



PROPOSITION DE STAGE 2022-2023

Le GIS Fruits souhaite soutenir des stages étudiants de 6 mois, niveau Master 2 sur le thème des fruits et offre pour cela de financer des bourses de stages réalisés dans des labos INRAE. Le sujet proposé doit :

- i) s'inscrire dans les axes thématiques du GIS,
- ii) être construit en partenariat entre au moins 3 membres du GIS*,
- iii) le stagiaire doit être encadré par un maître de stage INRAE.

* Les trois partenaires proposant le stage ne doivent pas appartenir à la même unité.

>Axes thématiques du GIS : <http://www.gis-fruits.org/Le-GIS-Fruits/Axes-thematiques>

>Partenaires du GIS : <http://www.gis-fruits.org/Le-GIS-Fruits/Membres-fondateurs>

Organismes partenaires : (1) INRAE (2) CEP (3) Institut Agro

Dont l'école membre du GIS le cas échéant : Institut Agro

Lieux du stage : INRAE PACA, UR 1052 – Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes

Durée : 6 mois

Dates : début possible de janvier à mars

Niveau : Stage de fin d'études BAC + 5 (Option Ingénieur, ou Master 2)

Profil du stage : Recherche appliquée

INTITULE DU STAGE : Optimisation de la SAM pour des caractères d'adaptation et de sensibilité aux bioagresseurs chez l'abricotier - Validation et Robustesse de marqueurs issus des travaux de prébreeding et déploiement dans des populations de Breeding

Contexte et problématique :

Les espèces fruitières jouent un rôle structurant dans l'agriculture française, elles participent positivement à la balance commerciale, structurent le paysage à l'échelle nationale, et leurs produits contribuent aux démarches 'One Health' dans laquelle s'inscrivent les enjeux alimentation-santé pour la population. Ces atouts sont néanmoins fragilisés par des déséquilibres structuraux induits notamment par le changement climatique et par l'implémentation de démarches agro-écologiques dont la traduction n'a peut-être pas été suffisamment anticipée dans les pratiques culturales et dans l'élaboration de matériels végétal adaptés. Ces problématiques mettent les filières produits sous tension, notamment quand la recherche de solutions à ces situations complexes réside dans le développement et le déploiement de matériel végétal adapté pour des espèces à cycle long.

Dans le cas de l'abricotier, le contexte économique est porteur avec un élargissement de la période de production et des perspectives de diversification. Mais le changement climatique est déjà très sensible, il renforce les aléas de production que connaissaient les producteurs en terme d'adaptation locale sans qu'existe des indicateurs fiables pour en minimiser les risques. Quant aux stress biotiques, les enjeux pèsent fortement sur la maîtrise de maladies qui vont induire le dépérissement des arbres comme l'ECA et le Chancre bactérien (Omriani et al., 2019), ou de maladies qui vont altérer ou annihiler les capacités de production comme le monilia sur fleurs et la rouille (Brun et al., 2012, Tresson et al., 2020) d'autant que les possibilités de traitements phytosanitaires se réduisent. Concrètement la mise en perspective de la filière ne sera durable que si et seulement si la régularité de production, la qualité des fruits et la résistance aux bioagresseurs accompagnent les évolutions variétales dans une logique préservant la diversité génétique.

Les travaux d'innovation variétale engagés intègrent d'ores et déjà la sélection assistée par marqueurs (SAM) à un stade de breeding pour l'auto-fertilité et la résistance à la sharka. Les travaux de recherche conduits actuellement ont permis de caractériser partiellement les déterminants complexes de la qualité des fruits, la sensibilité au chancre bactérien, au monilia sur fleur, et à la rouille mais ils n'ont jusqu'alors pas été

testés et validés à des fins de sélection et ou de caractérisation variétale, et ils sont loin d'être mobilisables pour piloter les programmes d'innovation variétale dans un cadre multicaractère.

Dans ce contexte, et à côté de l'approche sélection génomique traitée par ailleurs, nous désirons profiter de ces acquis pour valider et déployer la SAM, pour le contrôle de ces caractères à enjeux dont les approches en GWAS et en analyse de liaison nous ont permis l'identification de régions d'intérêt.

En s'appuyant au plan moléculaire, sur les données de marquage acquises sur des descendances biparentales ciblées, sur les données de marquage en Capture en cours d'acquisition sur la collection de ressources génétiques (700 accessions), et sur les sets de SNP issus de travaux de re-séquençage conduits sur un ensemble de cultivars (150) représentatifs de la diversité de l'espèce,

En s'appuyant au plan phénotypique, sur des données liées à la phénologie (projet CasDar Régularité), et à la sensibilité au chancre bactérien (projet CasDar Résibac),

Notre stratégie vise à passer de la détection de QTLs à l'identification de marqueurs utilisables en sélection, dans une démarche où la robustesse des marqueurs devra être validée sur une collection de ressources génétiques et sur des populations dérivées des parents déjà identifiés issus des programmes de prébreeding et breeding conduits en partenariat avec CEP Innovation.

Objectifs généraux du stage / Résultats attendus :

Le travail proposé dans le cadre du stage consistera, à rechercher et valider des marqueurs portant prioritairement sur les données de phénologie (date de floraison, date de maturité), et sur la sensibilité aux maladies (principalement chancre bactérien, monilia, rouille).

L'étudiant participera au phénotypage et sera amené à valoriser des données déjà acquises. Il sera amené à mobiliser des résultats de phénotypage en cours d'acquisition sur une core-collection conduite sous faibles intrants phytosanitaires sur le domaine INRAE de Gotheron, sur la collection de ressources génétiques maintenue sur le domaine INRAE AHM de l'Amarine, et sur des populations biparentales de Prébreeding et Breeding disponibles auprès de CEP innovation.

Pour le génotypage, il aura à sa disposition des données de génotypage profond acquises pour la core-collection (150 accessions), des données en cours d'acquisition par Capture sur 700 accessions de la collection de ressources génétiques (plateforme de génotypage de Montpellier), et le déploiement de marqueurs ciblés par technologie Kaspar sur des matériels issus des populations biparentales en cours d'étude.

Il s'agira donc de valider de manière ciblée sur nos traits d'intérêt les marqueurs issus des travaux d'analyse de liaison et d'analyse d'association,

- sur la collection de ressources génétiques sur laquelle une approche en GWAS va pouvoir être mobilisée suite au marquage en cours par technologie Capture,
- sur des populations de prébreeding et breeding en cours d'étude,

et de proposer une manière d'assembler ces caractères en breeding via une SAM multi-caractère dans une approche devant intégrer le modèle économique sous-jacent.

En fonction des résultats et de l'avancement des travaux, les marqueurs informatifs seront mis à disposition du GEVES à des fins de caractérisation variétale et à disposition des Editeurs-Obtenteurs à des fins de valorisation, donnant ainsi la possibilité d'accompagner les démarches d'innovation variétale par des éléments objectifs de minimisation des risques pour les professionnels.

Publications de l'équipe d'accueil et/ou relative au sujet (et/ou au projet dans lequel s'insère le stage – nom des membres de l'équipe en gras) :

Andreini L., Garcia de Cortazar-Atauri I., Chuine, I., Viti, R., Bartolini, S., Ruiz, D., Campoy, JA., Legave, JM., **Audergon, JM.**, Bertuzzi, P., 2014. Understanding dormancy release in apricot flower buds (*Prunus armeniaca* L.) using several process-based phenological models. *Agricultural and Forest Meteorology*: 184 (2014) 210-219. DOI : 10.1016/j.agrformet.2013.10.005.

Bourguiba H., **Audergon JM.**, Krichen L., Trifi-Farah N., Mamouni A., Trabelsi S., d'Onofrio C., Asma B.M., Santoni S., Khadari B. 2012. Loss of genetic diversity as a signature of apricot domestication and diffusion into the Mediterranean Basin. *BMC Plant Biology* 12: 49. doi:10.1186/1471-2229-12-49.

Bourguiba H., Khadari B., Krichen L., Trifi-Farah N., Mamouni A., Trabelsi S., **Audergon JM.**, 2013. Genetic relationships between local apricot germplasm in North Africa and recent introduced varieties. *Scientia Horticulturae*, 61-69. DOI: 10.1016/j.scienta.2013.01.012.

Bourguiba H., Scotti I., Sauvage C., Zhebentyayeva T., Ledbetter C., Krška B., Remay A., D'Onofrio C.,

Iketani H., Christen D., Krichen L., Trifi-Farah, N., Liu W., **Roch G., Audergon JM.**, 2020. Genetic structure of a worldwide germplasm collection of *Prunus armeniaca* L. reveals three major routes for varieties coming from the species' centre of origin. *Frontiers in Plant Science*, 11. DOI10.3389/fpls.2020.00638

Brun L., Warlop F., Mercier V., Broquaire JM., Clauzel G., Gomez C., Parveaud CE., **Audergon JM.** 2012. Quelle sélection fruitière pour une production durable, à faible niveau d'intrants ? *Méthodologie pour un réseau de sélection variétale décentralisée*. *CIAG Innovations Agronomiques* 15 (2011), 105-115.

Colleu, S., Guadagnini-Palau, M., **Audergon, JM.**, et al. 2016. Méthodes et dispositifs innovants pour l'évaluation du matériel végétal fruitier, rapport MEDIEVAL.

Conrad AO, Yu J, Staton ME, **Audergon JM, Roch G**, Decroocq V, Knagge K, Chen H, Zhebentyayeva T, Liu Z, Dardick C, Nelson CD, Abbott AG 2019. Association of the phenylpropanoid pathway with dormancy and adaptive trait variation in apricot (*Prunus armeniaca*). *Tree Physiology* 39, 1136-1148, DOI : 10.1093/treephys/tpz053

Del Cueto J., Kosinska-Cagnazzo A., Stefani P., Heritier J., **Roch G.**, Oberhansli T., **Audergon JM.**, Christen, D., 2020. Phenolic compounds identified in apricot branch tissues and their role in the control of *Monilinia laxa* growth. *Scientia Horticulturae*, 275 109707 DOI 10.1016/j.scienta.2020.109707.

Dirlwanger, E., Quero-García, J., Le Dantec, L., Lambert, P., Ruiz, D., Dondini, L., Illa, E., Quilot, B., **Audergon, JM.**, Tartarini, S., Letourmy, P., Arús, P., 2012. Comparison of the genetic determinism of phenological traits highly affected by climate change, flowering and maturity dates, in three *Prunus* species: peach, apricot and sweet cherry. *Heredity* 00, 1–13.

Gropi A., Liu S., Cornille A., Decroocq S., Quynh TB., Tricon D., Cruaud C., Arribat S., Belser C., Marande W., Salse J., Huneau C., Rodde N., Rhalloussi W., Cauet S., Istace B., Denis E., Carrere S., **Audergon JM., Roch G., Lambert P.**, Zhebentyayeva T., Liu, WS., Bouchez O., Lopez-Roques C., Serre RF., Debuchy R., Tran J., Wincker P., Chen X., Petriacq P., Barre A., Nikolski M., Aury JM., Abbott AG., Giraud T., Decroocq V., 2021. Population genomics of apricots unravels domestication history and adaptive events. *Nature Communication* 12 1 3956 - DOI 10.1038/s41467-021-24283-6.

Omrani M, Roth M, **Roch G**, Blanc A, Morris C, **Audergon JM**. 2019. Genome-wide association multi-locus and multi-variate linear mixed models reveal two linked loci with major effects on partial resistance of apricot to bacterial canker. *BMC Plant Biology*, 19:31, DOI : 10.1186/s12870-019-1631-3.

Mariette, S., Wong Jun Tai, F., **Roch, G.**, Barre, A., Chague, A., Decroocq, S., Gropi, A., Laizet, Y., Lambert, P., Tricon, D., Nikolski, M., **Audergon, JM.**, Abbott, AG. and Decroocq, V., 2015. Genome-wide association links candidate genes to resistance to Plum Pox Virus in apricot (*Prunus armeniaca*). *New Phytologist*, on-line, 12p. doi: 10.1111/nph.13627

Nsibi M., Gouble B., Bureau S., Flutre T., Sauvage C., **Audergon JM**, Regnard, 2020. Adoption and optimization of genomic selection to sustain breeding for apricot fruit quality. *G3 Genes/Genomes/Genetics*, 10(12): 4513-4529, <https://doi.org/10.1534/g3.120.401452>

Autres références :

Albrecht T., Wimer V., Auinger H.-J., Erbe M., Knaak C., Ouzunova M., Simianer H., Schon C.-C. 2011. Genome-based prediction of testcross values in maize. *Theor. Appl. Genet.* 123:339–350.

Arumuganathan, K., and Earle, ED. 1991. Nuclear DNA content of some important plant species. *Plant Mol. Biol. Report.* 9, 208–218.

Bureau S., Ruiz D., Reich M., Gouble B., Bertrand D., Audergon J.M., Renard C., 2009. Application of ATR-FTIR for a rapid and simultaneous determination of sugars and organic acids in apricot fruit. *Food Chem* 115: 1133-1140.

Bureau S., Ruiz D., Reich M., Gouble B., Bertrand D., **Audergon J.M.**, Renard C., 2009. Rapid and non-destructive analysis of apricot fruit quality using FT-near-infrared spectroscopy. *Food Chem* 113: 1323-1328.

Hagen, L.S., Khadari, B., Lambert, P., **Audergon, J.M.**, 2002. Genetic diversity in apricot revealed by AFLP markers: species and cultivar comparisons. *Theoretical Applied of Genetics* 105: 298-305.

Illa E, Eduardo I, **Audergon JM**, Barale F, Dirlwanger E, Li X, Moing A, Lambert P, Le Dantec L, Gao Z, Poëssel JL, Pozzi C, Rossini L, Vecchiotti A, Arus P, Howad W (2011) Saturating the Prunus (stone fruits) genome with candidate genes for fruit quality. *Mol Breeding* 28:667–682

Lande R., Thompson R., 1990. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genetics*, 124(3):743-56.

Mercier V., Brun, L., Clauzel, G., Guillermin, A., Warlop, F., Gomez, C., Broquaire, JM, and **Audergon, JM**. 2011. Recherche d'une méthode d'évaluation de la sensibilité variétale de l'abricotier au monilia. *CIAG Innovations Agronomiques* 14 (2011), 105-115.

Meuwissen T. H. E., Hayes B. J., Goddard M. E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157: 1819–1829.

Pszczola M., Strabel T., Mulder H. A., Calus M. P. L. 2012. Reliability of direct genomic values for animals with different relationships within and to the reference population. *J. Dairy Sci.* 95: 389–400.

Rincint R., Laloe D., Nicolas S., Altmann T., Brunel D., Revilla P., Rodriguez V. M., Moreno-Gonzalez J., Melchinger A., Bauer E., Schoen C.-C., Meyer N., Giauffret C., Bauland C., Jamin P., Laborde J., Montonod H., Flament P., Charcosset A., Moreau L. 2012. Maximizing the reliability of genomic selection by optimizing the calibration set of reference individuals: comparison of methods in two diverse groups of maize inbreds (*Zea mays* L.). *Genetics* 192: 715–728.

ACTIVITES DOMINANTES CONFIEES AU STAGIAIRE :

- Participation au phénotypage pour les traits analysés (core-collection, collection de Ressources génétiques).
 - Phénologie (floraison et anomalies)
 - Symptômes de bioagresseurs (monilia, chancre bactérien, ECA)
 - Vigueur (circonférence des troncs)
- Mise en forme et modélisation des données de phénotypage (distributions, analyses de variance)
- Analyse de liaison et analyse d'association des jeux de données issus des 2 dispositifs principaux et mise en relations des informations (les données moléculaires résultats de filtres bioinformatiques étant mis à disposition)
- Communication orale et écrite des résultats dans l'équipe et auprès des partenaires

PROFIL REQUIS :

- Dernière année de Formation Supérieure BAC + 5
- Connaissances : connaissances de base en génétique et génétique quantitative, en statistique et modélisation.
- Compétences opérationnelles : maîtrise du logiciel R - rigueur dans la gestion et l'exploitation des données, aptitude au travail en équipe - goût pour la modélisation statistique – goût pour les activités de terrain et les relations avec les professionnels.
- Langues : anglais lu
- Permis de conduire (le cas échéant) : pas indispensable

INDEMNISATION (SUR BUDGET INRAE-GIS FRUITS) :

Selon la réglementation en vigueur pour 2023 (environ 660 €/mois)

AVANTAGES PROPOSES (le cas échéant) :

- logement : quelques chambres disponibles à la location sur le centre INRAE
- restauration : subvention INRAE pour les repas au restaurant inter-entreprises Agroparc

CONTACT MAITRE DE STAGE INRAE :

(1) Maître de stage INRA

Nom et fonction du responsable à contacter :

Jean-Marc AUDERGON, IR0 INRA, Responsable programme abricotier – Animateur du Groupe Fruit BAP

Adresse : INRA Centre PACA, site St Maurice, Allée des chênes, CS60094, 84143 Montfavet

Tél. : 04 32 72 26 68

Site web (équipe et/ou projet) : <http://www.paca.inra.fr/>

Mail : jean-marc.audergon@inrae.fr