



HAL
open science

Vers un modèle intégré de conception d'idéotypes de pêcheurs adaptés à une agriculture durable

Bénédicte Quilot-Turion

► **To cite this version:**

Bénédicte Quilot-Turion. Vers un modèle intégré de conception d'idéotypes de pêcheurs adaptés à une agriculture durable. Biodiversité et Ecologie. Université d'Avignon et des Pays de Vaucluse, 2013. tel-02810089

HAL Id: tel-02810089

<https://hal.inrae.fr/tel-02810089>

Submitted on 6 Jun 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.



Document de synthèse des travaux de recherche présenté devant
L'Université d'Avignon pour obtenir

L'HABILITATION A DIRIGER LES RECHERCHES

par

Bénédicte QUILOT-TURION

Chargée de Recherche

UR1052 Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes,
INRA, Avignon

Soutenu publiquement le 9 décembre 2013 devant le jury composé de :

Delphine Luquet	Cirad Montpellier	Rapporteur
Gerhard Buck-Sorlin	AgroCampus Ouest	Rapporteur
Pierre Martre	INRA Clermont-Ferrand	Rapporteur
Evelyne Costes	INRA Montpellier	Examineur
Philippe Debaeke	INRA Toulouse	Examineur
Michel Génard	INRA Avignon	Directeur scientifique
Laurent Urban	Université d'Avignon	Président

SOMMAIRE

Curriculum vitae	1
Liste des publications et travaux	5
Activités d'encadrement et d'enseignement	14
Activités de recherche	
Génétique des variations adaptatives d'<i>Arabidopsis lyrata</i> (Université d'Oulu, Finlande)	15
Vers un modèle intégré de conception d'idéotypes de pêchers adaptés à une agriculture durable (INRA, Avignon)	17
Contexte	
1. Génétique quantitative de la qualité des fruits et syntenie chez les <i>Prunus</i>	19
1.1 Les bases génétiques des composantes de la qualité dans la population BC2	
1.2 Extension au métabolisme secondaire et à d'autres populations de <i>Prunus</i>	
1.3 Les déterminants génétiques de la couleur rouge de la chair chez le pêcher	
1.4 Analyse basée sur pedigree et génétique d'association	
2. Intégration de l'information génétique dans le 'Fruit Virtuel'	23
2.1 Vers une démarche de sélection variétale assistée par des modèles écophysologiques et génétiques. (Travaux de thèse)	
2.2 Adaptation et test du modèle 'Fruit Virtuel' intégrant de l'information génétique	
3. Contrôle génétique et modélisation de l'accumulation des sucres	26
3.1 Description du métabolisme des sucres au cours de la croissance des fruits	
3.2 Etude du déterminisme du caractère 'peu de fructose'	
3.3 Etude du déterminisme génétique secondaire du métabolisme des sucres	
3.4 Modélisation du métabolisme des sucres	
4. Vers la conception d'idéotypes : cas du couple pêcher-monilioses	35
3.5 Etude expérimentale du couple pêcher- <i>Monilinia</i>	
3.6 Modélisation des interactions GxExM pour limiter la contamination en verger	
3.7 Ecole-chercheurs 'Conception d'idéotypes de plantes pour une agriculture durable'	
Conclusions et perspectives	46
Annexes	47

CURRICULUM VITAE

BENEDICTE QUILOT-TURION

48 Rue Le Corbusier, 84000 Avignon _ quilot@avignon.inra.fr
Née le 5 mai 1977

Docteur Ingénieur de l'Institut National Agronomique Paris-Grignon

Formation, diplômes et prix

3 juillet 2009	Lauréate du Prix Rudolf Hermanns. Récompense l'excellence scientifique dans les domaines de la viticulture et de l'horticulture (Geisenheim, Allemagne)
16 décembre 2003	Diplôme de Docteur de l'Institut National Agronomique Paris-Grignon (INAPG) avec mention Très Honorable
2000 - 2003	Thèse de doctorat en agronomie à l'Institut National de la Recherche Agronomique, Avignon. Allocataire MENRT
2000	Diplôme d'Ingénieur Agronome de l'INAPG
1999 - 2000	DEA 'Biologie, Diversité et Adaptation des Plantes Cultivées', option Agronomie. INAPG, Université Paris XI, 2 ^{ième} sur 22 étudiants

Expérience professionnelle

INRA, Unité Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes (GAFL), Avignon

2008-	Chargée de recherche 1^{ière} classe (INRA)
décembre 2004-08	Chargée de recherche 2^{ième} classe (INRA) Unité Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes Analyse de la variabilité génétique de la qualité des fruits à noyau via des modèles écophysiologiques
mars-juillet 2004	4 mois à mi-temps en CDD. Formation aux techniques de marquage moléculaire et à l'utilisation de logiciels de cartographie et d'analyse QTL.

Université d'Oulu, Département de Biologie et Génétique, Oulu (Finlande)

2005-2006	Stage post-doctoral dans l'équipe de Génétique des Plantes du Dr. Savolainen pour 1an. Etude de la génétique des variations adaptatives d'<i>Arabidopsis lyrata</i> : recherche de QTL contrôlant les différences de date de floraison entre deux populations du nord et du centre de l'Europe. Etude d'une F2 issue du croisement de ces 2 populations en champs et en chambre de croissance.
-----------	---

INRA, Unité Plantes et Systèmes de culture Horticoles (PSH), Avignon

janvier-février 2004	Correction d'articles acceptés sous réserve de modifications et reprise de la rédaction d'articles en cours
2000 – 2003	Thèse de doctorat. 'Vers une démarche de sélection variétale assistée par des modèles écophysiologiques et génétiques. Cas de la qualité organoleptique chez la pêche (<i>Prunus persica</i> (L.) Batsch)'
2000 (6 mois)	Stage de DEA dans l'unité PSH. Analyse de la variabilité de croissance des fruits de génotypes contrastés de pêcher

Centre de Coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (Cirad)

1999 (4 mois)	Stage dans le département Productions fruitières et horticoles (Cirad-flhor) à la Guadeloupe . Etude de l'impact de la charge en fruits du bananier sur la croissance des bananes
1998 (2 mois)	Technicienne dans le département Amélioration des méthodes pour l'innovation scientifique (Cirad-amis) dans le laboratoire PC-IGEPAM (Ingénierie Génétique et Pathologie Moléculaire), Montpellier

Coordination de projets

2011-2015	FruitBreedomics . Large Collaborative Project EU FP7 KBBE-2010-4. Bridging the gap between genomics and fruit breeding. Responsable du Work-Package 5 (10 partenaires impliqués) et membre du Comité Exécutif.
2011-2012	PhenoPech . Projet GAP, INRA. Phénotypage haut débit du fruit de pêche en vue de modéliser le métabolisme des sucres et son contrôle génétique chez la pêche. Plateforme Métabolome-fluxome, Bordeaux. Responsable
2010-2011	PRIMO . Agropolis Fondation (call 2009-02, Computational Plants and Ecosystems). Financement de 2 ans de post-doctorat. A tool to conceive sustainable production systems _ case of the peach-brown rot couple. Coordinatrice (3 partenaires)
2009	PechEcoGen . AIP BioRessources, INRA. Construction d'une carte génétique d'une population interspécifique de pêcher à l'aide de marqueurs microsatellites. Plateforme Gentyane, Clermont-Ferrand. Responsable
2009-2010	FructoPech . Projet innovant GAP, INRA. Du gène au génotype. Modélisation de la variabilité génétique des teneurs en fructose chez la pêche. Responsable
2008-2009	MoniPech . ECOPHYTO R&D, DS Econat, INRA (Idéotypes pour des plantes cultivées en agriculture durable). Conception de systèmes de production durables associant idéotypes de pêcher et opérations culturales raisonnées et innovantes pour limiter la contamination par les monilioses en verger. Coordinatrice (4 partenaires)

Responsabilités collectives

Responsabilités administratives

2011-	Animatrice de l'équipe 'Génétique intégrative et innovation chez les Prunus', regroupant 2 chargés de recherche, 4 ingénieurs, une assistante-ingénieur, 12 techniciens et du personnel temporaire. Membre du bureau de direction et du Conseil de service du GAFL
2011-2014	Membre élu (suppléante) du Conseil scientifique du centre INRA PACA
2008-2009	Membre du Conseil de gestion du GAFL
2006-2009	Membre élu du Conseil de service du GAFL
2001-2002	Membre du Conseil de service de PSH

Organisation d'une école chercheur

2011-2012	Membre du comité scientifique d'organisation de l'école chercheur 'Conception d'idéotypes de plantes pour une agriculture durable' 22 au 25 octobre 2012
-----------	---

Examinatrice aux concours

Avril-Juin 2013	Membre du jury de recrutement d'un chargé de recherche (CR2) pour l'INRA
Mai-Juillet 2012	Membre du jury de recrutement d'un chargé de recherche (CR2) pour l'INRA
Novembre 2011	Membre du jury de recrutement d'un maître de conférences en viticulture pour l'ENITA de Bordeaux

Examinatrice dans le jury de thèse de :

Octobre 2013	Ingrid Vilmus, AGAP, INRA Montpellier
--------------	---------------------------------------

Participation aux comités de thèse de :

2011-2014	Julie Gaüzère, EFM, INRA Paca
2010-2013	Gwenaëlle Marchand, LIPM, INRA Toulouse Alexandre-Brice Cazenave, UMR-Leg, INRA Dijon Matthieu Gouy, UMR AGAP, Cirad Réunion

Membre de comité d'utilisateurs et de groupes de réflexion

2011-2012	Membre nommé de la cellule de réflexion sur l'évolution des installations expérimentales du GAFL
2007-2013	Membre du comité d'utilisateurs d'EPHESIS (URGI, GAP), système d'information sur l'étude des interactions génotype / environnement.
2009-2010	Co-animation avec Olivier Martin d'un groupe de travail GAP pour rédaction d'un document sur les orientations générales du GAP en matière de modélisation

Relecteur arbitre régulier pour les revues :

Genetics, Annals of Botany, Tree Genetics and Genomes, Journal of the American Society for Horticultural Science, Molecular Breeding, Journal of Food Biochemistry, Australian Journal of Grape and Wine Research

Expertise de projets

2012	Projet de recherche région Aquitaine
2011	Projet de thèse soumis au GAP

Activités d'Enseignement et d'Encadrement

Septembre 2013-	Co-encadrement de la thèse de Léandro de Oliveira Lino «Towards production of peaches of quality and resistant to brown rot. Gain from coupling ecophysiological and genetic models for ideotype conception». Allocation «Sciences Sans Frontière» du gouvernement brésilien. Co-encadrement avec Michel Génard (PSH, EA, INRA).
Octobre 2011-	Co-encadrement de la thèse d'Elsa Desnoues 'Du gène au phénotype. Contrôle génétique et modélisation du métabolisme du fructose chez la pêche.' (encadrants officiels Mathilde Causse et Michel Génard)
2013	Co-encadrement d'une stagiaire de Master 2 , Marie-Anne Khalfi, Université Toulouse 3 Paul Sabatier, 6 mois.
2013	Encadrement d'une stagiaire d'IUT , Pauline Mallessard, Institut Universitaire de Technologie, génie biologie, Avignon, 4 mois.
2012	Co-encadrement de 2 stagiaires de Master 2 , Ye Yang et Fan Su, Université d'Avignon, 6 mois.
2012	Co-encadrement d'un stagiaire de Licence Professionnelle , Romaric Fraysse, IUT Carcassonne, 6 mois.
2011	Encadrement d'une stagiaire de Master 2 , Nathalie Luchoire, Université Montpellier 2, 6 mois.
2010	Encadrement d'un stagiaire de Licence Professionnelle , Mathieu Cammas, Université Lyon 1, 5 mois.
2009	Encadrement d'une stagiaire de Master 2 , Mathilde Hoerter. AgroCampus Ouest, 6 mois.
2001 et 2002	Encadrement de 2 stagiaires de BTS et IUT, discipline agronomie
2004-2013	Cours annuel de 3h à l'INA PG puis AgroParisTech pour des étudiants de dernière année (DAA ou M2). 'Amélioration génétique de la qualité de la pêche : intérêt des modèles écophysologiques'

Principales collaborations hors G2IP

Michel Génard, Unité Plantes et Systèmes de cultures Horticoles, INRA, Avignon
Mohamed Ould-Sidi, Unité Plantes et Systèmes de cultures Horticoles, INRA, Avignon
Valentina Baldazzi, Unité Plantes et Systèmes de cultures Horticoles, INRA, Avignon
Daniele Bevacqua, Unité Plantes et Systèmes de cultures Horticoles, INRA, Avignon
Philippe Nicot, Unité Pathologie Végétale, INRA, Avignon
Vincent Mercier, Unité Expérimentale Recherches Intégrées, INRA, Gothenon
Yves Gibon, UMR 1332 Biologie du Fruit et Pathologie, INRA, Bordeaux
René Lessire, Laboratoire de Biogenèse Membranaire, CNRS, Bordeaux
Daniele Bassi, Université de Milan, Italie
Père Arús, IRTA, Espagne

Je tiens particulièrement à remercier Véronique Signoret, technicienne avec qui je travaille depuis mon arrivée au GAFL, et qui accompagne avec enthousiasme toutes mes activités expérimentales.

LISTE DES PUBLICATIONS ET TRAVAUX

Publications soumises ou en préparation

- Ould Sidi M., Rolland A., **Quilot-Turion B.** Multicriteria sorting methods to select virtual peach ideotypes. *International Journal of Multicriteria Decision Making*. *Soumise septembre 2013*.
- Kadrani A., Ould Sidi M., **Quilot-Turion B.**, Génard M., Lescourret F. Comparison of evolutionary and swarm intelligence-based approaches in the improvement of fruit quality. *Annals of Management Science*. *Soumise juillet 2013*. *Co-encadrement de doctorant*
- Bureau S., **Quilot-Turion B.**, Signoret V., Renaud C., Maucourt M., Bancel D., Renard C. 2013. Determination of the composition in sugars and organic acids in peach using mid-infrared spectroscopy: comparison of prediction results according to datasets and different reference methods. *Analytical Chemistry*. *Soumise juillet 2013*.
- Quilot-Turion B.** and Causse M. Natural diversity and genetic control of fruit sensory quality. In: Fruit Ripening: Physiology, Signalling And Genomics. Eds Pravendra Nath/Mondher Bouzayen/Autar Matto/Jean Claude Pech. *Soumise à CABI édition septembre 2013*.
- Desnoues E., Gibon Y., Baldazzi V., Génard M., **Quilot-Turion B.** 2013. Sugar profiling of peach fruits with and with low fructose. 2013. Sugar profiling of peach fruits with and with low fructose. *En preparation pour Plant Physiology*. *Co-encadrement de doctorant*
- Leinonen P., Kuittinen H., Kemi U., **Quilot-Turion B.**, Okuloff A., Baker A.M., Mitchell-Olds T., Remington D.L. and Savolainen O. 2013. Adaptation to growing season length in a perennial plant *Arabidopsis lyrata*. *En preparation pour New Phytologist*. *Post-doctorat à Oulu (Finlande) _ Co-encadrement de doctorant*

Reuves à comité de lecture

1. Shen Z., Confolent C., Lambert P., Poëssel J-L., **Quilot-Turion B.**, Yu M., Ma R., Pascal T. 2013. Characterization and genetic mapping of a new blood-flesh trait controlled by the single dominant locus DBF in peach. *Tree Genetics and Genomes*. doi: 10.1007/s11295-013-0649-1
2. **Quilot-Turion B.**, Kuittinen H., Leppälä J., Waldmann P. & Savolainen O. 2013. Genetic changes in flowering and morphology in response to adaptation to northern conditions in *Arabidopsis lyrata*. *Annals of Botany* doi:10.1093/aob/mct055 *Post-doctorat à Oulu (Finlande)*
3. Kemi, U., Niittyvuopio, A., Toivainen, T., Pasanen, A., **Quilot-Turion, B.**, Holm, K., Lagercrantz, U., Savolainen, O. and Kuittinen, H. 2012. Role of vernalization and of duplicated *FLOWERING LOCUS C* in the perennial *Arabidopsis lyrata*. *New Phytologist*. doi: 10.1111/j.1469-8137.2012.04378.x. *Post-doctorat à Oulu (Finlande) _ Co-encadrement de doctorant*
4. Dirlewanger E., Quero-García J., Le Dantec L., Lambert P., Ruiz D., Dondini L., Illa I., **Quilot-Turion B.**, Audergon J.M., Tartarini S., Letourmy P., Arús P. 2012. Comparison of the genetic determinism of two key phenological traits, flowering and maturity dates, in three *Prunus* species: peach, apricot and sweet cherry. *Heredity* Advance online publication, July 25, 2012; doi:10.1038/hdy.2012.38
5. Kadrani A., Ould-Sidi M.M., **Quilot-Turion B.**, Génard M., Lescourret F. 2012. Particle swarm optimization to design ideotypes for sustainable fruit production systems. *International Journal of Swarm Intelligence Research* 3(2): 1-19. *Co-encadrement de post-doctorant*.
6. **Quilot-Turion B.**, Ould Sidi M., Kadrani A., Hilgert N., Génard M., Lescourret F. 2012. Optimization of genetic parameters of the 'Virtual Fruit' model to design peach ideotypes for sustainable production systems. *European Journal of Agronomy* 42 : 34-48
7. Wu B.H. **Quilot-Turion B.**, Génard M., Li S.H., Zhao J.B., Yang J. and Wang Y.Q. 2011. Application of a SUGAR model to analyze sugar accumulation in peach cultivars that differ in glucose-fructose ratio. *Journal of Agricultural Science* 150 (1): 53-63

8. Génard M., Bertin N., Gautier H., Lescourret F. et B. **Quilot**, 2010. Virtual profiling: a new way to analyse phenotypes. *The Plant Journal* 62: 344-355
9. Bertin N., Martre P., Génard M., **Quilot B.** et C. Salon, 2010. Under what circumstances can process-based simulation models link genotype to phenotype for complex traits? Case-study of fruit and grain quality traits. *Journal of Experimental Botany* 61 (4): 955-967
10. Illa E., Lambert P., **Quilot B.**, Audergon J.M., Dirlewanger E., Dondini L., Howad W., Lain O., Testolin R., Bassi D. et P. Arus, 2009. Linkage map saturation, construction and comparison in four *Prunus* populations. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology* ISAFruit special issue 168-175
11. Leinonen P., Sandring S., **Quilot B.**, Clauss M., Mitchell-Olds, T., Ågren J. et O. Savolainen, 2009. Local adaptation in European populations of *Arabidopsis lyrata* (Brassicaceae). *American Journal of Botany* 96 (6) : 1129-1137. *Post-doctorat à Oulu (Finlande) _ Co-encadrement de doctorant.*
12. **Quilot B.** et M. Génard, 2008. Is competition between mesocarp cells of peach fruits affected by the percentage of wild species genome? *Journal of Plant Research* 121: 55-63
13. Génard M., Bertin N., Borel C., Bussièrès P., Gautier H., Habib R., Léchaudel M., Lecomte A., Lescourret F., Lobit P., **Quilot B.**, 2007. Towards a virtual fruit focusing on quality: modelling features and potential uses. *Journal of Experimental Botany* 58 (5): 917-928
14. **Quilot B.**, Genard M., Lescourret F. et J. Kervella, 2005. Simulating genotypic variations of fruit quality in an advanced peach x *Prunus davidiana* cross. *Journal of Experimental Botany* 56 (422): 3071-3081
15. **Quilot B.**, Kervella J., Genard M. et F. Lescourret, 2005. Analysing the genetic control of peach fruit quality through an ecophysiological model combined with a quantitative trait loci approach. *Journal of Experimental Botany* 56 (422): 3083-3092
16. Dingkuhn M., Luquet D., **Quilot B.** et P. de Reffye, 2005. Environmental and genetic control of morphogenesis in crops: towards models simulating phenotypic plasticity. *Australian Journal of Agricultural Research* 56 (11): 1289-1302
17. Wu B., Li SH., **Quilot B.**, Génard M., Kervella J. and Gomez L., 2005. Sugar and acid concentrations associated with several traits in unselected sugar and acid content and their genotypic correlations of unselected *P. persica* x *P. davidiana* progenies. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology* 80 (3):335-339
18. Wu B., **Quilot B.**, Genard M., Kervella J. and Li S. H., 2005. Changes in sugar and organic acid concentrations during fruit maturation in peaches, *P. davidiana* and hybrids as analyzed by principal component analysis. *Scientia Horticulturae* 103 (4):429-439
19. **Quilot B.**, Genard M., Kervella J. and F. Lescourret, 2004. Analysis of genotypic variation in fruit flesh total sugar content via an ecophysiological model applied to peach. *Theoretical and Applied Genetics* 109 (2): 440-449
20. **Quilot B.**, Wu B. H., Kervella J., Génard M., Foulongne M. et K. Moreau, 2004. QTL analysis of quality traits in an advanced backcross between *Prunus persica* cultivars and the wild relative species *P. davidiana*. *Theoretical and Applied Genetics* 109 (4): 884-897.
21. **Quilot B.**, Kervella J. and M. Genard, 2004. Shape, mass and dry matter content of peaches of varieties with different domestication levels. *Scientia Horticulturae* 99 (3/4):387-393.
22. **Quilot B.**, Genard M., Kervella J., 2004. Leaf light-saturated photosynthesis for wild and cultivated peach genotypes and their hybrids: a simple mathematical modelling analysis. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology* 79(4): 546-553
23. Wu B., Li S. H., **Quilot B.**, et al., 2004. Sugar and acid content and their genotypic correlations of unselected *P. persica* x *P. davidiana* progenies as affected by hairness and flesh color. *Agricultural Sciences in China* 3 (2): 136-142

24. Wu B., **Quilot B.**, Kervella J., Génard M. and Li S.H., 2003. Analysis of genetic variation of sugar and acid contents in peach and nectarines through the principle component analysis. *Euphytica* 132 (3):375-384
25. Wu B., Li S.H., **Quilot B.**, 2003. Influence of hairless of fruit epidermis and flesh color on contents of sugars and acids and their relationship in peach. *Scientia Agricultura Sinica* 36 (12):1540-1544
26. **Quilot B.**, Génard M., Kervella J. and Lescourret F., 2002. Ecophysiological analysis of genotypic variation in peach fruit growth. *Journal of Experimental Botany* 53 (374):1613-1625

Ouvrages, chapitres d'ouvrages

27. Génard M., **Quilot B.** 2006. Modèles écophysologiques pour la génétique quantitative et l'innovation variétale. Dans L'agronomie aujourd'hui. Doré T., Lebail M., Martin P., Ney B., Roger-Estrade J. (coord.) Editions Quae, Paris. pp 159-166.

Revues

Urban L., Quero-Garcia J., **Quilot-Turion B.**, Audergon J.M., Pascal T., Bureau S., Dosba F. 2011. Amélioration de la qualité des fruits et enjeux pour augmenter la consommation des fruits. Association des Sélectionneurs Français. "Le Sélectionneur Français" 2007 - 2008 (n° double 58 - 59), 69 – 78.

Rapports diplômants (étudiants encadrés)

- Mallessard, P. 2013. Variabilité de sensibilité à *Monilinia laxa* chez la pêche. Mémoire d'IUT. Institut Universitaire de Technologie, Avignon.
- Yang, Y. 2012. Variabilité des composés de surface et de l'épiderme de la pêche en relation avec la sensibilité à *Monilinia laxa* Mémoire de Master 2. Agrosiences, Université d'Avignon et des Pays de Vaucluse (FRA). 20p.
- Su, F. 2012. Characterization of the inhibitory effect of peach surface phenolic compounds on the conidial germination and pathogenicity of *Monilinia laxa*. Mémoire de Master 2. Agrosiences, Université d'Avignon et des Pays de Vaucluse (FRA). 20p.
- Frayse, R. 2012. BioAnalyse des régions associées à des QTL chez le Pêcher. Mémoire de Licence Professionnelle Bioinformatique « Traitements des données génomiques ». IUT Carcassonne (FRA), 26 p.
- Luchaire, N. 2011. Caractérisation du métabolisme des sucres dans les fruits chez 2 individus contrastés pour les teneurs en fructose, issus d'une population interspécifique de pêcheurs [*Prunus persica* (L.) Batsch]. Mémoire de Master 2. Montpellier : Université Montpellier 2 (FRA), 37 p.
- Cammas, M. 2010. Identification du (des) gène(s) lié(s) au QTL contrôlant le rapport des concentrations fructose/glucose dans la pêche. Mémoire de Licence Professionnelle. Villeurbanne: Université Lyon 1, 27 p.
- Hoerter, M. 2009. Identification du (des) gène(s) impliqué(s) dans le phénotype peu de fructose d'une population interspécifique de pêcheurs (*Prunus persica*). Mémoire de Master 2 Biologie Végétale Intégrative - Gène, Plante, Agrosystème. Agrocampus Ouest et Université de Rennes 1, Rennes (FRA), 32 p.
- Bonfils S. 2001. Variabilité génotypique de l'écophysologie de la croissance de la pêche. Mémoire de DUT. Département Génie Biologique. IUT Avignon (FRA), 31p.

Publications dans le cadre de congrès avec communication ou poster

- Desnoues E., Gibon Y., Baldazzi V., Signoret V., Génard M., **Quilot-Turion B.** 2013. High or low fructose? Consequences for sugar metabolism in peach fruit. ISHS-VIII International Peach Symposium, June 17-20 2013, Matera (Italy). Acta Hort. (ISHS)
- Pascal T., Confolent C., Lambert P., Poëssel, J-L., **Quilot-Turion B.**, Shen Z. 2013. Ne insights on blood-flesh determinants in peach. ISHS-VIII International Peach Symposium, June 17-20 2013, Matera (Italy). Acta Hort. (ISHS)
- Laurens, F., Aranzana, M.J., Arús, P., Bassi, D., Bonany, J., Corelli, L., Durel, C.E., Mes, J., Pascal, T., Patocchi, A., Peil, A., **Quilot, B.**, Salvi, S., Tartarini, S., Troggio, M., Vecchietti, A., Velasco, R. and van de Weg, E. 2012. Review of fruit genetics and breeding programmes and a new european initiative to increase fruit breeding efficiency. Acta Hort. (ISHS) 929:95-102.
- Audergon J.M., Ruiz D., Bachellez A., Blanc A., Corre M.N., Croset C., Ferréol A.M., Lambert P., Pascal T., Poëssel J.L., Signoret V., **Quilot B.**, Boudheri K., Renaud C., Dirlewanger E., Dondini L., Tartarini S., Sansavini S., Gouble B., Grotte M., Bogé M., Reling P., Reich M., Bureau S., Renard C., Deborde C., Maucourt M., Moing A., Monllor S., Arus P. 2010. Study of the genetic basis of Prunus fruit quality on two apricot and two peach populations. International Symposium, 2008/06/16-20, Matera (ITA). Xiloyannis, C. (Editeur). Apricot breeding and culture. Proceedings. ISHS - International Society for Horticultural Science, Louvain (BEL), Acta Hort. 862, 183-188.
- Audergon J.M., Ruiz D., Bachellez A., Blanc A., Corre M.N., Croset C., Ferréol A.M., Lambert P., Pascal T., Poëssel J.L., Signoret V., **Quilot B.**, Boudehri K., Renaud C., Dirlewanger E., Dondini L., Gouble B., Grotte M., Bogé M., Reling P., Reich M., Bureau S., Deborde C., Maucourt M., Moing A., Monllor S., Arus P. 2009. ISAFRUIT. Study of the genetic basis of Prunus fruit quality in two peach and two apricot populations. 12. Eucarpia Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 2007/09/16-20, Zaragoza (ESP). Socias i Company, R. (Coordinateur) , Espiau, M.T. (Editeur) , Alonso, J.M. (Editeur). Fruit breeding and genetics. ISHS - International Society for Horticultural Science, Louvain (BEL), Acta Hort. 814, 523-527.
- Quilot B.** et Génard, M. 2008. Towards the use of modelling in genetic improvement: example of peach fruit quality. First International Symposium on Horticulture in Europe. 2008/02/17-20 Vienne (AUT), Dixon, G.R. (Editeur). Horticulture in Europe. ISHS - International Society for Horticultural Science, Louvain (BEL), Acta Hort. 817: 269-276.
- Kervella J., M. Foulongne, R. Kraif, A. Moing, C. Renaud, C. Etienne, T. Pascal, F. Pfeiffer, M. Pradier, M. Génard, **B. Quilot**, F. Lescourret, C. Rothan and M. Reich, 2002. Prunus davidiana and derived progenies: a valuable material for fruit quality studies. Acta Hort. 592 (1):109-116.
- Quilot B.**, Genard M. Lescourret F. and J. Kervella, 2002. Comparison of peach genotypes using an ecophysiological model. Application to fruit dry mass growth. Acta Hort. 584: 141-148.

Participations à des congrès avec communication ou poster

- Desnoues E., Gibon Y., Baldazzi V., Signoret V., Génard M., **Quilot-Turion B.** 2013. High or low fructose? Consequences for sugar metabolism in peach fruit. ISHS-VIII International Peach Symposium, June 17-20 2013, Matera (Italy). *Communication.*
- Pascal T., Confolent C., Lambert P., Poëssel, J-L., **Quilot-Turion B.**, Shen Z. 2013. Ne insights on blood-flesh determinants in peach. ISHS-VIII International Peach Symposium, June 17-20 2013, Matera (Italy).
- Kadrani, Ould-Sidi M-M., **Quilot-Turion B.**, Génard M., Lescourret F. 2013. Comparison of evolutionary and swarm intelligence-based approaches in the improvement of fruit quality. International Symposium on Operational Research and Applications. May 08-10, 2013. Marrakesh (MOROCCO). *Communication.*

- Quilot-Turion B.** 2013. Intégration du contrôle génétique dans les modèles. Séminaire « concevoir et évaluer des idéotypes », GIS GC-HP2E. 7-8 février 2013, Paris. Conférence invitée
- Quilot-Turion B.** 2012. Intégration du contrôle génétique dans les modèles. Ecole-chercheurs 'Conception d'idéotypes de plantes pour une agriculture durable'. Domaine de Seillac (France). 22 au 25 octobre 2012. *Conférence invitée*
- Ould-Sidi MM, Kadrani A, **Quilot-Turion B.**, Lescourret F, Génard M. 2012. Compromising NSGA-II performances and stopping criteria: case of virtual peach design. 4th International Conference on Metaheuristics and Nature Inspired Computing, META'2012, Port El-Kantaoui (Sousse, Tunisia). October 27-31th 2012. *Communication*
- Desnoues E., Gibon Y., Baldazzi V., Signoret V., Génard M., **Quilot-Turion B.** 2012. High or low fructose? Consequences for sugar metabolism in peach fruit. 6th Rosaceous Genomics Conference 30/09/2012 - 4/10/2012, Mezzocorona (Italy). *Poster*
- Rolland A., Ould-Sidi M., **Quilot-Turion B.** 2012. Méthodes multicritères pour le tri de fruits virtuels, 13ème Congrès de la société française de recherche opérationnelle et d'aide à la décision (Roade'2012), 11-13 Avril 2012, Angers, France. *Communication*
- Van de Weg E., Laurens F., Aranzana M-J., Arus P., Bassi D., Bonany J., Corelli Grappadelli L., Durel C-H., Pascal T., Patocchi A., Peil A., **Quilot-Turion B.**, Troillard V., Michela A., Velasco R. 2012. The new EU project FruitBreedomics: an integrated approach for increasing breeding efficiency in fruit tree crops. PAG XX, January 14-18 2012 San Diego, CA. *Poster*
- Micheletti D., Aramini V., Arús P., Banchi E., Barreneche T., Bassi D., Dirlewanger E., Zhongshan G., Gazza L., Lambert P., Laurens F., Li X., Pascal T., **Quilot-Turion B.**, Rossini L., Troggio M., Van de Weg E., Verde I., Aranzana M-J. 2012. Application of High Throughput Genotyping Techniques in Peach Germplasm and Breeding Lines within the FruitBreedomics Project. PAG XX, January 14-18 2012 San Diego, CA. *Poster*
- Génard M., **Quilot-Turion B.**, Ould-Sidi M., Kadrani A., Hilgert N., Lescourret F. 2011. Heuristic value of a 'Virtual fruit' model of peach fruit quality and sensitivity to brown rot: impact of a single mutation and design of ideotypes. IX International Symposium on Modelling in Fruit Research and Orchard Management. June 19-23, 2011, Saint-Jean-sur-Richelieu (Canada). *Communication*
- Kadrani A., Ould Sidi M., **Quilot-Turion B.**, Hilgert N., Génard M., Lescourret L. 2011. Particle swarm optimization for designing ideotypes for sustainable production systems. ICSI 2011: International conference on swarm intelligence. 14 et 15 Juin 2011, Paris (France). *Communication*
- Ould-Sidi M., **Quilot-Turion B.**, Kadrani A., Hilgert N., Génard M., Lescourret L. 2011. Application des algorithmes génétiques pour la conception de systèmes de culture durable. 12e congrès annuel de la Société française de Recherche Opérationnelle et d'Aide à la Décision. 2-4 mars 2011. Saint-Étienne (France). *Communication*
- Quilot-Turion B.**, Poëssel JL. 2010. Acides caféoylquiniques et résistance au Monilinia. Réunion finale HortiBiope, Avignon (France), 3 Décembre 2010. *Communication*
- Quilot-Turion B.** 2010. Vers l'intégration de composantes génétiques dans les modèles en vue de la création d'idéotypes. Journées Modélisation du Réseau Qualité du département EA, Chateauneuf de Gadagne (France), 22-23 Novembre 2010. *Communication*
- Lambert P., Poëssel J.L., Croset C., Corre M.N., **Quilot-Turion B.**, Signoret V., Decroocq V., Tricon D., Sauge M.H., Bureau S., Renard CGMC., Pascal. T. 2010. The French Peach Breeding Program (Inra): An Integrative Approach For Pest/Disease Resistance And Fruit Quality. 5th International Rosaceae Genomics Conference, Stellenbosch (South Africa), November 14-17 2010. *Poster*
- Dirlewanger E, Quero-García J, Le Dantec L, Lambert P, Ruiz D, Celton J-M, Dondini L, Illa E, **Quilot B**, Audergon J-M, Tartarini S, Arús P, Costes E, Denoyes Rothan B. 2010. QTLs detection for phenological traits within the Rosaceae family. RGC5, 14-17 November 2010, Cape Town South Africa. *Présentation orale, Invitée*

- Quilot-Turion B.**, Kadrani A., Ould Sidi M., Hilgert N., Génard M., Lescourret F. 2010. The virtual fruit: towards a tool to design ideotypes for sustainable production systems. Agro2010 The International Scientific Week around Agronomy, August 29-September 3 2010, Montpellier (France). *Communication*
- Audergon J.M., Ruiz D., Bachellez A., Blanc A., Corre M.N., Crosset C., Ferréol A.M., Lambert P., Pascal T., Poëssel J.L., Signoret V., **Quilot B.**, Boudehri K., Renaud C., Dirlwanger E., Dondini L., Gouble B., Grotte M., Bogé M., Reling P., Reich M., Bureau S., Deborde C., Maucourt M., Moing A., Monllor S., Arus P. 2009. ISAFRUIT. Study of the genetic basis of Prunus fruit quality in two peach and two apricot populations. 12.Eucarpia Symposium on Fruit Breeding and Genetics, 2007/09/16-20, Zaragoza (ESP). Socias i Company, R. (Coordinateur) , Espiau, M.T. (Editeur) , Alonso, J.M. (Editeur). Fruit breeding and genetics. ISHS - International Society for Horticultural Science, Louvain (BEL), Acta Hort. 814, 523-527.
- Arus P., **Quilot B.**, Illa E., Le Dantec L., Moing A., Lambert P., Poëssel J.L., Audergon J.M., Dondini L., Tartarini S., Howad W., Dirlwanger E. 2010. Genetic analysis of peach and apricot fruit characters based on QTL analysis and candidate gene. 28. International Horticultural Congress , 2010/08/22-27 , Lisboa (PRT). IHC Lisboa 2010 Science and Horticulture for people Abstracts Volume II (Symposia). ISHS - International Society for Horticultural Science, Louvain (BEL), 2010. S11.047. *Poster*
- Crosset C , Audergon J.M., Corre M.N., Lambert P., **Quilot B.**, Gouble B., Bureau S., Dondini L., Tartarini S., Renaud C., Dirlwanger E., Arus P., Poëssel J.L. Inheritance of fruit flesh phenolic compounds in peach and apricot: identification quantitative variations and QTL comparative mapping 28. International Horticultural Congress , 2010/08/22-27 , Lisboa (PRT). IHC Lisboa 2010 Science and Horticulture for people Abstracts Volume II (Symposia). ISHS - International Society for Horticultural Science, Louvain (BEL), 2010. S11.049.
- Dirlwanger E., Lafargue M.D., Joly J., Tauzin Y., **Quilot B.**, Lambert P., Ruiz D., Audergon J.M., Dondini L., Tartarini S., Illa E., Arus P., Quero-Garcia J. 2010. QTLs involved in phenological traits in several Prunus species (peach, apricot and sweet cherry). 28. International Horticultural Congress , 2010/08/22-27, Lisboa (PRT). IHC Lisboa 2010 Science and Horticulture for people Abstracts Volume II (Symposia). ISHS - International Society for Horticultural Science, Louvain (BEL), 2010. S11.048. *Poster*
- Dondini, L., Adami M., Tartarini S., Bassi D., Ruiz D., Lambert P., Pascal T., **Quilot B.**, Audergon J.M., Gouble B., Bureau S., Reich M., Renard C., Renaud C., Dirlwanger E., Maucourt M., Deborde C., Moing A., Illa E., Howad W., Arus P. 2010. Use of different methodological approaches to study sugar contents in stonefruits. 28. International Horticultural Congress , 2010/08/22-27 , Lisboa (PRT). IHC Lisboa 2010 Science and Horticulture for people Abstracts Volume II (Symposia). ISHS - International Society for Horticultural Science, Louvain (BEL), 2010. S11.262
- Laurens F., Aranzana M.J., Arus P., Bonany J., Corelli-Grappadelli L., Diep B., Patocchi A., Peil A., **Quilot-Turion B.**, Salvi S., Vecchiotti A., Van de Weg E. 2010. The new EU project FruitBreednomics: an integrated approach for increasing breeding efficiency in fruit tree crops. 28. International Horticultural Congress , 2010/08/22-27 , Lisboa (PRT). IHC Lisboa 2010 Science and Horticulture for people Abstracts Volume II. ISHS - International Society for Horticultural Science.
- Kuittinen H., **Quilot**, B., Leinonen P., Leppälä J., Savolainen O. 2010. The genetic basis of adaptation in Arabidopsis Lyrata. Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution (SMBE), Lyon (France), July 4-8 2010. *Poster*
- Quilot-Turion B.**, Poëssel J.L. 2010. MoniPech: limiter la moniliose en verger en associant génotypes résistants et opérations culturales raisonnées. Quel rôle pour les composés phénoliques? Journées métabolites secondaires, pôle PHI, Avignon (France), 2 Avril 2010. *Communication*
- Quilot-Turion B.**, Génard M. 2010. Un fruit virtuel pour la création d'idéotypes : cas de la qualité organoleptique chez la pêche. Colloque GAP, La Colle sur Loup (France), 24 Mars 2010. *Communication*

- Quilot-Turion B.** 2010. De la biologie descriptive à la biologie prédictive: la modélisation. Bilan du groupe de travail du GAP. Colloque GAP, La Colle sur Loup (France), 23 Mars 2010. *Communication*
- Quilot-Turion B., Génard M.** 2010. Integrating genetic information into an ecophysiological model : example of peach fruit quality. INDO-FRENCH Symposium 'Genomics and Biotechnology of fruit quality: recent advances', Lucknow (India), January 18-20 2010. *Communication invitée*
- Dirlewanger E, Cardinet G, Renaud, Le Dantec L, Deborde C, Maucourt M, Moing A, Croset C, Lambert P, Poëssel JL, Ruiz D, **Quilot B**, Audergon JM, Gouble B, Bureau S, Reich M, Reling P, Dondini L, Tartarini S, Illa E, Howad W, Arus P. 2010. Candidate Genes Mapping and QTL Analysis Involved in Agronomical and Fruit Quality Traits in *Prunus* Species in The European Integrated Project ISAFRUIT. Plant & Animal Genome XVIII Conference (PAG-XVIII), January 9-13, 2010, San Diego, California. Workshop: Fruit and Nuts Crops. *Communication*
- Dirlewanger E., Renaud C., Le Dantec L., Fouché M., Croset C., Illa E., Lambert P., Deborde C., Maucourt M., **Quilot B.**, Howad W., Moing A., Poëssel J.L., Arus P. 2009. QTL analysis and candidate gene mapping for sugar and acid contents, phenolics, cyanogenic compounds and characters involved in fruit growth and development in peach. 4th ISAFruit General Assembly, Angers, October 27-28-29 2009. *Poster*
- Illa E., **Quilot B.**, Howad W., Lambert P., Pascal T., Arús P. 2009. Marker saturation of three regions of the peach genome containing QTLs and candidate genes for fruit quality. 4th ISAFruit General Assembly, Angers, October 27-28-29 2009. *Poster*
- Kuittinen H., **Quilot-Turion B.**, Leinonen, P., Leppälä, J., Niittyvuopio A., Savolainen O. 2009. Effect of postglacial colonization on genetic architecture of flowering and morphology in *A. Lyrata*. AMEGO meeting, Reykjavik (Iceland) Aug 14-18 2009. *Communication*
- Dirlewanger E., Boudehri K, Renaud C, Fouché M, Croset C, Le Dantec L, Illa E, Lambert P, Deborde C, Maucourt M, **Quilot B**, Howad W, Moing A, Poëssel JL, Arus P. 2009. QTL analysis of characters involved in fruit quality in *Prunus persica* and related species and co-localization with candidate genes in the European Project ISAFRUIT. VII International Peach Symposium, Lleida (Spain) June 8-11 2009. *Poster*
- Dirlewanger E., Boudehri K., Renaud C., Croset C., Le Dantec L., Illa E., Lambert P., Deborde C., Maucourt M., **Quilot-Turion B.**, Howad W., Moing A., Poëssel J.L., Bendahmane A., Arus P. 2009. Peach fruit quality : candidate genes or map-based cloning strategy ? VII International Peach Symposium, Lleida (Spain) June 8-11 2009. *Communication*
- Kuittinen H., Leinonen P., Okuloff A., **Quilot B.**, Leppälä J., Savolainen O. 2008. The genetic basis of differences in flowering related traits between natural populations of *Arabidopsis lyrata*. Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution (SMBE), Barcelona 5-8.6.2008. *Poster*
- Audergon J.M, Bachellez A, Blanc A, Bogé M, Boudheri K, Bureau S, Corre M.N, Croset C, Deborde C, Dirlewanger E, Dondini L, Ferréol A.M., Gouble B, Grotte M, Lambert P, Maucourt M, Moing A, Monllor S, Pascal T, Poëssel J.L., **Quilot B.**, Reich M, Reling P, Renaud C, Ruiz D, Signoret V, Arus P. 2008. ISAFRUIT IP project. Genetic and molecular bases of peach and apricot fruit quality. 14th International Symposium Matera (ITA) 2008/06/16-20. *Communication*
- Costes E., Welcker C., Giaufret C., **Quilot B.**, Tardieu F. 2008. Quel apport des Plantes Virtuelles pour étudier la génétique des plantes et les interactions avec l'environnement ? Journées INRA « Plantes et Peuplements Virtuels », Lyon 27-28 Mars 2008. *Communication*
- Dirlewanger E, Boudehri K, Cardinet G, Renaud C, Croset C, Le Dantec L, Monllor S, Illa E, Lambert P, Deborde C, Maucourt M, **Quilot-Turion B**, Audergon J.M., Howad W, Moing A, Poessel J.L., Arus P. 2008. QTL analysis of metabolites involved in fruit quality in *Prunus* species and co-location with candidate genes in the European Project ISAFRUIT - Preliminary results obtained on *P. persica* related species. 4th International Rosaceae Genomics Conference, Pucon (CHL) 2008/03/16-19. *Poster*
- Poëssel JL., Croset C., Renaud C., **Quilot B.**, Deborde C., Dirlewanger E., Maucourt M., Monllor S., Signoret V., Pascal T., Arus P., Moing A. 2008. Profils métaboliques de pêche: une étude des métabolites primaires et secondaires par RMN-1H et HPLC de deux descendances révèle de

profondes variations entre génotypes et la présence de composés inattendus. Troisièmes Journées du Réseau Français de Métabolomique et Fluxomique, Bordeaux 7-8 Février. *Poster*

Audergon J.M., Bachellez A., Blanc A., Bogé M., Boudheri K., Bureau S., Corre M.N., Croset C., Deborde C., Dirlewanger E., Dondini L., Ferréol A.M., Gouble B., Grotte M., Lambert P., Maucourt M., Moing A., Monllor S., Pascal T., Poëssel J.L., **Quilot** B., Reich M., Reling P., Renaud C., Ruiz D., Signoret V., Arus P., 2007. ISAFRUIT IP Project - Genetic and Molecular bases of Peach and Apricot Fruit Quality. Eucarpia meeting Zaragoza, September 16-20, 2007 Zaragoza Spain. *Poster*

Illa E., Howad W., Lambert P., **Quilot** B., Audergon J.M., Arus P. 2007. ISAFRUIT: Map saturation of the advanced BC2 population peach x *P. davidiana*. 12. Eucarpia Symposium on Fruit Breeding and Genetics, Zaragoza (ESP), 2007/09/17-20.

Lambert P., **Quilot** B., Audergon J.M., Bachellez A., Blanc A., Bogé M., Boudehri K., Bureau S., Corre M.N., Croset C., Deborde C., Dirlewanger E., Dondini L., Ferréol A.M., Gouble B., Grotte M., Howad W., Maucourt M., Moing A., Monllor S., Pascal T., Poëssel J.L., Reich M., Reling P., Renaud C., Ruiz D., Sansavini S., Signoret V., Tartarini S., Arus P. 2007. Study of the genetic basis of *Prunus* fruit quality in 2 peach and 2 apricot populations. Eucarpia Symposium on Fruit Breeding and Genetics, Zaragoza (ESP), 2007/06/20-22-2007/09/16-20.

Lambert L., **Quilot** B., Audergon J.M., Bachellez A., Blanc A., Bogé M., Boudehri K., Bureau S., Corre M.N., Croset C., Deborde C., Dirlewanger E., Dondini L., Ferréol A.M., Gouble B., Grotte M., Howad W., Maucourt M., Moing A., Monllor S., Pascal T., Poëssel J.L., Reich M., Reling P., Renaud C., Ruiz D., Sansavini S., Signoret V., Tartarini S., Arus P. 2007. Study of the genetic basis of *Prunus* fruit quality in 2 peach and 2 apricot populations. 2nd ISAFruit General Assembly, Bologna, June 20-22 2007. *Poster*

Poëssel J.L., Moing A., Audergon J.M., Bachellez A., Blanc A., Bogé M., Boudehri K., Bureau S., Corre M.N., Croset C., Deborde C., Dirlewanger E., Dondini L., Ferréol A.M., Gouble B., Grotte M., Lambert L., Maucourt M., Monllor S., Pascal T., **Quilot** B., Reich M., Reling P., Renaud C., Ruiz D., Signoret V., Arus P. Profils métaboliques de la pêche et de l'abricot pour l'étude des bases génétiques de la qualité des fruits de *Prunus* dans le projet européen Isafruit. Réseau Français de Métabolomique et Fluxomique – 2èmes Journées Scientifiques – 13/15 Décembre 2006 - St Sauves d'Auvergne. *Poster*

Pascal T., Kervella J., Poëssel J. L., Foulongne M., **Quilot** B., Sauge M. H., 2005. Peach resistance to pest and diseases: the French INRA breeding program. "6th International Peach Symposium" (ISHS), Santiago du Chili, (Chili), 9-14 January 2005.

Lescourret F., Bussi C., **Quilot** B. 2005. Modélisation de l'élaboration des performances agronomiques sous l'influence du milieu, des techniques, du génotype. La qualité des pêches et sa variabilité. Production Fruitière Intégrée, Paris (FRA), 2005/01/25-26.

Quilot B., Génard M., Kervella J., Lescourret F. 2004. A virtual fruit to analyse the genetic variability of quality traits. International workshop, Clermont-Ferrand (FRA), 2004/07/18-21.

Quilot B., Kervella J., Pascal T., Génard M., Wu B., Lescourret F., 2005. Combining ecophysiological and genetics models to analyse peach (*Prunus persica* (L.) Batsch) organoleptic quality. "6th International Peach Symposium" (ISHS), Santiago du Chili, (Chili), 9-14 January 2005.

Dingkuhn M., Luquet D., **Quilot** B. 2004. Environmental and genetic control of morphogenesis in crops: Towards models simulating phenotypic plasticity. International Symposium 'Adaptation of plants to water-limited Mediterranean-type environments'. Perth, Western Australia, 20-24 September 2004.

Génard M., **Quilot** B., Lescourret F. 2004. A virtual fruit to analyse the genetic variability of quality traits. International workshop 'Modelling quality traits and their genetic variability for wheat'. Clermont-Ferrand, France, 18-21 Juillet 2004.

Dirlewanger E., Cosson P., Renaud C., Lambert P., Audergon J.M., **Quilot** B., Signoret V., Poëssel J.L., Bendahmane A., Moing A. 2004. Genetic analysis of major fruit quality components in peach. Comparison with apricot. Second International Rosaceae Genomics Mapping Consortium Meeting. Clemson, SC, USA, 22-24 Mai 2004.

ACTIVITÉS D'ENCADREMENT ET D'ENSEIGNEMENT

Encadrement de chercheur post-doctoral

J'ai co-encadré, avec Mohamed Ould Sidi (PSH), pendant 2 ans du 1^{er} janvier 2010 au 31 décembre 2011, le stage post-doctoral d'**Abdeslam Kadrani** qui a travaillé sur un outil de conception de systèmes de production durable pour le cas du couple pêche/pourriture brune. J'étais coordinatrice du projet PRIMO (Agropolis Fondation, call 2009-02, Computational Plants and Ecosystems) qui a financé ce post-doctorat. Il a donné lieu à des publications et communications.

Encadrement de thèse

Je co-encadre, avec Valentina Baldazzi (PSH), la thèse d'**Elsa Desnoues** qui a débuté en Octobre 2011 avec un financement INRA-région. Les encadrants officiels sont Mathilde Causse (GAFL) et Michel Génard (PSH). J'ai rédigé le projet et l'ai défendu devant le conseil scientifique du centre INRA PACA pour proposition de financement auprès de la région PACA.

Stagiaires de Master II

En 2013, j'encadre **Marie-Anne Khalfi**, en stage de M2 de l'Université Toulouse 3 Paul Sabatier, travaille sur la cartographie comparative de QTLs et de gènes candidats contrôlant la croissance et la qualité (métabolites primaires et secondaires) des fruits dans 2 descendances de pêcher.

En 2012 j'ai co-encadré 2 étudiantes de l'Agrosociétés, Université d'Avignon et des Pays de Vaucluse dans le cadre de leur stage de Master 2. Ces 2 stages ont été réalisés dans le cadre du WP5 du projet FruitBreedomics.

Ye Yang a travaillé sur la variabilité des composés de surface et de l'épiderme de la pêche en relation avec la sensibilité à *Monilinia laxa*.

Fan Su a travaillé sur la caractérisation de l'effet inhibiteur de composés phénoliques de surface de la pêche sur la germination des conidies et le pouvoir pathogène de *Monilinia laxa*.

En 2011, j'ai encadré **Nathalie Luchoire** dans le cadre de son stage de Master 2 de l'Université Montpellier 2. Ses travaux sur la caractérisation du métabolisme des sucres dans les fruits chez 2 individus contrastés pour les teneurs en fructose, issus d'une population interspécifique de pêcheurs [*Prunus persica* (L.) Batsch] ont donné des résultats préliminaires intéressants pour la thèse d'Elsa Desnoues.

En 2009, j'ai encadré **Mathilde Hoerter** dans le cadre de son stage de Master 2 d'AgroCampus Ouest. Ses travaux ont servi de base à la rédaction du projet de thèse d'Elsa Desnoues et du projet GAP PhenoPech et ont permis d'initier la collaboration avec Yves Gibon à Bordeaux.

Autres stagiaires

En 2013, j'encadre **Pauline Mallessard**, en 2^{ème} année de l'IUT génie biologie d'Avignon, réalise son stage dans le cadre du WP5 du projet FruitBreedomics et travaille sur l'étude de la variabilité de sensibilité aux monilioses dans une population interspécifique de pêcher.

En 2012, j'ai participé à l'encadrement de **Romarc Fraysse** dans le cadre de son stage de Licence Professionnelle Bioinformatique de l'IUT de Carcassonne.

En 2010, j'ai encadré **Mathieu Cammas** dans le cadre de son stage de Licence de l'Université Lyon 1.

En 2001, au cours de ma thèse j'ai encadré **Sébastien Bonfils** dans le cadre de son stage d'IUT d'Avignon.

Enseignement

Depuis 2004, j'assure annuellement un cours de 3h à l'INA PG puis AgroParisTech pour des étudiants de dernière année (DAA ou M2). Le thème est l'Amélioration génétique de la qualité de la pêche : intérêt des modèles écophysologiques'

ACTIVITÉS DE RECHERCHE

Tout commença par la banane à la Guadeloupe en 1999... Je n'en parlerai pas (stage court de 2nde année de l'INAPG) mais cette expérience formidable me lança sur la voie de la recherche.

Génétique des variations adaptatives d'*Arabidopsis lyrata* (Université d'Oulu, Finlande)

Groupe 'Génétique des Plantes' du Professeur Outi Savolainen, Université d'Oulu, Finlande (2005-2006).

Mon projet de recherche a porté sur la **génétique des variations adaptatives d'*Arabidopsis lyrata***. *A. lyrata* est une espèce allogame et pérenne proche d'*A. thaliana*. Il s'agissait de comparer 2 populations de différentes latitudes (*Sud : Plech, Germany et Nord : Spiterstulen, Norvège*) pour des caractères de survie et de floraison. Des descendances F1 ont été obtenues à partir d'un croisement Plech x Spiterstulen et 2 descendances F1 non apparentées ont servi à obtenir une population F2. *A. thaliana* ne montre qu'une faible adaptation latitudinale en ce qui concerne la date de floraison contrairement à *A. lyrata* qui démontre une grande variabilité dans les dates de floraison entre des populations du nord et du centre de l'Europe.



Fig.1 _ A. lyrata en Norvège

Les expérimentations ont été menées en chambres de culture à Oulu. Certaines plantes ont subi un traitement de vernalisation des graines, les autres non. Les dates d'émergence de la tige florale et de floraison ainsi que les dimensions des rosettes et de tiges ont été observées. Parallèlement, une expérimentation a été conduite en plein champ en Allemagne au Max Planck Institute de Iéna (T. Mitchell-Olds et M. Clauss). A l'occasion de mes visites en Juin, Juillet et Octobre, d'autres variables d'intérêt ont été mesurées: les dimensions des rosettes, le nombre d'inflorescences et leur taille, le nombre de fleurs ouvertes... Des feuilles ont été prélevées sur chacune des plantes et ramenées à Oulu. Le génotypage d'une quarantaine de marqueurs répartis le long du génome a été réalisé sur les F2 des 2 expérimentations, par moi-même et par des étudiants et une technicienne de laboratoire. A l'issue du génotypage, une partie des plantes F2 sont apparues triploïdes (277 sur 807 et 61 sur 120 pour les expérimentations en chambre de croissance et à Iéna, respectivement). Les quatre plantes F1 ayant

servi à la création de la descendance F2 avaient été maintenues en culture *in vitro* et l'une d'elle est devenue tétraploïde. Treize marqueurs nous ont permis d'identifier les plantes triploïdes avec une probabilité de 0.03% de ne pas les détecter. Celles-ci ont été exclues des analyses. Les individus de l'expérimentation en chambres de croissance ont servi à construire la carte de référence de la population F2. Par ailleurs, des données phénotypiques et génotypiques issues de deux expérimentations menées en 2002 et 2003 en extérieur à Spiterstulen en Norvège et à Oulu sont incluses à ce projet. J'ai du effectuer un important travail de vérification des données génotypiques de ces jeux de données, qui présentaient un cumul de différents types de petites erreurs.

Ces travaux sont d'ores et déjà valorisés par 3 publications. Le 1^{er} article paru, dont je suis co-auteur [11], fait état d'une **adaptation latitudinale des populations d'*A. lyrata* du Nord et du centre de l'Europe**. Sur les 3 sites expérimentaux (montagneux en Norvège, côte en Suède et continental en Allemagne), la population locale s'est révélée celle avec la meilleure 'fitness'. Les composantes déterminant la 'fitness' sont apparues différentes selon les sites : survie, surface de la rosette, probabilité de floraison et nombre d'inflorescences (*Annexe 1*).

Le 2nd article [3] étudie le rôle, lors de la vernalisation, des 2 loci *FLC* dupliqués chez *Arabidopsis lyrata*. **Il montre que la vernalisation réduit l'expression de *FLC1* et son expression est supérieure pour la population du Nord que pour celle du Sud**. Il présente la carte génétique de la population F2. Un eQTL affectant l'expression de *FLC1* a été identifié dans la région contenant les gènes *FLC*. Enfin les variations de séquences de *FLC1* entre les populations étudiées ont été observées dans la région du promoteur et dans le 1^{er} intron.

Le 3^{ème} article dont je suis 1^{er} auteur [2], étudie les bases génétiques contrôlant les caractères de floraison et morphologiques en lien avec l'adaptation aux conditions nordiques. La population du centre de l'Europe fleurit plus rapidement et investit plus dans la reproduction que celle de Scandinavie, surtout après vernalisation. Cette dernière présente peu d'inflorescences et de fleurs suggérant une contrainte importante imposée par une saison de croissance très courte. L'analyse QTL a révélé des régions génomiques gouvernant la différenciation de ces caractères et dans certains cas l'influence de la vernalisation sur l'effet des allèles (interactions QTL x vernalisation) (*Annexe 2*). **Ces résultats suggèrent que les deux populations ont divergé dans leur réponse plastique à la vernalisation par le biais de nombreuses modifications génétiques contrôlant des caractères liés à la 'fitness'**.

Enfin, une 4^{ème} publication, en préparation, fera état de l'adaptation à la durée de la saison de croissance.

Vers un modèle intégré de conception d'idéotypes de pêcheurs adaptés à une agriculture durable (INRA, Avignon)

Cette partie regroupe mes travaux de thèse (2000-2003) menés sous la direction de Michel Génard et Jocelyne Kervella dans les unités 'Plantes et Systèmes de culture Horticoles' (PSH) et 'Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes' (GAFL), ainsi que mes travaux de Chargée de Recherche au sein du GAFL depuis Décembre 2004.

J'ai pris le parti dans la suite de présenter de façon simultanée mes activités passées et futures, dans la mesure où les perspectives de mes travaux sont étroitement liées aux activités réalisées et résultats obtenus. Ainsi mon projet de recherche, s'inscrit, tout au moins pour les quelques années à venir, en continuité avec les travaux déjà réalisés.

Contexte

Société, environnement et qualité

Compte tenu de la demande des consommateurs, la **qualité gustative** est un enjeu important, pour la sélection des fruits et légumes. La **qualité nutritionnelle** est devenue un enjeu, notamment depuis le Plan National Nutrition Santé, lancé par l'Etat en 2001. Enfin, la **qualité sanitaire** des produits et leur production dans le respect de l'environnement sont des facteurs qu'il faut désormais considérer.

La qualité gustative ou organoleptique, définie par l'ensemble des critères conduisant à la satisfaction des consommateurs, est complexe du fait (1) de la multiplicité des critères intervenant (aspect, saveurs, arômes, texture), (2) que ces critères relèvent eux même souvent de composantes biologiques multiples, plus ou moins connues, (3) que chaque composante a un déterminisme génétique quantitatif fortement influencé par les conditions environnementales subies tout au long du développement et (4) que certaines de ces composantes présentent des effets antagonistes freinant le progrès génétique.

Une démarche intégrative en essor

Pour faire face à ces difficultés, une démarche a été développée afin de **réaliser l'intégration de l'information génétique dans des modèles écophysiologiques** qui prédisent le comportement d'un seul génotype dans divers environnements¹. En effet, ces dernières années de nombreux auteurs se sont accordés pour souligner l'importance que représente l'interdisciplinarité pour répondre aux nouveaux enjeux de la société. L'intérêt d'une forte interaction entre modélisateurs, écophysiologistes et généticiens a tout particulièrement été relevé. Depuis une décennie, des travaux consistent à intégrer des QTL de paramètres à un modèle écophysiologique afin de simuler la variabilité génétique de la réponse des plantes aux conditions environnementales et de disposer de QTL a priori moins influencés par l'environnement.

C'est dans ce contexte que s'inscrivent les travaux que je mène sur la qualité de la pêche. La démarche développée repose sur des allers-retours entre la modélisation, l'analyse écophysiologique des mécanismes, et celle de la variabilité et du contrôle génétique des paramètres du modèle. Mes travaux de thèse [15] ont permis d'introduire de l'information génétique dans le modèle 'Fruit Virtuel' développé par les modélisateurs de PSH, par le biais de paramètres génétiques. Cette approche doit permettre de progresser dans l'analyse de la variabilité génétique de la qualité, de raisonner les interactions génotype x milieu [14] et de participer à une meilleure compréhension des processus

¹ Tardieu, 2003. *Trends Plant Sci.*, 8: 9-14.

physiologiques impliqués dans la qualité. Elle permet de définir une nouvelle stratégie d'amélioration de la qualité du fruit reposant à la fois sur la modélisation et sur la sélection assistée par marqueurs. Elle ouvre des portes vers la définition d'idéotypes adaptés à des systèmes de production durables.

Le pêcher comme plante modèle ?

Par ailleurs, **il est indispensable de mentionner que depuis avril 2010 nous avons libre accès à la séquence du génome du pêcher²**, séquence de très bonne qualité. Le pêcher est désormais considéré comme l'espèce Rosaceae la mieux caractérisée d'un point de vue génétique. Par les nombreux avantages qu'il présente, il peut prétendre au statut d'espèce modèle pour les *Prunus* voire même les Rosaceae et plus généralement les espèces pérennes fruitières. Le pêcher est diploïde, ne possède que 8 chromosomes ($2n=16$) et a un génome de petite taille estimé à 220-230 Mpb. De plus il a une période juvénile relativement courte (2 à 3 ans) comparé aux autres arbres à fruits (6 à 10 ans). L'accès à la séquence du génome et aux données produites à partir de la séquence, le développement d'outils d'analyses et de ressources génomiques (puces 9kSNP et 40kSNP), l'accès aux séquences d'accessions reséquencées y compris celle de *Prunus davidiana*... ont révolutionné nos projets et nos activités. Malheureusement nous avons souvent du mal à suivre cette évolution rapide et l'acquisition des compétences nécessaires à la valorisation optimale de toutes ces informations est laborieuse.

Une équipe de recherche sur les Prunus

Enfin, début 2011 est née l'équipe '**Génétique intégrative et innovation chez les Prunus**' (G2IP), dont on m'a confié l'animation. Elle regroupe 2 CR et 4 ingénieurs travaillant sur *Prunus*. L'un des objectifs majeurs de l'équipe est d'adosser les travaux d'innovation variétale aux programmes de recherches menés sur la qualité et les résistances aux bio-agresseurs. Par ailleurs, mes activités s'accordent au projet de mon unité en renforçant la dimension multidisciplinaire des travaux menés sur la qualité des fruits. Elles s'inscrivent également dans le schéma stratégique du département BAP, conscient de l'importance de la modélisation dans une approche de biologie intégrative [9].

Intégrer le contrôle génétique dans des modèles de fonctionnement

Depuis Décembre 2004, **j'ai développé en parallèle plusieurs volets complémentaires, visant à renforcer l'effort d'intégration du contrôle génétique dans des modèles de fonctionnement à différents niveaux d'organisation biologique**. Ils ont pour double vocation i) des développements méthodologiques et ii) une production de connaissance, orientés vers l'innovation variétale et la conception de systèmes horticoles durables. Comme des briques d'un édifice, ils devraient à long terme permettre de construire un modèle intégré de conception d'idéotypes pour la qualité des fruits.

L'évolution du contexte sociétal, l'opportunité de collaborations et les enjeux scientifiques m'ont conduit à élargir la qualité à des aspects nutritionnels et sanitaires. L'élaboration de la qualité des fruits doit désormais être compatible avec des systèmes de production durables. Mes activités ne sont bien sûr possibles que grâce à **un travail en synergie avec les chercheurs de PSH** qui étudient les composantes écophysiologiques de l'élaboration de la qualité des fruits, conçoivent des modèles écophysiologiques (organe et plante) et développent des méthodes d'optimisation. Il est en effet primordial de développer des modèles capables de simuler les processus importants du métabolisme et le comportement biophysique au niveau de l'organe et de la plante entière [9].

² Verde I. et al. 2013. *Nat Genet.*, 45:487-494

La présentation de mes travaux de recherche est organisée en 4 volets. Chacun de ces volets constitue une brique apportant les connaissances, méthodologie et outils nécessaires pour répondre à l'objectif général de construction d'un modèle intégré de conception d'idéotypes pour la qualité des fruits.

1. Il est tout d'abord important de poursuivre la **description de la qualité des fruits** chez les *Prunus* et **d'étudier sa variabilité et son contrôle génétique** en prenant en compte de nouvelles facettes de la qualité (nutritionnelle, sanitaire) afin de pouvoir i) répondre aux demandes de la société, ii) raisonner les choix d'élaboration de nouveaux modèles écophysio-logiques et iii) alimenter ces modèles avec des informations concernant le contrôle génétique des caractères, composantes, paramètres... Ce volet fait l'objet de travaux récurrents, notamment dans le cadre de projets européens.

2. Le modèle intégré construit au long des années précédentes mérite d'être amélioré avec les données expérimentales nouvellement acquises et testé sur une autre population apparentée. Il est en effet **nécessaire d'accroître notre connaissance de la régulation génétique des processus décrits dans les modèles**. Ce volet est fondamental pour poursuivre vers le volet 4 avec un modèle satisfaisant.

3. Pour être utilisés pour décomposer l'élaboration d'un critère de qualité et analyser sa variabilité génétique, les modèles écophysio-logiques doivent (1) représenter les mécanismes physiologiques les plus importants pour les caractères d'intérêt, (2) prendre en compte explicitement l'effet de l'environnement sur ces mécanismes, et (3) avoir des paramètres génétiques dont l'interprétation physiologique est a priori simple. Afin d'essayer de construire un modèle remplissant ces contraintes, nous avons décidé de nous focaliser sur le métabolisme des sucres. **Ce volet constitue un réel défi d'intégration du contrôle génétique dans un modèle mathématique de simulation de façon à parvenir à faire le lien entre caractères physiologiques et gènes ou QTLs.**

4. La notion d'idéotype est en émergence et le défi des prochaines années est de proposer in silico des idéotypes adaptés à un environnement donné. Le modèle intégré que nous avons construit, bien que limité, permet d'ores et déjà de construire une approche pour **concevoir des idéotypes pour des systèmes de production durables**. Ce volet constitue un front de science avec comme objectif de concevoir, par le biais de simulations, des systèmes de production innovants, définis comme des ensembles « idéotypes-pratiques ». Il est développé autour du couple pêche-moniliose.

1. Génétique quantitative de la qualité des fruits et syntenie chez les *Prunus*

Ce volet est focalisé sur les caractéristiques de qualité des fruits. Il a pour objectif d'une part de progresser dans la compréhension de leur déterminisme génétique et d'autre part de décrire la variabilité des ressources génétiques.

1.1 Les bases génétiques des composantes de la qualité dans la population BC2

Nous avons étudié le contrôle génétique de différentes variables impliquées dans la qualité de la pêche dans un rétro-croisement entre *Prunus persica* (L. Batsch) et *Prunus davidiana* [20]. Cette population, appelée BC2 par la suite, s'est révélée d'un intérêt majeur malgré la complexité de son architecture génétique. Le clone P1908 de *P. davidiana* a été croisé avec la nectarine à chair jaune 'Summergrand' ; une descendance F1 a ainsi été obtenue. Un des hybrides F1 a été rétrocroisé avec 'Summergrand' pour produire une descendance BC1. Enfin, un mélange de pollen des individus BC1 a été utilisé pour féconder une autre variété commerciale de pêche, 'Zéphyr', une nectarine à chair blanche proche de 'Summergrand'. Dans la population BC2, la moitié des allèles proviennent de Zéphyr (qui est partiellement hétérozygote), 1/3 de Summergrand et 1/6 de *P. davidiana*.

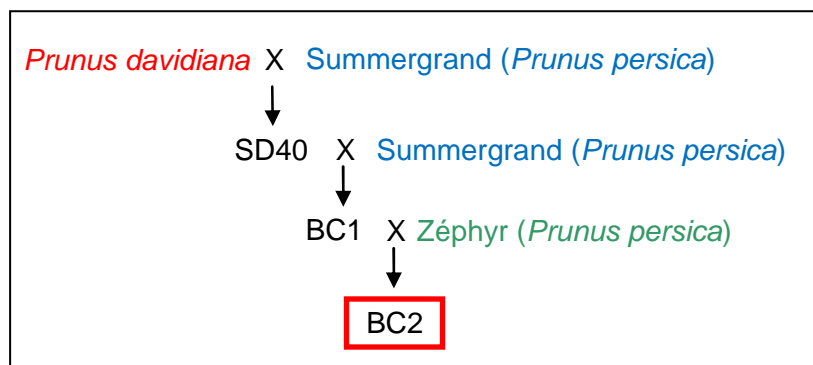


Fig.2 _ Schéma de croisements à l'origine de la population d'étude

Outre la date de floraison et celle de maturité des fruits, les diamètres des fruits, les masses des fruits et des noyaux ont été mesurés, ainsi que la part de matière sèche de la pulpe et l'indice réfractométrique (°Brix). On a également noté le pourcentage de coloration rouge de l'épiderme. Les sucres solubles (saccharose, glucose, fructose et sorbitol) et les acides organiques (malate, citrate, quinate et shikimate) majoritaires ont été dosés par HPLC.

La population BC2 se caractérise par une très grande variabilité des critères de qualité d'un génotype à l'autre, de nombreux génotypes ayant un bon niveau agronomique [17, 18, 20, 24] (Annexe 3). Des QTLs ont été détectés pour tous ces critères [20]. Des allèles provenant de *P. davidiana* avec un effet favorable d'un point de vue agronomique et diamétralement opposés à son phénotype ont été identifiés pour la taille du fruit et du noyau, les concentrations en sucres et acides et la coloration rouge de la pulpe. Ils peuvent être source d'une variabilité intéressante pour l'amélioration. Toutefois, nous avons identifié trois régions du génome pour lesquelles les allèles de *P. davidiana* ont un effet défavorable pour divers critères de qualité. D'autres régions abritent des associations entre QTLs avec des effets opposés d'un point de vue agronomique. La nature de ces co-localisations a été examinée à la lumière des mécanismes physiologiques probablement impliqués. Des stratégies pour pallier des corrélations négatives entre caractères favorables et des co-localisations d'allèles de *P. davidiana* ayant un effet défavorable pour la qualité et un effet favorable pour la résistance à l'oïdium, sont proposées.

1.2 Extension au métabolisme secondaire et à d'autres populations de *Prunus*

Le projet européen ISAfruit (2006-2010), programme de recherches pluridisciplinaires, avait pour objectifs d'accroître la consommation de fruits par la fourniture de produits de haute qualité, issus de méthodes de production durables et respectueuses de l'environnement, et de contribuer ainsi à l'amélioration de la santé humaine.

Dans le cadre de ce projet, les bases génétiques des composantes de la qualité ont été étudiées chez les *Prunus* sur la base de 2 descendance d'abricot et 2 de pêcher, dont notre population BC2. Le travail réalisé dans le cadre de ce projet a été mené en collaboration avec l'IRTA (Espagne), l'Université de Bologne (Italie) et l'unité UREF de l'INRA de Bordeaux.

Les cartes génétiques ont été complétées et alignées [10]. **C'est ainsi que 59 marqueurs SSR supplémentaires ont été ajoutés par les collègues de l'IRTA à la carte de la population BC2** (ségrégation en 2 classes, *P. davidiana* contre pêcher). Deux années de phénotypage ont été réalisées pour caractériser la qualité des fruits d'environ 120 hybrides par descendance : caractères agronomiques et physiques, approche non ciblée de profilage métabolique par RMN-1H 1D (UMR619, Bordeaux) pour les métabolites majeurs et par HPLC-DAD ciblée pour les composés phénoliques (GAFL, Avignon).

Ces analyses ont permis de révéler une grande diversité de métabolites présents dans la chair. Par RMN-¹H 1D, 15 composés ont été identifiés : des composés polaires tels que des sucres (fructose, glucose,

inositol, sorbitol, sucrose et xylose), des acides (citrate, fumarate, malate, quinate et succinate) ainsi que quelques acides aminés (alanine, asparagine, aspartate et valine). Par HPLC, 21 composés ont été quantifiés pour la BC2 : C-3CQ, C-5CQ, T-5CQ, T-3CQ, T-4CQ, pCQ, 3,5-diCQ, catéchine, procyanidineB1, procyanidineB2, prunasine, TR-42, TR-64, TR-83,8, TR-86,7, TR-89,8, TR-92,6, TR-93,4, TR-95,1, TR-96,9 et TR-98,7. **Un tel profilage métabolique de descendance de pêcher n'a jamais été reporté dans la littérature scientifique.**

Le volume de données générées, le grand nombre de partenaires impliqués et la multiplicité des descendance et espèces étudiées ont contribué, tout comme un manque d'anticipation dans la définition des responsabilités relatives, à de grandes difficultés pour valoriser ces données. Cependant, les données métaboliques font actuellement l'objet d'un papier en cours de rédaction (Moing et al.; la descendance pêcher BC2 et une descendance abricotier). Sous mon impulsion, nous avons également relancé les analyses côté pêcher (les 2 descendance pêcher) à l'occasion d'un stage de M2 co-encadré (M-A. Khalfi, 2013). Par ailleurs, les données de phénologie (dates de floraison et maturité) ont été valorisées conjointement à des données cerisier [4] (*Annexe 4*). Une analyse QTL a été menée sur 5 descendance avec des données multi-années (3 à 8 années d'observations). Plusieurs QTL ont été détectés chaque année. Cette stabilité suggère qu'ils ne sont pas affectés par les variations climatiques et pourraient être les cibles privilégiées pour développer des idéotypes adaptés au changement climatique.

Les analyses qui ont été relancées dans le cadre du stage de M2 ont pour objectif de réaliser une cartographie comparative de QTLs et de gènes candidats contrôlant la croissance et la qualité (métabolites primaires et secondaires) des fruits dans les 2 descendance de pêcher. Le premier travail consistait à construire les nouvelles cartes génétiques des descendance sur la base des marqueurs SNP (puce Infinium II illumina contenant 8144 SNPs dérivés du séquençage du génome du pêcher) récemment génotypés dans le cadre du projet européen FruitBreedomics (2011_2015), pour ces deux populations. **Une seconde carte pour la BC2 a pu ainsi être construite à l'aide du logiciel JoinMap® 4.1³. Complémentaire de la précédente (marquant *P. davidiana* contre pêcher) elle comprend 391 marqueurs SNP qui révèlent le polymorphisme provenant de Zéphyr** (SNP hétérozygotes pour la variété Zéphyr et homozygotes pour les autres parents). Les 3 cartes (JxF², les 2 de la BC2) ont été reliées entre elles en construisant une carte consensus physique (regroupant SNP et SSR sur la base des distances en pb).

L'analyse descriptive des données phénotypiques (distributions, corrélations entre années et effet année, corrélations entre variables) révèle des variations quantitatives très importantes entre génotypes pour la plupart des composés. Pour les deux populations, les meilleures corrélations entre les 2 années d'observation ont été obtenues pour la date de maturité, la masse de fruit et de noyau et les acides organiques. De très nombreuses corrélations entre composés ont été détectées, tant positives que négatives, que ce soit entre composés du même groupe (par exemple les composés phénoliques) qu'entre composés de type différents. On peut notamment noter que dans les 2 populations, l'acide quinique et le saccharose sont corrélés à de très nombreux autres composés respectivement positivement et négativement (*Annexe 5*).

La cartographie génétique de ces variables a été réalisée avec le logiciel MultiQTL V2.6 (Haïfa, Israël, 2005; <http://www.multiQTL.com>) par une analyse conjointe des deux années (option « environnements multiples »). La nouvelle carte SNP de la BC2 marquant le polymorphisme de Zéphyr a permis d'identifier des QTL supplémentaires par rapport aux 2 autres cartes et d'en confirmer d'autres. Des interactions entre QTL et environnement ont été détectées pour certains caractères, notamment pour la coloration de l'épiderme dans la population JxF² (*Annexe 6*). Ces interactions seront analysées plus finement à l'aide du logiciel Rqtl. De nombreuses colocalisations de QTL ont été mises en évidence, d'une part entre populations et d'autre part entre composés (*Annexe 7*). Une analyse détaillée de ces

³ Van Ooijen, J.W., 2012. *Kyazma BV., Wageningen, Netherlands.*

colocalisations à la lumière des voies métaboliques des composés phénoliques est maintenant nécessaire.

Enfin, la recherche de gènes candidats impliqués dans le métabolisme des sucres, des acides organiques et des composés phénoliques permettra également de mettre en évidence des colocalisations entre gènes candidats et QTL et d'émettre des hypothèses fonctionnelles sur l'origine des variations quantitatives observées.

Ces analyses sont en cours. Elles révèlent d'ores et déjà une grande richesse de résultats mais leur abondance risque de compromettre leur valorisation rapide. Je veillerai à porter mes efforts dans les prochains mois sur une finalisation prochaine de ces travaux. Il me semblerait judicieux d'utiliser le logiciel Biomeqan pour compiler les 3 cartes et réaliser une méta-analyse QTL.

1.3 Les déterminants génétiques de la couleur rouge de la chair chez le pêcher

Concernant les anthocyanes des fruits, la littérature met en avant un rôle bénéfique potentiel en santé humaine⁴ que la filière pêche française n'a pas du tout exploité jusqu'à présent. Notre équipe (T. Pascal, J-L. Poëssel et moi-même) a initié des travaux en collaboration avec les collègues de SQPOV (S. Bureau), concernant les anthocyanes des fruits. Nous avons suivi l'évolution des composés phénoliques contenus dans la chair et la peau de trois cultivars de pêche (2 sanguines aux origines différentes et une à chair blanche) au cours de la maturation. Les premiers résultats ont mis en évidence des profils d'accumulation différents liés probablement à des différences de régulation des voies de biosynthèse chez les cultivars sanguins. Qualitativement, les anthocyanes présents chez les deux cultivars à chair sanguine diffèrent également.



Fig.3 _ Les 2 types de pêches sanguines (à gauche celle d'origine française, à droite celle d'origine chinoise)

Dans le cadre du séjour post-doctoral de Z. Shen, encadré par Thierry, Pascal, ces travaux ont récemment débouché sur des **résultats originaux portant sur les déterminants génétiques, moléculaires et fonctionnels de la couleur rouge de la chair chez le pêcher** [1] (*Annexe 8*). Ils ont principalement permis i) d'identifier différentes régions génomiques (bf, DBF) impliquées dans la biosynthèse des anthocyanes de la chair des fruits chez le pêcher, ii) d'initier une approche gène candidat pour ces deux caractères d'intérêt et iii) de sélectionner du matériel végétal innovant.

⁴ Galvano et al., 2007, *Ann. Ist Super Sanita*, 43: 382-393

1.4 Analyse basée sur pedigree et génétique d'association

Enfin dans le cadre du projet FruitBreedomics, le contrôle génétique de la qualité du fruit est abordé au travers d'approches d'analyses de pedigree (PBA) et de génétique d'association, sur du matériel végétal de différents partenaires. Une douzaine de populations de 3 pays différents ainsi que 1200 accessions appartenant aux collections de 4 pays (France, Espagne, Italie et Chine) ont été génotypées avec la puce 9k SNP (Infinium II illumina) et sont phénotypées. En ce qui concerne notre équipe, 6 descendances dont la BC2, pour la plupart interconnectées, ont été génotypées.

De façon à tester la faisabilité et l'efficacité de ces méthodes seuls des caractères faciles à mesurer sont analysés : dates de floraison et maturité, floribondité, pêche/nectarine, chair blanche/jaune, fruit rond/plat, forme des nectaires, couleur des anthères, masse des fruits, pourcentage de coloration, acidité titrable et indice réfractométrique.

Les cartes génétiques ont été construites et les analyses sont en cours en collaboration avec les autres partenaires du projet. Si l'intérêt de la PBA est vérifié pour nos populations, il serait intéressant de l'appliquer à d'autres caractères (qualité et résistances) pour lesquels nous avons des données disponibles. De même, appliquer l'approche de génétique d'association à nos ressources génétiques me semble important dans l'avenir pour les valoriser et identifier de nouvelles sources pour des caractères que nous étudions plus particulièrement.

2. Intégration de l'information génétique dans le 'Fruit Virtuel'

2.1 Vers une démarche de sélection assistée par des modèles écophysiologiques et génétiques (Travaux de thèse _ 2000-2003)

Le début de ma thèse coïncide avec les premiers travaux sur l'intégration de la génétique dans les modèles écophysiologiques. Il s'agissait donc de tester l'idée selon laquelle on peut utiliser les modèles écophysiologiques pour rendre compte de la variabilité génétique de caractères complexes [14, 19, 26], identifier des QTLs de paramètres de ces modèles et combiner QTLs et modèles écophysiologiques [15]. La démarche a été appliquée à l'élaboration de la qualité de la pêche la population BC2, présentée plus haut.

Le modèle écophysiologique (version intermédiaire du 'Fruit Virtuel' développé par l'unité PSH) prédit la croissance du fruit et du noyau en matières sèche et fraîche et les teneurs en sucres totaux du fruit en fonction des conditions environnementales. Une étude préalable a permis de sélectionner parmi les 40 paramètres du modèle ceux qu'il était judicieux d'estimer. Une phase expérimentale a été conduite pour estimer les valeurs des paramètres d'environ 130 individus de la population et acquérir des données indépendantes pour tester la qualité prédictive du modèle [14]. Une phase d'analyse du modèle a permis d'identifier les paramètres génotypiques les plus pertinents selon différents critères. Une phase d'analyse QTL a conduit à la définition d'un modèle de contrôle génétique de ces paramètres qui prédit les valeurs des paramètres pour n'importe quel individu de la population en fonction des allèles qu'il possède aux locus d'intérêt. Le couplage des modèles écophysiologique et génétique consiste à remplacer dans le modèle écophysiologique les valeurs des paramètres mesurées par celles prédites par le modèle génétique. Douze paramètres génotypiques, intervenant dans des processus identifiés, sont apparus essentiels. Des QTLs des douze paramètres ont été détectés et des co-localisations entre QTL de paramètres et QTL de variables 'classiques' de qualité ont été observées. Le modèle combiné est apparu satisfaisant; néanmoins des améliorations de divers types ont été suggérées [15].

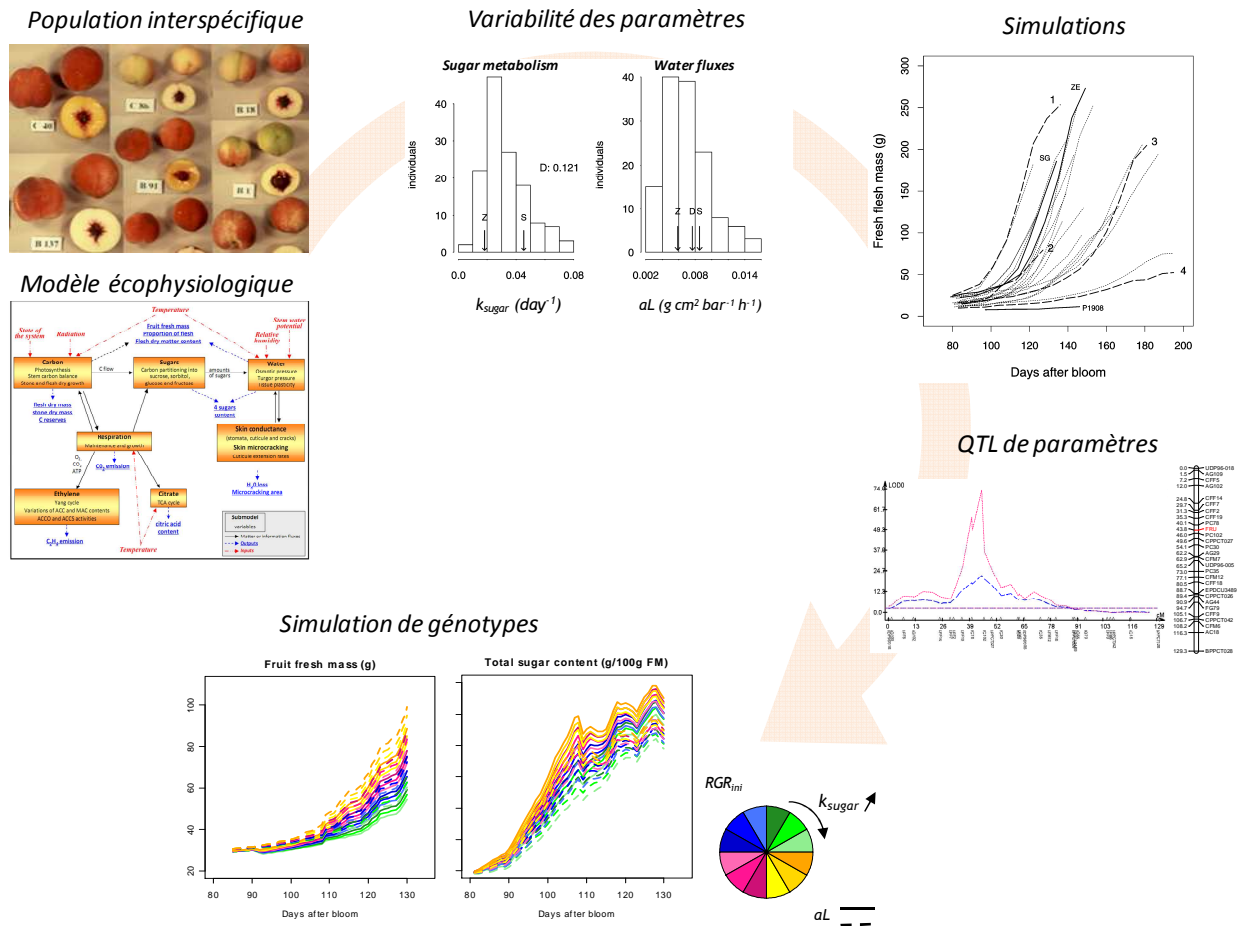


Fig.4 _ Démarche développée au cours de mes travaux de thèse

Ces travaux ont conduit à 7 publications [14, 15, 19 à 22, 26]. Ils ont permis d'initier la démarche d'intégration de la génétique dans le modèle 'Fruit Virtuel' et d'asseoir les collaborations entre les disciplines et unités (GAFL et PSH) sur le site d'Avignon. Ils constituent le point de départ de mes travaux qui se poursuivent aujourd'hui.

2.2 Adaptation et test du modèle 'Fruit Virtuel' intégrant de l'information génétique

Des expérimentations (caractérisation de la qualité des fruits et mesures éco-physiologiques) sur la population BC2 ont été réalisées de 2005 à 2013 afin de constituer un ensemble de données pluriannuelles (complétant les données 2001 et 2002). Sur la base de ces données, il sera possible de prendre en compte l'effet de l'environnement dans la prédiction de la teneur en sucres, d'ajuster le modèle de conductance cuticulaire⁵ à différents génotypes et d'améliorer la qualité d'estimation des paramètres génétique du modèle 'Fruit Virtuel' (Annexe 9) (plus de données, données pluriannuelles contrastées). L'augmentation du nombre de génotypes BC2 observés ainsi que la densification de la carte génétique marquant le polymorphisme entre *P. davidiana* et le pêcher (ajout de marqueurs SSR _ projet ISAfruit), et la construction d'une carte génétique révélant le polymorphisme de Zéphyr (puce Infinium II illumina contenant 8144 SNPs dérivés du séquençage du génome du pêcher _ projet FruitBreedomics) devraient permettre **d'optimiser la recherche de QTL pour ces paramètres, et donc d'améliorer le modèle combiné** (éco-physiologie-génétique) qui en résulte. La valeur prédictive de ce

⁵ Gibert et al., 2010, *Funct. Plant Biol.*, 264-274

modèle pourra être testée pour quelques génotypes de la BC2 n'ayant pas servi aux étapes de construction. Les travaux sur les QTL de paramètres nous permettront d'étudier **conjointement la stabilité de QTL de qualité et de paramètres** de modèle écophysologique, et d'analyser leurs co-localisations : les paramètres sont supposés indépendants de l'environnement et donc plus héritables que les variables classiques de qualité.



Fig. 5_ Population SD40² plantée en verger aux Garrigues (Domaine St Maurice, Avignon)

Afin de **tester le modèle combiné sur une population apparentée à la BC2** mais de construction plus simple, nous avons augmenté l'effectif d'une population F2 (SD40²) issue de *P. davidiana* et Summergrand. La moitié de cette population étant stérile, nous avons réalisé précocement une sélection assistée par marqueurs (2 marqueurs moléculaires). Nous avons ainsi sélectionné environ 300 individus supposés fertiles, plantés en parcelle en février 2009 et génotypés (150 marqueurs microsatellites) sur la plateforme de Clermont-Ferrand (projet PechEcogen DGAP). La carte génétique de la population est maintenant disponible et le phénotypage des individus a commencé. Les travaux sur la population SD40² permettront de tester l'utilisation du modèle écophysologique pour décrire la variabilité génétique d'une population de moindre qualité agronomique que la BC2. Des modifications du modèle seront certainement nécessaires pour certaines fonctions ce qui mettra en évidence les principaux processus responsables de la différence de niveau agronomique entre les populations BC2 et SD40². Ceci devrait aussi permettre d'élaborer un modèle plus générique que celui d'origine et d'introduire les effets d'additivité-dominance dans les simulations.

Ce volet est fondamental pour poursuivre vers le volet 5 avec un modèle satisfaisant. La mise en place de la population sur la parcelle des Garrigues a été laborieuse, mais le phénotypage des fruits devrait désormais être possible dès 2014.

3. Contrôle génétique et modélisation de l'accumulation des sucres dans le fruit

Dès 2009, j'ai engagé des travaux sur l'accumulation des sucres dans le fruit. Dans la population BC2 on distingue 2 types de phénotypes : l'un avec des concentrations en glucose et fructose équivalentes (cas typique des pêches commerciales) et l'autre avec très peu de fructose par rapport au glucose. Ce matériel végétal contrasté est apparu comme une opportunité formidable pour étudier la régulation génétique et biochimique du métabolisme des sucres dans un fruit et construire un modèle représentant les mécanismes physiologiques les plus importants de ce métabolisme avec des paramètres génétiques dont l'interprétation physiologique serait simple (activité enzymatique par exemple).

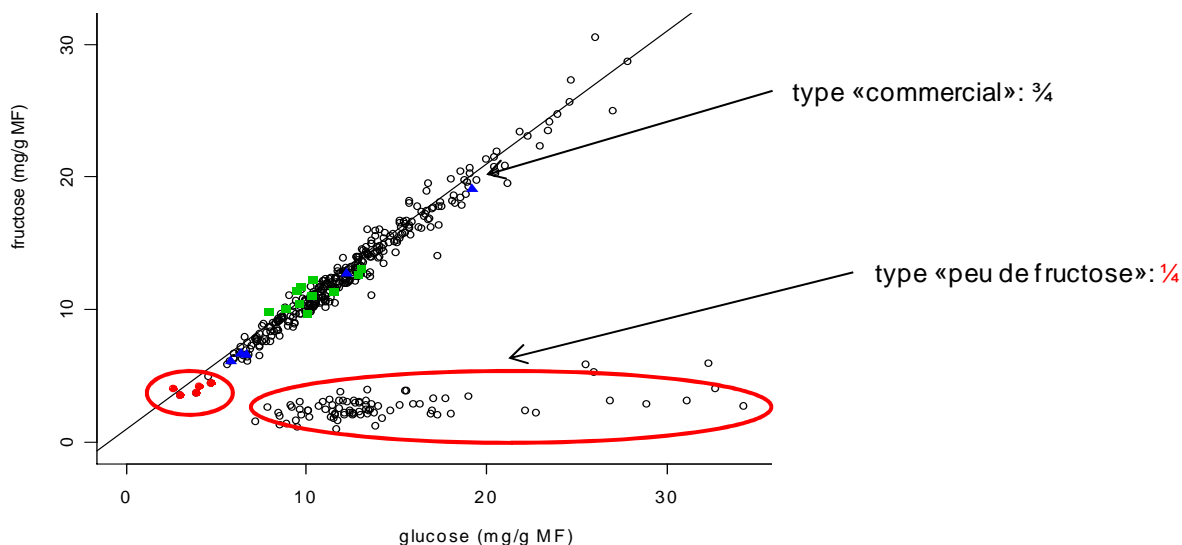


Fig.6 _ Variabilité des teneurs en glucose et fructose des fruits au sein de la BC2

J'ai donc entrepris des travaux préliminaires avec comme objectif à moyen terme d'analyser le métabolisme des sucres d'un point de vue métabolique, enzymatique et génétique et d'intégrer dans un modèle mathématique l'ensemble des informations obtenues à plusieurs niveaux d'échelle.

Ce sujet a fait l'objet de 2 stages de M2 (2009 et 2011) et d'un stage de Licence Professionnelle (2010). Les travaux préliminaires ont été financés par un projet innovant GAP (FructoPech, 2009-2010). Un gène majeur, non identifié, cartographié sur le groupe de liaison 1, contrôle ce phénotype [20]. La zone contenant ce gène a été réduite à 500kb (1.2cM). Une étude préalable de transcriptomique, réalisée à Padoue (Italie) avec la puce à ADN μ PEACH 1.0, a révélé un différentiel d'expression du gène de la sorbitol déshydrogénase (SDH) entre un génotype sans fructose et un génotype avec fructose. Ce gène est surexprimé chez les génotypes 'peu de fructose', ce qui est contraire à l'hypothèse que la SDH soit responsable du phénotype observé. Par contre, cela suggère qu'il existe une régulation du métabolisme permettant de limiter ou corriger la « mutation peu de fructose ».

En 2010, une collaboration a été initiée avec la plateforme de Métabolome-Fluxome de Bordeaux (Y. Gibon) pour mesurer les composés primaires et les activités de différentes enzymes impliquées dans le métabolisme des sucres.

Les premières données acquises et les collaborations engagées m'ont permis de construire un projet de thèse qui a débuté au 1er Octobre 2011 financé par la région PACA et les départements GAP et EA. En outre, un financement GAP a été obtenu (2011-2012) pour assurer le phénotypage sur la plateforme d'enzymologie de Bordeaux. J'assure le co-encadrement de la doctorante, Elsa Desnoues, avec Valentina Baldazzi (PSH) pour les aspects modélisation.

Ce sujet constitue un système idéal pour relever le défi d'intégration du contrôle génétique dans un modèle mathématique de simulation. En effet, la complexité de l'objet d'étude (accumulation des sucres dans la pêche) justifie pleinement l'intérêt de l'utilisation d'un modèle de simulation et le matériel végétal, les connaissances en plein essor (publication de la séquence du génome du pêcheur en mai 2010) et outils disponibles chez la pêche constituent un atout majeur. De plus, il est l'occasion d'entretenir nos liens avec PSH et de renforcer la collaboration avec Yves Gibon (plateforme de Bordeaux).

Les objectifs de la thèse d'Elsa sont i) de mettre en évidence et de modéliser les effets d'une perturbation de la teneur en fructose sur l'ensemble du métabolisme des sucres et ii) de comprendre les mécanismes à l'origine du déficit en fructose.

Je présente ci-dessous l'avancement des travaux d'Elsa. Ils s'articulent en 3 modules: « phénotypage », « contrôle génétique » et « modélisation ». Ces trois modules sont conduits en parallèle, chacun alimentant l'autre en hypothèses, et un va-et-vient entre expérimentations et modélisation est effectué.

3.1 Description du métabolisme des sucres au cours de la croissance des fruits

Ce premier volet de la thèse d'Elsa a pour objectif de décrire le métabolisme des sucres en dosant de manière exhaustive les métabolites et les activités enzymatiques intervenant dans ce métabolisme. Les dosages de métabolites et des activités enzymatiques ont été réalisés sur la plateforme métabolome de Bordeaux avec l'encadrement d'Yves Gibon. Elsa a dû adapter ou mettre au point les dosages pour la pêche. Neuf métabolites et 12 enzymes ont été caractérisés.

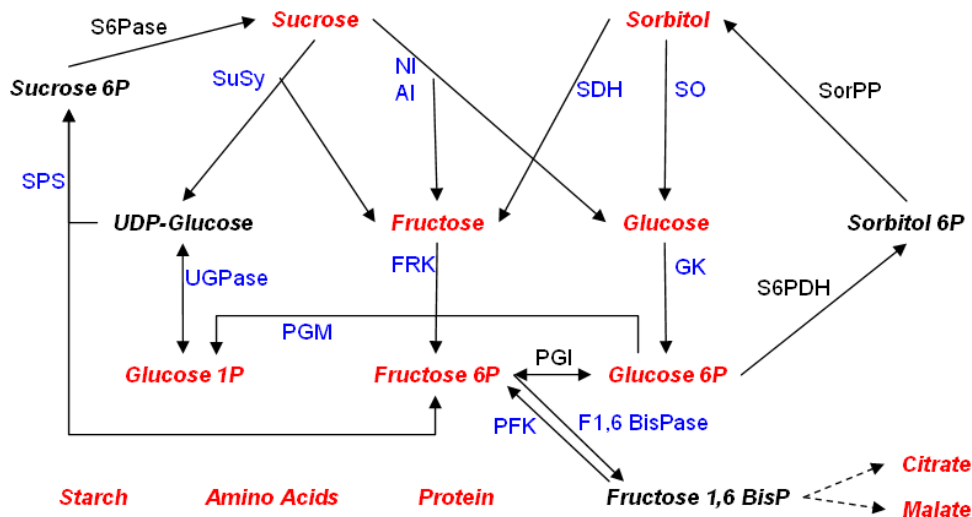


Fig.7_ Schéma des métabolites (en rouge) et activités enzymatiques (en bleu) dosés.

Les analyses ont porté sur les fruits de 12 génotypes issus de la population BC2, récoltés à différents stades de développement du fruit (6 ou 7 stades). Deux génotypes (un de type 'standard': ratio fructose/glucose équilibré, un de type 'peu de fructose') ont été étudiés en 2010 et 2011 et 5 supplémentaires pour chaque type en 2012.

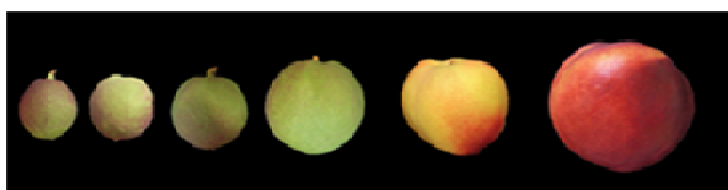


Fig.8_ Photographies de fruits d'un génotype de la BC2 à 6 stades au cours du développement

Outre les différences de teneur en fructose, seuls le glucose, le fructose-6-phosphate, le citrate et le saccharose sont apparus significativement différents entre les 2 groupes de génotypes. Concernant les enzymes, seule la fructose-1,6-BisPhosphatase a une activité différente entre les 2 groupes. L'observation (*Annexe 10*) et l'analyse statistique de ces données ont révélé une absence de liens manifestes entre métabolites et activités enzymatiques.

Ces travaux ont permis une caractérisation globale du métabolisme des sucres et de son évolution au cours de la croissance des fruits. Ils livrent une cinétique exhaustive du métabolisme des sucres, ce qui n'a jamais été reporté chez la pêche, et montrent que le métabolisme des sucres est un système hautement régulé où une perturbation d'un composé central n'a que peu de répercussions sur l'ensemble du métabolisme.

Ces résultats ont été présentés en congrès à 2 reprises (en poster au RGC6 et à l'oral par Elsa au congrès ISHS pêcher) et un article est en cours d'écriture.

3.2 Etude du déterminisme du caractère 'peu de fructose'

En parallèle, le déterminisme génétique du caractère « peu de fructose » contrôlé par un gène majeur est étudié.

On peut émettre 3 hypothèses pour expliquer le déficit en fructose observé chez certains génotypes, à savoir une synthèse, une dégradation ou un stockage différentiel. Aucun gène candidat ayant ce type de fonction n'a été repéré initialement dans la zone 'peu de fructose' ni à l'aide de l'annotation automatique du génome du pêcher, ni à l'aide de recherche d'homologues. Les enzymes intervenant dans les voies de synthèse du fructose (voir 3.1) présentent des activités similaires pour les 2 types de génotypes. Ce qui ne permet pas de conforter la 1^{ère} hypothèse. De même la seconde hypothèse est invalidée dans la mesure où la fructokinase présente une activité similaire pour les 2 types de génotypes. Concernant la 3^{ème} hypothèse, chez la pêche, le saccharose, le glucose et le fructose sont stockés dans la vacuole. Un grand nombre de transporteurs de sucres ont été décrits ces dernières années^{6,7} mais il s'agit principalement de transporteurs de saccharose. Dans la famille SWEET, des transporteurs de glucose et de saccharose ont récemment été décrits⁸. Certains transporteurs tonoplastiques sont connus pour être des transporteurs à la fois de glucose et de fructose⁶. De tels transporteurs ne peuvent expliquer le phénotype observé 'peu de fructose' car ce phénotype voit son rapport fructose/glucose diminuer par rapport au type 'fructose standard'. **Cependant un transporteur tonoplastique du fructose appartenant à la famille SWEET a été très récemment mis en évidence chez *A. thaliana* par l'équipe de Fabien Chardon (INRA Versailles)⁹. Il s'agit du premier gène SWEET tonoplastique et du premier excréteur de fructose décrit.**

Ce transporteur pourrait expliquer le phénotype 'peu de fructose' en créant un flux supérieur de fructose de la vacuole vers le cytosol où le fructose est dégradé, réduisant ainsi son stockage et favorisant sa dégradation par rapport au glucose. De plus la recherche d'homologie entre le transporteur de fructose, mis en évidence par F. Chardon et son équipe sur *A. thaliana*, et la séquence du génome du pêcher aboutit à un **gène localisé dans la région contrôlant le caractère 'peu de fructose' chez la pêche**. La fonction de ce gène annoté automatiquement ne laissait pas présager son rôle dans le métabolisme des sucres. **Ce résultat fait de ce transporteur un bon gène candidat, à la fois positionnel et fonctionnel.**

⁶ Doidy et al. 2012. *Trends Plant Sci.* 17(7):413-22

⁷ Etxeberria et al. 2012. *Plant Science* 190:52-61

⁸ Chen et al. 2010 *Nature* 468:527-559 ; Chen et al., 2012 *Science* 335:207-218

⁹ Chardon et al. 2013. *Curr Biol.* 23(8):697-702

Pour réduire la zone contenant le gène, la création d'hybrides a été entreprise sur 2 années successives. Plus de 5000 individus issus de l'autofécondation d'un génotype de la BC2 de type 'peu de fructose' ont été génotypés avec des marqueurs encadrant le gène. En 2011 des marqueurs SSR ont été utilisés. En 2012, suite au développement de la technique KASPar dans notre laboratoire de biologie moléculaire, des marqueurs SNP ont été dessinés sur la base du génome de référence du pêcher et de la séquence de *P. davidiana*. Ce criblage nous a permis d'identifier 9 recombinants *P. persica*/hétérozygotes définissant une zone de 178 kb comprenant le gène candidat. Nous ne savons pas encore si les recombinants *P. davidiana*/hétérozygotes seront utiles dans la mesure où le phénotype des individus possédant les 2 allèles de *P. davidiana* sera peut-être identique à celui des hétérozygotes (peu de fructose). L'objectif est maintenant d'obtenir le plus rapidement possible des fruits des recombinants pour vérifier leur phénotype et d'ajouter des marqueurs dans la zone entre SP96 et MP608.

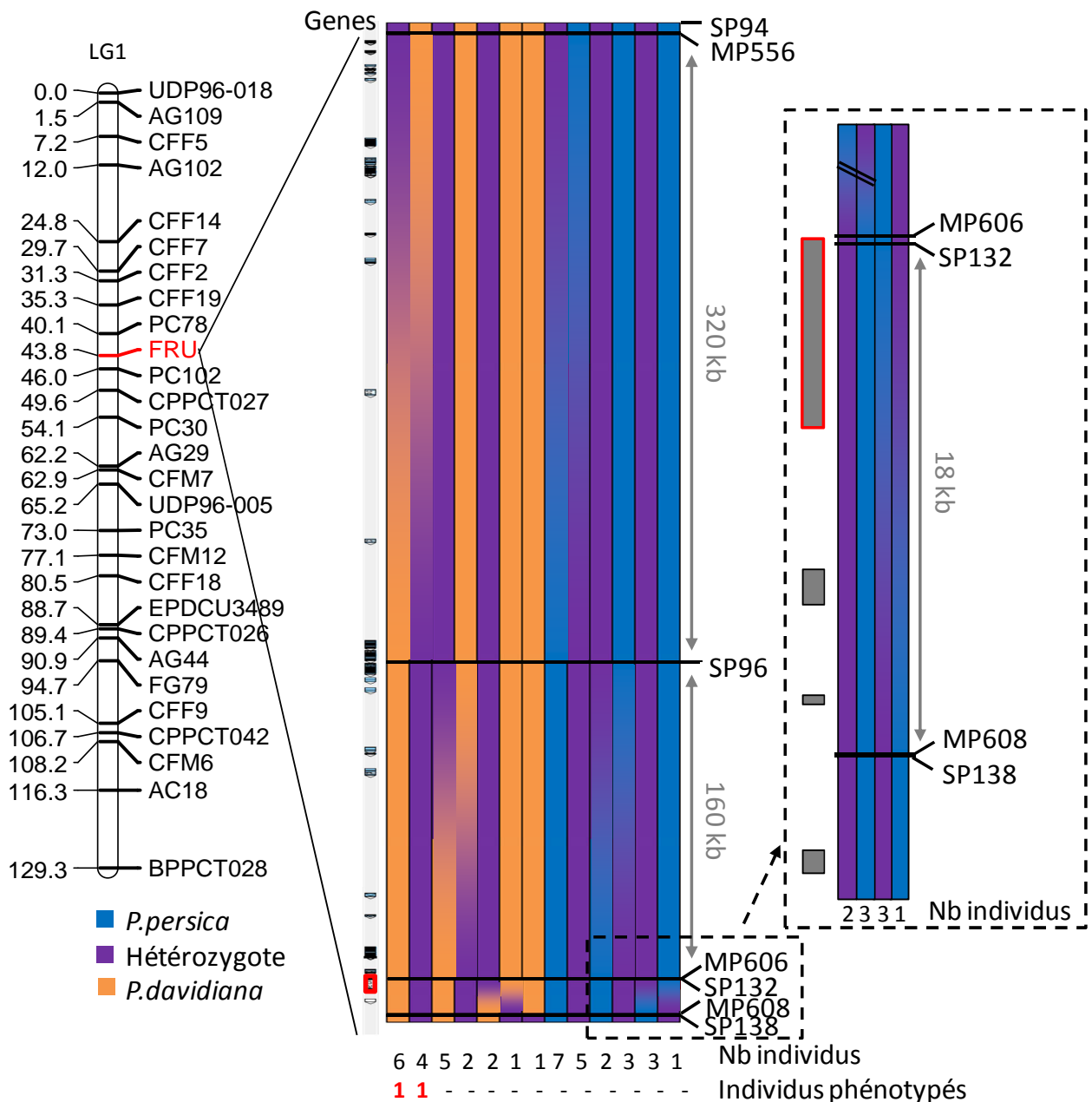


Fig.9_ Représentation des recombinants obtenus en 2011 et 2012 dans la zone SSFRU. A gauche, prédiction des gènes dans la zone SSFRU (LG1) avec le gène candidat encadré en rouge. A droite, localisation des marqueurs SNP (SP) et microsatellites (MP). (Illustration empruntée à Elsa Desnoues)

En parallèle, nous avons entrepris de séquencer ce gène candidat chez les parents de la population d'étude ainsi que sur 2 génotypes contrastés dans leur ratio fructose/glucose. Ceci nous permettra de mettre en évidence un éventuel polymorphisme de séquence entre les différents phénotypes observés et de vérifier si le gène est fonctionnel.

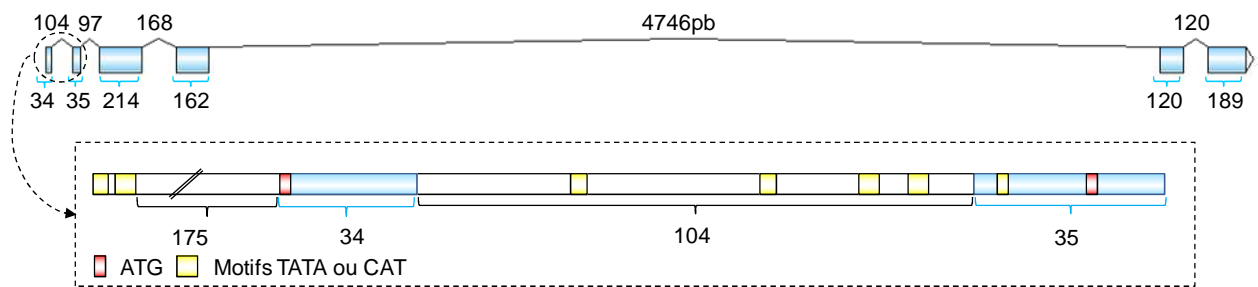


Fig.10 _ Détail de la structure du gène candidat. Les boîtes bleues représentent les exons et les traits les introns, la taille de chaque élément est indiquée en paire de base. L'agrandissement permet de localiser les 2 ATG présents sur le gène ainsi que les motifs TATA et CAT. (Illustration empruntée à Elsa Desnoues)

La validité du gène candidat va également être testée sur des accessions non apparentées. Nous disposons de 30 accessions présentant peu de fructose et 17 avec une teneur en fructose et glucose équilibré. Toutes les accessions seront génotypées (éventuellement le gène séquencé) afin de réaliser une petite étude de génétique d'association et consolider la validation du gène.

En lien avec ce qui a été montré chez *A. thaliana*, il est possible que le gène candidat ne s'exprime pas chez le génotype 'standard' et ne s'exprime pas de façon uniforme dans les différents organes de la plante. Chez *A. thaliana* la différence du ratio glucose/fructose est présente dans les feuilles et le gène s'exprimerait principalement au niveau du pétiole. Chez la pêche on ne retrouve pas le déficit en fructose observé dans les fruits au niveau des feuilles. Cela peut avoir un lien avec l'expression localisée du gène candidat. C'est pourquoi **nous allons réaliser une étude de l'expression du gène candidat (de différents génotypes) dans différents tissus** (feuille, pétiole, pédoncule, fruit vert, fruit mature, tissus xylémiens et phloémiens) de deux génotypes au phénotype contrasté. De plus, l'expression du gène candidat dans le fruit sera analysée à 3 heures différentes de la journée (7h, 13h et 19h).

La mise au point d'un protocole d'extraction d'ARN à partir des fruits, étape préalable à l'étude d'expression, nous a posé quelques problèmes techniques et a retardé les études d'expression. Le principal facteur limitant la qualité et la quantité de l'ARN extrait s'est avéré être la durée de conservation des échantillons au congélateur à -80°C avant l'extraction.

En collaboration avec F. Chardon, **nous prévoyons également de valider la fonction du gène par transformation du mutant d'*A. thaliana*** étudié à Versailles. Nous sommes donc en train de cloner les 2 allèles 'standard' et 'peu de fructose' et de les insérer dans des constructions permettant la transformation par *Agrobacterium*.

Enfin, Elsa a obtenu une bourse Dufrenoy pour un séjour de 5 semaines dans l'équipe de Dr. L. Sweetlove à l'Université d'Oxford (avril 2013). L'idée était d'étudier le flux de fructose au travers de la vacuole pour 2 génotypes contrastés dans leur rapport fructose/glucose. L'expérimentation consiste à mesurer au cours du temps la quantité de fructose marqué au carbone 14 accumulée dans les vésicules de tonoplaste isolées. D'après les résultats préliminaires obtenus, le protocole d'isolation de tonoplastes

nécessite d'avantage de mise au point afin que la qualité des isolations soit suffisante pour réaliser des mesures de flux. Les isolations de tonoplastes devront être réalisées sur des fruits à un stade de développement plus avancé pour lequel la technique semble plus adaptée. Le protocole de mesure de flux de fructose entre la vacuole et le cytosol doit également être amélioré en augmentant la durée de la cinétique.

3.3 Etude du déterminisme génétique secondaire du métabolisme des sucres

Afin de prendre en compte la variabilité de la population BC2 due au contrôle génétique secondaire nous avons entrepris d'étudier le métabolisme des sucres de cette population. Cette étude permettra de **mener une recherche de QTLs (sur les 2 cartes génétiques mentionnées plus haut chapitre 1.2) et de co-localisation de gènes candidats à partir de l'annotation du génome.** Cette étude porte sur 106 génotypes de la BC2 (28 'peu de fructose' et 78 'standard') présentant une grande variabilité quantitative des différents sucres. En 2012, les fruits ont été récoltés à 6 dates au long du développement et 1 lot de 6 fruits congelé par date pour chaque génotype.

Sur la base du phénotypage complet des métabolites et des activités enzymatiques réalisé sur les 12 génotypes de la BC2 (cf chapitre 3.1) et des simulations réalisées par le modèle (cf chapitre 3.4) nous définirons les métabolites et les activités enzymatiques clé à doser sur l'ensemble de la population.

Ces données serviront d'une part à étudier le déterminisme secondaire du métabolisme des sucres dans la BC2 mais également pour la partie modélisation.

3.4 Modélisation du métabolisme des sucres

Un premier modèle mathématique du métabolisme des sucres chez la pêche est en cours de développement à partir des données exhaustives sur le métabolisme des sucres obtenues sur les 12 génotypes contrastés au cours de développement du fruit. **La construction du modèle s'appuie d'une part sur les données acquises par Elsa et d'autre part sur les connaissances présentes dans la littérature. Cependant nous sommes aussi contraints de faire de nombreuses hypothèses pour pallier nos lacunes.**

Chez la pêche, le saccharose et le sorbitol sont les 2 principaux sucres transloqués des organes sources vers les organes puits. Dans l'apoplasme le saccharose est dégradé en fructose et glucose par l'invertase pariétale et les 4 sucres traversent la membrane plasmique vers le cytosol. Le **saccharose (Suc)**, le **glucose (Glu)** et le **fructose (Fru)** sont stockés dans la vacuole. Leur présence dans les 2 compartiments a été montrée dans la pomme¹⁰ et dans les feuilles de pêcher¹¹. Le **sorbitol (Sor)** est présent en faible quantité chez la pêche. Il n'est pas stocké dans la vacuole mais sa présence y a été rapportée chez la pomme¹². La présence des **hexoses phosphate (HexP)** dans la vacuole n'a pas été montrée à notre connaissance. Côté enzymes, les 2 invertases ont des localisations spécifiques. L'**invertase acide (AI)** est localisée dans la vacuole alors que l'**invertase neutre (NI)** est localisée dans le cytosol. La **sorbitol déshydrogénase (SDH)** n'est pas présente dans la vacuole¹³. Les autres enzymes **Sucrose Synthase (SuSy)**, **fructokinase (FK)** et **gluconokinase (GK)** sont localisées dans le cytosol. Il y a un manque d'information pour la **sorbitol oxydase (SO)**.

¹⁰ Yamaki S. et Ino M. 1992. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 117:951-954

¹¹ Nadwodnik J. et Lohaus G. 2008. *Planta* 227:1079-1089

¹² Escobar-Gutiérrez A. et Gaudillere J. 1996. *Agronomie* 16:281-298

¹³ Wang X.-L. et al. 2009. *J Exp Bot* 60:1025-1034

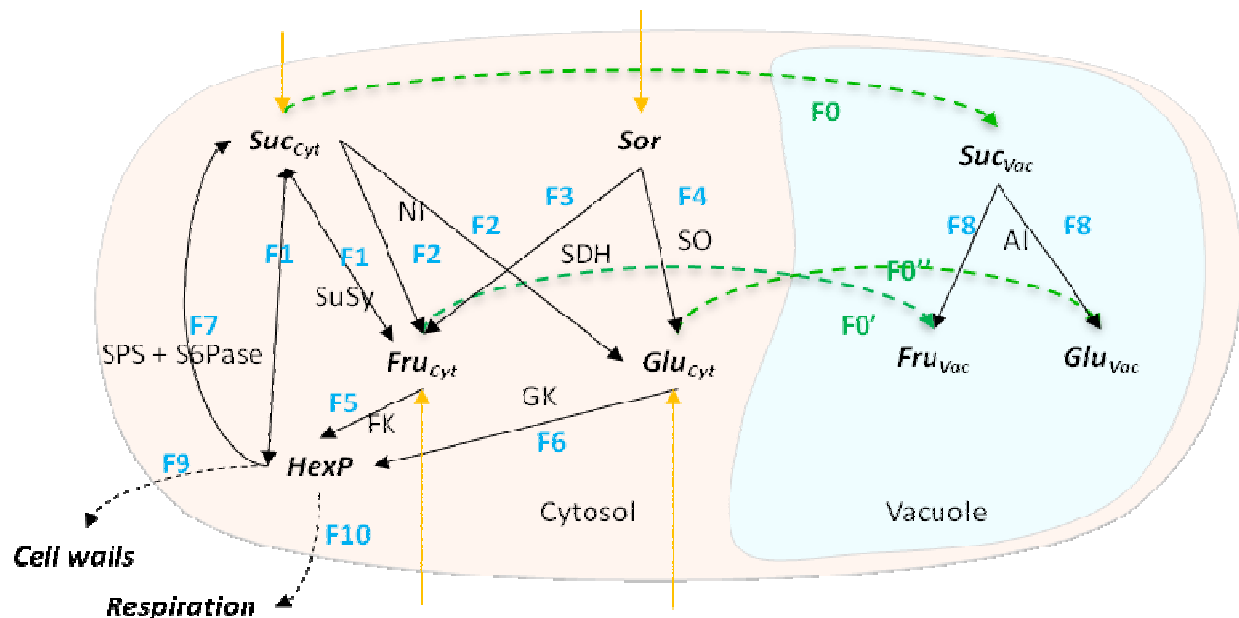


Fig.11 _ Représentation schématique du métabolisme des sucres dans la cellule. Les flèches représentent les flux, soit de transferts entre compartiments, soit les flux de carbone entre métabolites. (Illustration empruntée à E. Desnoues)

Les activités enzymatiques ainsi que les concentrations des métabolites ont été mesurées de manière globale sur les cellules sans distinction du cytosol et de la vacuole. Nous ne pouvons utiliser directement les résultats des activités enzymatiques car l'activité des enzymes présentes uniquement dans le cytosol est diluée par le volume de la vacuole. Afin de déterminer l'équation des activités enzymatiques (Michaelis Menten, linéaire) il faut comparer la concentration de substrat disponible pour l'enzyme et son Km. Pour cela **nous devons tenir compte de la compartimentation du substrat et de la part de la vacuole dans la cellule.**

Une expérimentation de **fractionnement anhydre de la chair des fruits** a été menée à Bordeaux (en collaboration avec Martine Dieuaide, BFP INRA) de façon à évaluer la compartimentation des sucres. Le dosage du saccharose, glucose et fructose sur les différentes fractions obtenues (stade précoce, 2 géotypes) a permis d'estimer à 99% la part vacuolaire (1% dans le cytosol) pour ces 3 sucres. Le dosage du sorbitol sera réalisé prochainement. Concernant l'estimation du volume des compartiments de la cellule au cours du développement du fruit (vacuole, cytosol et le reste), nous n'avons pas trouvé d'information pour la pêche dans la littérature. Seules quelques données sur la tomate ont pu être exploitées et adaptées de manière proportionnelle à la cinétique de développement de la pêche.

Parmi l'ensemble des lacunes identifiées lors de la construction du modèle, il est apparu que le point résolument critique était l'estimation de la part de la vacuole dans les cellules au cours du développement du fruit. En effet, les dosages étant réalisés sur la cellule entière, une correction des données est nécessaire pour tenir compte de la compartimentation des métabolites et des enzymes. Aussi il paraît décisif de prévoir en 2014 des expérimentations pour acquérir les informations nécessaires à une correction adéquate.

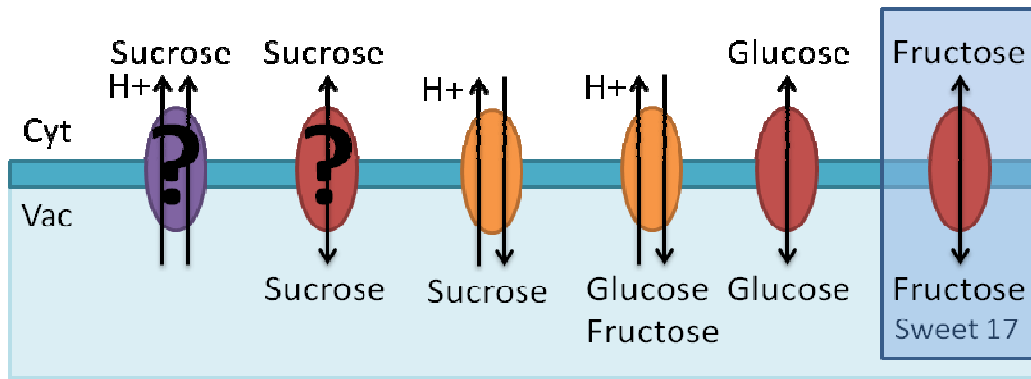


Fig.12 _ Représentation schématique des différents transports de sucres entre cytosol et vacuole

Sur la base des données de la littérature¹⁴, **des choix ont été effectués pour la modélisation des transports du saccharose, du glucose et du fructose entre le cytosol et la vacuole.** On considère dans un premier temps que le sorbitol n'est pas stocké dans la vacuole. Le saccharose est stocké dans la vacuole (antiport), la sortie active (symport) ou passive si elle existe, doit avoir une activité faible et n'est pas représentée. L'antiport est quand à lui représenté avec une Michaelienne. Le stockage du glucose et du fructose s'effectue par l'action d'un antiport qui stocke les 2 composés. Le transport de glucose peut être inhibé par le fructose et inversement ce qui suggère la même voie de passage pour les 2 composés¹⁵. Il existe également une inhibition par le substrat pour le glucose et le fructose¹⁶. Dans le modèle, ce stockage est représenté par une équation de Michaelis Menten avec inhibition qui dépend à la fois de la concentration de glucose et de fructose. Dans un premier temps, nous prenons les paramètres estimés (V_{max} , K_m et K_i) identiques pour le transport du fructose et du glucose. Le transport sera tout de même différent pour les 2 composés car ils n'ont (*à priori*) pas les mêmes concentrations dans le cytosol. Ceci pourra être modifié par la suite, principalement pour le K_m car le transporteur peut avoir une affinité différente pour le fructose et le glucose. Le transport par diffusion facilitée est découplé avec un transporteur spécifique de chacun des hexoses. Le transporteur spécifique du fructose correspond à l'hypothèse pour expliquer le phénotype 'peu de fructose'. Dans un premier temps ce transporteur sera présent dans les 2 géotypes mais son activité devra être très faible pour le géotype standard. Ensuite, on pourra choisir de l'enlever au vu des résultats de l'analyse de l'expression du gène codant ce transporteur.

Les expressions des V_{max} des enzymes considérées ont été définies à partir de modèles linéaires ajustés aux données des 12 géotypes étudiés (3.2) prenant en compte les différences entre les géotypes 'standard fructose' et 'low fructose' et les variations au cours de la cinétique de développement quand les différences sont significatives (p -values < 0.05).

Le modèle est développé sous Matlab par Elsa avec l'aide de Valentina Baldazzi. L'optimisation des paramètres du modèle est réalisée en minimisant la différence entre les métabolites simulés en sortie du modèle et les données expérimentales.

¹⁴ Doidy et al. 2012. *Trends Plant Sci.* 17(7):413-22 ; Ludewig F. et Flüggé U.-I. 2013. *Frontiers in plant science* 4:231 ; Martinoia et al. 2012. *Annu Rev Plant Biol* 63:183-213 ; Chen et al. 2010. *Nature* 468:527-559 ; Chardon et al. 2013. *Curr Biol.* 23(8):697-702.

¹⁵ Shiratake et al. 1997. *Plant Cell Physiol* 38

¹⁶ Rohwer and Botha 2001. *The Biochemical journal* 358:437-445

Ce modèle sera ensuite testé sur les données de la descendance BC2 (ajustement de paramètres et simulations). Enfin il sera complété de manière à prendre en compte les différents modes de contrôle : les contrôles enzymatiques ainsi que le gène majeur et le déterminisme secondaire (QTL). Pour faire suite à ces travaux et compléter le système qui sera ainsi construit, une perspective importante sera d'étudier spécifiquement l'effet de l'environnement (facteurs climatiques et pratiques culturales) sur la croissance du fruit et le métabolisme des sucres, dimensions absente des travaux de thèse d'Elsa. Une description de l'effet de l'environnement (tel que des fortes températures ou un stress hydrique momentané) par le biais de courbes de réponse des variables du modèle aux facteurs climatiques, dépendant ou non des génotypes, permettrait de construire un modèle métabolique sous la triple influence du génome, du fonctionnement de la plante et de l'environnement. Un tel modèle permettrait de simuler et analyser d'éventuelles interactions génotype x environnement x pratiques culturales.

Elsa est la première doctorante que j'encadre. Je vis une expérience à la fois enrichissante et préoccupante qui demande beaucoup d'investissement et de retenue. C'est également l'occasion de renforcer nos liens avec PSH et nos collaborations avec la plateforme de Métabolome-Fluxome de Bordeaux. En fin de 2^{de} année de nombreux résultats sont acquis pour les différents volets de sa thèse et d'autres sont en passe de l'être. La bonne valorisation de ses résultats au cours de sa dernière année de thèse fera l'objet de ma plus grande attention.

4. Vers la conception d'idéotypes : cas du couple pêcher-monilioses

Le développement de modèles écophysiologiques permet de simuler des combinaisons de traits dans un environnement donné. L'introduction dans ces modèles du déterminisme génétique de ces traits permet théoriquement de prédire le comportement d'un génotype et des interactions G x E. Aussi, l'un des enjeux majeurs de la modélisation des phénotypes est de définir *in silico* des idéotypes adaptés à différentes conditions environnementales et systèmes de culture.

Nos travaux antérieurs [15] sur l'intégration de l'information génétique dans le modèle 'Fruit Virtuel' [13] nous ont naturellement conduits à utiliser ce modèle intégré pour développer une **réflexion novatrice autour de la conception d'idéotypes pour des systèmes de production durables**.

Dès 2008 avec l'appel 'Idéotypes pour des plantes cultivées en agriculture durable' (Ecophyto R&D, DS Econat), la collaboration entre les 3 unités d'Avignon (GAFL, PSH, Pathologie Végétale) et l'UERI de Gotheron se met en place avec le projet MoniPech (2008-2009) autour du couple **pêcher-Monilinia**. Depuis 2011 ces travaux continuent dans le cadre du projet FruitBreedomics (2011-2015) et plus particulièrement du work-package dont je suis leader, en collaboration entre notre équipe (J-L. Poëssel, T. Pascal et moi-même), l'Université de Milan (D. Bassi), la Pathologie Végétale (P. Nicot et M. Bardin), l'UERI de Gotheron (V. Mercier) et PSH (M. Génard, M-M. OuldSidi).

Ils seront renforcés par i) l'arrivée en thèse de Léandro de Oliveira Lino, étudiant brésilien (2013-2016), que je vais co-encadrer avec Michel Génard, ii) une collaboration naissante avec Daniele Bevacqua (jeune chercheur de PSH) qui s'intéresse à la modélisation de l'épidémiologie de la maladie (projet du Métaprogramme SMaCH, Action Damage).

Les monilioses sont les principales maladies fongiques aériennes dommageables pour le pêcher, et occasionnent des traitements chimiques à l'approche de la maturité des fruits. Aucun moyen de lutte alternative (biologique, génétique...) n'est aujourd'hui disponible. Aussi faut-il envisager de nouvelles stratégies de production optimisant les interactions génotype x environnement x pratiques afin de réduire la consommation de fongicides et **procurer des avantages écologiques, économiques et sanitaires**. Ainsi, il n'est désormais plus possible de faire de la qualité sans se préoccuper de l'environnement et de la santé des consommateurs. Les travaux sur le couple pêcher/*monilinia* permettent donc d'entamer une réflexion sur la définition d'idéotypes et les outils pour concevoir des systèmes de production durables associant idéotypes de pêcher et opérations culturales raisonnées.

L'objectif est de concevoir, par le biais de simulations, des systèmes de production innovants, définis comme des ensembles 'idéotypes-pratiques' et obtenus par optimisation conjointe des composantes génétiques et techniques du modèle 'Fruit Virtuel'. La démarche utilisée repose sur une **première phase, expérimentale, d'acquisition de connaissances. Il s'agit de bien comprendre l'action des contrôles (génétiques, pratiques culturales, environ-**

nement) sur les caractères (résistance aux monilioses, croissance du fruit, qualité) d'intérêt. Cette information est ensuite intégrée au modèle 'Fruit Virtuel' disponible. Ensuite, une **phase d'optimisation (par des outils mathématiques) permet l'émergence d'un idéotype.** L'obtention de l'idéotype variétal correspondant dépend ensuite des possibilités d'assemblage des allèles dans une variété et des possibles antagonismes entre gènes.

4.1. Etude expérimentale du couple pêcher-Monilinia

Aujourd'hui, les fruits des variétés cultivées de pêchers sont tous plus ou moins sensibles aux monilioses. Le seul génotype mentionné dans la littérature comme ayant un niveau de résistance élevé est le cultivar Bolinha, originaire du Brésil. L'origine de sa résistance semble résider dans l'épiderme du fruit. Bolinha présente des teneurs élevées en composés phénoliques, notamment les acides

chlorogénique et cafféique, qui ont été associées à cette résistance spécifique de Bolinha¹⁷. De plus, sa cuticule est épaisse, les cires épicuticulaires sont nombreuses et des niveaux élevés de pectine, phénols, chlorophylle, et autres composés biochimiques sont associés aux tissus immatures¹⁸. Ce cultivar représente ainsi la lignée la plus prometteuse pour la résistance à la maladie. Celle-ci pourrait donc être liée à l'existence d'une barrière physique à la pénétration du champignon, la cuticule, ou à la présence de composés inhibiteurs de la germination ou de la pénétration mycélienne.

Des composés inhibiteurs de la germination ou de la pénétration mycélienne

La chair de la pêche est protégée par l'épiderme recouvert d'une cuticule. En général, les teneurs en composés phénoliques, notamment les anthocyanines et flavonols, sont plus élevées dans l'épiderme que dans les autres tissus, mais les teneurs sont très variables selon les cultivars de pêche¹⁹. La cuticule est constituée de cutine, cires et recouverte de cires épicuticulaires. Elle peut jouer un rôle important dans la défense de la plante contre les bioagresseurs²⁰. Chez le pêcher la cuticule et la surface ont déjà été étudiées sur le fruit²¹, elles ont également été étudiées chez la cerise²² et la prune²³. La présence de composés phénoliques a été mise en évidence à la surface des fruits de certaines plantes comme la pomme²⁴ ou la tomate²⁵ et à la surface des feuilles de pêcher²⁶ mais ils n'ont jamais été observés jusqu'à présent à la surface de la pêche.

Certains composés phénoliques de l'épiderme pourraient jouer un rôle important dans la résistance de la pêche aux monilioses en inhibant la production d'enzymes du champignon²⁷. Plusieurs hypothèses permettent d'expliquer cette inhibition. Dans une première mesure, la présence de tels antioxydants, permettrait de supprimer l'accumulation d'ARN à l'origine de l'expression de la cutinase. L'activité de l'enzyme de *Monilinia fructicola* dégradant l'épiderme du fruit s'en retrouverait alors réduite, voire nulle²⁸. D'une autre façon, cette inhibition serait due à des changements de potentiels redox électrochimiques du milieu. Ces changements peuvent influencer l'expression du gène et la différenciation de structures associées à l'infection, comme la formation de l'appressorium²⁹. Une autre interaction a été récemment étudiée avec la souche qui nous intéresse, *Monilinia laxa*. Les concentrations élevées d'acide chlorogénique et de son isomère l'acide néochlorogénique dans les fruits immatures, semblent interférer avec la production de mélanine du champignon. Ceci est susceptible de contribuer à la réduction de la sensibilité à l'infection par *Monilinia laxa*³⁰. En effet, la mélanisation des parois de l'appressorium est nécessaire à la mise en place d'une forte pression à l'intérieur de l'appressorium.

Une forte concentration de ces composés de surface semble contribuer à la résistance à la maladie non pas par toxicité directe sur le pathogène mais par interférence avec la production de facteurs nécessaires à l'infection, notamment des facteurs impliqués dans la dégradation de polymères hôtes. La résistance serait donc le résultat de relations complexes entre les différents composés biochimiques présents au sein de l'épicarpe du fruit.

¹⁷ Gradziel et al. 1998. *Acta Hort* 465:161-170

¹⁸ Gradziel et al. 2003. *Acta Hort* 622:347-352

¹⁹ Tomas-Barberan et al. 2001. *J. Agric. Food Chem.* 2001, 4: 4748-4760

²⁰ Reina-Pinto et Yephremov, 2009. *Plant Physiology and Biochemistry* 47:540-549

²¹ Fernandez et al. 2011. *Plant Physiology* 156, 4: 2098-2108

²² Peschel et al. 2007. *Phytochemistry* 68: 1017-1025

²³ Knoche et Peschel, 2007. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 132: 597-602

²⁴ Ju et Bramlage 1999. *Postharvest Biology and Technology* 16, 2: 107-118

²⁵ Dominguez et al. 2009. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 57,16: 7560-7564

²⁶ Liakopoulos et al. 2001. *Flora* 202: 261-267.

²⁷ Bostock et al. 1999. *Physiological and Molecular Plant Pathology*. 54: 37-50

²⁸ Wang et al. 2002. *Fungal Genetics and Biology* 35:261-276

²⁹ Lee et Bostock 2007. *Phytopathology* 97: 269-277

³⁰ Villarino 2011. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 59: 3205-3213

Une barrière physique

La cuticule des plantes est aussi censée constituer une barrière physique efficace contre la majorité des agents pathogènes qui colonisent la surface de la plante. C'est une forme de défense passive. Cependant, il existe parfois un décalage entre la croissance en surface du fruit et le dépôt de cutine, ce qui cause l'apparition de micro-fissures²². D'autres facteurs sont alors à prendre en compte dans la sensibilité des fruits au champignon. L'importance des pratiques agricoles est notamment un paramètre inévitable. L'interaction entre l'irrigation et la charge de l'arbre a un impact direct sur l'apparition de micro-fissures. Un trop grand nombre de fruits sur un même arbre associé au manque d'eau donnera des pêches de calibre médiocre, mais avec très peu voire aucune micro-fissure. Au contraire, un faible nombre de fruits associé à une irrigation importante durant la croissance va favoriser le développement de fissures sur la peau, lié à un grossissement trop rapide du fruit. Il faut donc chercher le juste équilibre, dans le but d'optimiser toute forme de résistance du fruit. Par ailleurs, l'humidité a un rôle important dans la survie du champignon.

Ces aspects ont été largement étudiés par PSH dans le cadre de la thèse de C. Gibert et ont abouti à un sous-modèle de génération de microfissures à la surface du fruit³¹, intégré au modèle 'Fruit Virtuel'.

Résultats préliminaires

Nos travaux ont pour objectifs i) d'étudier les relations hôte-pathogène afin d'identifier des facteurs de résistance ii) d'identifier de nouvelles sources de résistance à *Monilinia laxa* iii) d'analyser l'architecture génétique de la résistance.

Ils ont fait l'objet de 2 stages de M2 et d'un stage d'IUT. Ils ont tout d'abord porté sur la mise au point de protocoles d'infection (par goutte et spray) afin de pouvoir caractériser le niveau de résistance du matériel végétal étudié. Ils ont également consisté au criblage d'un panel de variétés tant au niveau résistance que composition biochimique (composés de surface, cires cuticulaires, cutine et composés de l'épiderme) et conductance cuticulaire (afin d'évaluer l'importance des microfissures), à maturité ou en cinétique au long du développement du fruit. L'objectif est d'explorer la variabilité génétique disponible et d'identifier les facteurs clés influençant le développement de la maladie. Enfin ils consistent actuellement en un phénotypage de populations en ségrégation issues de différents géniteurs considérés résistants (Bolinha, *Prunus davidiana*).

Nous travaillons avec une souche de *Monilinia laxa*, m13, isolée d'une momie de fruit d'abricot le 25 mars 2011 à Gotheron, puis monosporee en Pathologie Végétale et conservée à -20 °C.

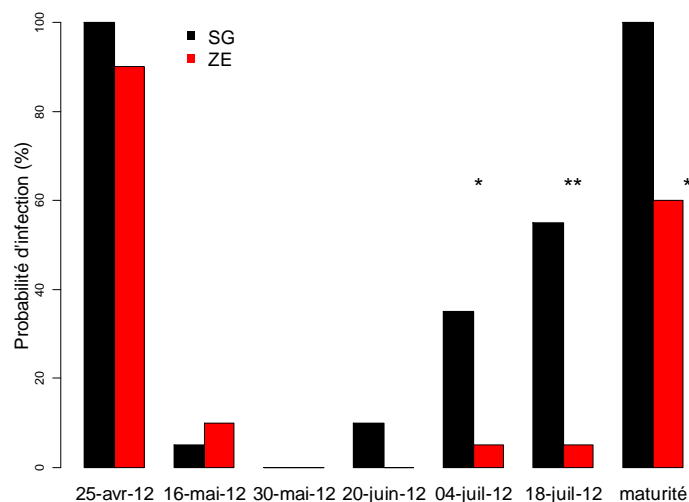


Fig.13 _ Evolution de la probabilité d'infection des fruits (test « goutte » en laboratoire) au cours de leur croissance pour 2 cultivars : Summergrand (SG) et Zéphyr (ZE). Données 2012.

³¹ Gibert et al. 2007. *Annals of Botany* 95: 673–683

La sensibilité de deux génotypes (Summergrand (SG) et Zéphyr (ZE)) a été étudiée à différents stades au long de la croissance des fruits. Les fruits sont très sensibles à *Monilinia laxa* en phase I, puis leur sensibilité chute au stade II et ils redeviennent sensibles vers la maturité, ce qui est en adéquation avec la littérature³². Les résultats obtenus soulignent également l'importance potentielle des portes d'entrée ouvertes facilitant la pénétration du champignon, avec notamment l'influence des stomates en phase I, ainsi que des "microcracks" à partir de la phase III. Les fruits sont toujours sensibles, quelque soit le stade et la variété, lorsque l'infection est faite avec blessure.

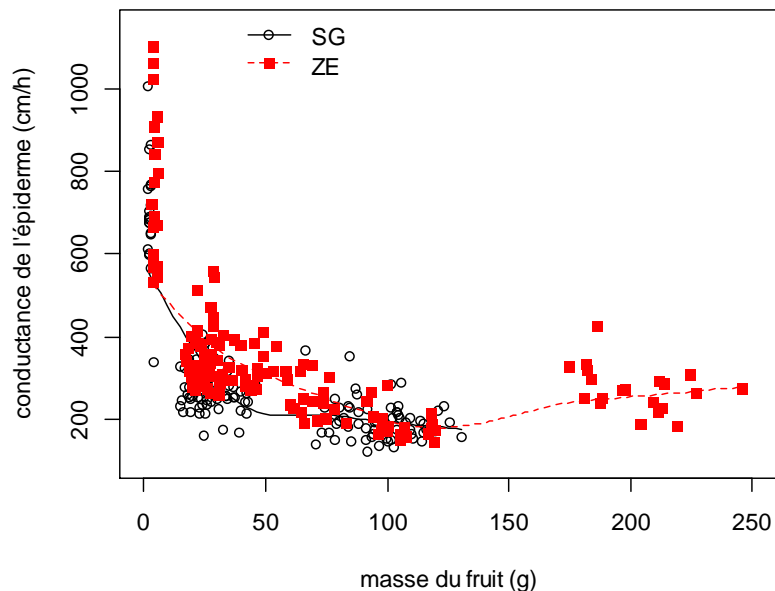


Fig.14 _ Evolution de la conductance de l'épiderme des fruits au cours de leur croissance pour 2 cultivars : Summergrand (SG) et Zéphyr (ZE).

En parallèle, des composés de surface et d'épiderme des fruits ont été caractérisés (par HPLC avec J-L. Poëssel et M-N. Corre). **Nous avons mis en évidence sur la surface des pêches la présence de deux triterpénoïdes, l'acide ursolique et l'acide oléanolique, et de plusieurs composés phénoliques qui en sont vraisemblablement dérivés** (esters de triterpénoïdes avec l'acide p-coumarique). Les triterpénoïdes ont déjà été mis en évidence chez de nombreuses plantes. **C'est à notre connaissance la première fois que ces composés sont trouvés à la surface des pêches.** La présence de composés phénoliques de surface est aussi nouvelle chez la pêche. La quasi totalité de ces composés est absente au premier stade de prélèvement. Ils s'accumulent sur la surface des fruits pendant la phase II de croissance. **Six composés de surface montrent une corrélation négative avec la probabilité d'infection à *Monilinia laxa*, dont l'acide ursolique et l'acide oléanolique. Ce sont des inhibiteurs potentiels du champignon.**

³² Mari et al. 2003. *Postharvest Biology and Technology* 30: 105 -109

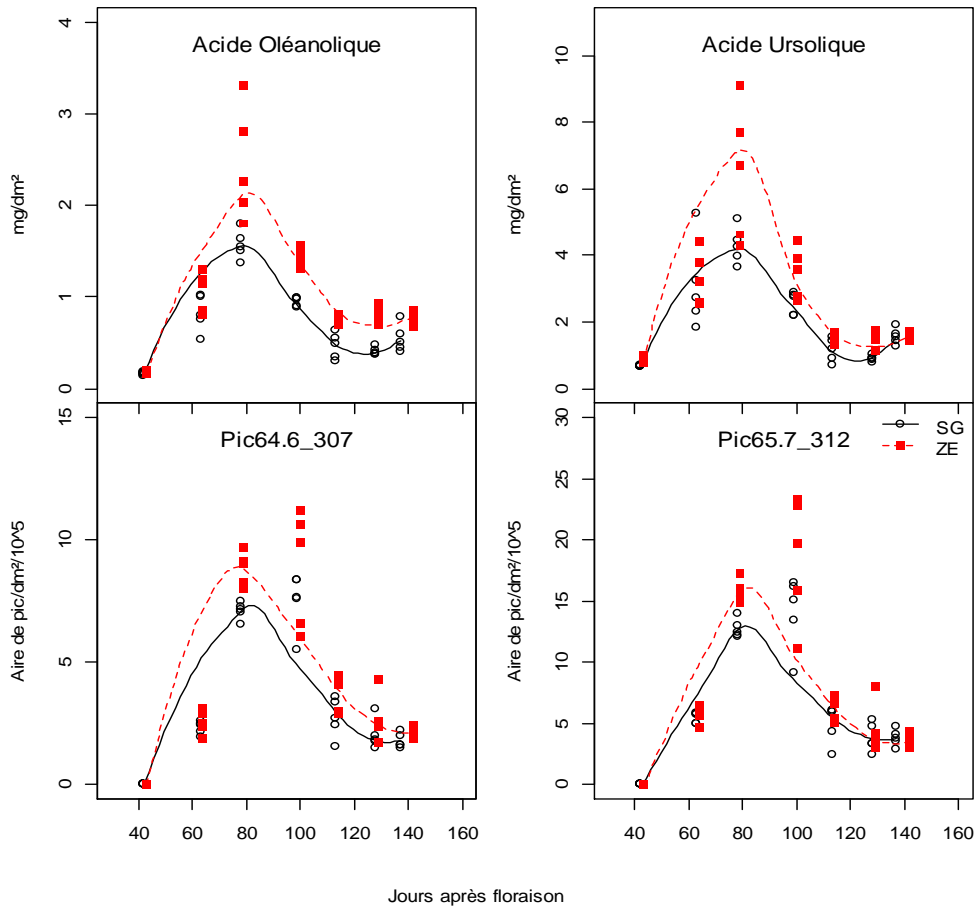


Fig.15 _ Evolution de composés de surface des fruits au cours de leur croissance pour 2 cultivars : Summergrand (SG) et Zéphyr (ZE).

Des analyses des cires épicuticulaires et des cutines par Chromatographie en Phase Gazeuse ont également été réalisées au Laboratoire de Biogenèse Membranaire (R. Lessire) de Bordeaux. Les premières analyses de ces données montrent une cinétique d'accumulation des cires épicuticulaires totales semblable à celle des esters de triterpénoïdes de surface avec un pic en fin de phase II. Par contre aucun lien évident entre probabilité d'infection et cutine n'a été observé.

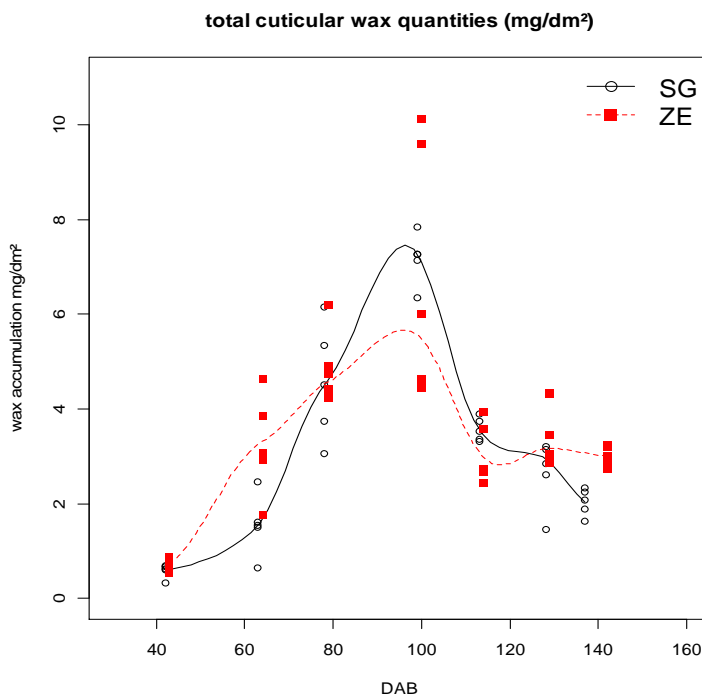


Fig.16 _ Evolution des cires épicuticulaires des fruits au cours de leur croissance pour 2 cultivars : Summergrand (SG) et Zéphyr (ZE).

Pour valider ces hypothèses et les caractéristiques anti-fongiques des composés candidats, il faudrait réaliser des tests *in vitro* pour tester directement leur activité vis-à-vis de la germination des spores et de la croissance du mycélium. Les acides ursolique et oléanolique sont disponibles dans le commerce mais les autres composés phénoliques de surface ne sont pas disponibles. Aussi a-t-on extrait les composés de surface en masse lors des phases sensible et résistante des fruits (phases I et II) avec comme objectif de comparer l'effet de ces deux extraits sur *M. laxa*. Cependant ces composés (terpénoïdes et dérivés) ne sont pas solubles dans l'eau. Pour les tests *in vitro*, il sera nécessaire de mettre au point soit une façon de solubiliser les composés phénoliques de surface dans un solvant qui n'influence pas les effets de ces composés soit une façon de les déposer en film à la surface du milieu.

Le cultivar Bolinha, constitue actuellement la seule source de résistance à *Monilinia* publiée jusqu'alors. Nous avons obtenu, en collaboration avec Maria Do Carmo Bassols Raseira du Brésil (Embrapa), une population d'autofécondation de Bolinha. Génotypée avec la puce 9k dans le cadre de FruitBreedomics, nous disposons d'une carte génétique partielle (*Annexe 11*). Si cette population présente une variabilité quantitative de la résistance, nous devrions identifier les loci, hétérozygotes, contrôlant cette résistance. Cependant, les premiers travaux sur l'espèce sauvage *Prunus davidiana*, Zephyr et la population BC2 issue de leur croisement, laissent penser que cette population peut également ségréger pour la résistance à *Monilinia*. En effet, *P. davidiana* présente une résistance au pathogène d'une part, et d'autre part, le cultivar Zephyr montre des teneurs en composés phénoliques inhabituellement élevées. Dans ce contexte, **nous avons entrepris de phénotyper ces 2 populations d'une part avec un test applicable à moyen débit en verger (développé par le partenaire italien du projet) et d'autre part avec le test 'drop' que nous avons l'habitude d'utiliser en laboratoire.**

Si les populations étudiées ségrégent pour le caractère de résistance à *M. laxa*, il sera alors possible de réaliser une recherche de QTL associés à ce caractère. On pourra ainsi comparer les zones impliquées entre les 2 populations et éventuellement identifier de nouvelles sources de résistance, différentes de celles de Bolinha.

En collaboration avec notre partenaire italien dans FruitBreedomics, nous avançons dans la maîtrise des protocoles pour caractériser la résistance des fruits à *M. laxa*, étape cruciale au niveau expérimental. Nous voudrions écrire en collaboration un papier de revue pour valoriser nos efforts de recherche pour connaître ce pathosystème.

Nous progressons également dans l'exploration des facteurs biochimiques et physiques pouvant influencer la résistance. Nos premiers travaux ont permis d'identifier des composés nouveaux pouvant vraisemblablement jouer un rôle dans la résistance à *M. laxa*. Quelques expérimentations complémentaires et analyses sont encore nécessaires à la publication prochaine de ces résultats.

Enfin nous espérons observer de la variabilité au sein des 2 populations étudiées et détecter des QTL contrôlant la résistance.

4.2. Utilisation des modèles intégrés pour la conception d'idéotypes

Les résultats, connaissances, hypothèses issus du volet expérimental sont ensuite incrémentés dans les modèles écophysiologiques ('fruit virtuel') et génétique dès que possibles. Cependant, nous n'avons pas suffisamment progressé dans la vérification de l'hypothèse portant sur l'existence d'une barrière biochimique en surface du fruit pour l'introduire dans le volet modélisation. Aussi **seule la barrière physique constituée par un épiderme intact est considérée par la suite.**

Les travaux et les collaborations initiés dans le cadre de MoniPech se poursuivent. En collaboration avec PSH, les travaux d'un post-doctorant que j'ai co-encadré, Abdeslam Kadrani (projet PRIMo, Agropolis Fondation, 2010-2011), ont cherché à développer un outil destiné à concevoir des stratégies de gestion

innovantes qui optimisent les interactions génotype x environnement x pratiques pour réduire la contamination des fruits par la pourriture brune en verger.

Cas du couple pêche/moniliose

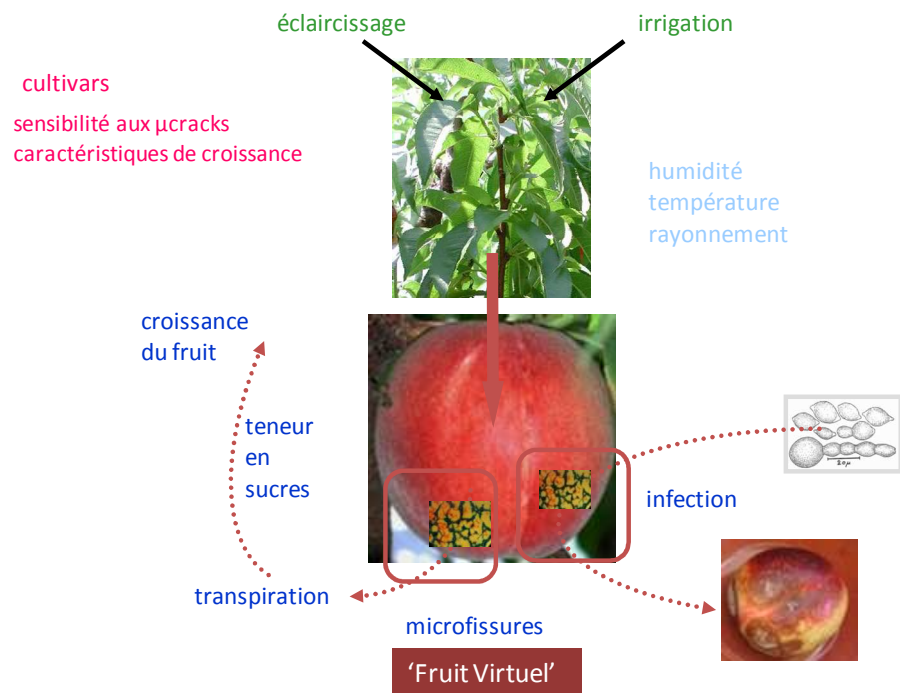


Fig.17 _ Schéma conceptuel présentant les composantes de l'environnement, des pratiques culturales et du génotype influençant les caractéristiques physiques du fruit simulées par le modèle 'Fruit Virtuel' et la probabilité d'infection par *Monilinia*.

À cette fin, le modèle 'fruit virtuel', décrivant la croissance et l'élaboration de la qualité des pêches, a été enrichi pour prendre en compte la variabilité génotypique dans sa composante "Croissance". Les entrées du modèle fruit virtuel sont le climat (température, humidité, rayonnement), la charge fruitière (éclaircissage), le stress hydrique (irrigation) et des paramètres génétiques (génotypiques). Ce modèle amélioré a été soumis à une analyse de sensibilité approfondie afin d'identifier les paramètres importants, c'est-à-dire ceux qui affectent significativement les différentes sorties du modèle. **Six principaux paramètres intervenant respectivement dans la croissance, le métabolisme des sucres, et la sensibilité aux microfissures ont servi de base pour définir les génotypes.** Trois critères (sorties d'intérêt) ont été considérés : le poids frais du fruit, sa teneur en sucre (qualité gustative), et la densité de microfissures sur la peau (portes d'entrée pour les monilioses). Les deux premiers critères sont à maximiser, tandis que le dernier est à minimiser.

Dans une deuxième étape, nous avons couplé ce modèle avec plusieurs algorithmes d'optimisation multicritère efficaces. Le modèle 'fruit virtuel' est utilisé pour l'évaluation multicritère de l'ensemble des génotypes virtuels générés par chaque algorithme. L'objectif était d'optimiser les interactions génotype x environnement x pratiques afin de concevoir des systèmes de production innovants.

Ainsi, nous avons utilisé le 'fruit virtuel' pour simuler la qualité du fruit de génotypes virtuels, dans deux sites climatiques (Avignon et Bordeaux), pour des niveaux de charge en fruits et de stress hydrique contrastés (Annexe 12). Les simulations ont permis de montrer des interactions entre les génotypes, les pratiques et le climat. Des antagonismes forts entre les caractères d'intérêt ont été

observés. Les simulations ont également montré un comportement émergent du modèle illustrant comment des comportements inattendus des systèmes complexes peuvent être prédits et analysés par des modèles de simulation basés sur des processus physiologiques. A partir de ces résultats, les meilleures combinaisons de génotypes, de pratiques culturales, et de climats optimisant les traits de la qualité du fruit ont été identifiées.

Certains idéotypes identifiés par les algorithmes d'optimisation correspondent à des schémas de sélection actuellement disponibles sur le marché. D'autres constituent des réelles alternatives qui peuvent aboutir à des compromis très intéressants entre viabilité économique, qualités organoleptiques, et préservation de l'environnement [6].

Ces travaux constituent une étape importante vers l'utilisation de modèles de simulation pour la conception d'idéotypes.

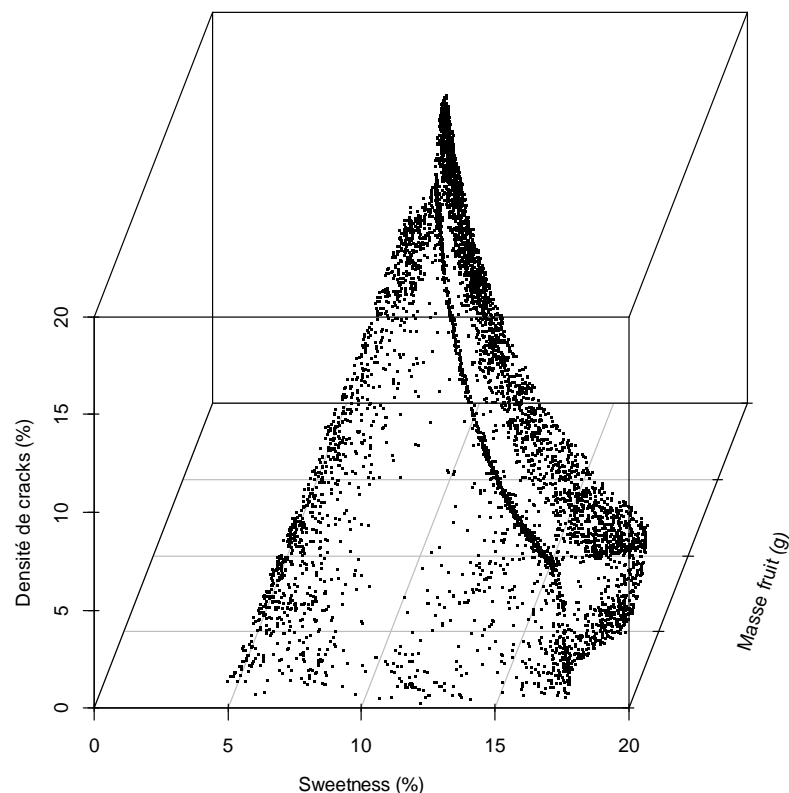


Fig.18 _ Caractéristiques des fruits simulées par le modèle 'Fruit Virtuel' (masse du fruit, teneur en sucre et densité de microfissures sur la peau) des 400 individus d'une population de génotypes optimisés par NSGA-II

Outre la mise au point d'une méthodologie d'optimisation des paramètres génétiques, ces travaux ont également conduit à la comparaison de méthodes et à des développements méthodologiques. Le post-doctorant a participé à la comparaison de plusieurs méthodes d'optimisation comme les algorithmes génétiques évolutionnaires : Non-dominated Sorting Genetic Algorithm II (NSGA-II) ou encore les essais particuliers : particle swarm optimization (PSO) [5], multi-objective PSO (MOPSO) et sa variante intégrant le facteur 'crowding distance' MOPSO-CD (2 publications soumises et une en préparation).

Ces travaux constituent une avancée notable dans l'utilisation de méthodes d'optimisation pour la conception d'idéotypes. La littérature n'est pas encore riche d'exemples de tels travaux.

Afin de poursuivre ces travaux et leur donner une dimension plus réaliste, trois perspectives sont identifiées de façon prioritaire.

La première porte sur l'optimisation des génotypes. Jusqu'à présent, les génotypes sont représentés par des jeux de paramètres au sein du modèle sur lesquels porte l'optimisation. Cependant cette procédure ne permet pas de prendre en compte les effets des loci (part de variation expliquée par chaque locus) ni les contraintes génétiques (clusters, épistasie, pléiotropie, possibles antagonismes entre gènes) contraignant ces paramètres et par conséquent peut résulter sur des combinaisons de paramètres impossibles. Une alternative prometteuse, encore peu ou pas explorée, est de **diriger l'étape d'optimisation directement sur les combinaisons alléliques des loci contrôlant les paramètres.** Pour cela il faut tout d'abord connecter le modèle écophysologique à un modèle de génétique quantitative.

La seconde porte sur le changement climatique et l'utilisation de scénario climatiques passés et futurs pour analyser et optimiser les interactions génotype x environnement. Une collaboration avec Agroclim est engagée dans le cadre du projet CLIF (métaprogramme ACCAF). Pour que le modèle puisse décrire de façon satisfaisante l'effet de contraintes abiotiques liées au changement climatique, il est nécessaire d'étudier de façon plus spécifique la réponse de la plante au stress hydrique et aux températures élevées par exemple (projet CAQ40 du métaprogramme ACCAF).

Enfin la troisième porte sur l'épidémiologie de la maladie. L'objectif est de modéliser la pression d'inoculum dans le verger et le risque de contamination d'un fruit au cours de son développement, en lien avec le climat et les pratiques culturales. Cet aspect, abordé dans le cadre d'un projet du métaprogramme SMaCH (Action DAMAGE), est nécessaire pour aborder le système dans son ensemble et prendre en compte l'ensemble des facteurs (outre les caractéristiques du fruit) modulant la probabilité d'infection des fruits.

4.3. Ecole-chercheurs 'Conception d'idéotypes de plantes pour une agriculture durable'

Les travaux présentés en 4.2 et la réflexion conjointe sur la notion d'idéotype m'ont permis de m'impliquer dans la construction et l'organisation de l'école-chercheurs INRA-Cirad 'Conception d'idéotypes de plantes pour une agriculture durable' (22 au 25 octobre 2012), au côté de Philippe Debaeke (INRA Agir Toulouse) et du comité scientifique d'organisation.

La nécessité de mettre en œuvre une conception intégrée d'idéotype s'est vite dégagée comme une évidence. Même si pour beaucoup l'idéotype est une plante/variété/mélange et que ce concept ne s'applique pas au système de culture (dont l'idéotype est un élément), il est apparu absolument nécessaire d'une part que l'ensemble des acteurs soit impliqué dans sa conception et d'autre part que l'ensemble des éléments du système de production, voire de la filière soit adapté à l'idéotype et vice versa. En d'autres termes, l'idéotype doit être adapté à un contexte particulier (adapté à un mode de production, pour un objectif donné dans un environnement défini) et conçu en collaboration avec tous les acteurs. En effet, dans de nombreux cas, l'innovation nécessite plusieurs changements au sein de la filière. Ainsi, l'idéotype naît souvent d'une optimisation des combinaisons Génotype x Environnement x Pratiques et repose sur la valorisation des interactions entre les différentes composantes du système.

Ainsi, la définition d'un idéotype de plante que nous avons proposée lors de l'école est la suivante : **« une combinaison optimale de caractères morphologiques et physiologiques ou de leurs déterminants génétiques conférant à un matériel végétal une adéquation satisfaisante à un environnement, à un mode de production et d'utilisation donné ».**

La définition de l'objectif à atteindre est apparue comme une première étape primordiale à la conception de l'idéotype. C'est aussi une étape délicate qui conditionne le type d'innovation vers lequel on se dirige. Ainsi un choix majeur pour la conception d'idéotypes est son positionnement: (i) dans le régime dominant ou (ii) dans le soutien aux niches d'innovation. Dans le 1er cas, les innovations incrémentales sont privilégiées. Elles consolident la position des acteurs dominants. Les critères d'évaluation des innovations sont dans la continuité du passé. Les chances d'une diffusion rapide des innovations les plus pertinentes sont maximisées. Dans le 2nd cas, des partenaires marginaux sont privilégiés pour préparer un avenir plus incertain. Ces innovations de rupture sont susceptibles de faire évoluer le régime sociotechnique dominant mais il y a incertitude sur le retour d'investissement.

La notion d'acceptabilité de l'innovation a ainsi pris une place importante en toile de fond de nos discussions. Le succès d'une innovation s'explique généralement par des convergences d'intérêts entre différents acteurs économiques : un idéotype définit implicitement un réseau d'acteurs économiques qui va l'adopter et le valoriser. Au contraire, un 'lock in' peut se produire lorsque trop d'acteurs sont impliqués sur le standard qui est en place. Un tel contexte justifie une réglementation qui oriente le progrès génétique. La réglementation et le positionnement des acteurs publics de la R&D (recherche, instituts techniques) sont des politiques incitatives qui peuvent favoriser l'émergence des idéotypes. Le chercheur a un vrai choix de type d'innovation à réaliser (choix de type d'agriculture, de place dans le processus de sélection).

La définition des contraintes liées aux connaissances disponibles mais aussi aux pratiques en place a également suscité de larges débats, notamment en lien avec la méthodologie de l'innovation. Dans nos schémas actuels, l'idéotype est souvent accompagné d'un cahier des charges très détaillé que l'on s'impose spontanément pour ne pas bouleverser une filière, ce qui résulte par conséquent sur un nombre de leviers d'action très contraint et limite l'exploration de stratégies de rupture. Un aperçu de la conception innovante a ouvert nos horizons de réflexion. C'est une méthodologie de conception avec imagination et déviance qui doit permettre d'explorer des espaces de valeurs originaux, de conduire des raisonnements créatifs, de générer de nouvelles alternatives... pour sortir d'une conception réglée linéaire.

Les différentes interventions ont fait état de nombreuses connaissances et méthodes et de nombreux outils et permis d'identifier des compétences multiples. Ce tissu très riche semble pouvoir porter de nouvelles initiatives de collaborations à l'instar de groupes multidisciplinaires déjà opérationnels. Les interventions ont également révélé de nombreuses perspectives liées aux nouvelles technologies. Enfin, elles ont permis d'identifier un certain nombre de verrous de connaissances, technologiques, méthodologiques, qui constituent des freins à la conception d'idéotypes. Parmi les plus perceptibles, on peut citer le changement climatique (climat des années de culture), la disponibilité de modèles épidémiologiques, la prédiction de maladies émergentes, les possibilités de phénotypage (notamment multi-environnement) et la prédiction du comportement des variétés (interaction GxExM), la complexité du contrôle génétique des caractères d'intérêt et son intégration dans des modèles de prédiction, et enfin la prévision des débouchés (surtout pour les niches).

Du fait de ces lacunes et de la progression rapide des fronts de science, le processus de conception repose sur l'interaction du connu et de l'inconnu. Les nouvelles connaissances produites doivent pouvoir réintégrer le processus de conception qui est un processus itératif. L'idéotype lui-même est un 'idéal' en évolution. Ce caractère évolutif et itératif du processus apparu comme essentiel est un point qu'il a été difficile de transcrire dans le schéma conceptuel retraçant la conception d'idéotype. Par contre une attention particulière a été portée au rôle des différentes disciplines dans la conception d'idéotypes.

A la suite de cette école, s'est tenu un séminaire 'Ideotypes variétaux' du GIS GCHP2E à l'occasion duquel ce schéma de conception a été retravaillé par me comité scientifique du séminaire (*Annexe 13*). **Une démarche en trois grandes étapes est proposée pour construire des idéotypes de plantes.** La

première étape ('Objectifs') consiste à définir un ou plusieurs cahiers des charges pour les idéotypes de plantes, la deuxième étape ('Conception') consiste à concevoir puis à construire des idéotypes susceptibles de répondre à ce(s) cahier(s) des charges et la troisième étape ('Evaluation') consiste à évaluer l'adéquation des idéotypes construits avec les cahiers des charges précédemment définis. Le processus n'est pas linéaire, les étapes de construction-évaluation donnent lieu à des boucles de progrès, les idéotypes pouvant évoluer selon les résultats de leur évaluation.

L'organisation de cette école, l'école elle-même et la réalisation de plusieurs communications orales à la suite de l'école ont constitué une expérience très enrichissante. Elle se poursuit d'ailleurs pour moi par la co-coordination d'un ouvrage de synthèse de l'école en français (en cours) et la rédaction d'un chapitre d'ouvrage international (2^{nde} édition _ Crop Physiology : Applications for genetic improvement and agronomy. Sadras V. & Calderini D. (Eds) _ en cours).

Ma contribution a essentiellement porté sur les aspects d'intégration du contrôle génétique dans les modèles écophysio-logiques et d'optimisation des interactions génotype x environnement x pratiques pour la conception d'idéotypes adaptés à des systèmes de culture durables. **Un schéma idéal serait de réussir à coupler les différents modèles décrivant le fonctionnement de la plante et son interaction avec les pathosystèmes sous l'influence du climat et des pratiques culturales, avec un modèle de génétique quantitative décrivant l'architecture génétique des composantes d'intérêt.** Une première étape d'optimisation du génotype et des pratiques doit permettre de concevoir des idéotypes (assemblage d'allèles dans un génotype) et des pratiques culturales adaptés à un environnement cible et à un système de culture. Une seconde étape d'optimisation portant sur les schémas de croisements doit ensuite permettre d'obtenir, selon le matériel végétal disponible, des génotypes proches des idéotypes.

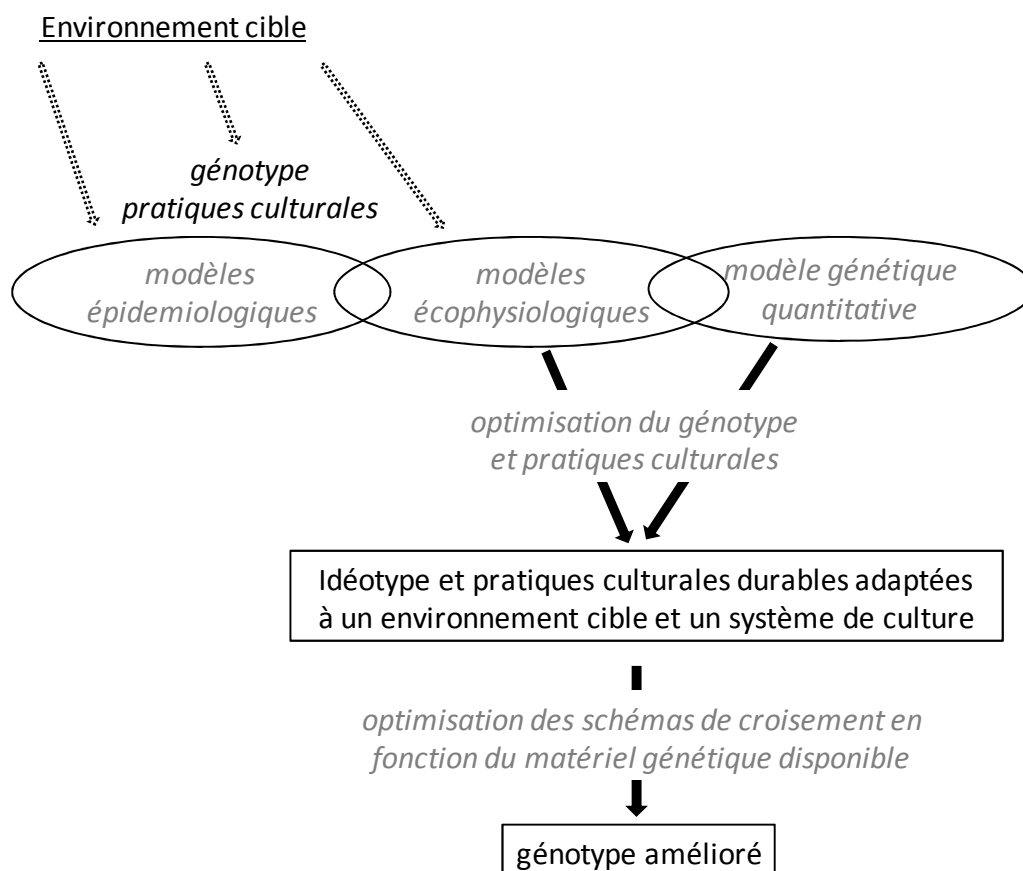


Fig.19_ Schéma conceptuel décrivant une démarche intégrée, assistée par la modélisation et l'optimisation, de conception d'idéotypes de plantes associés à des pratiques culturales durables

Conclusions et perspectives

Depuis mon recrutement au GAFL, j'ai construit un réseau de collaborations et développé mes activités de façon à construire, à termes, un modèle intégré de conception d'idéotypes de pêcheurs adaptés à une agriculture durable. Mes activités ont permis d'acquérir de nouvelles connaissances sur le contrôle génétique de la qualité des fruits chez la pêche, d'améliorer l'intégration de l'information génétique dans les modèles écophysiologiques, de progresser dans la description et la modélisation de l'accumulation des sucres dans le fruit et de développer une méthodologie de conception d'idéotypes, appliquée au cas du couple pêcheur-monilioses.

Les perspectives de mes travaux s'inscrivent dans la continuité des travaux engagés récemment. Les caractéristiques du matériel végétal, la lourdeur du phénotypage de caractéristiques écophysiologiques sur des populations en ségrégation et les traitements statistiques des données nécessaires à posteriori pour alimenter les modèles étirent nos travaux dans le temps et nous forcent à l'anticipation. La frontière entre travaux actuels et perspectives est donc floue...

Avec les 4 volets présentés plus haut, j'ai préparé les fondements de mes activités à venir. Je ne pense pas abandonner définitivement un des volets dans la mesure où ils constituent pour moi un équilibre entre recherche théorique et appliquée, un moyen de rester en lien avec différentes communautés scientifiques (génétique, intégration) et de participer au développement de démarches innovantes.

Le volet 1, ainsi que la réflexion sur l'intégration des différentes disciplines via la modélisation, constituent une toile de fond plus ou moins colorée au grès des collaborations et rédaction d'articles.

Le volet 2 reste pour moi une priorité pour finaliser et valoriser les travaux passés. L'enjeu pour les années à venir est de simuler des génotypes, fussent-ils virtuels, issus d'un brassage de gènes (croisement, recombinaison, mutation...). Et pourquoi ne pas réfléchir également à la prise en compte de matériel multi-allélique pour bénéficier de la variabilité cachée dans les collections... Dans le cadre du projet FruitBreedomics des core-collections seront constituées à partir de collections de 4 pays différents (France, Espagne, Italie, Chine), génotypées par une puce 9k SNP. Il faudra réfléchir à la valorisation de ce nouveau type de matériel dans nos approches.

Cependant il apparaît évident que dans les 2 prochaines années la priorité sera donnée aux volets 3 et 4 avec d'une part la thèse d'Elsa Desnoues, qui a commencé au 1^{er} Octobre 2011, sur l'accumulation des sucres dans le fruit, et d'autre part le projet européen FruitBreedomics (2011-2015) et la thèse de Léandro de Oliveira Lino qui va débiter (2013-2016) sur les aspects pêcheur-monilioses.

De mon point de vue, l'enjeu pour les années futures est double. Il s'agira tout d'abord de parvenir à identifier les déterminants génétiques (QTL spécifiques) des interactions génotype x environnement x pratiques culturales et de pouvoir les simuler correctement. Cela passera indubitablement par un phénotypage dans des environnements contrastés bien caractérisés, voire contrôlés. Il devient donc urgent, pour nos travaux, de prévoir la plantation de descendances ou collections en différents sites expérimentaux.

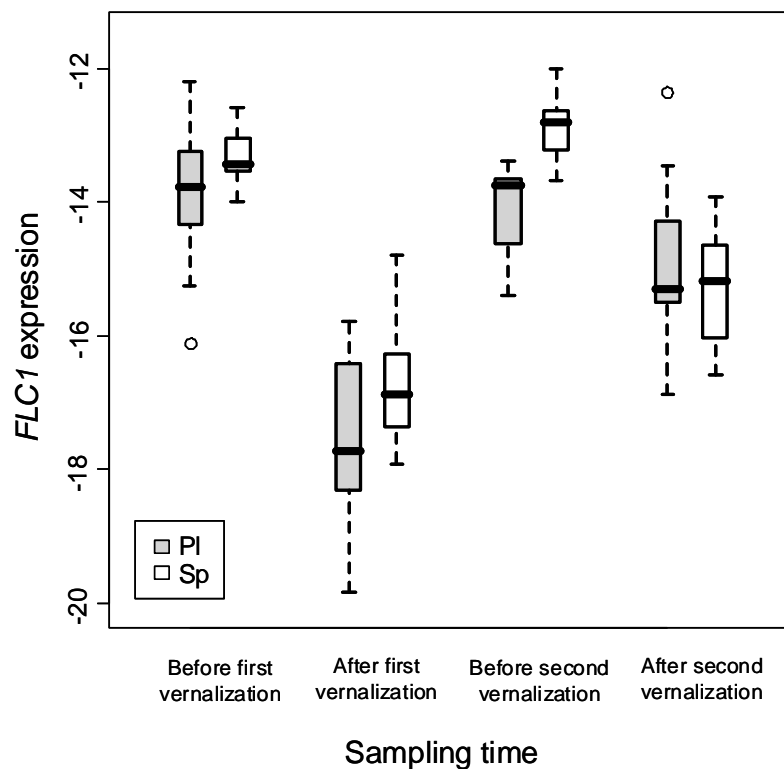
Il s'agira également de progresser dans l'interfaçage entre les modèles de génétique quantitative et les modèles écophysiologiques afin de pouvoir véritablement mener à bien l'étape d'optimisation sur les combinaisons d'allèles à assembler dans une variété.

Annexe 1

Role of vernalization and of duplicated *FLOWERING LOCUS C* in the perennial *Arabidopsis lyrata*

Ulla Kemi¹, Anne Niittyvuopio¹, Tuomas Toivainen^{1,2}, Anu Pasanen¹, Bénédicte Quilot-Turion^{1,3}, Karl Holm⁴, Ulf Lagercrantz⁴, Outi Savolainen^{1,2} and Helmi Kuittinen¹

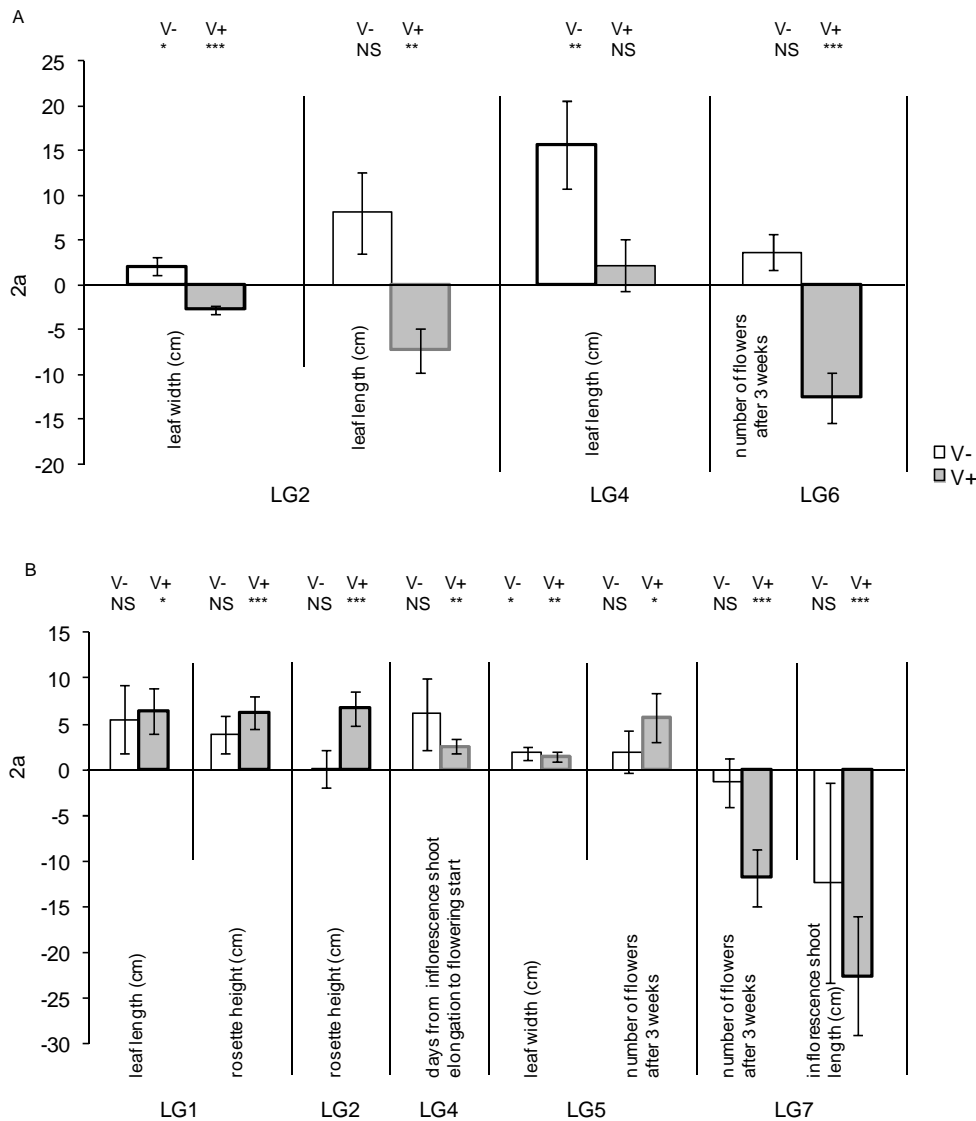
¹Department of Biology, University of Oulu, PO Box 3000, FIN-90401, Oulu, Finland; ²Biocenter Oulu, University of Oulu, 90014, Oulu, Finland; ³INRA, UR1052 Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes, F-84143, Montfavet, France; ⁴Department of Ecology and Genetics, Evolutionary Biology Centre, Uppsala University, Norbyvägen 18D, SE-752, 36 Uppsala, Sweden



Expression levels of FLOWERING LOCUS C 1 (FLC1) in Plech (PI; gray) and Spiterstulen (Sp; white) populations of *Arabidopsis lyrata* before and after two successive vernalization treatments. Both vernalization treatments lasted for 8 wk and between the treatments, the plants were allowed to flower for 3.5 months in a photoperiod of 20 h at 22°C. The expression was measured by qPCR and normalized with expression of b-TUBULIN6 (TUB6) and the regression coefficient 0.53 was used (normalized FLC1 expression = 0.53 9 Ct TUB6 _ Ct FLC1). The median is indicated by the thick line, lower and upper quartiles by boxes and outliers by dots.

Genetic changes in flowering and morphology in response to adaptation to a high-latitude environment in *Arabidopsis lyrata*

Bénédicte Quilot-Turion^{1,*}, Johanna Leppälä^{1,2,†}, Päivi H. Leinonen¹, Patrik Waldmann^{1,‡},
Otti Savolainen^{1,2} and Helmi Kuittinen^{1,2}



Direction and significance of additive effects (+ 2 s.e., difference between homozygotes) for (A) QTL with significant QTL × vernalization interactions and (B) QTL detected with the effect of vernalization taken into account as an additive covariate (plants from the two treatments analysed jointly). Positive values: Spiterstulen alleles promote flowering (earlier flowering and greater inflorescence or flower number) and leaf size (greater leaf dimensions). NS, P . 0.05; *, P, 0.05; **, P, 0.01; ***, P, 0.001; ****, P, 0.0001. Non-vernalized (V-) and vernalized (V+) as indicated. Whether the additive effect is in the same (thick black line) or different (thick grey line) direction as in the parental populations is indicated when significant.

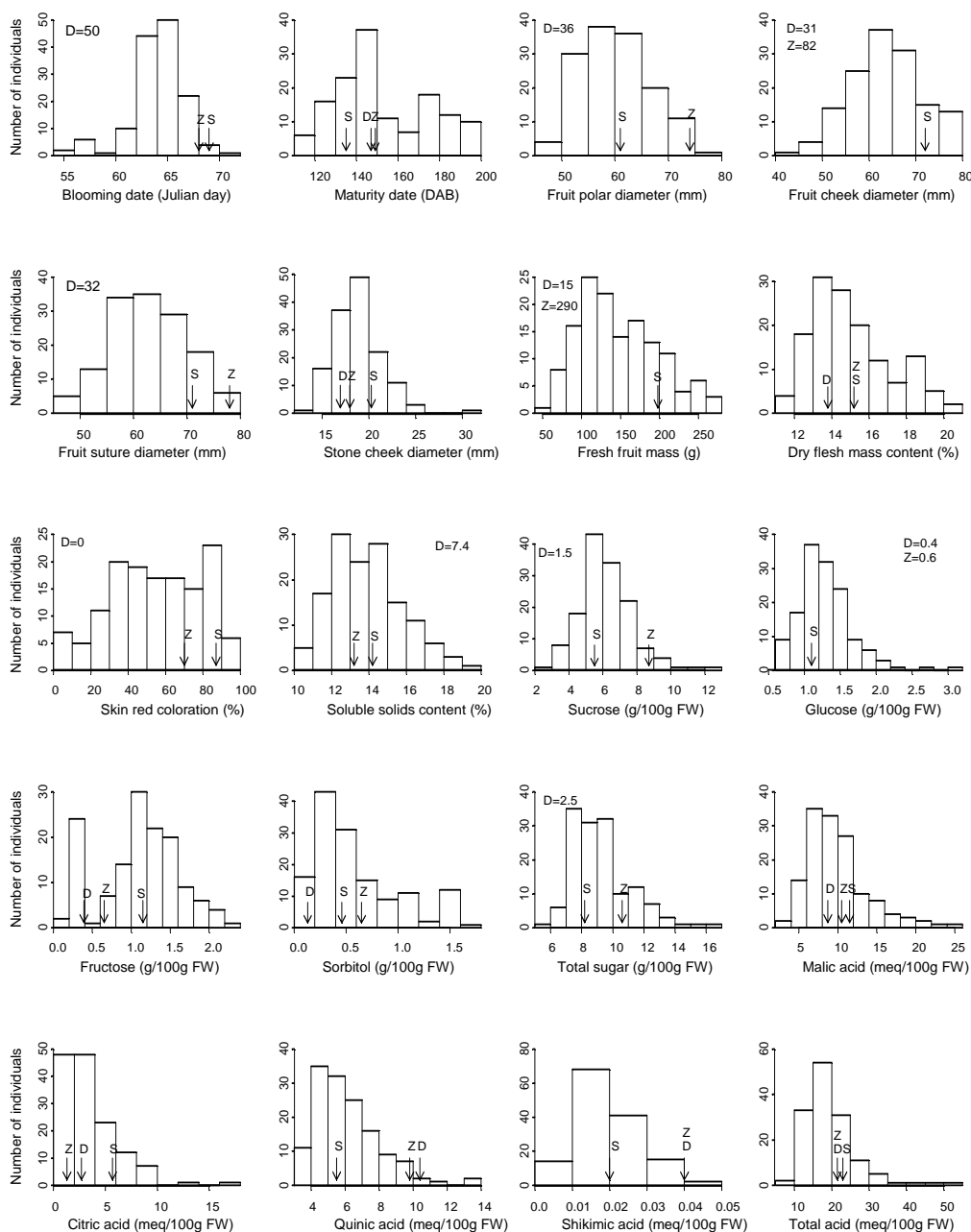
Annexe 3

Theor Appl Genet (2004) 109: 884–897
DOI 10.1007/s00122-004-1703-z

ORIGINAL PAPER

B. Quilot · B. H. Wu · J. Kervella · M. Génard ·
M. Foulongne · K. Moreau

QTL analysis of quality traits in an advanced backcross between *Prunus persica* cultivars and the wild relative species *P. davidiana*

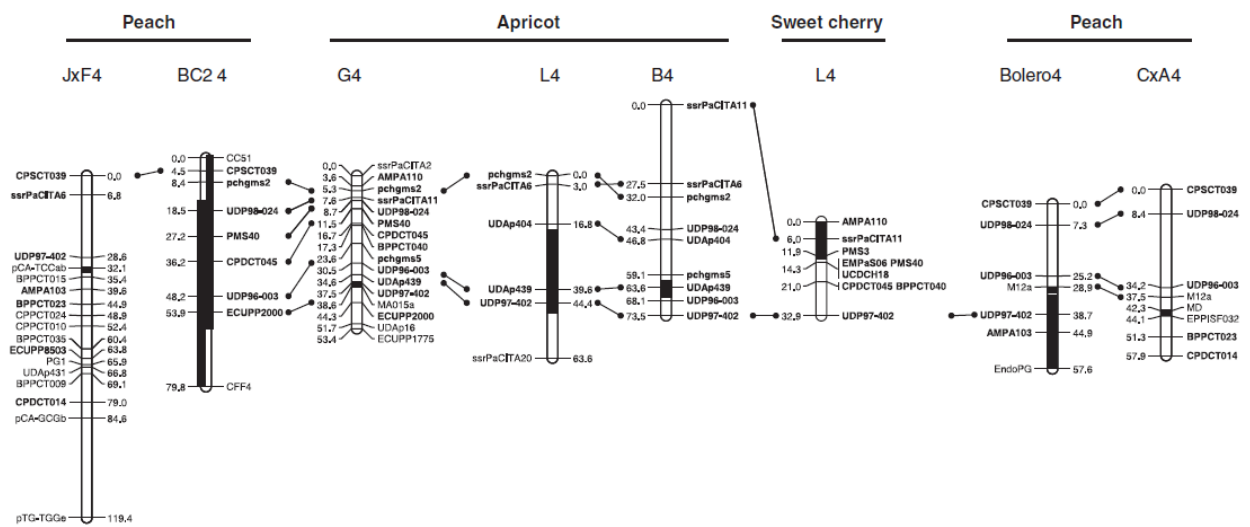


Distribution of peach fruit traits measured on 140 BC2 progenies in 2002. The distribution was calculated using one mean value per genotype averaged on three to five replications. The values for the 'Summergrand' (S), 'Zéphyr' (Z) and *Prunus davidiana* (D) are indicated by arrows.

ORIGINAL ARTICLE

Comparison of the genetic determinism of two key phenological traits, flowering and maturity dates, in three *Prunus* species: peach, apricot and sweet cherry

E Dirlwanger¹, J Quero-García¹, L Le Dantec¹, P Lambert², D Ruiz², L Dondini³, E Illa⁴, B Quilot-Turion², J-M Audergon², S Tartarini³, P Letourmy⁵ and P Arús⁴



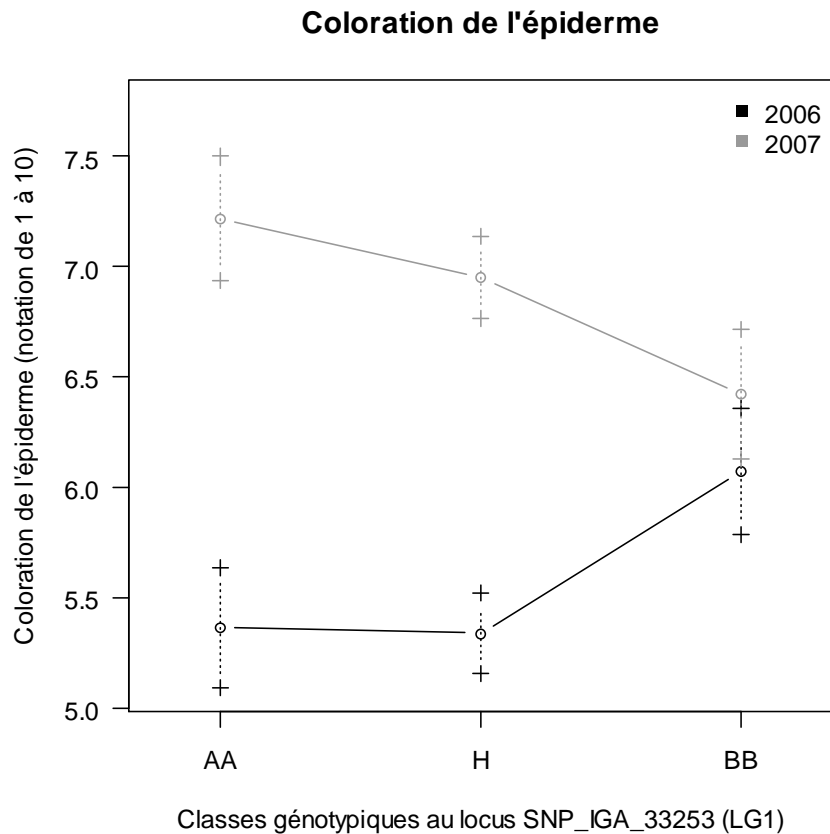
Location of QTLs controlling maturity date on LG4 detected in peach, apricot and sweet cherry by using the multiple environment function of MultiQTL. Common markers between linkage groups are in bold, those common between adjacent linkage groups are linked by lines. Solid bars indicate the confidence intervals estimated on 1000 bootstrap samples. QTLs controlling maturity date in the peach ‘Bolero’ and ‘Contender_Ambra’ F2 progeny detected in 2007 and 2008 are also indicated (Eduardo et al., 2011).

Annexe 5



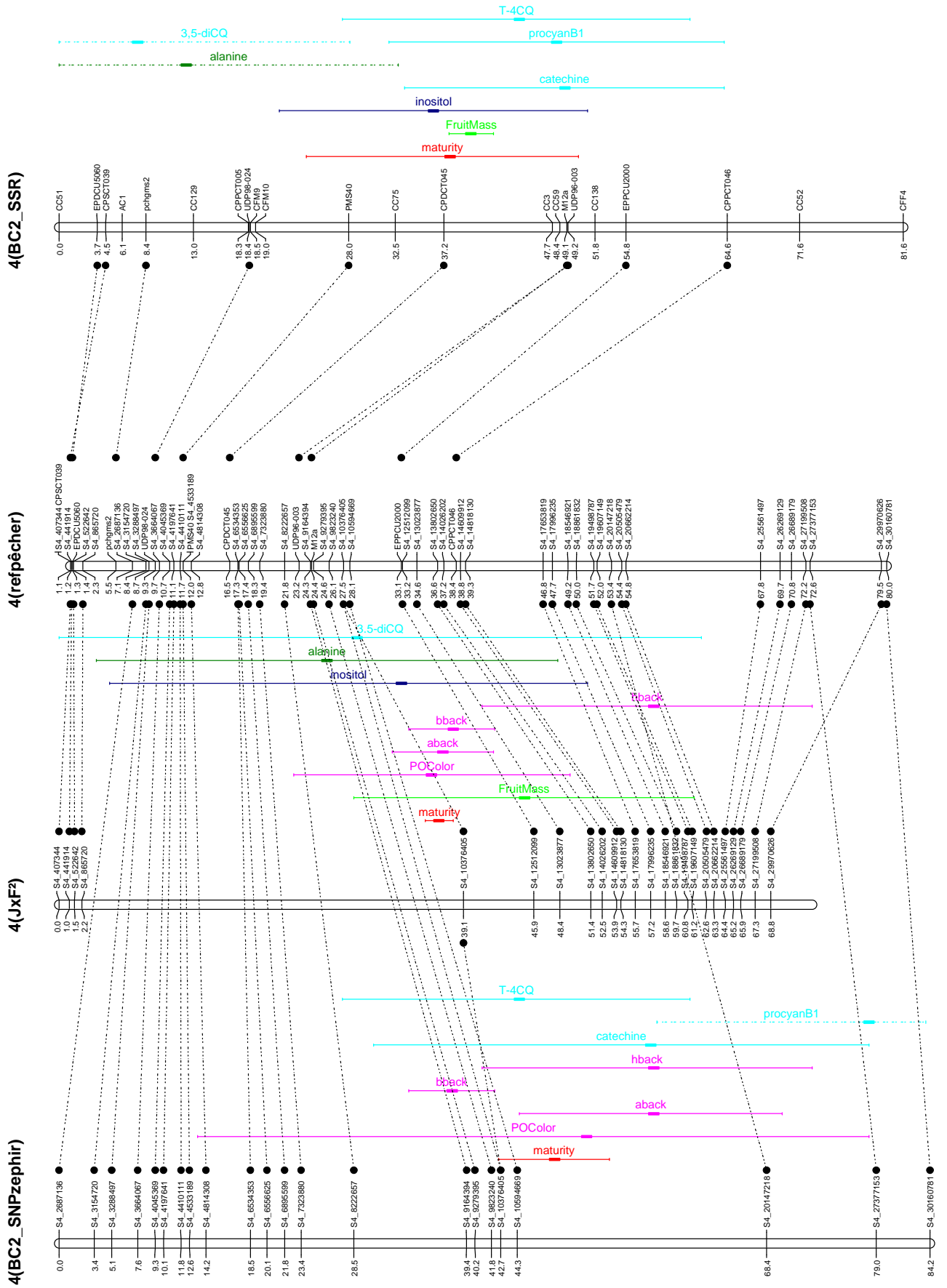
Matrice de corrélations entre les variables phénotypées pour la population BC2 (données moyennes sur les 2 années). Les carrés rouges indiquent une corrélation positive, et les carrés verts représentent une corrélation négative. Les corrélations inférieures à 0.5 en valeurs absolues ne sont pas indiquées.

Annexe 6



Effet du locus SNP_IGA_33253 sur le caractère « Coloration de l'épiderme » (notation visuelle du pourcentage de coloration de l'épiderme) dans la population JF² en fonction de l'année. Au locus SNP_IGA_33253 sur le GL1, un QTL est détecté avec un LOD de 6.2. L'allèle B a un effet moyen, à peu près stable entre les 2 années tandis que l'allèle A montre un effet très dépendant de l'année ; en 2006 les individus homozygotes A sont peu colorés, moins que les individus homozygotes B alors qu'en 2007 il y a inversion de cette tendance.

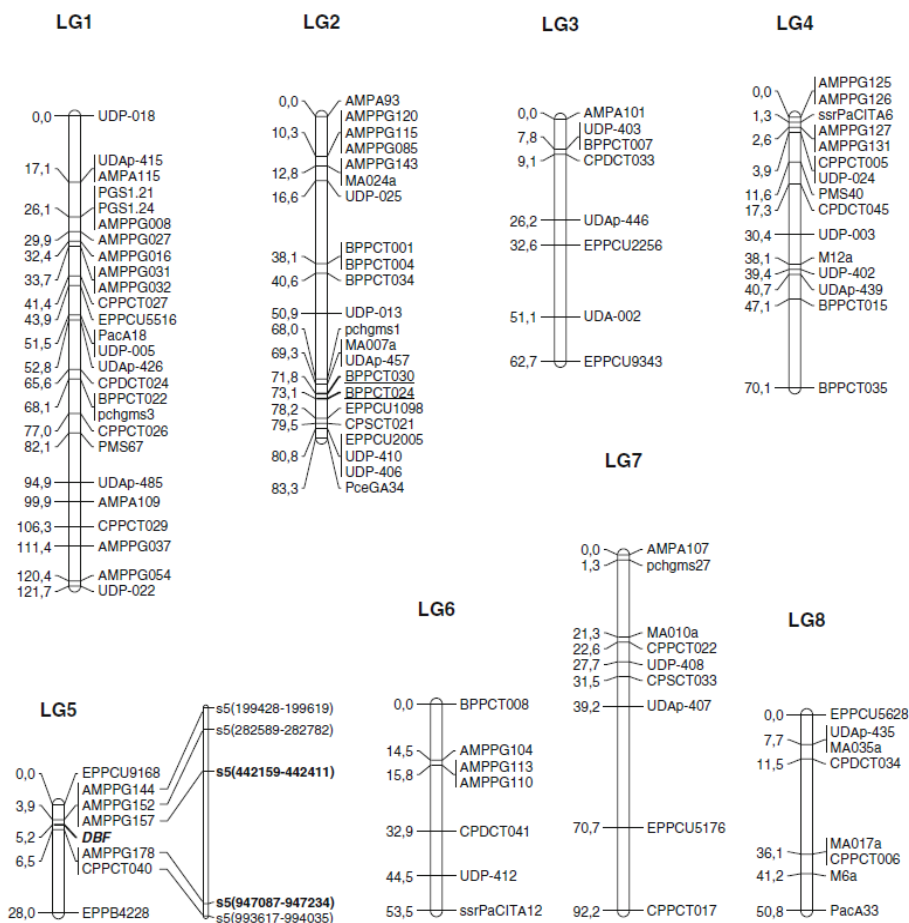
Annexe 7



Characterization and genetic mapping of a new blood-flesh trait controlled by the single dominant locus *DBF* in peach

Zhijun Shen · Carole Confolent · Patrick Lambert ·
Jean-Luc Poëssel · Bénédicte Quilot-Turion · Mingliang Yu ·
Ruijuan Ma · Thierry Pascal

Fig. 6 Linkage map of ‘D6090’ derived from the ‘Honey Blaze[®]’ × ‘D6090’ population. Markers at inverted positions compared to T × E map are underlined. *DBF* on LG5 is the blood-flesh phenotype. Positions on the peach genome scaffold_5 of SSRs closed to *DBF* are noted at the right of LG5



Annexe 9

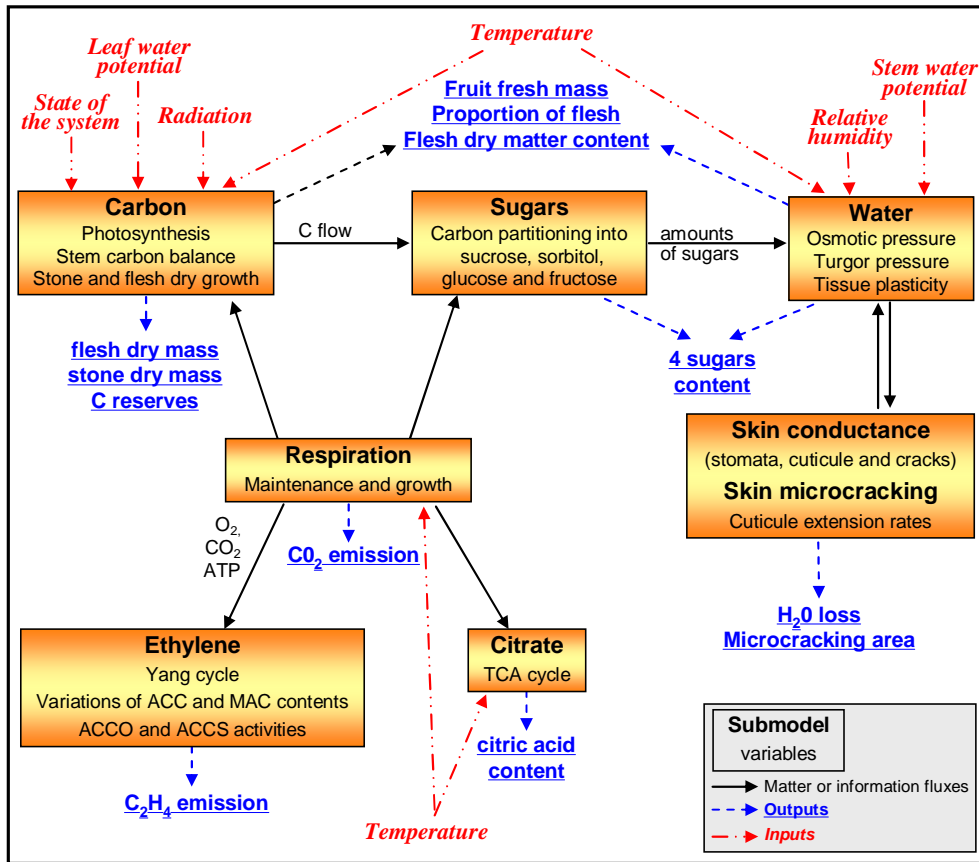
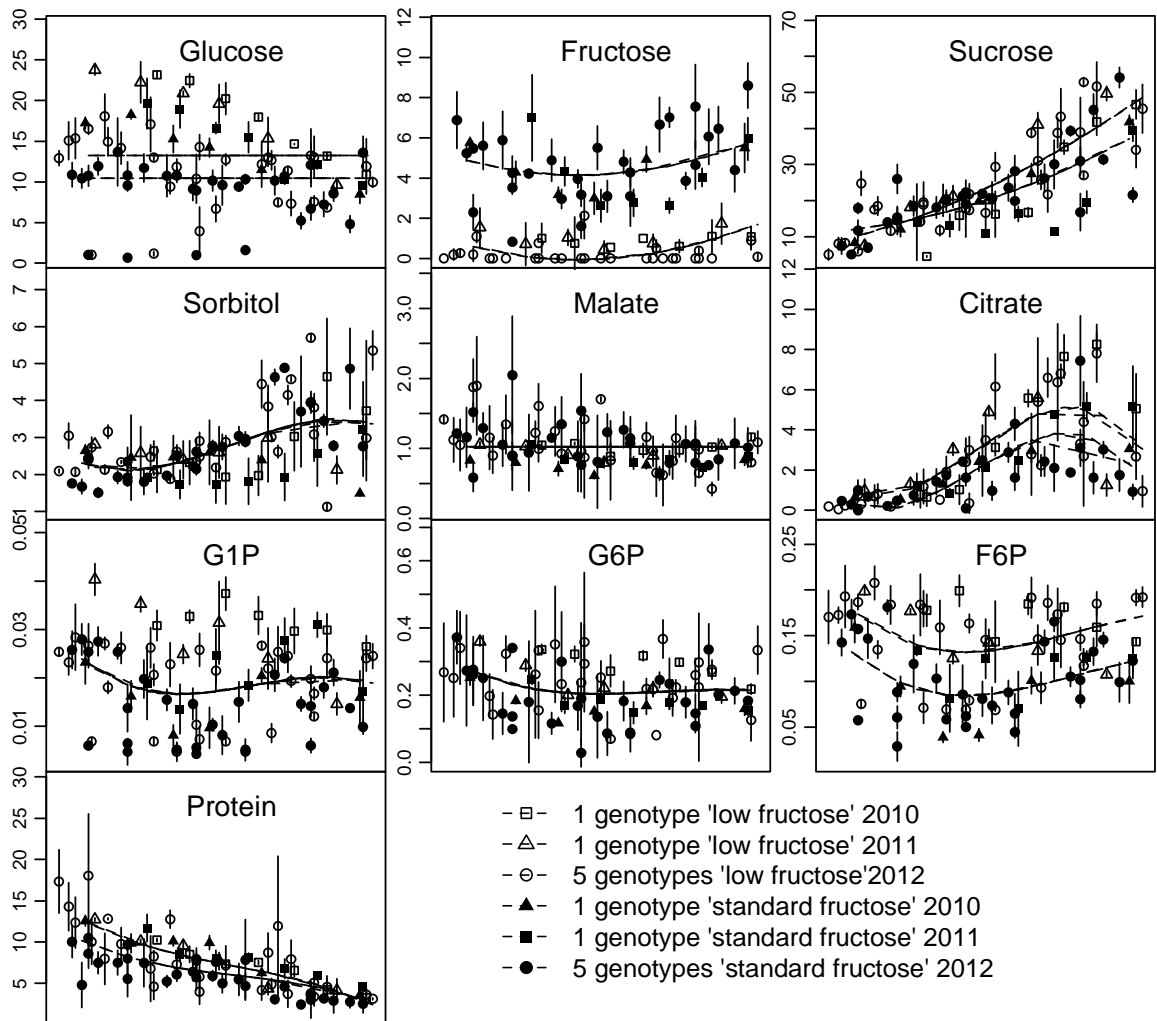


Schéma représentant le Fruit Virtuel³³ et les relations entre les sous-modèles. Les sous-modèles simulent l'équilibre carboné au sein du rameau mixte, les métabolismes des sucres et de l'acide citrique au sein du fruit, les flux d'eau dans le fruit, la conductance cuticulaire et l'appartition de micro-fissures, la respiration du fruit et le métabolisme de l'éthylène. Les entrées (en rouge) sont des données climatiques, le potentiel hydrique du rameau et l'état initial du système. Les sorties (en bleu) sont l'amasse d'un fruit et du noyau, les teneurs en sucres et acides, la densité de micro-fissures et l'émission de gaz.

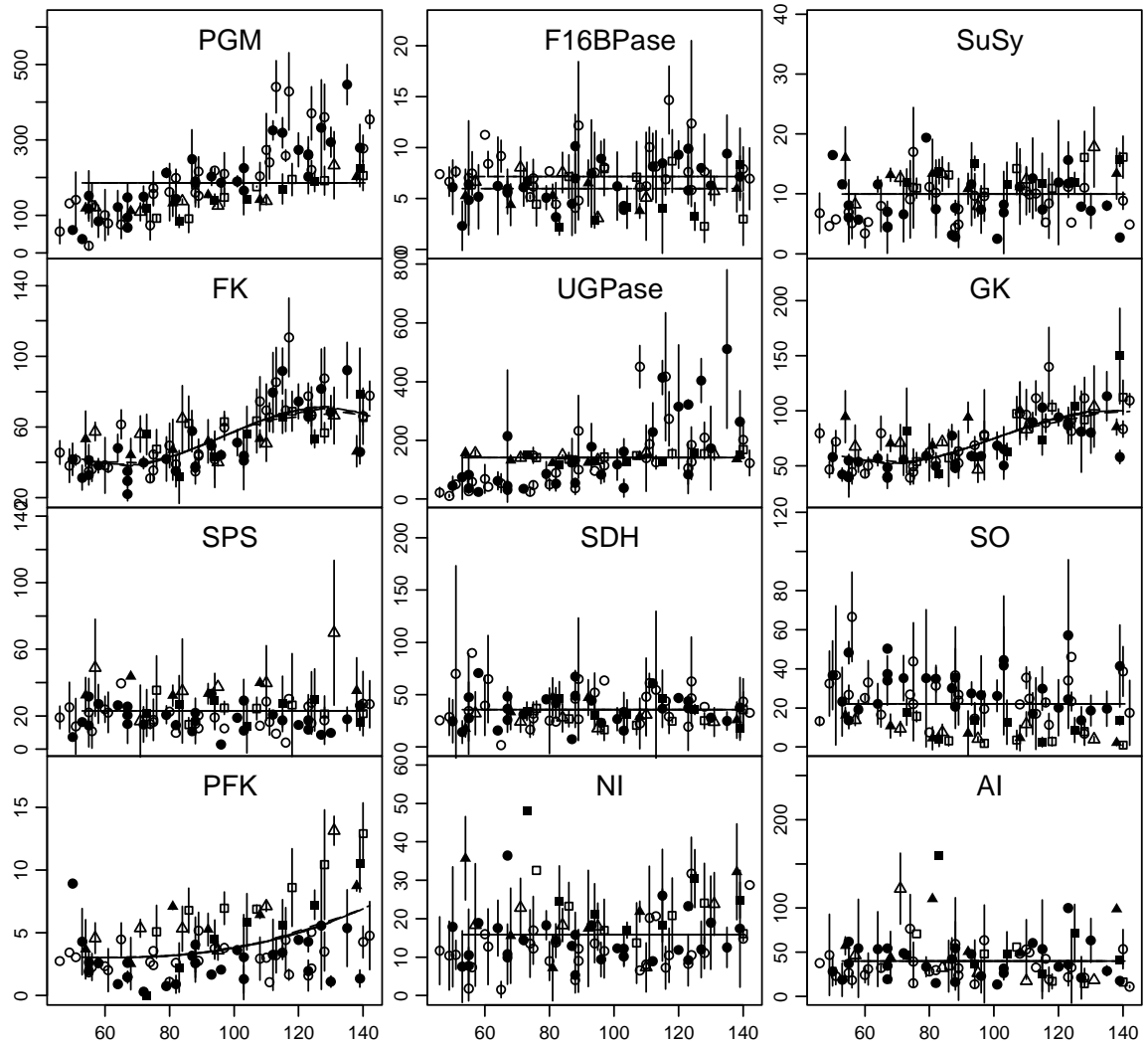
³³ Génard et al., 2010. *The Plant Journal* 62: 344-355.

Annexe 10

a)



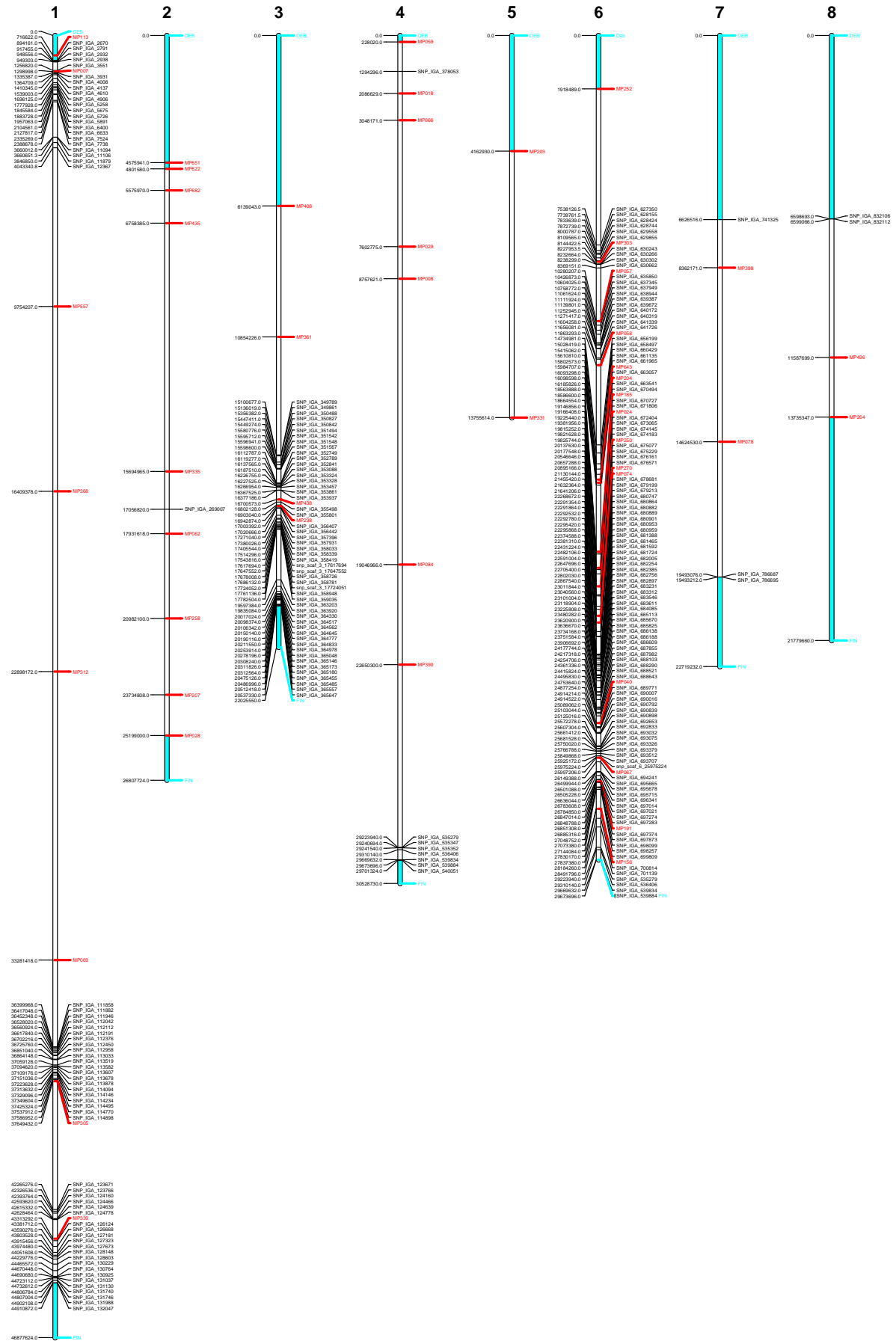
b)



Change of metabolites concentration in mg/g FW (a) and enzymatic activities in nmol/gFW/min (b) during fruit development for 10 genotypes of the BC2 population.

Symbols represent the mean of biological replicates with standard deviation. Lines are fitted linear model by GLMM that taking into account the difference between 'low fructose' and 'standard fructose' genotype, the kinetic variation during the fruit development and the interaction between twice when there are significant (p -values < 0.05).

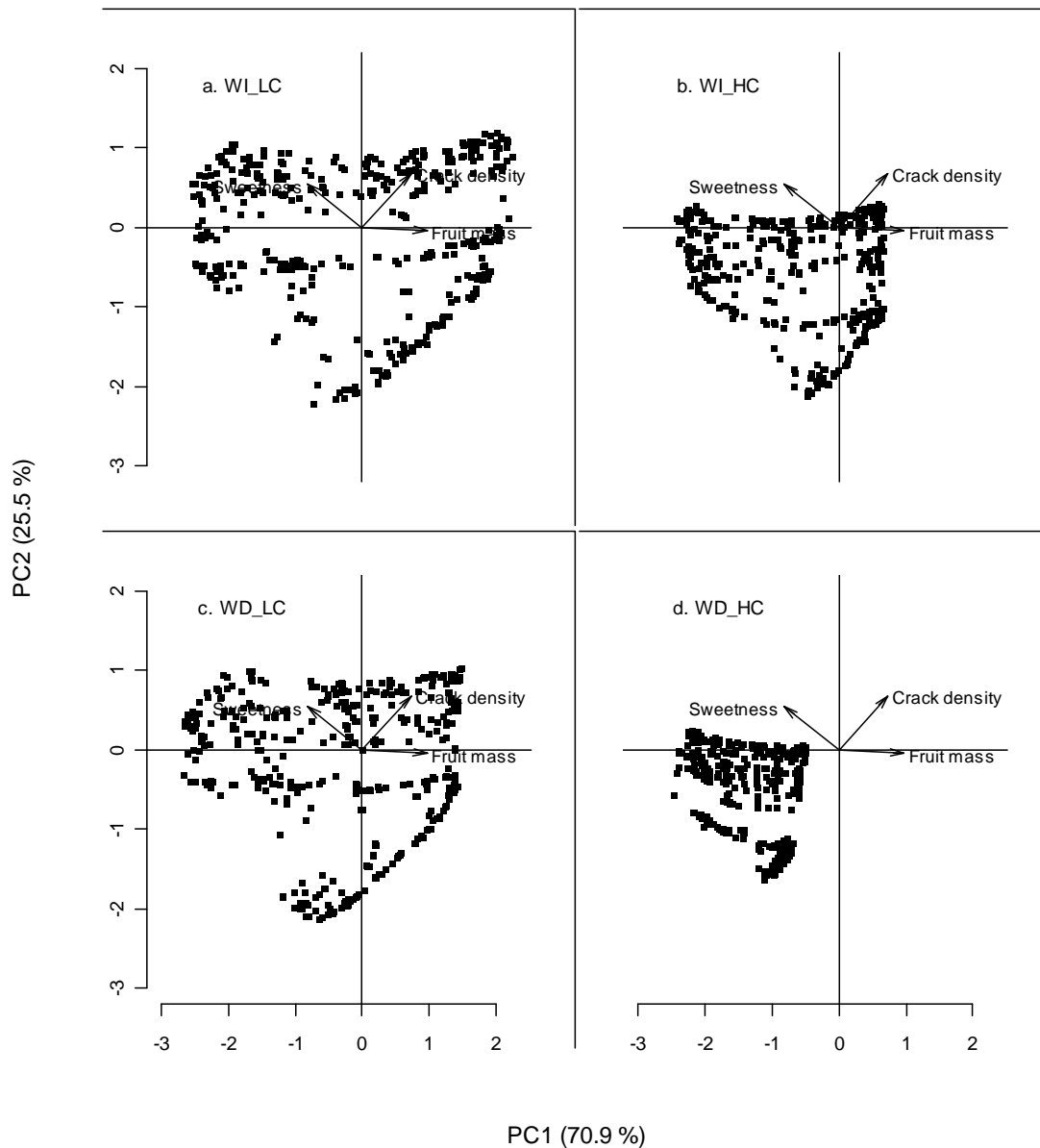
Annexe 11



Positionnement physique des marqueurs polymorphes disponibles pour construire une carte génétique de la population d'autofécondation de Bolinha. Les marqueurs SNP (en noir) sont déjà génotypés pour la population. Certains marqueurs SSR (en rouge) seront génotypés pour combler les vides.

Annexe 12

The challenge was to optimize the tradeoff between antagonistic criteria of major importance for both fruit quality (increasing fruit mass and sweetness) and sensitivity to brown rot (decreasing skin density of cracks) in four different cultural scenarios. A multiobjective evolutionary algorithm, namely NSGA-II, was applied to solve this multiobjective optimization problem based on the 'Virtual Fruit'. The optimized variables were six parameters of the 'Virtual Fruit', selected on the basis of a sensitivity analysis³⁴.



Dispersal of the optimized populations (400 phenotypes) for each of the 4 scenarios added on the first two PC plan of a PCA analysis carried out on the criteria of the optimized population in the WI LC scenario only (well irrigated (WI); water deficit (WD); low (LC) and high (HC) crop loads).

³⁴ Quilot-Turion B. et al. 2012. *European Journal of Agronomy* 42: 34-48

Annexe 13

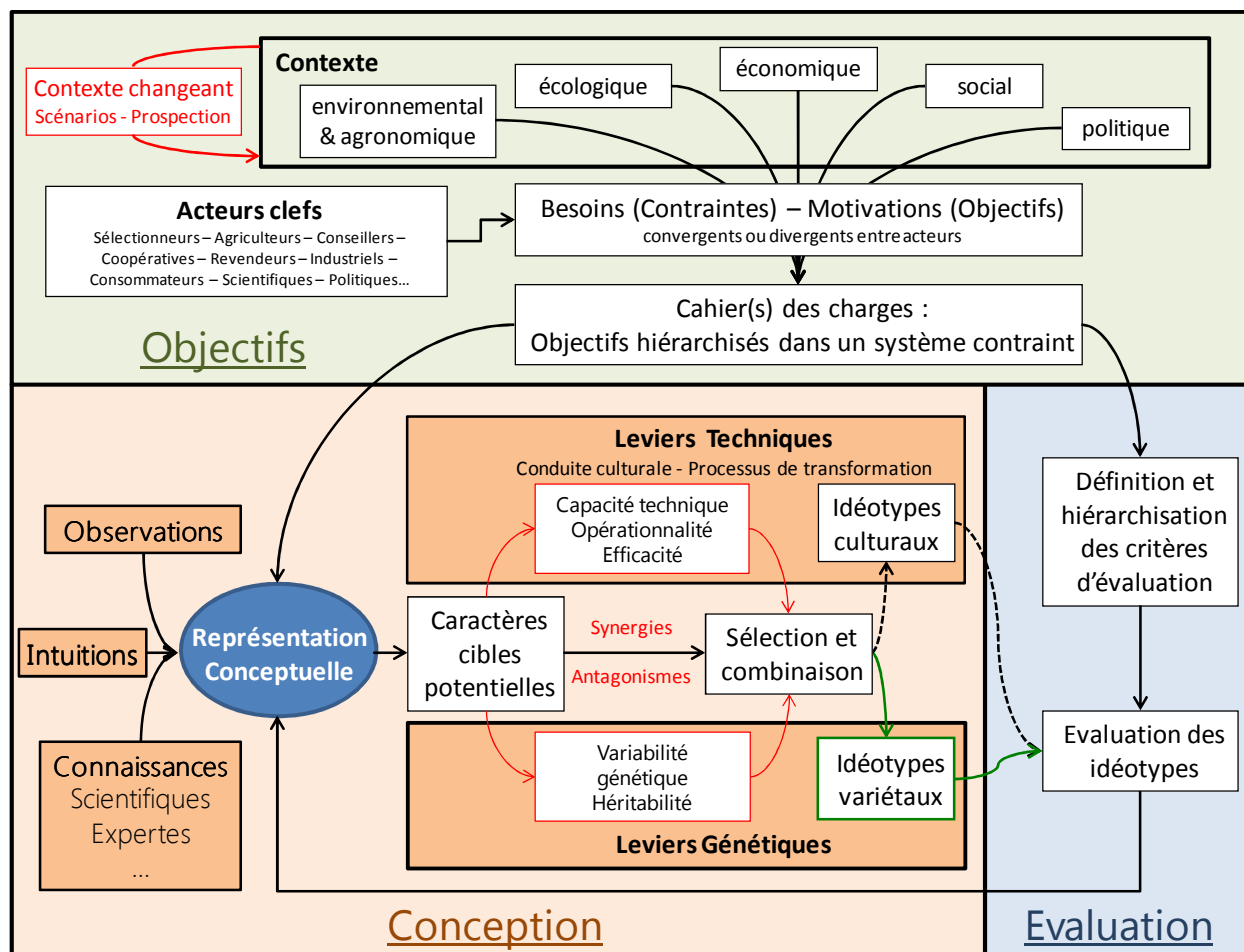


Schéma conceptuel proposant une démarche en trois grandes étapes pour la conception et l'évaluation d'idéotypes de plantes. Ce schéma ébauché lors de l'école-chercheurs 'Conception d'idéotypes de plantes pour une agriculture durable' a ensuite été retravaillé à l'occasion du séminaire 'Ideotypes variétaux' du GIS GCHP2E.

<http://www.gchp2e.fr/Actions-thematiques/Innovations-varietales/Seminaire-ideotypes>