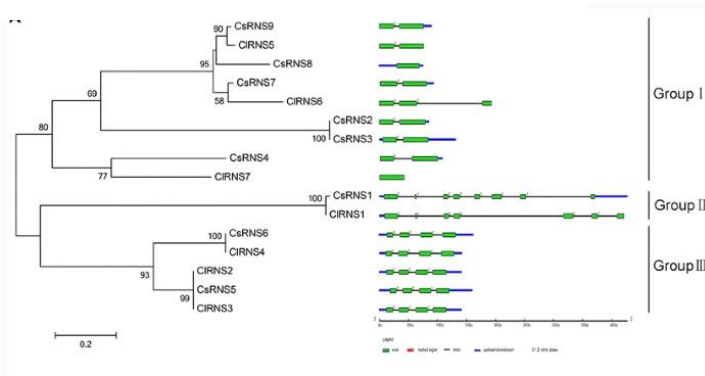


ORIGINAL ARTICLE

## Genome-wide identification and functional analysis of S-RNase involved in the self-incompatibility of citrus

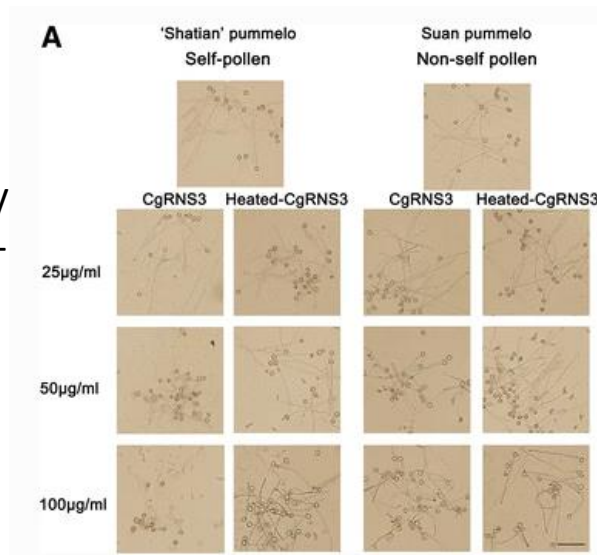
Mei Liang<sup>1</sup> · Wei Yang<sup>1</sup> · Shiyong Su<sup>1</sup> · Lili Fu<sup>1</sup> · Hualin Yi<sup>1</sup> · Chuanwu Chen<sup>2</sup> · Xiuxin Deng<sup>1</sup> · Lijun Chai<sup>1</sup>

Homologous RNase genes from genome data base



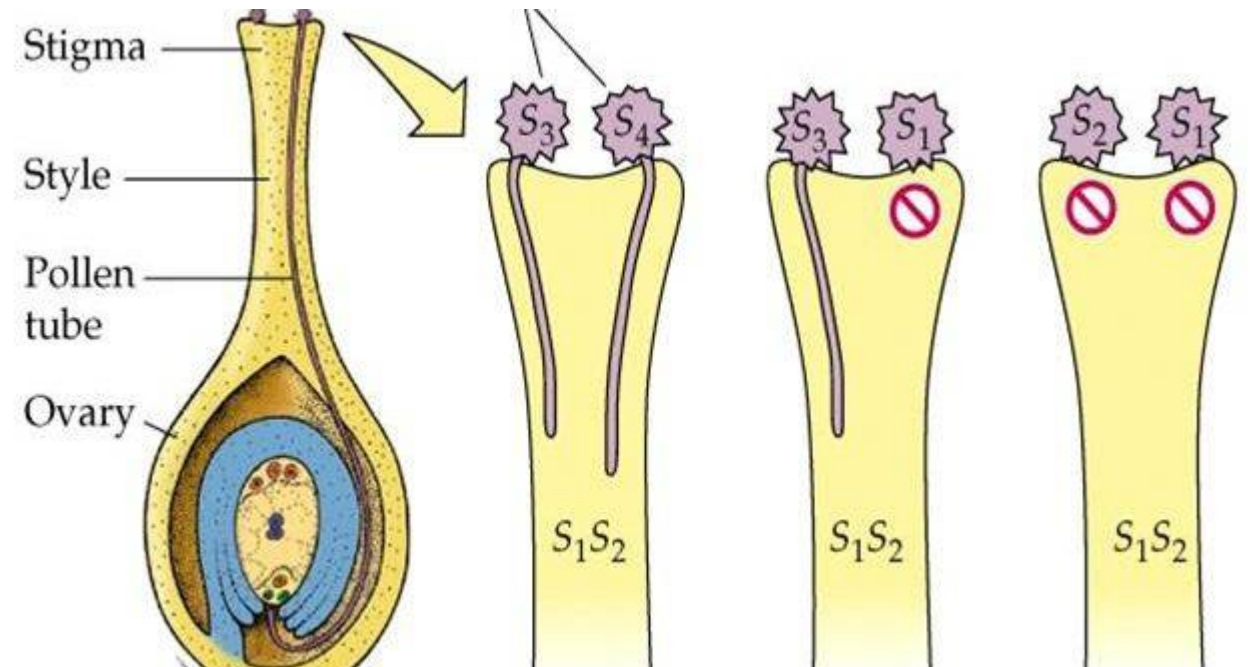
CsRNS3 gene expressed only in pistil

CgRNS3 protein significantly inhibited the growth of self-pollen tubes from 'Shatian' pummelo



## Auto-incompatibilité gamétophytique

Mécanisme génétique (S) inhibiteur de l'autofécondation





# Les modes de reproduction

Tous les agrumes sont **parthénocarpiques** (développement du fruit sans fécondation)



*pamplemoussiers*

**Reproduction allogame**  
(auto-incompatibilité  
gamétophytique)



*mandariniers*

**Apomixie facultative**  
Croisements intervariétaux  
et inter spécifiques  
*auto-incompatibilité chez certains*  
  
Décalage maturité  
pistil/anthère

# Les modes de reproduction

## Apomixie des agrumes

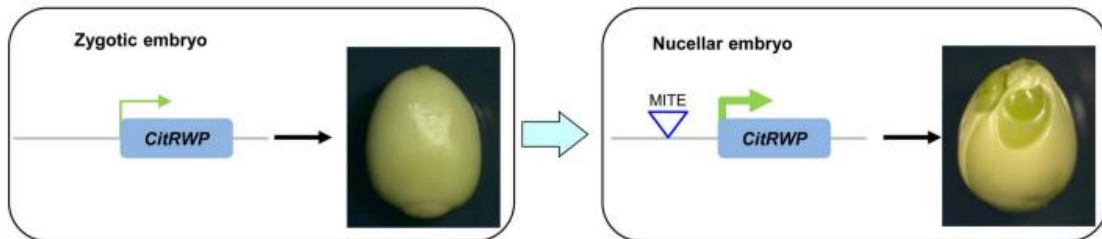


**Des** embryons dans 1 pépin  
(1 zygotique + (1) des nucellaires)

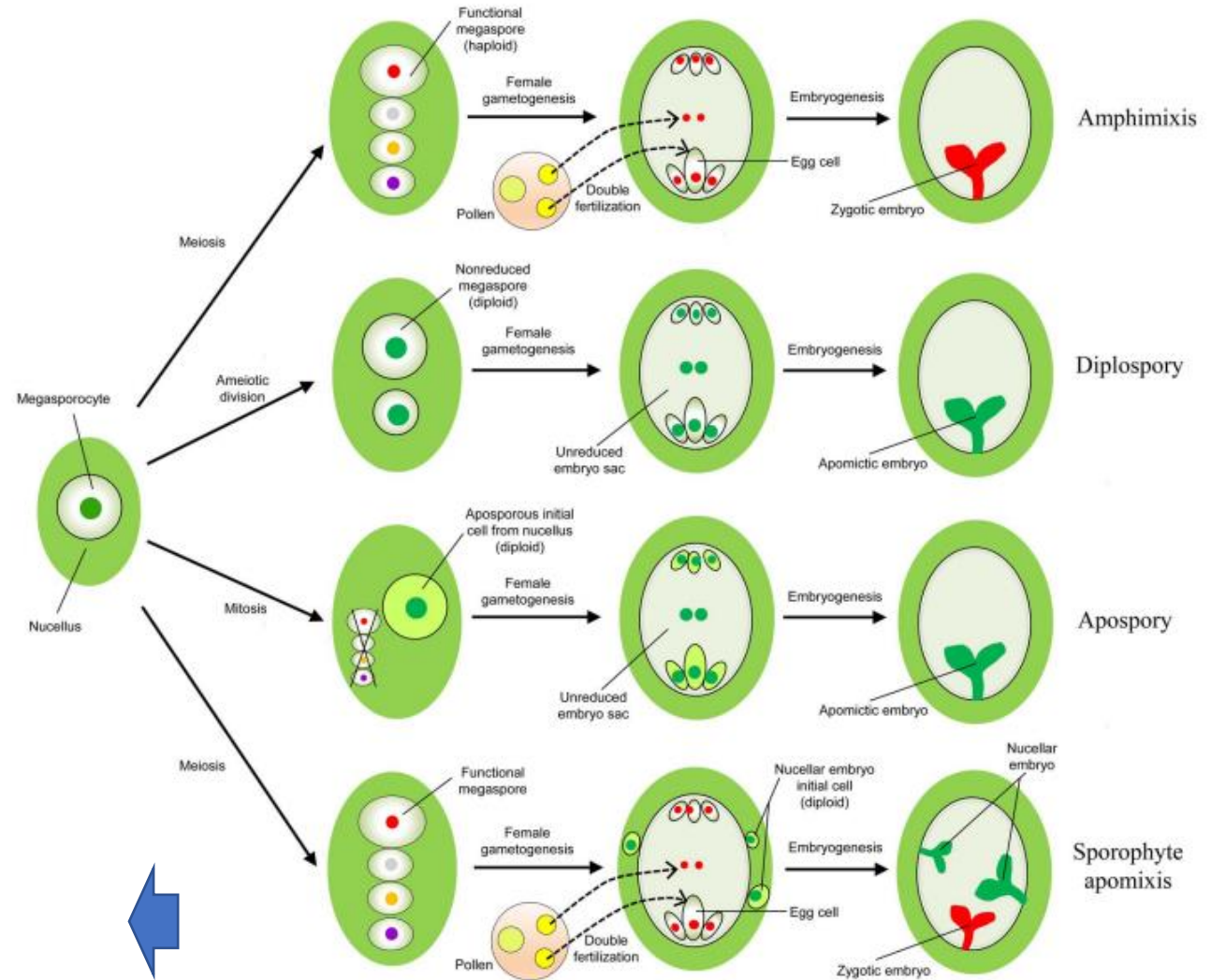


Les embryons nucellaires ont le génome du parent maternel  
Amplification clonale des porte-greffes  
Hétérogénéité des semis car coexistence d'embryons nucellaire et zygotique

Apparition de l'apomixie suite à insertion d'un ET chez les mandariniers, kumquats et micrantha



Représentation de la formation des embryons sexués et apomictiques



# Les modes de reproduction

Tous les agrumes sont **parthénocarpiques** (développement du fruit sans fécondation)



*pamplemoussiers*

**Reproduction allogame**  
(auto-incompatibilité  
gamétophytique)



*mandariniers*

**Apomixie facultative**  
Croisements intervariétaux  
et inter spécifiques  
*auto-incompatibilité chez certains*  
  
Décalage maturité  
pistil/anthère



*cédratiers*

**Autofécondation** fréquente  
**cléistogamie**  
(homozygotie élevée)  
Parent **mâle** des hybrides  
interspécifiques  
Floraison remontante

Les espèces secondaires sont apomictiques (reproduction végétative)



*citronniers*



*bigaradiers*



*orangers*



*pomelos*

+ reproduction végétative  
horticole (greffage)



greffage

Hybrides interspécifiques = hétérozygotie élevée

# La diversité génétique et phénotypique des espèces ancestrales

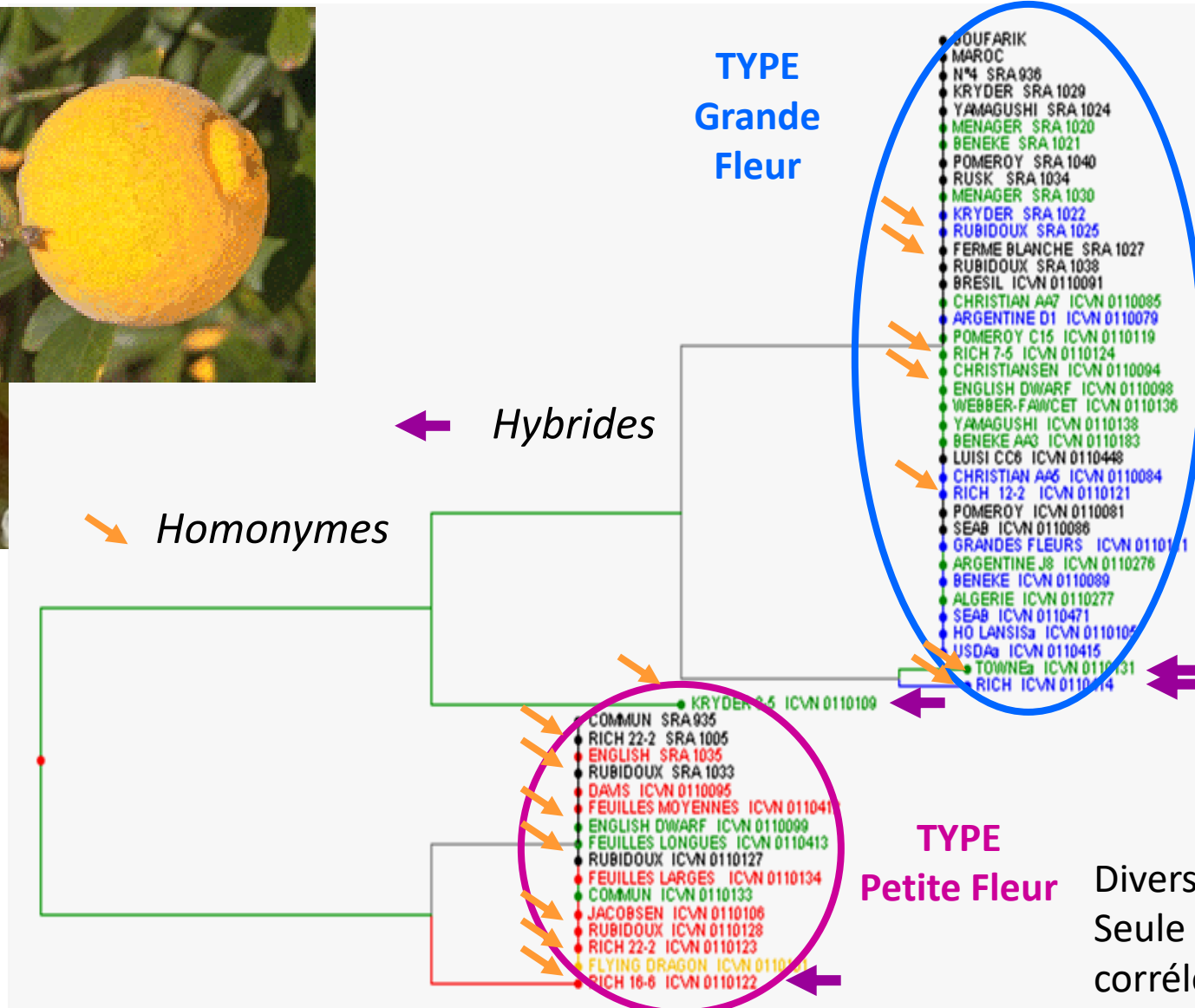
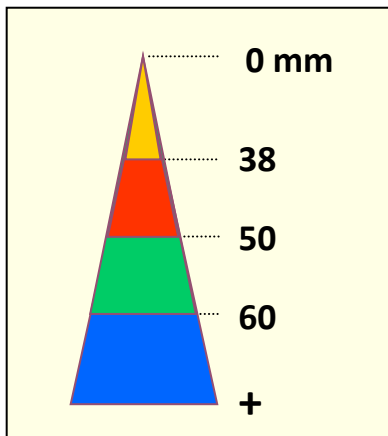


# La diversité des poncirus (*P. trifoliata*)

*Poncirus trifoliata*



La taille de la fleur



Diversité génétique faible: 2 groupes génétiques et 4 génotypes intergroupes (6 profils génétiques SSR)

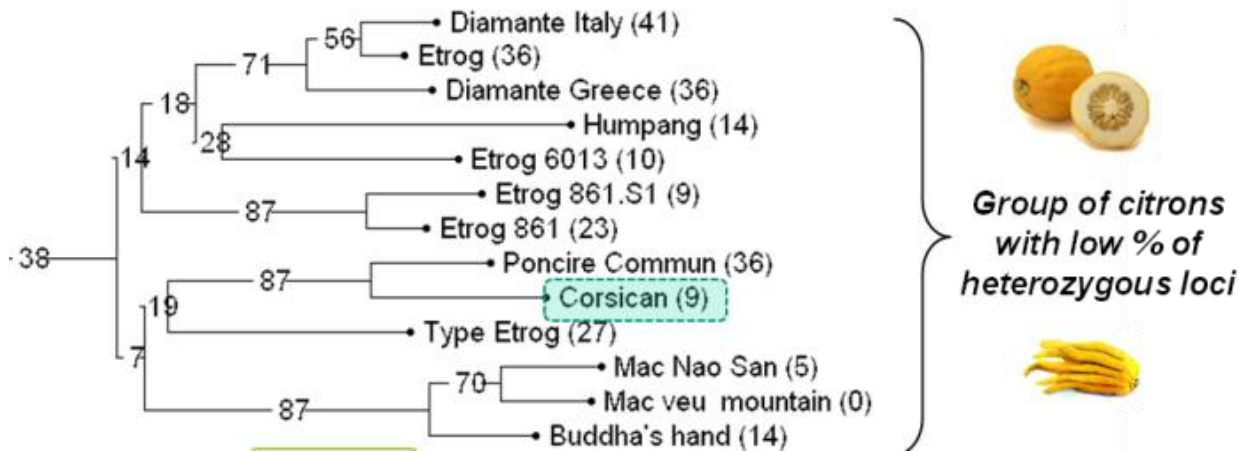


Pas de diversité agronomique entre les 2 groupes

Diversité phénotypique faible: Seule la taille de la fleur est corrélée à la diversité génétique

# La diversité des cédratiers (*C. medica*)

## Diversité génétique SSR des cédrats



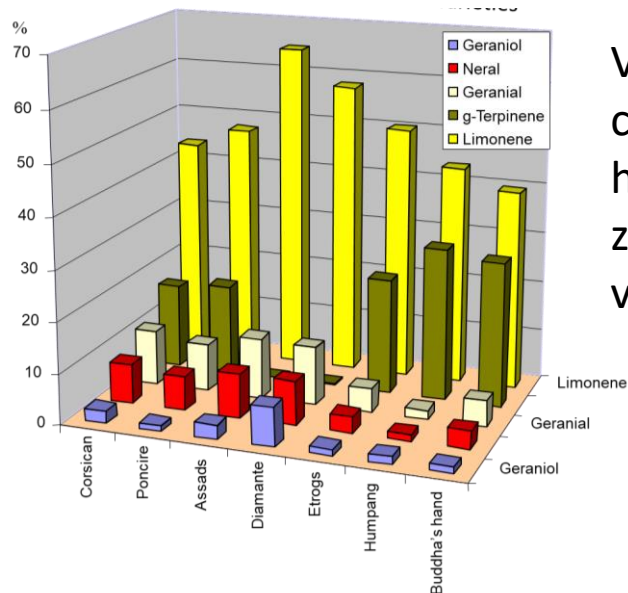
Chaque variété a un profil SSR unique => croisements sont les mécanismes de diversification

## Origines parentales des hybrides de cédrats

*Proportion of alleles from ancestral species*

		Citron	Pummelo	Mandarin	Unknown origin	Cytoplasm type	Putative Origin
Mac Nao Si		52.4	7.2	35.8	4.6		sweet orange x citron
Ommeyades / Damas		50	12.3	24.7	13		sour orange x citron
Poncire Colioure / Rhobs el Arsa		58.3	7.6	30.4	3.7		lemon x citron
Fourny		70	22.5	7.5	0		(pummelo x citron) x citron
Kadu Mul		52.4	0	42.9	4.6		mandarin x citron
Mac Nao N		5	32.5	32.5	30	?	?
Ada Jamir		47.6	4.5	4.5	43.4	?	papeda? x citron
Florence		26.3	9	54	11.7		lemon x sour orange or sour orange x lemon
Verruqueux		60	15	15	10	?	? x citron

## Diversité chimique des cédrats



Variation des compositions des huiles essentielles de zeste (PEO) entre variétés

Luro et al. 2012

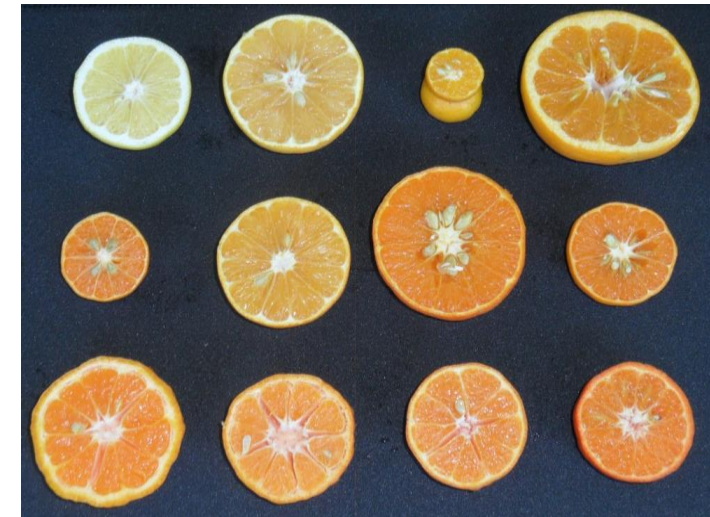


# La diversité des mandariniers (*C. reticulata*)

## Phénotypes

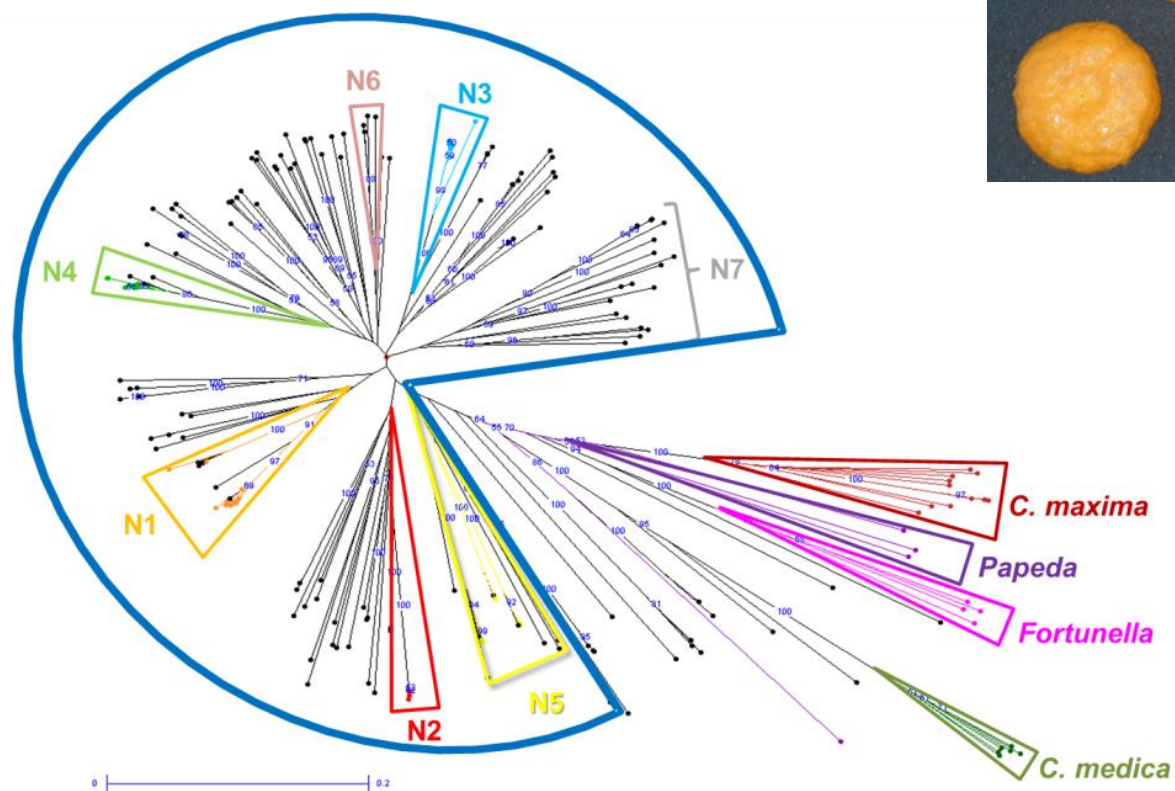
Très grande diversité

Panel de tailles et de couleurs de la peau des mandarines

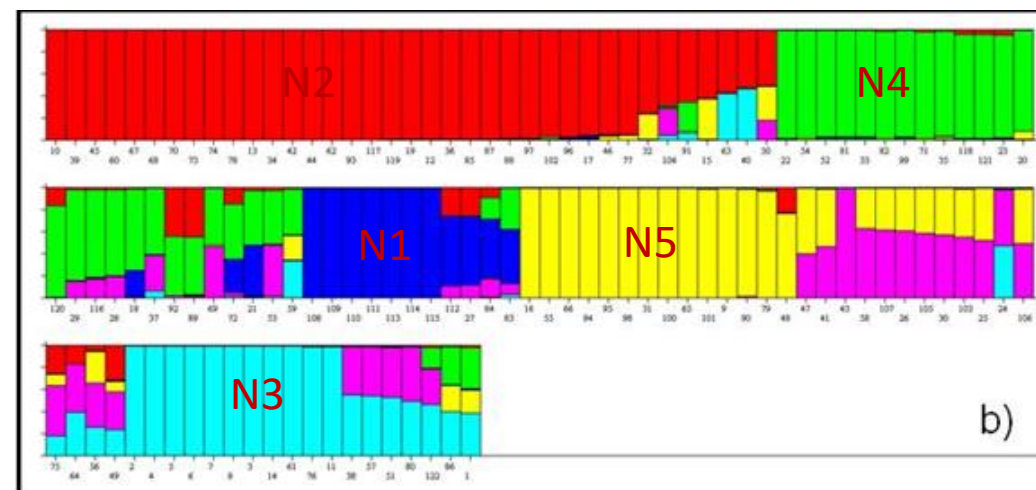


## Génotypes

Très grande diversité génétique (SSR, Indels, SNP) mais peu structurée

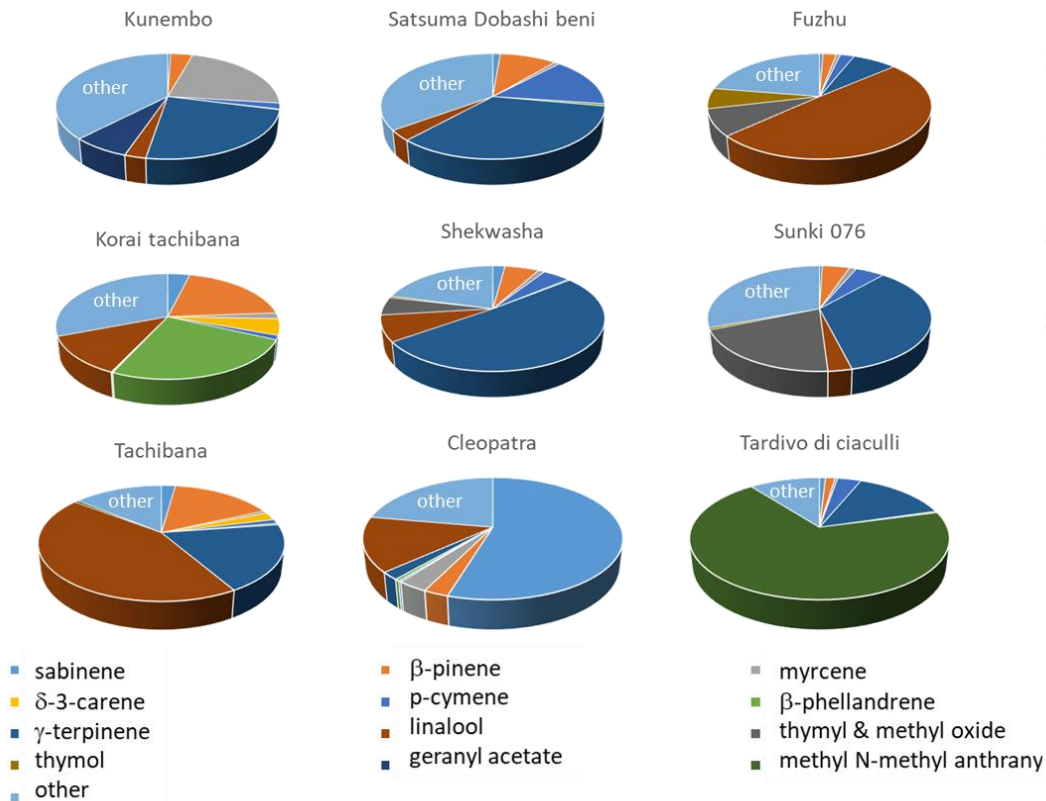


5 sous-groupes majeurs (analyse bayésienne)



# La diversité des mandariniers

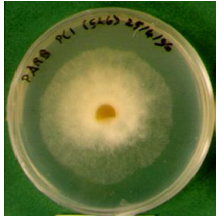
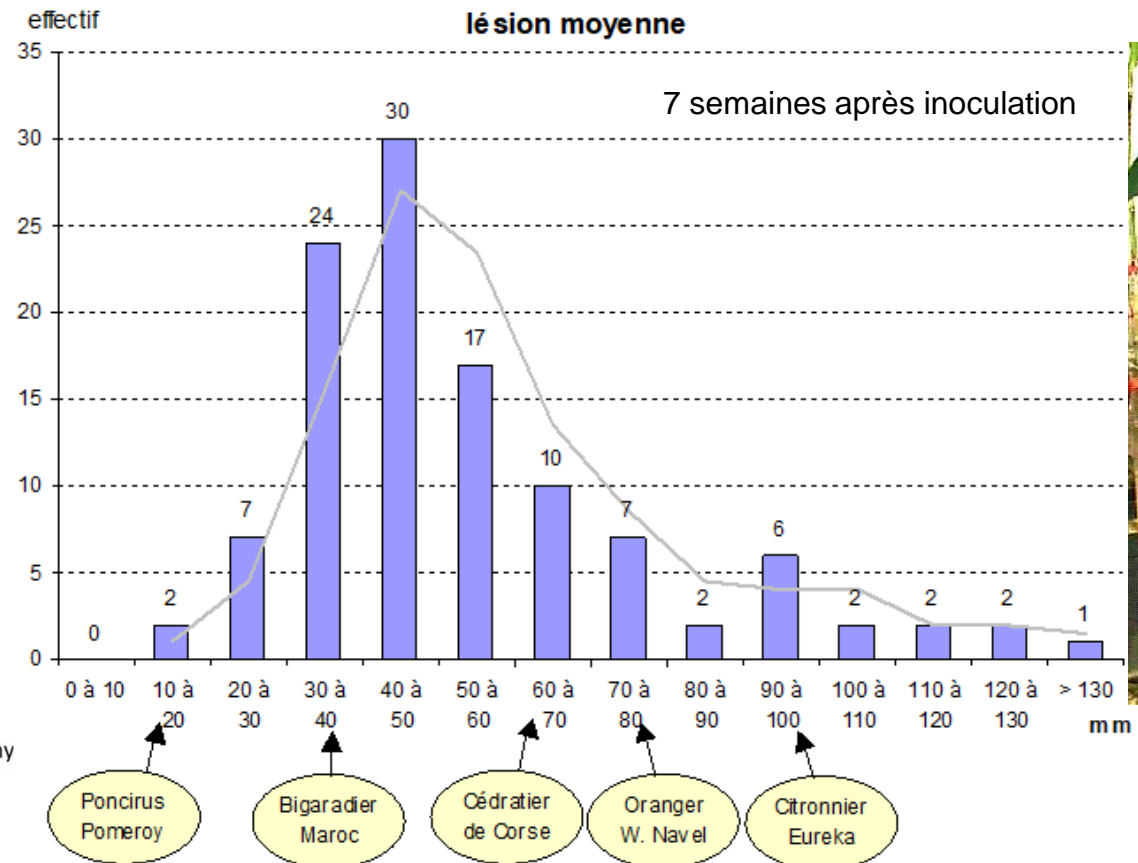
## Composition des huiles essentielles



Luro et al. 2022

## Tolérance au *Phytophthora citrophthora*

Répartition en classes de 10 mm des variétés suivant leur lésion moyenne



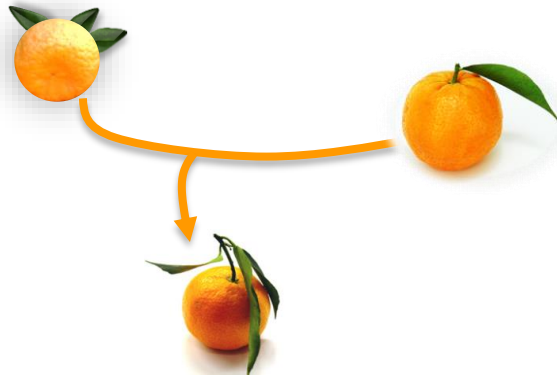
Une diversité est issue de la reproduction sexuée



# La diversité génétique et phénotypique des espèces secondaires

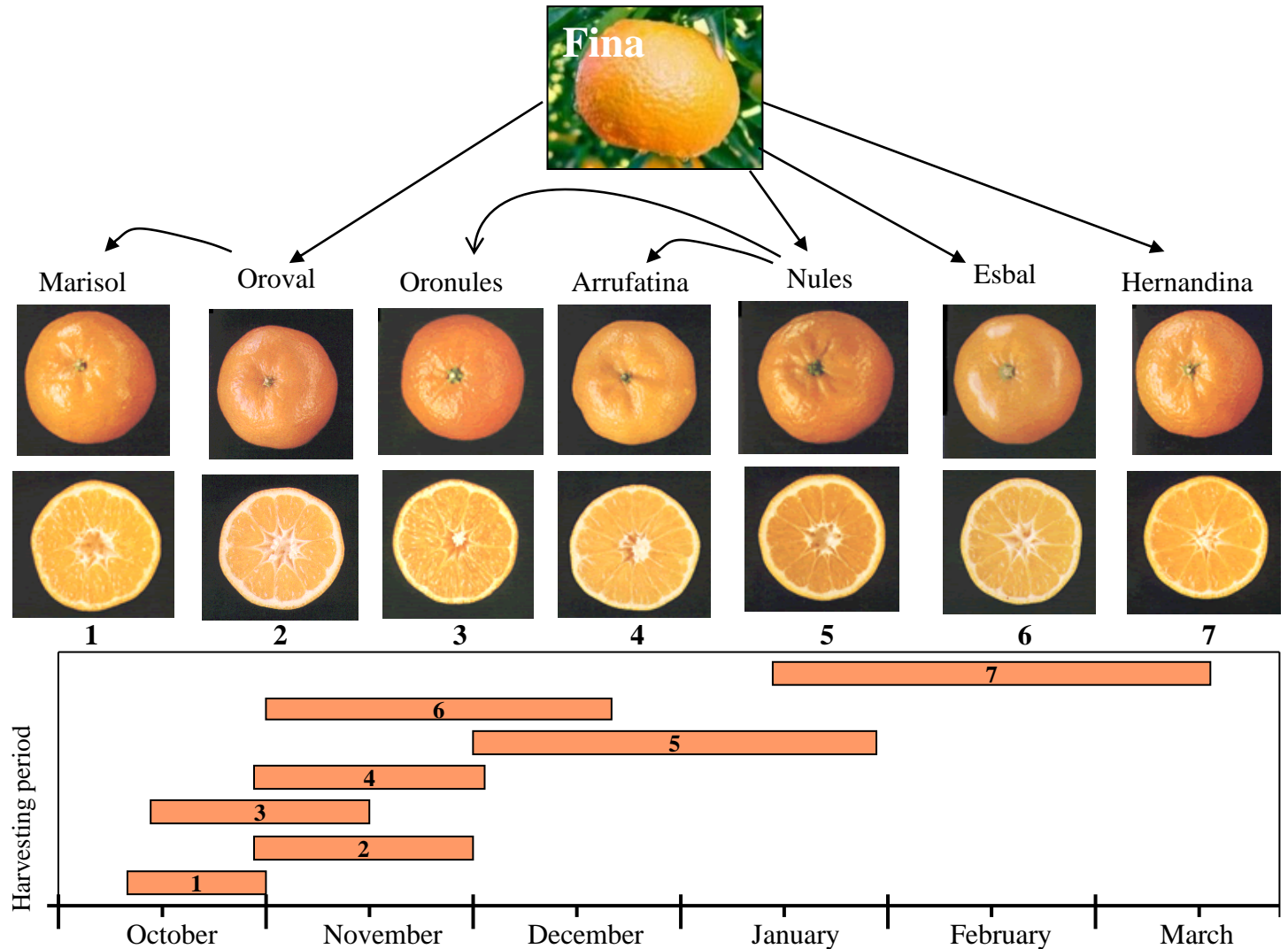
La sélection variétale chez les espèces secondaires se base essentiellement sur le repérage de variations phénotypiques qui apparaissent spontanément dans les vergers, sur une branche, et concernent surtout les caractères du fruit

# La diversité des clémentiniers (*C. clementina*)

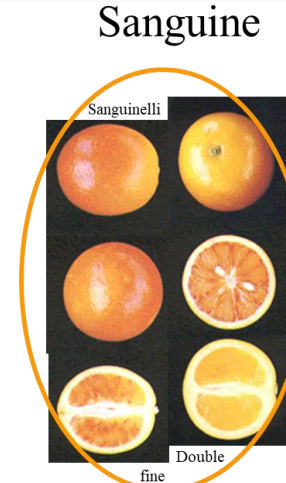
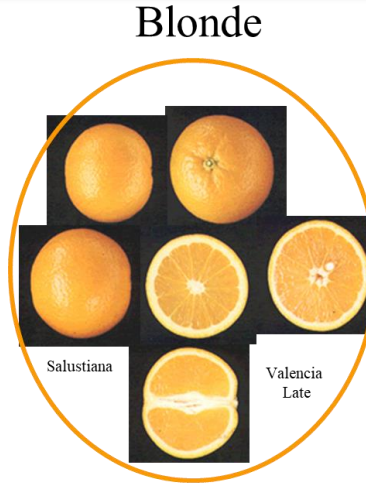
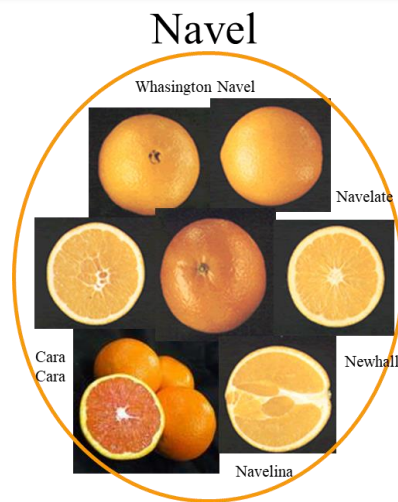
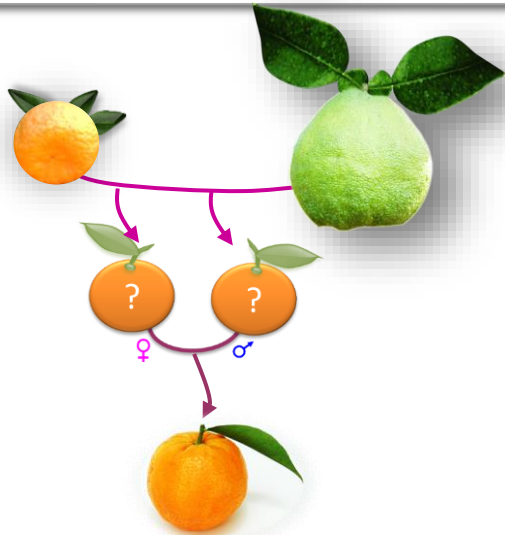


Un seul profil génétique SSR pour tous les cultivars => la mutation est le seul moteur de cette diversification

Epoque de maturité variable



# La diversité des orangers (*C. sinensis*)

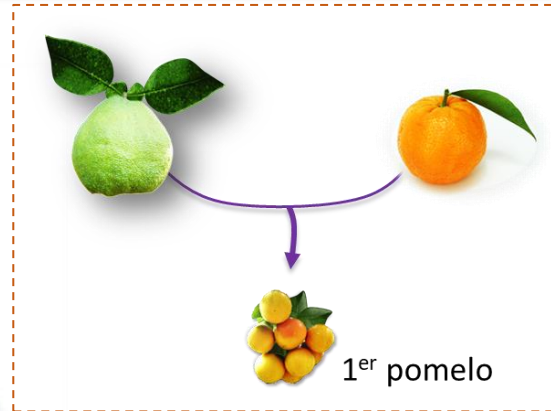
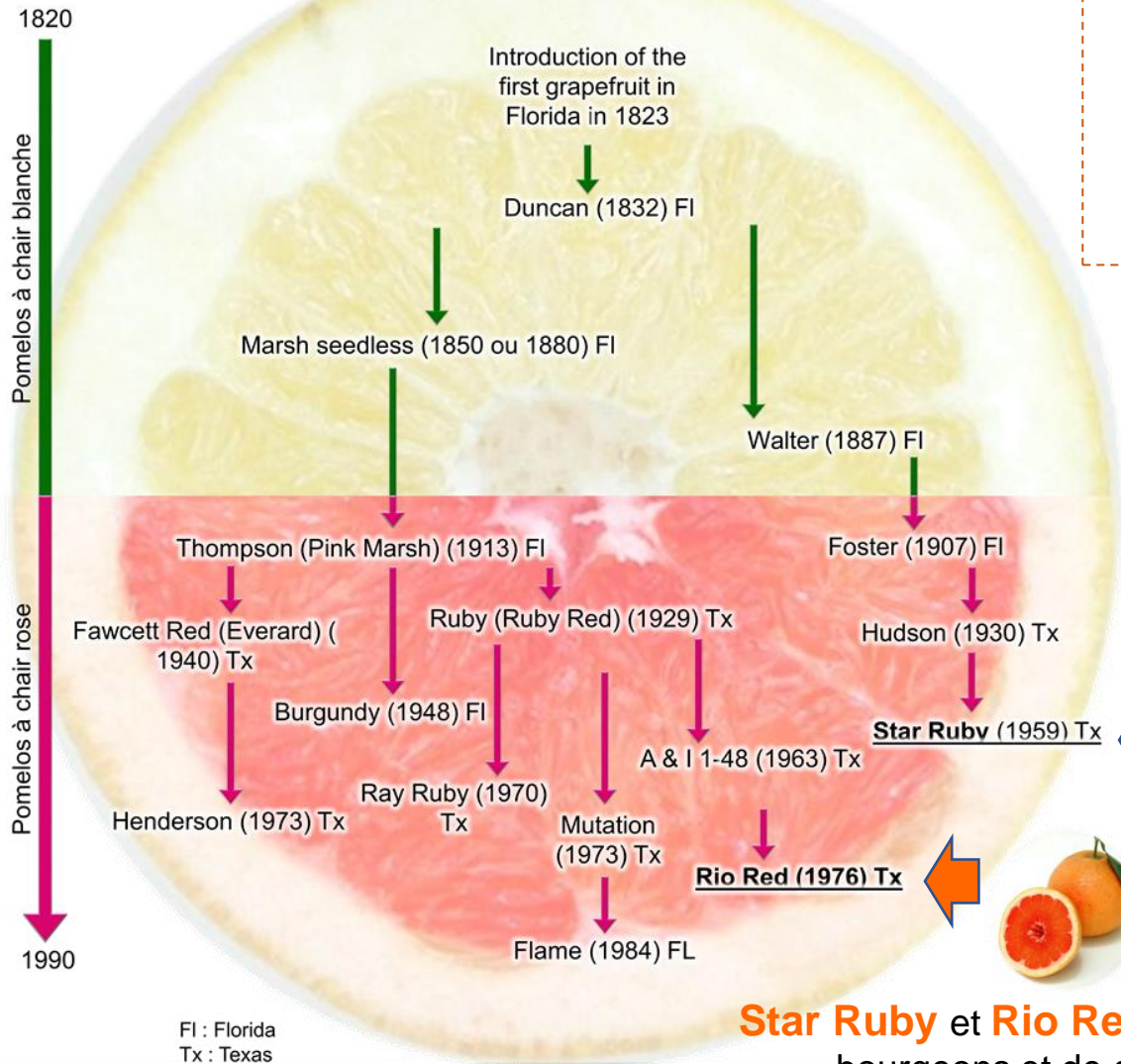


1 seul profil génétique SSR

Nom	Novembre	Décembre	Janvier	Février	Mars	Avril	Mai	Juin	Juillet
Navelina SG (navel) (SRA 305)	● ● ● ●	● ● ● ●							
Newhall navel (SRA 343)	● ● ● ●	● ● ● ●							
Fisher navel (SRA 669)		● ● ● ●	● ● ● ● ●	●					
Salustiana SG (blonde) (SRA 403)		● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ●				
Washington navel SG (SRA 217)		● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ●					
Cara Cara navel (SRA 666)			● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●				
Tarocco (sanguines + ½) (SRA 728)			● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●					
Navelate (navel) (SRA 546)				● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●				
Lane late (navel) (SRA 631)				● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●				
Moro SG (sanguine + ½) (SRA 301)				● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●			
Valencia Rhode red (blonde) (SRA 360)						● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	
Valencia late SG (blonde) (SRA 246)						● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●	● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ●

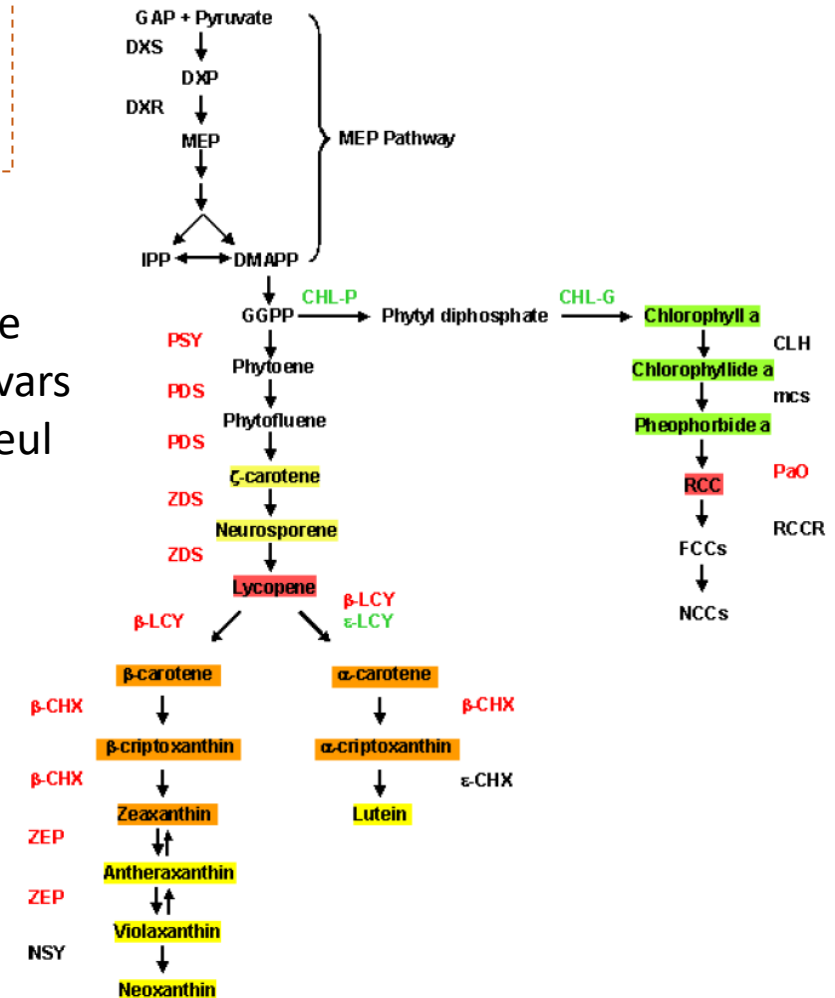
# La diversité des pomelos (*C. paradisi*)

## Chronologie de la sélection des variants phénotypiques des pomelos



Un seul profil génétique SSR pour tous les cultivars => la mutation est le seul moteur de cette diversification

## Voie synthèse des caroténoïdes



Star Ruby et Rio Red issues de l'irradiation de bourgeons et de graines (couleur et stérilité)



# La diversité des bigaradiers (*C. aurantium*)



Granito



Chinotto



Panaché



Corniculata



Australian



Curaçao



Tosu



Nastudaidai



Panaché



Bouquetier à fruit plat

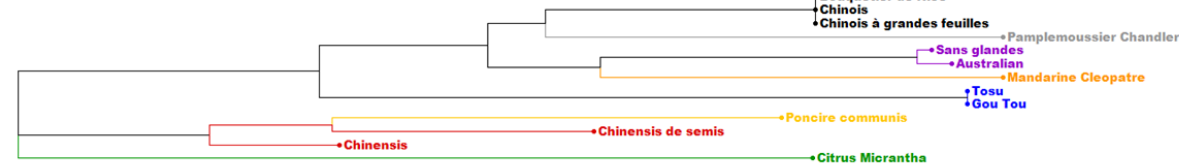


# La diversité des bigaradiers (*C. aurantium*)

Phylogenetic tree of forty four sour orange varieties based on ten SSR markers  
DARwin 6.0.21



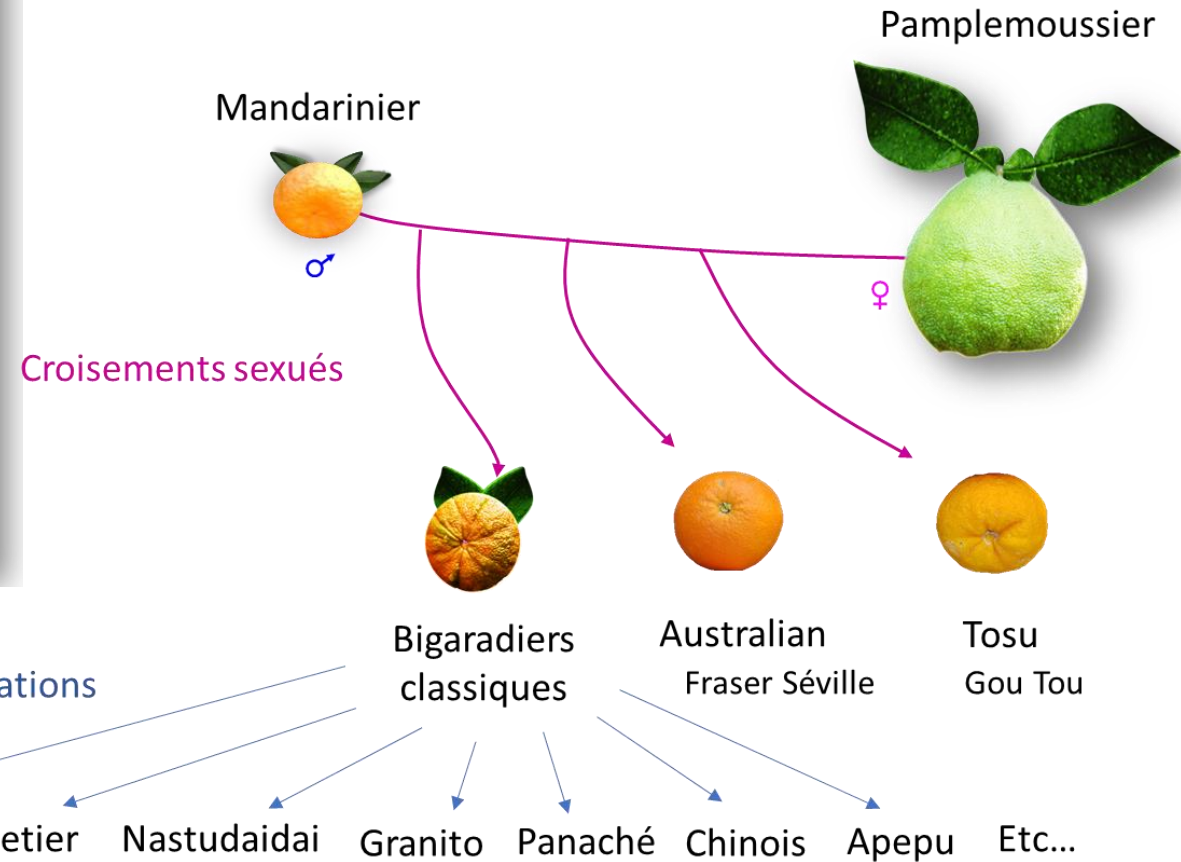
- +Chinois à petites feuilles
- +Curacao
- +Alibert
- +Floride
- +Algerie
- +Brazil Sour
- +Luisi
- +A fleurs
- +Doux Amer
- +Petit Pierre
- +A grosses fleurs de Lucchi
- +Tunis SG
- +A fleurs 1/2 grosses de Lucchi
- +A fleurs Ferando
- +Corsigliese
- +Natsudaïdai
- +Espagne
- +Menton
- +Cardosi A1
- +A fleurs grosses Carle
- +Philippi
- +Bouquetier à fruitplat
- +Santucci
- +A fleurs Empereur
- +SEAB
- +Doux
- +Alibert Hyb12
- +Maroc SG
- +Tulear
- +N104XSG
- +N114XSG
- +Granito
- +Panachée
- +Apepu
- +Donnet
- +Bouquetier de Nice
- +Chinois
- +Chinois à grandes feuilles



DARwin 6.0 - 06/06/2019 - Dissimilarity indice calculated with "Dice" formula and TREE build with unweighted Neighbor-joining

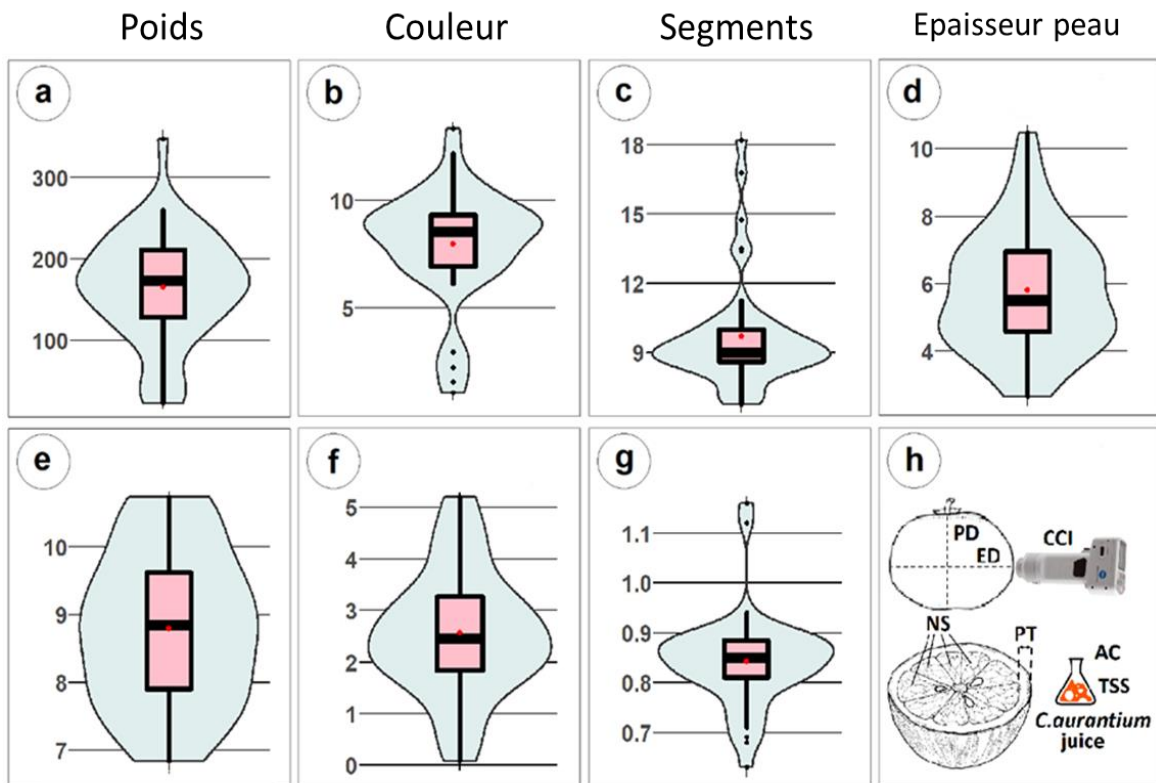


## Deux modes de diversification



# La diversité des bigaradiers (*C. aurantium*)

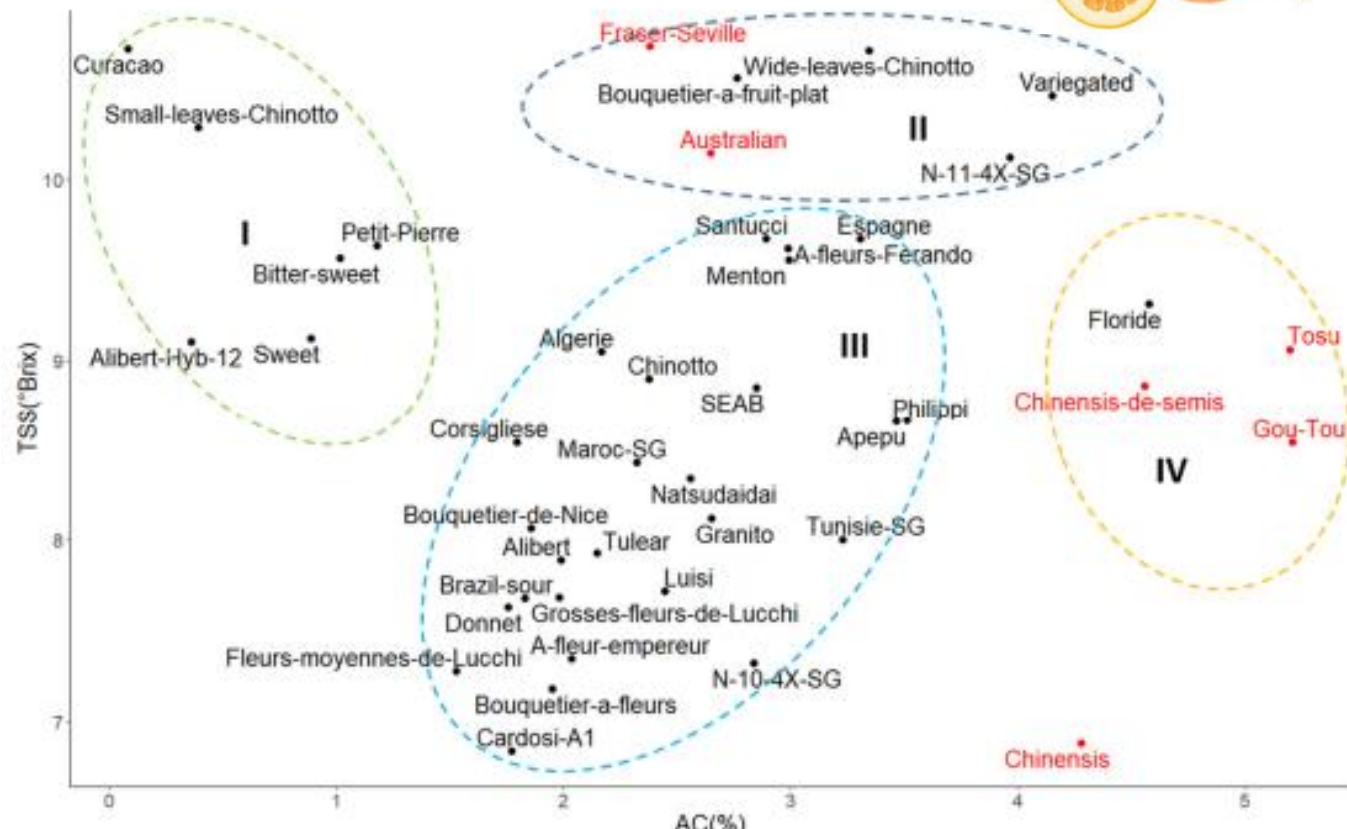
Des variations importantes de morphologie et de constitution / fruits



Teneur en sucre

Acidité

Forme



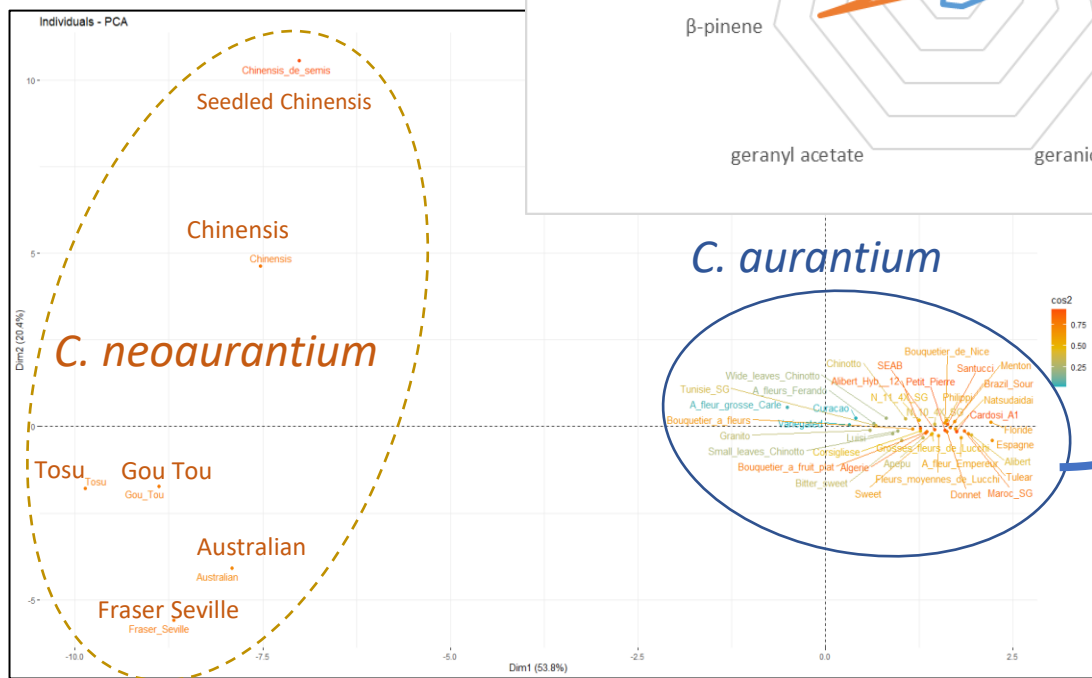
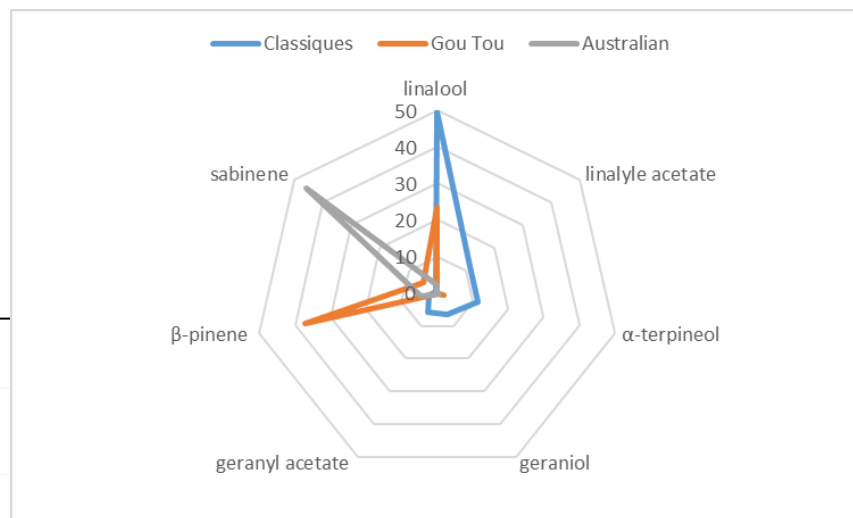
Acidité (% acide citrique)



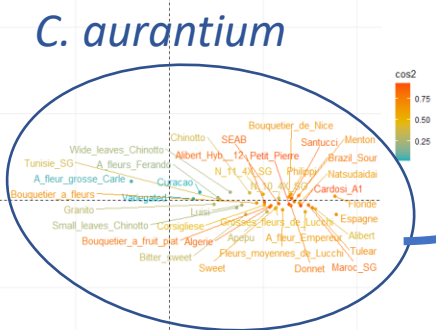
# La diversité des bigaradiers (*C. aurantium*)



## Composition des HE

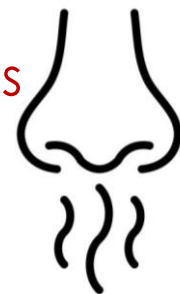


Analyse en composantes principales



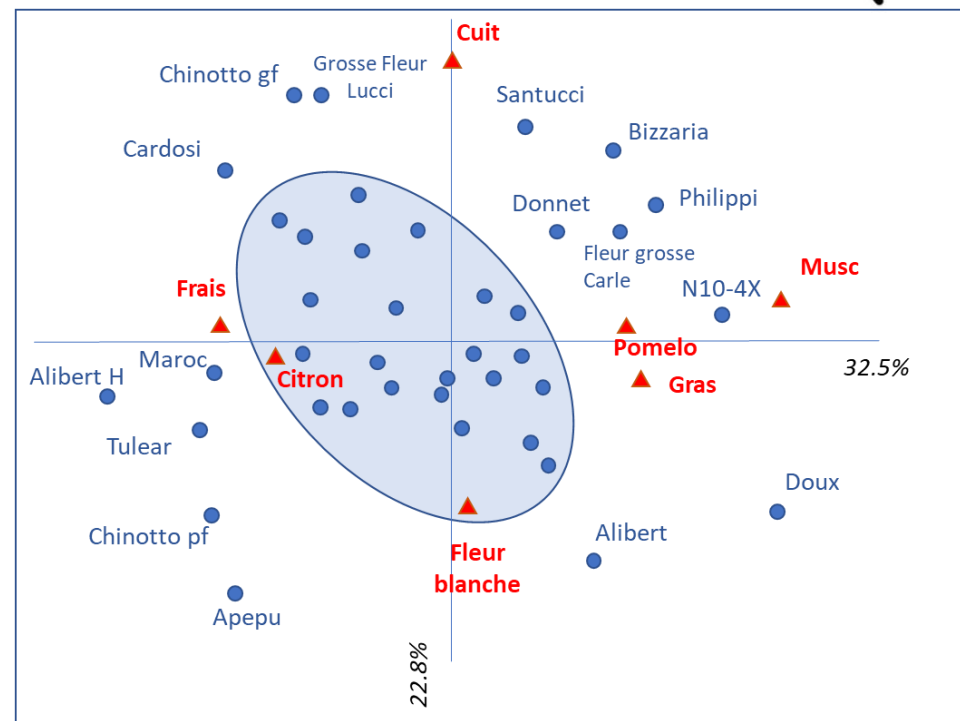
Ferrer et al. Agronomy 2021

## Caractéristiques aromatiques



7 descripteurs variables /29

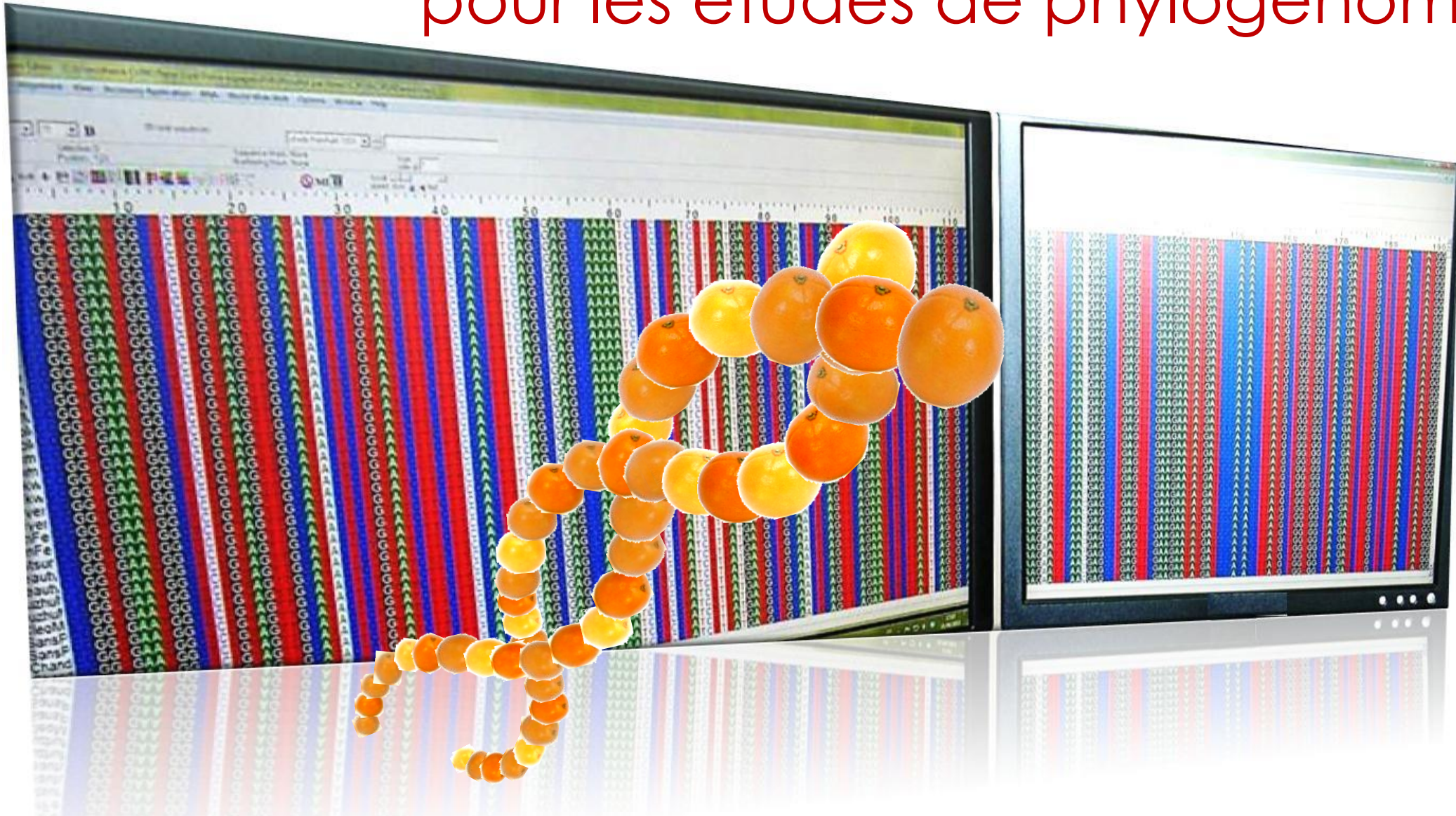
▲ Descripteurs aromatiques ● Variétés



Il existe une faible diversité aromatique entre variétés de bigarades (*C. aurantium*)

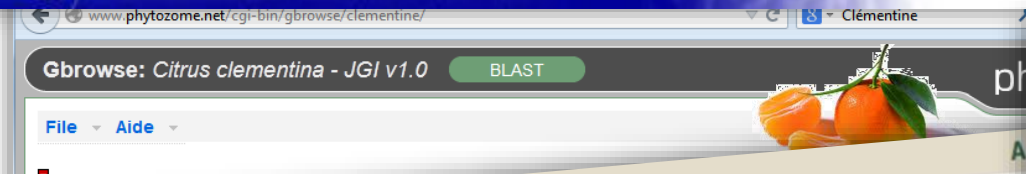


# Les techniques de séquençage de l'ADN pour les études de phylogénomie





# La première référence de génome séquencé d'agrume



**ARTICLES**

**nature biotechnology**

**OPEN**

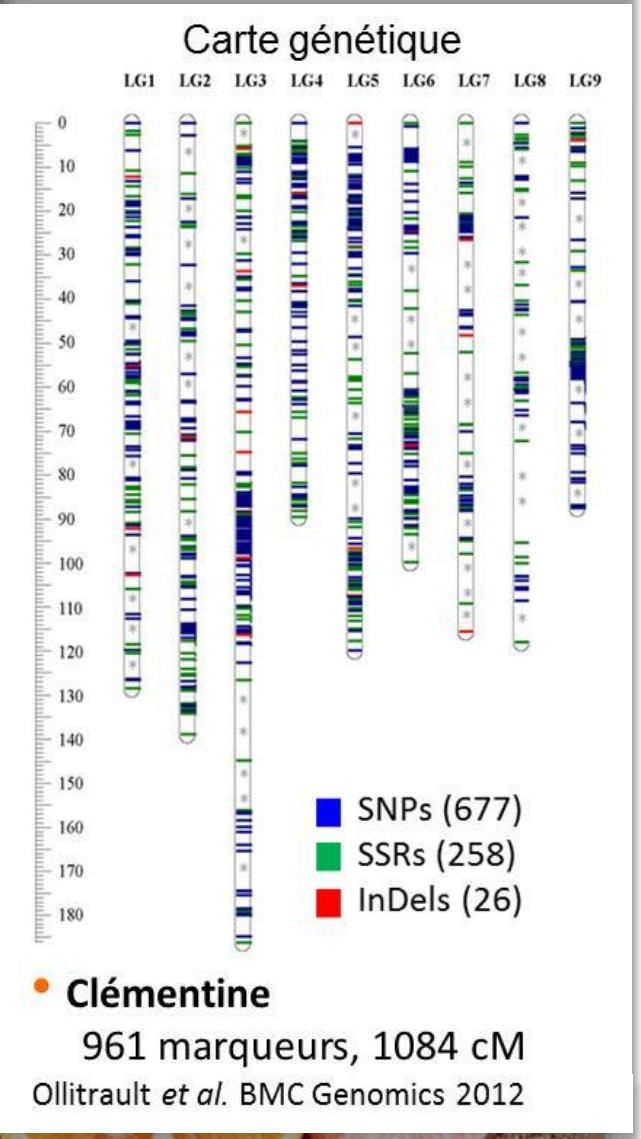
## Sequencing of diverse mandarin, pummelo and orange genomes reveals complex history of admixture during citrus domestication

**Wu et al. 2014**

G Albert Wu<sup>1,29</sup>, Simon Prochnik<sup>1,29</sup>, Jeremy Schmutz<sup>1,29</sup>, ...

Cultivated citrus are selections from, or hybrids of, wild progenitor species whose identities and contributions to citrus domestication remain controversial. Here we sequence and compare citrus genomes—a high-quality reference haploid clementine genome and nine diverse mandarin and orange genomes—and show that cultivated types derive from two distinct selections from one progenitor species, *Citrus maxima*, cultivated mandarin and pummelo. The most widely cultivated mandarin is a hybrid of *C. maxima* and a wild mandarin species *Citrus reticulata*. The most widely cultivated orange is an F1 hybrid of pure *C. maxima* and *C. reticulata* parents, thus implying that wild mandarins were part of the early breeding germplasm. A Chinese wild 'mandarin' *C. reticulata* diverges substantially from *C. reticulata*, thus suggesting the possibility of other unrecognized wild citrus species. Understanding citrus phylogeny through genome analysis clarifies taxonomic relationships and facilitates sequence-directed genetic improvement.

**Sanger**



# Les marqueurs SNP diagnostiques des espèces ancestrales

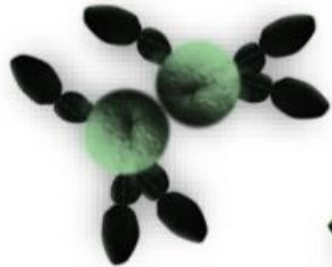
Sequencing is expensive and time consuming

We need informative markers to identify the origins of cultivars

**Papedas**  
*Citrus ichangensis*



**Papedas**  
*Citrus micrantha*



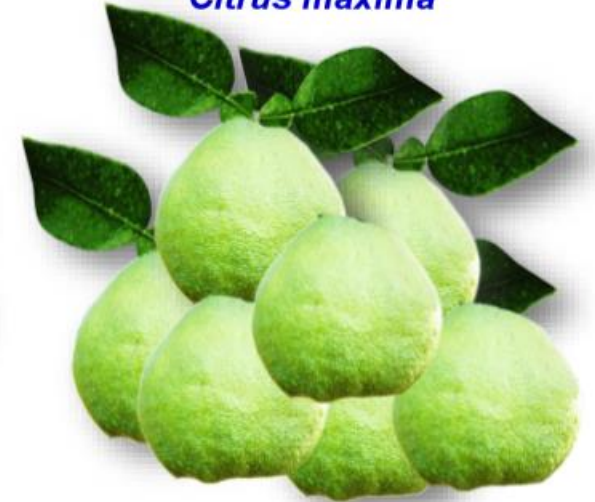
**Citrons**  
*Citrus medica*



**Mandarins**  
*Citrus reticulata*



**Pummelos**  
*Citrus maxima*



Search in gene sequences of homozygous SNPs (same sequence on the homologous chromosome pair) for all varieties of the same species and with a different base for all other species.

$G_{st}$  (coefficient of gene differentiation which measure the differentiation among subpopulations; Nei, 1973) is defined as the ratio between the inter population diversity and the total diversity

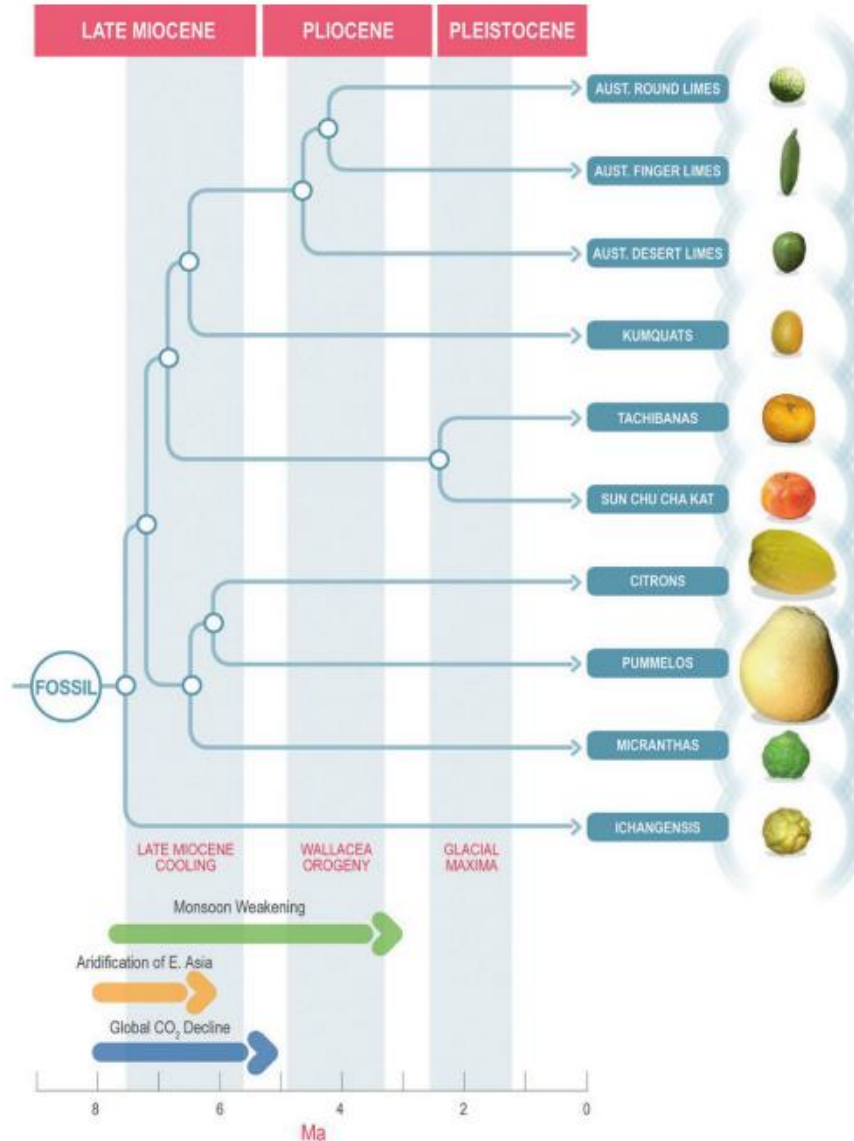
$$G_{st} = \frac{He_{Tot} - H_s}{He_{Tot}}$$

Useful to identify the genetic origin of any unknown citrus fruit with only few DSNP

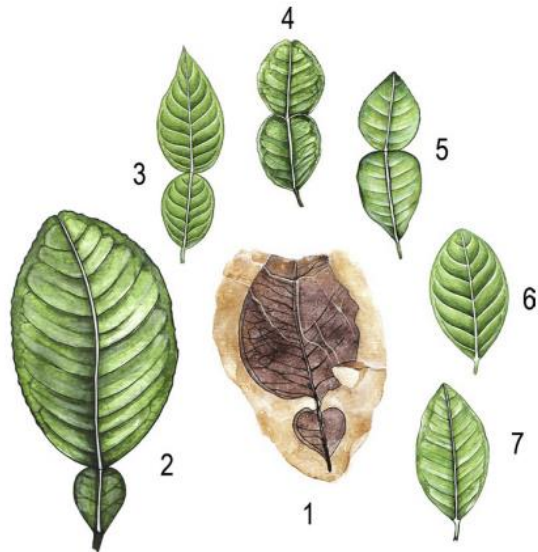


# L'apport des études génomiques sur l'évolution des agrumes

## Chronologie des spéciations

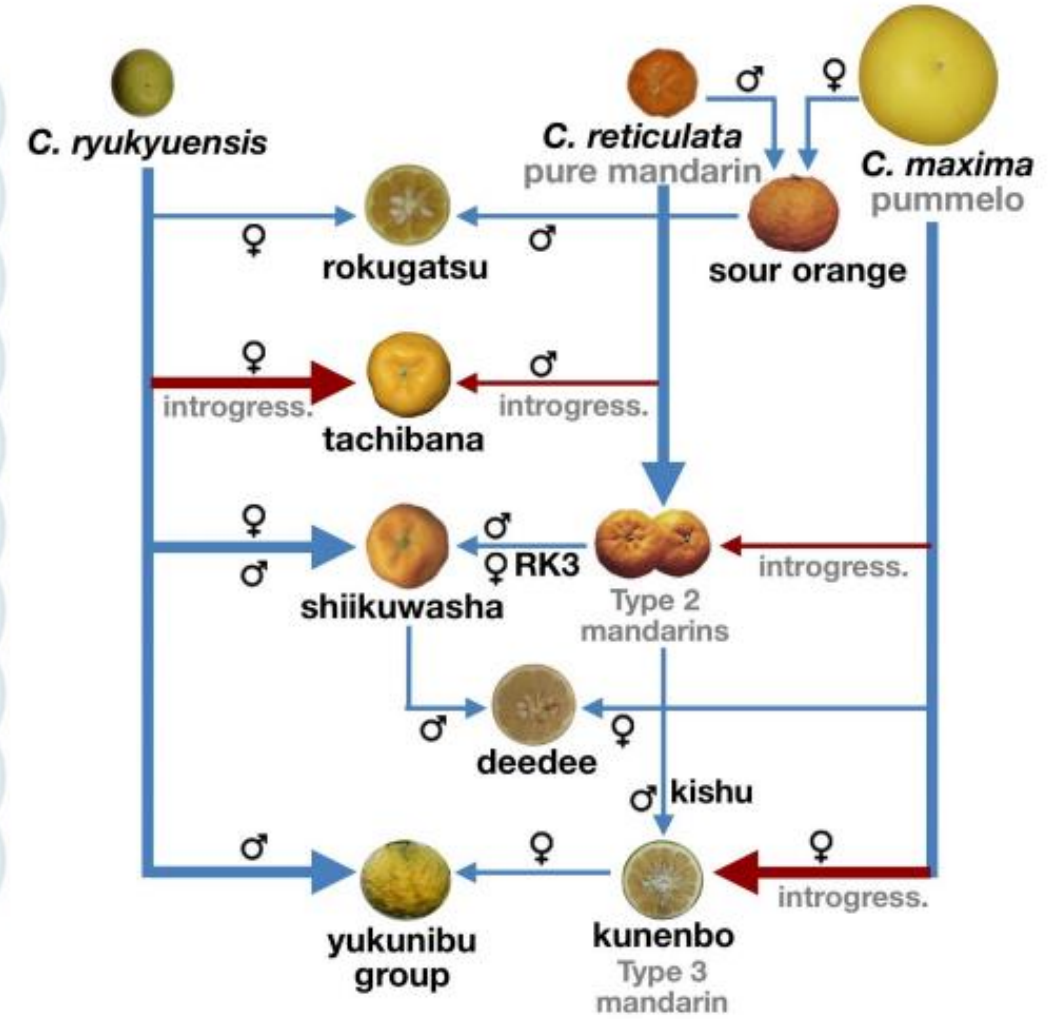


Caractéristiques foliaire d'un fossile *C. linczangensis* (1) et des agrumes existants



Xie et al. 2013

## La phylogénie des mandarines



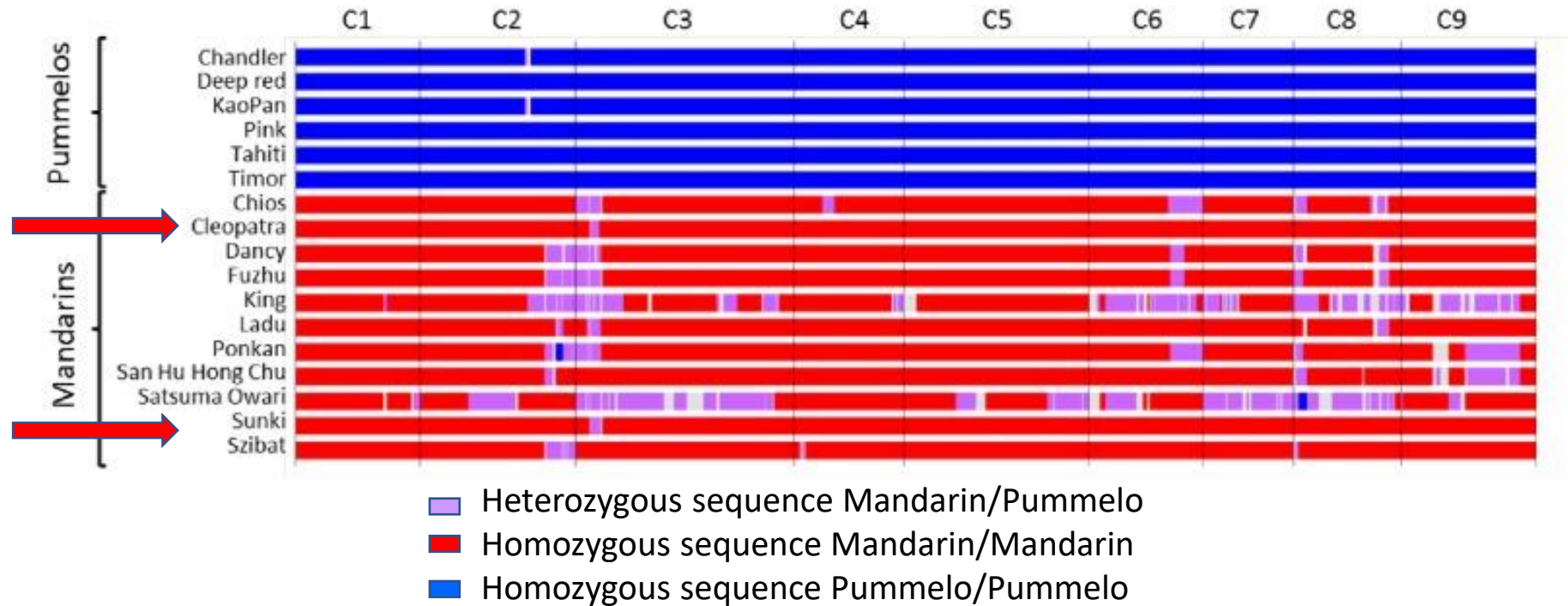
Plusieurs types de mandariniers selon le degré d'introgession du génome de pamplemousse



# Introgression du génome de pamplemousse chez les mandarines cultivées

Existe-t-il des représentants des taxons ancestraux de *C. reticulata* ?

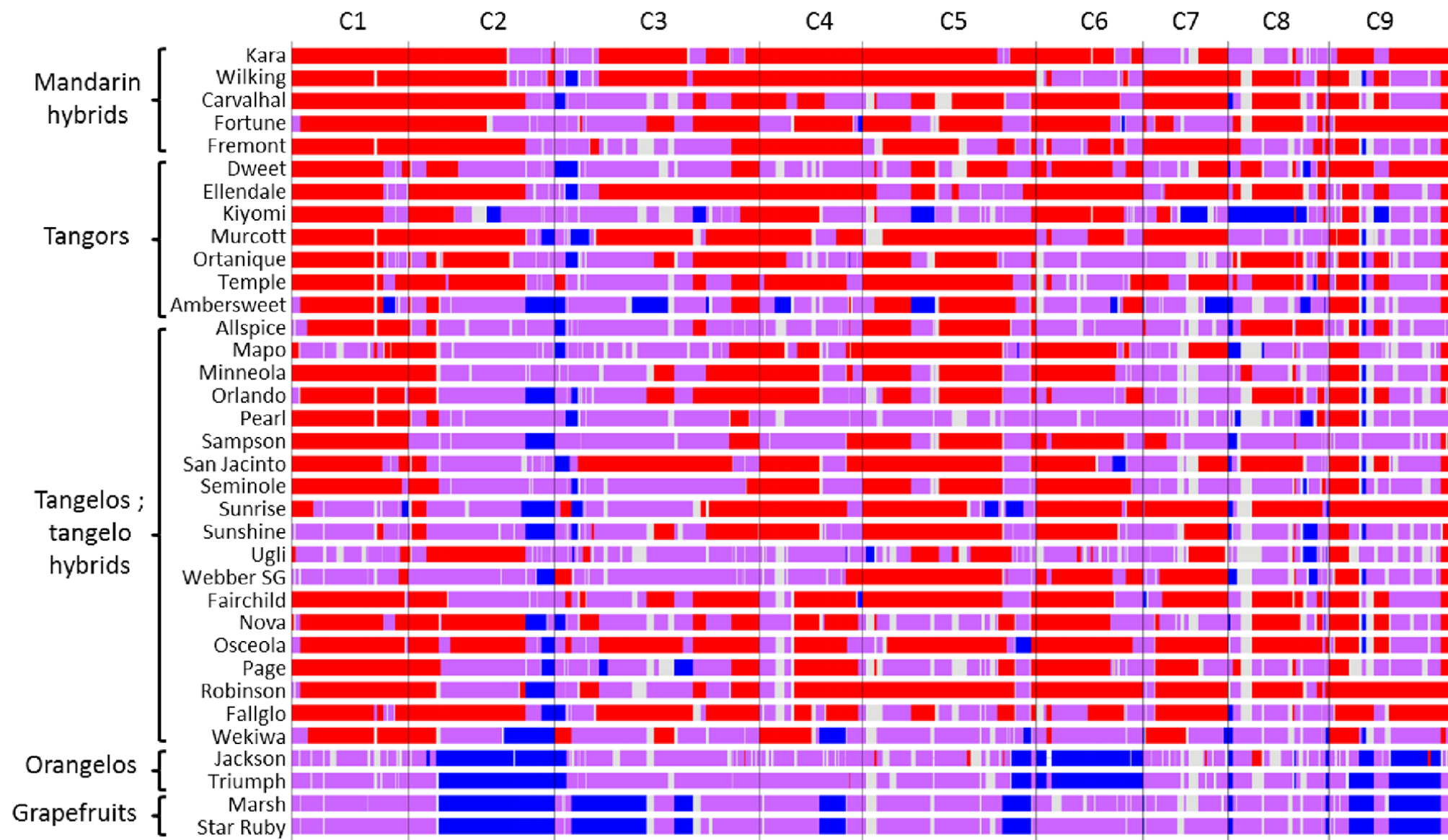
Caryotypes phylogénomiques basés sur les données GBS de variétés utilisées comme références de pamplemousses et de mandarines



Cleopatra et Sunki sont les plus proches des mandarins sauvages

Les autres mandarines portent plus ou moins d'introgression du génome de pamplemousse

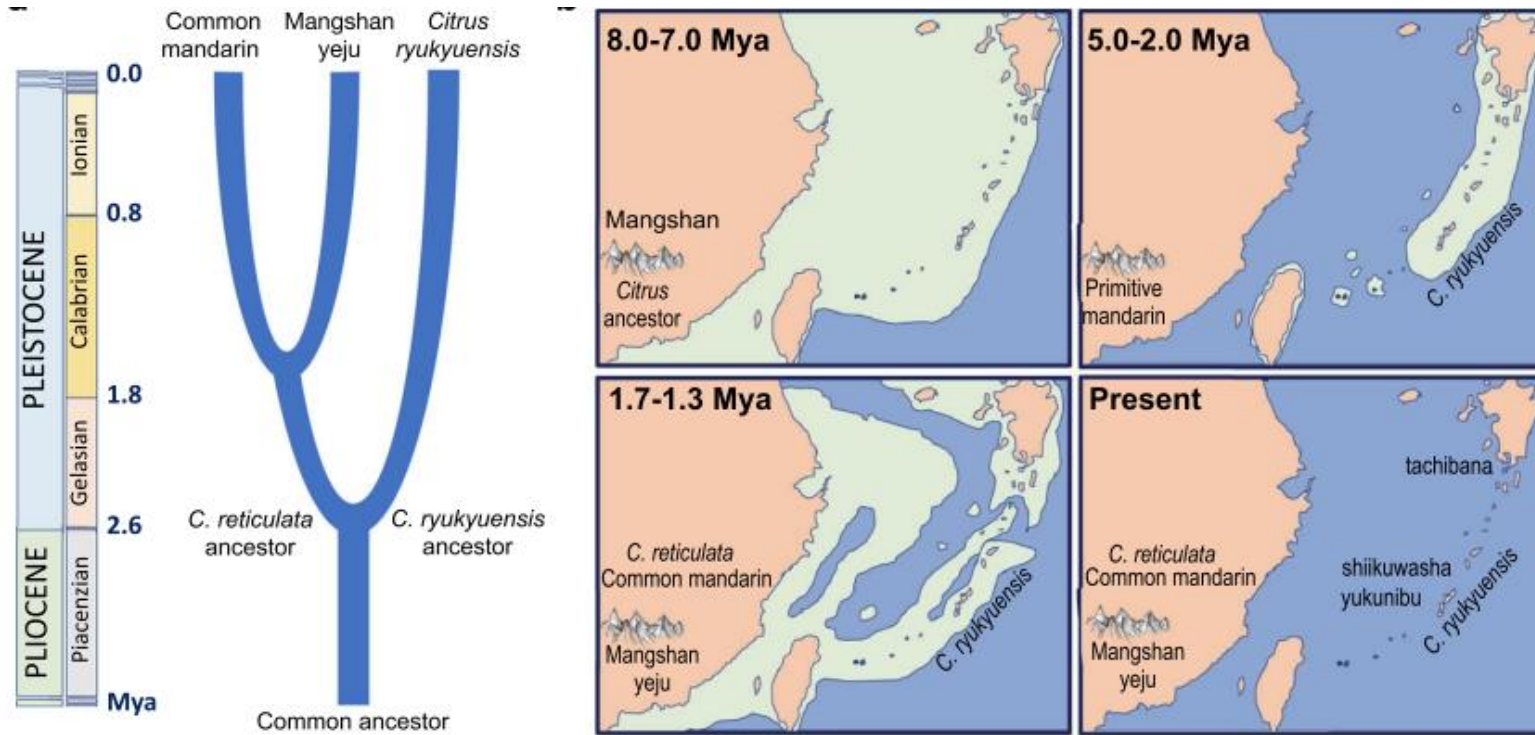
# Analysis of phylogenomic structures and interspecific recombination for a population derived from the *C. reticulata* / *C. maxima* gene pools...



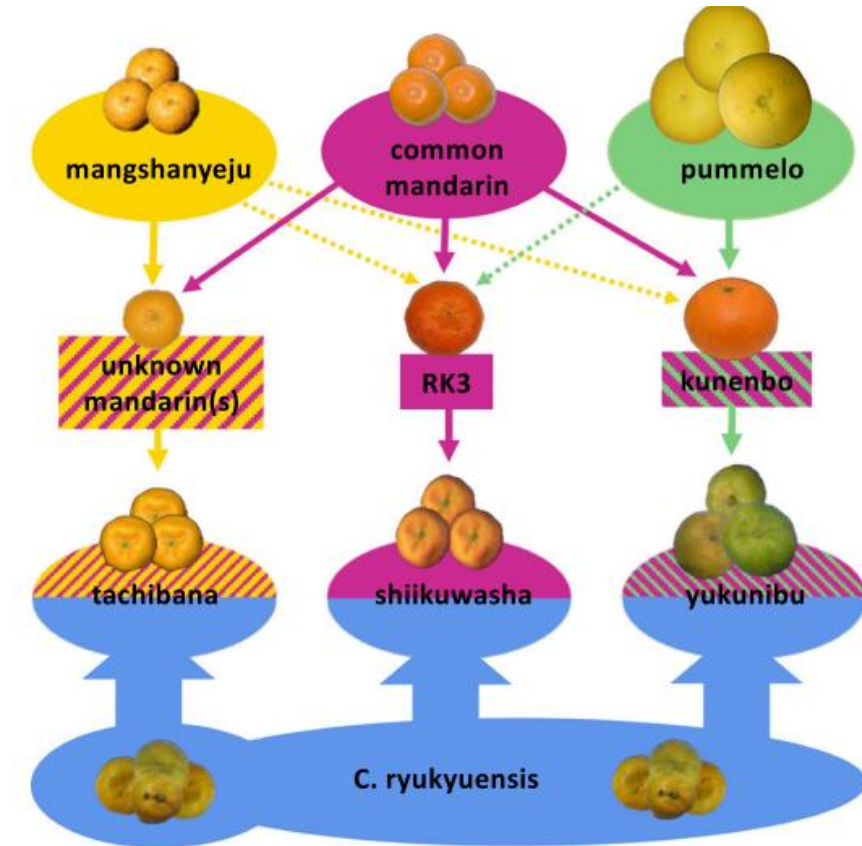
# L'apport des études génomiques sur l'évolution des agrumes

## Les mandariniers

Chronogramme de la spéciation et de la biogéographie du mandarinier d'Asie orientale dans l'arc des Ryukyu et le Japon continental



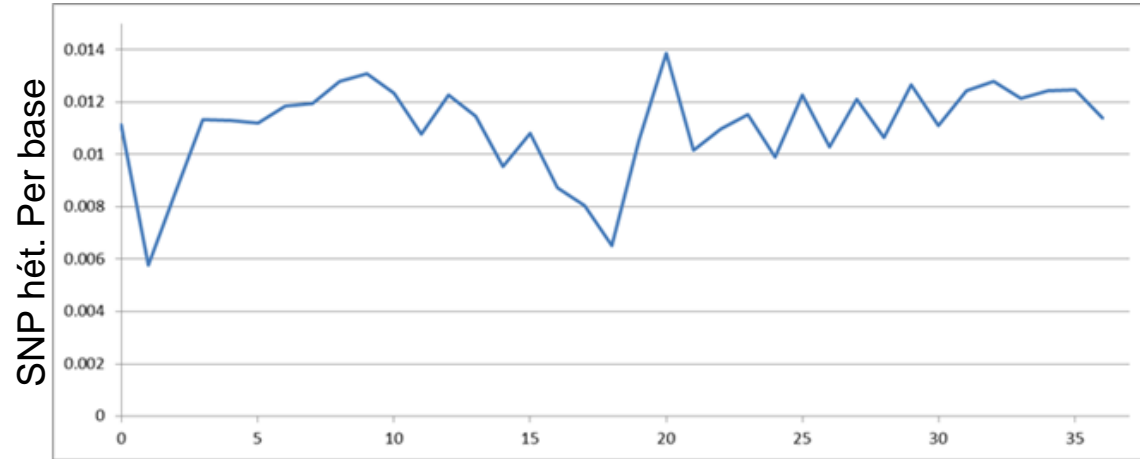
Origine des types d'agrumes des Ryukyus et du Japon continental (tachibana, shiikuwasha, yukunibu)



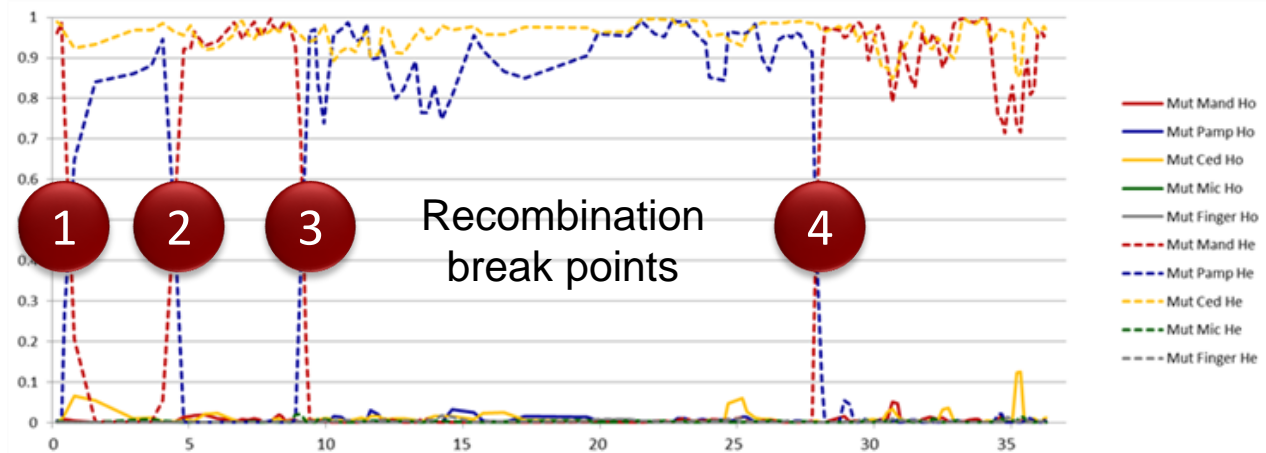
Apparition de la polyembryonie dans les populations de mandariniers continentales

# Eureka lemon, exemple du Chromosome 2

Chromosome 2 heterozygosity



Homozygosity and heterozygosity frequencies of diagnostic SNPs of the 4 ancestral *Citrus* and *Microcitrus*

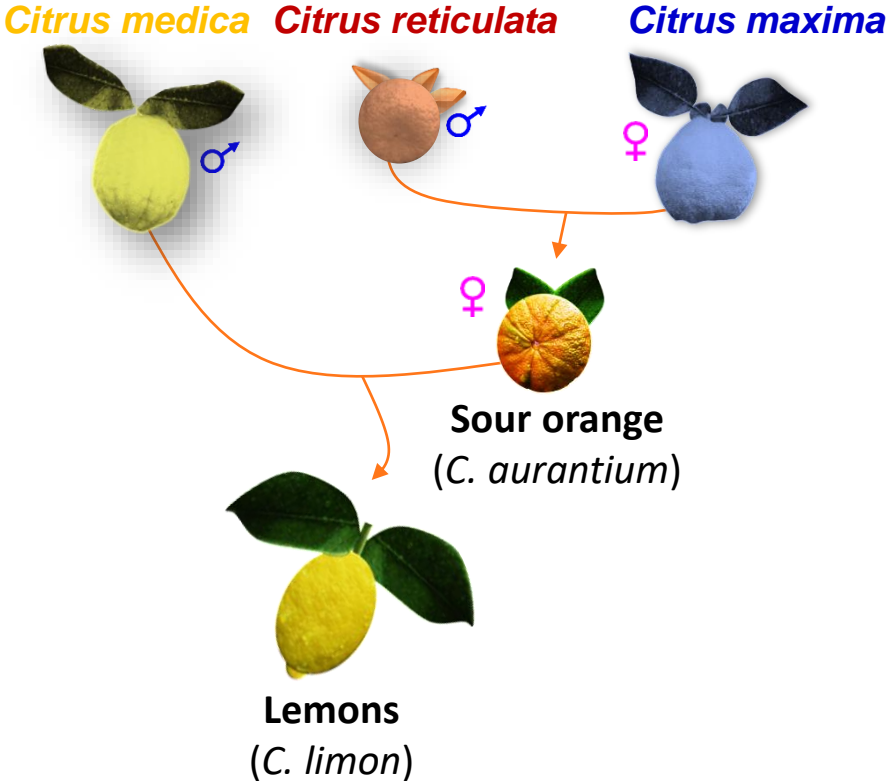
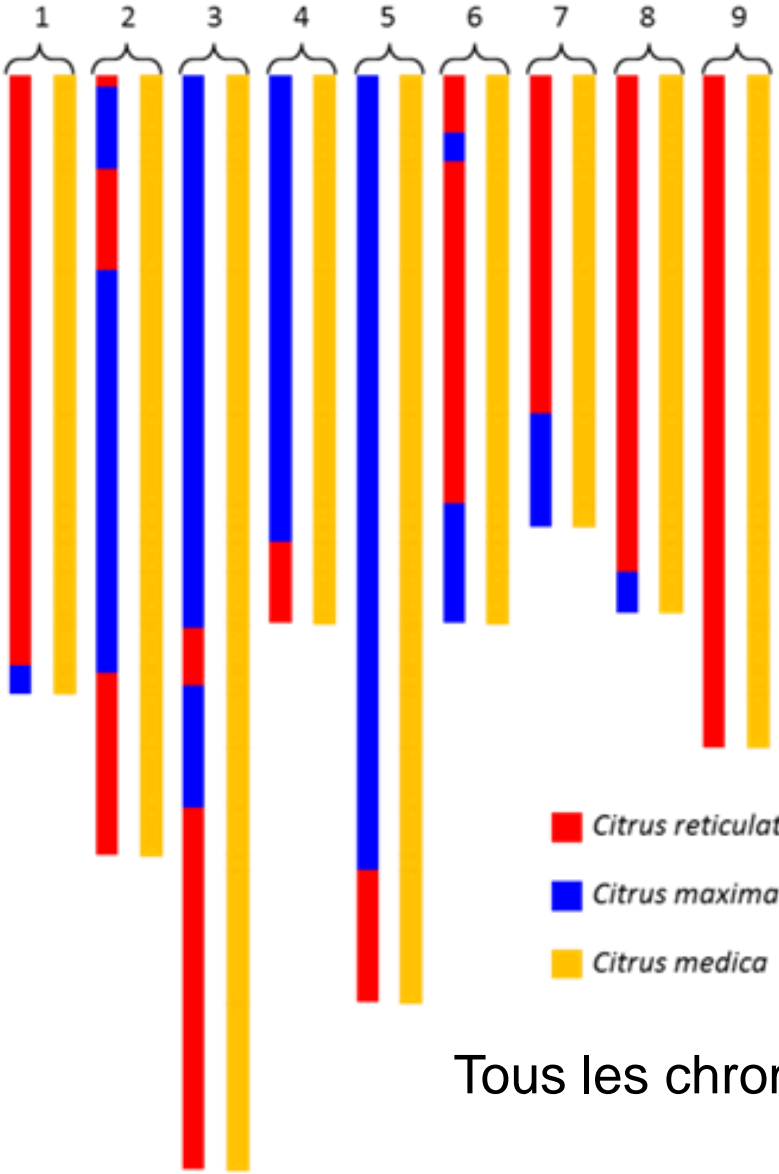


Phylogenomic structure of Eureka lemon Chromosome 2





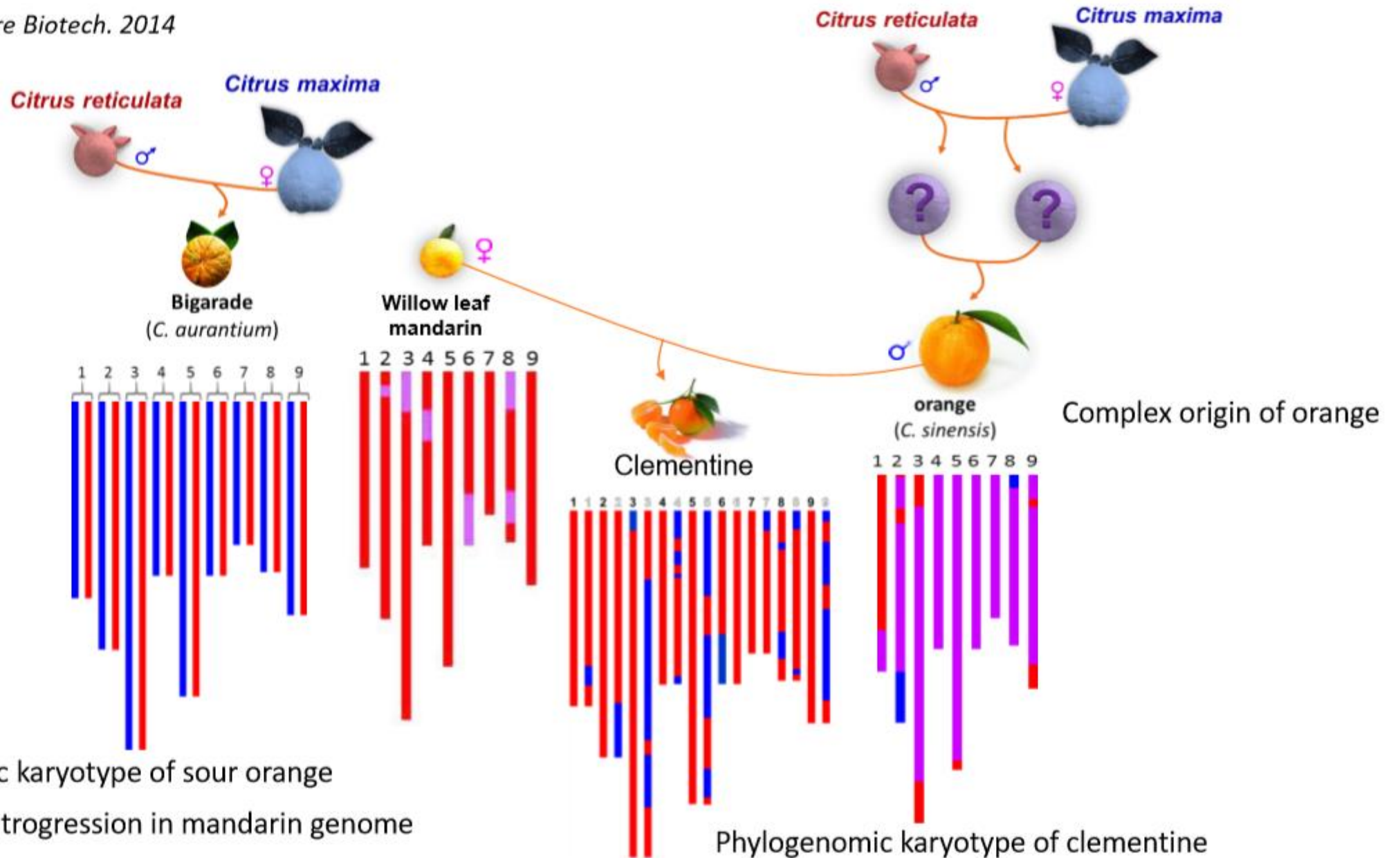
# Caryotype Phylogénomique du citron Eureka



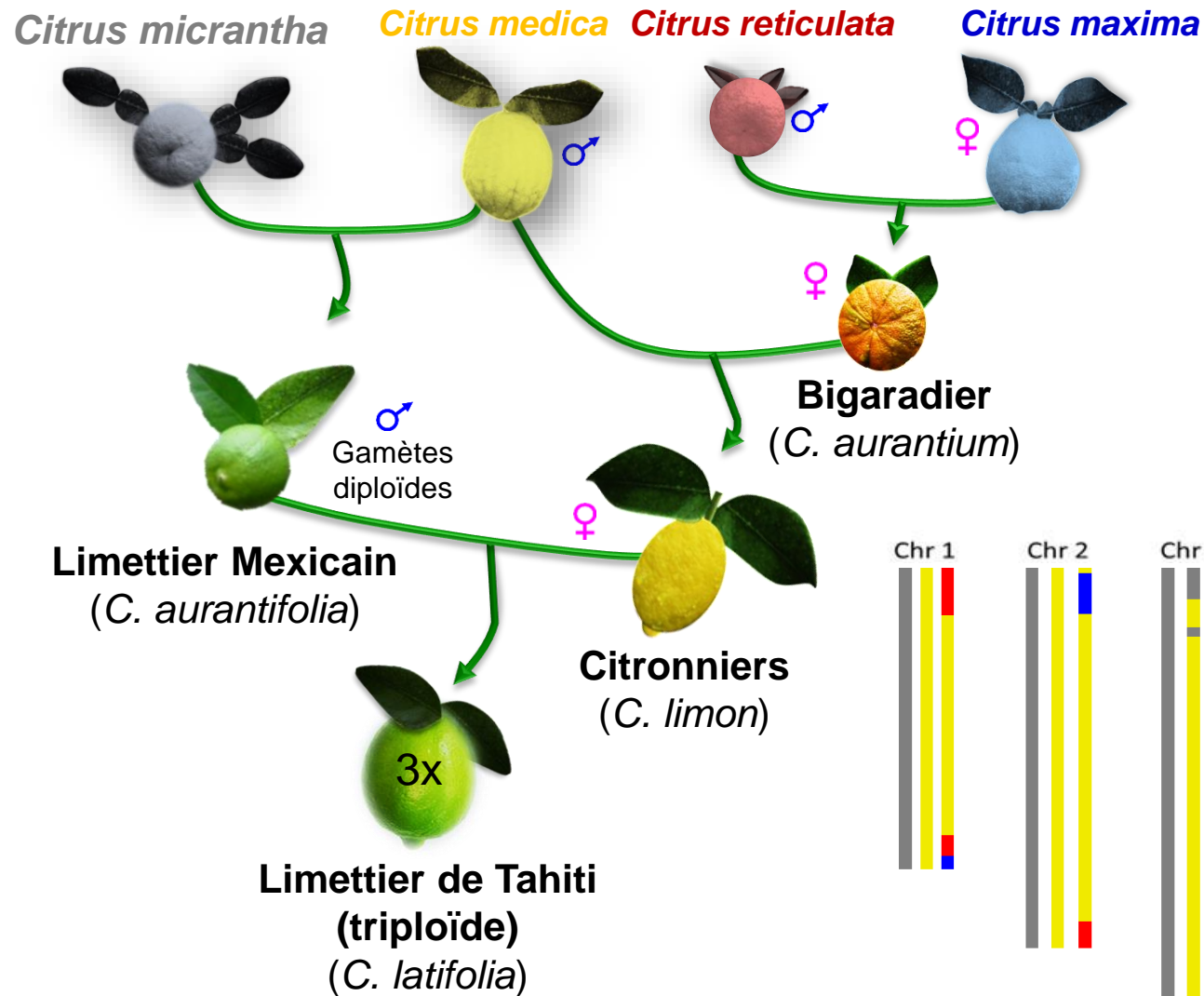
Tous les chromosomes ont une structure heterozygote interspécifique  
*C. ret./C. med* or *C. max./C. med*

# Les structures phylogénomiques obtenues par WGS

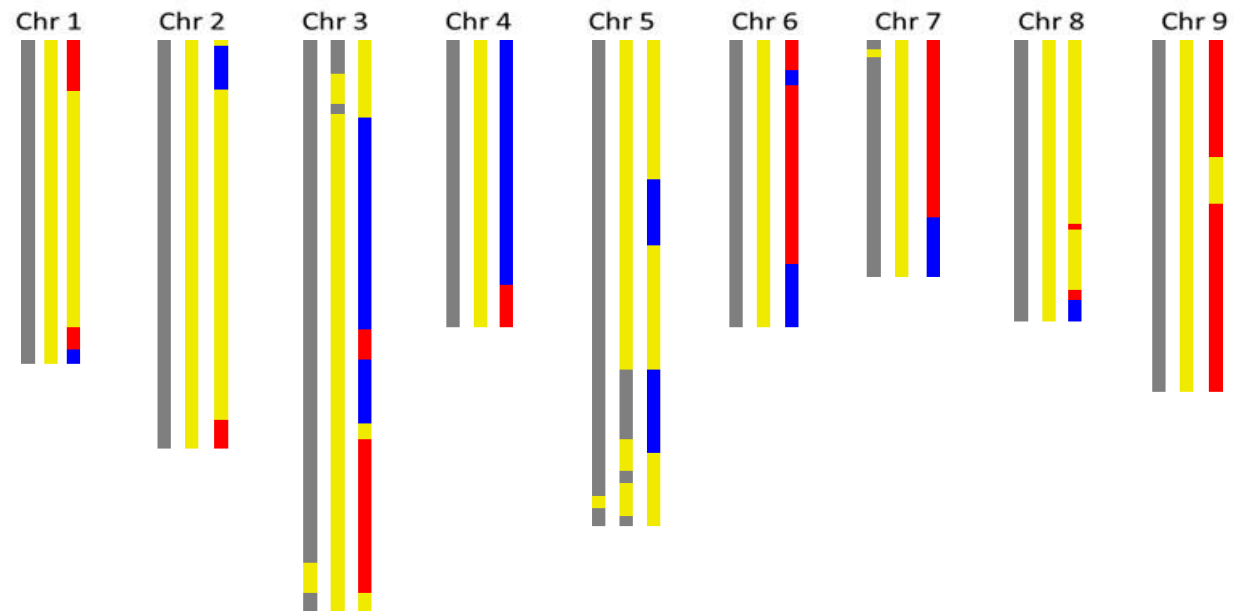
Wu et al. Nature Biotech. 2014



# WGS : Structures génomiques dévoilées par les Polymorphismes Diagnostiques



Même approche que Wu *et al.* 2014  
(**Polymorphismes Diagnostiques**),  
Adapté pour  
**4 taxons ancestraux**  
pour les **diploïdes...**  
  
**et les Polyploïdes**



Le dosage allélique est estimé à partir du nombre de *reads*



# Conclusion

Les principaux facteurs qui ont modelé la diversité des agrumes:

- ✓ L'expansion radiative et l'évolution allopatrique (spéciation & adaptation)
- ✓ Les croisements interspécifiques
- ✓ Des modes de reproduction favorisant les fécondations croisées
- ✓ L'apomixie a fixé les hybrides interspécifiques / accumulé les mutations néfastes
- ✓ La fréquence des mutations (dont éléments transposables)

Les programmes de création variétale doivent tenir compte de ces caractéristiques pour optimiser les schémas d'amélioration



# Limites et atouts pour l'amélioration génétique conventionnelle

Comment optimiser la mobilisation de la diversité des ressources génétiques ?

## Inconvénients:

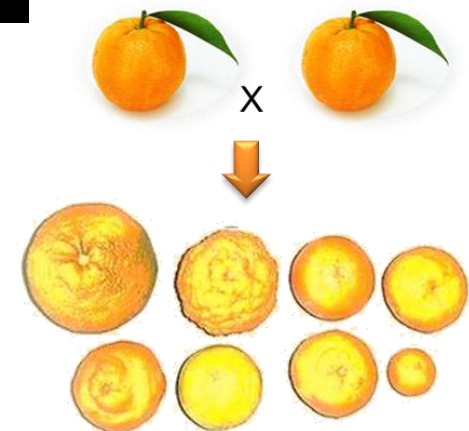
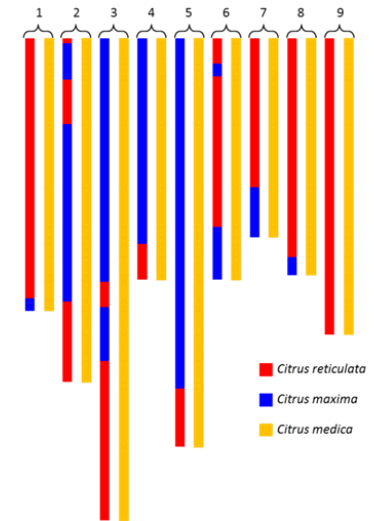
- Complexité et hétérozygotie des structures génomiques interspécifiques
- Effectif élevé des populations et surfaces importantes nécessaires
- Longueur de la phase juvénile (> 5 ans)
- Reproduction apomictique (embryonnie nucellaire) = barrière à l'obtention d'hybrides (majorité des espèces cultivées – héritage des mandarines)
- Charge génétique chez agrumes cultivés « anciens » / l'apomixie favorise l'accumulation de mutations délétères ou défavorables
- Incompatibilités gamétophytiques (ex. clémentinier) et stérilité de cultivars



Clementine



Citronniers  
(*C. limon*)



Comment optimiser la mobilisation de la diversité des ressources génétiques ?

## Avantages:

- La propagation végétative (greffage /cultivars et semis de graines polyembryonnées /porte-greffes) offre :
  - la répartition des objectifs de sélection entre scion et P-G
  - la sélection de génotypes complexes
- Le groupe des mandarines favorable au breeding par croisements sexués
- Voie d'amélioration par hybridation inter spé ou intergénérique pour les porte-greffes
- Variation ploïdique (méiose ou mitose incomplètes)
- L'hybridation somatique possible entre agrumes et genres botaniques éloignés

