

Définition des priorités et co-construction des objectifs pour la sélection variétale fruitière à 20 ans

Pêche



Bénédicte QUILOT
Directrice de recherche
INRAE GAFL, Avignon



Organisation de la démarche « Idéotypage »

« établir le portrait robot des variétés de demain »

Établir **une feuille de route** pour évaluer, expérimenter et élaborer le matériel végétal fruitier de demain en incluant les enjeux prospectifs portés par le **changement climatique** et par les **problématiques d'agroécologie**.

Etat des connaissances concernant le levier matériel végétal

- Indicateurs mobilisés pour caractériser les traits et protocoles de phénotypage
- Importance de la diversité génétique
- Poids relatif par rapport aux autres leviers d'action
- Existence de marqueurs moléculaires mobilisables à des fins de caractérisation, sélection
- Echéance de « disponibilité » des caractères dans les nouvelles variétés

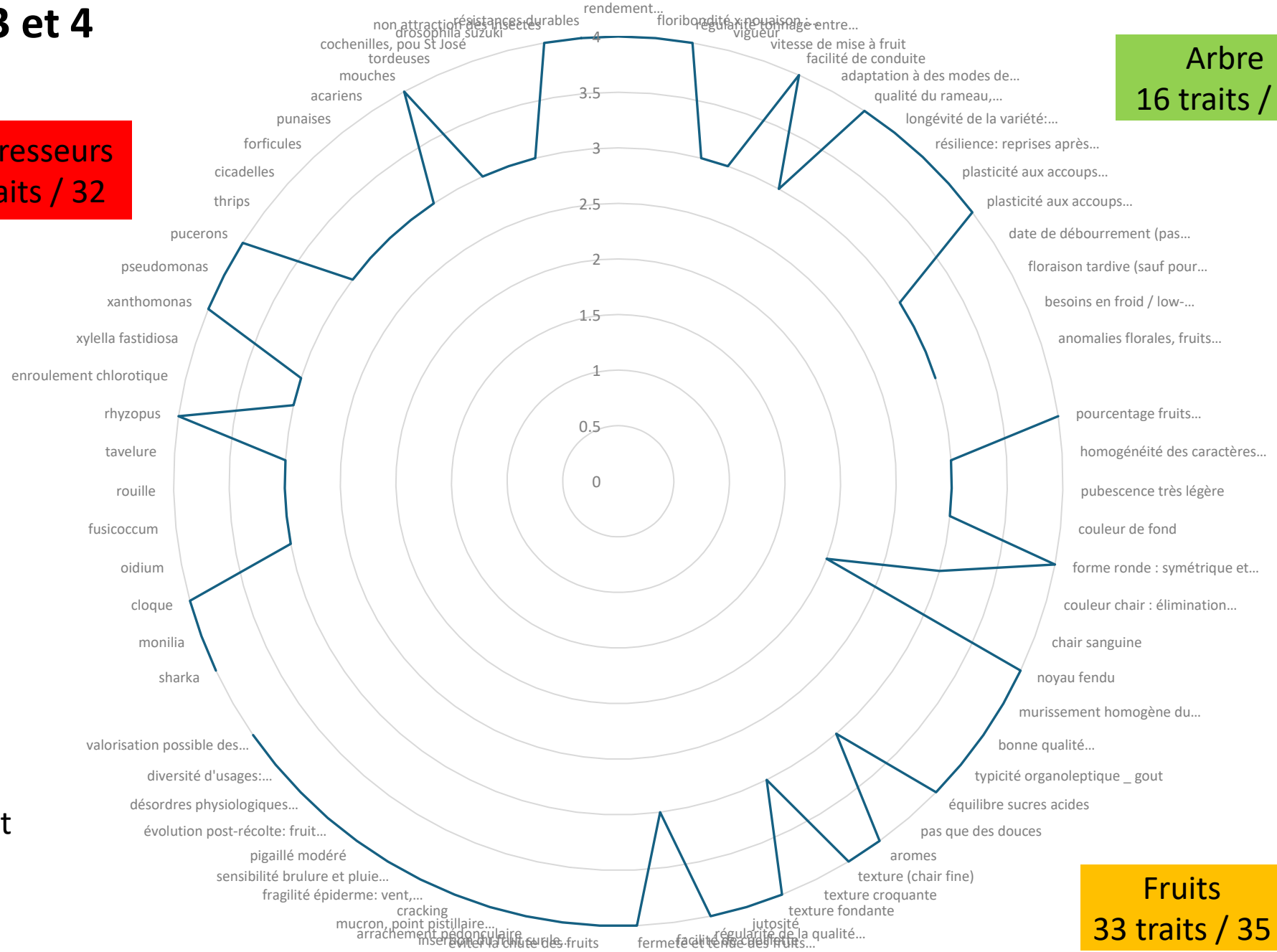
A construire ensemble:

- Liste des traits à cibler en génétique
- Liste des traits à cibler pour les autres leviers d'action
- Priorisation des efforts de recherche à mener

Traits priorités 3 et 4

Bioagresseurs
24 traits / 32

Arbre
16 traits / 20



- 0 = peu important
- 4 = important

Fruits
33 traits / 35

Stratégie

Aucune chance de sélectionner une variété qui posséderait les allèles favorables à plus de 80 caractères

- envisager des alternatives à la stratégie génétique
- accepter des compromis
- prioriser les traits sur lesquels focaliser les efforts de recherche

Démarche 'génétique'

- Identification du 'trait', caractère cible
 - Mise au point d'une **méthode de phénotypage**, d'un **indicateur** caractérisant le trait
 - Sur un panel contrasté pour le trait
 - Screening de collections
 - Diversité existante
 - Part de la génétique dans le contrôle du trait
 - Identification d'accessions intéressantes -> **progéniteurs**
 - Détection des zones du génome : QTL
 - Création d'une population ségrégeant pour le caractère
 - Précision des zones du génome
 - Développement de marqueurs moléculaires
 - Test des marqueurs dans des fonds génétiques différents
 - Applicabilité pour les sélectionneurs
- > **Sélection assistée par marqueurs (SAM)**

Caractérisation, évaluation
Création variétale

DNA Testing Portal

Using DNA Information to support your breeding decisions.

What can DNA information do for you? Diagnostic DNA-based information helps you develop superior cultivars by maximizing your creativity while saving your program money.

What if you could:

- > Peer into the DNA of your parent gene pool?< br/>
- > Assemble exciting new genetic combinations with accuracy?< br/>
- > Avoid inefficient or useless crosses?< br/>
- > Save thousands of dollars and hundreds of hours wasted on caring for inferior offspring that will never have commercial value?< br/>
- > Stop wondering whether an elite selection really does have superior genetic potential?< br/>

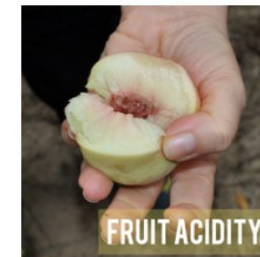
This is what DNA-informed breeding can do. DNA testing centers routinely provide valuable, understandable, and timely information to breeders. Click [here](#) for more information on DNA testing logistics.

See our [DNA-informed breeding](#) for information on how to integrate DNA information into your breeding program.

Filter by Crop

Peach

Your filter setting will not be applied until you press the Apply button.



Création variétale

Etat des connaissances

pas d'étude peu diversité dvt en cours disponible

GM: gène majeur, QTL: résistance partielle, SelGen : Sélection génomique

Classe du trait	Traits	Score	Diversité génétique	Indicateurs / phénotypage	Héritabilité	Loci	Marqueurs moléculaires SAM/ diagnostic	Avancée Echéance	Autres leviers	Interactions	Privilégier le levier génétique ?	Evaluation
	Cible	Cf Atelier du printemps	Gamme de variation Géniteurs d'intérêt ?	Ce qui est observé, mesuré Dispositif, protocole	Part de variabilité du trait sous contrôle génétique (vs environnement)	Zone du génome	Outil pour la Sélection Assistée par Marqueurs et la caractérisation	OU on en est? Ce qu'il reste à faire	Pratiques, biocontrôle, ...	Lien avec d'autres traits		Comment évaluer les variétés

Disponible ou à développer?

ŞUDEXPE
À compléter par les agronomes, pathologistes...

Propositions à discuter

Phénotypage haut-débit, SAM ou Sélection génomique ?

Pour quels traits ?

GM: gène majeur, QTL: résistance partielle, SelGen : Sélection génomique

Classe	Traits	Score	Diversité génétique Facteurs de résistance	Indicateurs / phénotypage	Héritabilité	Loci	Marqueurs moléculaires SAM/ diagnostic	Avancée Echéance	Autres leviers	Interactions	Privilégier le levier génétique ?	Evaluation
Insectes	Pucerons (verts)	4	Gènes majeurs + R partielles interspé	En tunnel dédié		Rm1, RM2 (LG1) + QTL LG3, 4, 5	Disponibles GM + en dvpt pour QTL	Moyen terme GM, prog sélection en cours	Stratégie AB/ biocontrol inefficace si pression forte	PPV	Associer les R, protéger les GM	?
	mouches	4	Inconnue				Aucun	/	Piégeage massif, mais insuffisant si forte pression		Non	
	Cicadelles	3	Effet variété	Verger non traité	H ² modérée	3QTL effets faibles	Aucun	GWAS en cours	Aucun efficace en zone à forte pression	Conduite (vigueur, dates d'écimage...)	?	
	Tordeuses	3	Effet variété	Verger non traité	H ² faible		Aucun	Pas de loci détectés	Stratégie AB/biocontrol inefficace si pression forte		?	
	Thrips	3	Inconnue						Stratégie AB/ biocontrol inefficace si pression modérée à forte + nouvelles espèces de thrips		Non	
	Forficules	3	Inconnue						Glu si absence de ponts		Non	
	Punaises	3	Inconnue						Lâcher d'auxiliaires parasitoïdes (<i>Trissolcus japonicus</i> et autres)		Non	
	Acariens	3	Inconnue						Maltodextrine ?		Non	
	cochenilles, pou St José	3	Inconnue						Stratégie AB/ biocontrol (huiles) inefficace si pression modérée à forte		?	
	drosophila suzuki	3	Inconnue						Non		Non	
Immunité	non attraction des insectes	4										
	résistances durables	4										

Arbre

16 traits / 20

pas d'étude

difficile

dvt en cours

disponible

GM: gène majeur, QTL: résistance partielle, SelGen : Sélection génomique, Phenot HD : phénotypage haut-débit

Traits	Score	Diversité génétique	Indicateurs / phénotypage	Héritabilité	Loci	Marqueurs moléculaires SAM/ diagnostic	Avancée Echéance	Autres leviers	Interactions	Privilégier le levier génétique ?	Evaluation
rendement commercialisable à la récolte (homogénéité calibre, potentiel A)	4	Forte	Essai variétal	quantitatif				conduite			Essais
floribondité x nouaison : bon sans trop	4	Forte	Visuel + dvp phenot HD	quantitatif	QTLs			?			Essais
régularité tonnage entre années	4			quantitatif peu héritable				conduite			Essais
facilité de conduite	4		?								Essais
qualité du rameau, repercement	4	Forte	?	quantitatif							Essais
longévité de la variété: résilience, mortalité	4	inconnue	?								?
résilience: reprises après attaques, adaptation au climat changeant	4	Modérée sp apparentées	Multiples, index Bas intrants, multisite	quantitatif		Tester SelGen	GWAS en cours	agroecologie			?
plasticité aux à-coups climatiques : chaleur	4										?
plasticité aux à-coups climatiques : gel	4										?
Vigueur (scion)	3	Forte	Mesures + dvp phenot HD	quantitatif	Tssd (LG3)			Porte-greffe			
vitesse de mise à fruit	3	Modérée		quantitatif							Essais
adaptation à des modes de conduite innovants / mécanisation	3		?					Porte-greffe	Intérêt des pleureurs ?		?
date de débourrement (pas trop précoce)	3	Modérée à forte	Obs multisite	quantitatif			GWAS en cours				Essais
besoins en froid low-chilling à flo tardive	3	Forte (CR)	Test forçage		Ppe.CR.1 (70%)	4 mk KASP U.S. germplasm	germplasm France?			oui	
floraison tardive (sauf pour les précoces)	3	Forte	Obs multisite	quantitatif	QTLs LG1-4-7						Essais
anomalies florales, fruits doubles	3	existante	Obs multisite								
Date de maturité		Forte	Index IAD	Quantitatif 1 locus majeur	G4mat + QTL	4 mk SNP	germplasm France ?			oui	10 Index IAD

Fine mapping of the *temperature-sensitive semi-dwarf (Tssd)* locus regulating the internode length in peach (*Prunus persica*)

Zhenhua Lu · Liang Niu · David Chagné · Guochao Cui ·
Lei Pan · Toshi Foster · Ruiping Zhang · Wenfang Zeng ·
Zhiqiang Wang

Received: 17 August 2015 / Accepted: 25 January 2016 / Published online: 12 February 2016
© Springer Science+Business Media Dordrecht 2016



Fruits

33 traits / 35

pas d'étude

difficile

dvt en cours

disponible

GM: gène majeur, QTL: résistance partielle, SelGen : Sélection génomique, Phenot HD : phénotypage haut-débit

Traits	Score	Diversité génétique	Indicateurs / phénotypage	Héritabilité	Loci	Marqueurs moléculaires SAM/ diagnostic	Avancée Echéance	Autres leviers	Interactions	Privilégier le levier génétique ?	Evaluation
forme ronde : symétrique et non oblongue	4	modérée	?	quantitatif	QTL?			/			
noyau fendu	4	modérée		quantitatif							
typicité organoleptique _ gout	4	Forte	?	quantitatif	QTL						
aromes	4	Modérée à élevée	Profils métaboliques	quantitatif	QTLs (LG5)		Lointaine				
équilibre sucres acides : fruit doux	4	Forte	Acidité titrable	2 gènes	<i>D</i> locus (LG5) <i>G7Flav</i> locus	Ppe-Acid SSR / NIRS	SNP test?	/		oui	AT vs mk mol
sucres		Forte	Brix	quantitatif	G4mat Autres QTL	/ NIRS	germplasm France?	/	conduite	oui	Brix vs NIRS
pas que des douces	3										
régularité de la qualité (sucres)	4	GxE importante		quantitatif							
bonne qualité organoleptique en fort tonnage	4	Complexe		quantitatif	QTL?			Conduite			
fermeté et tenue des fruits sur l'arbre	4	significative		quantitatif							
texture (chair fine)	4	Forte	?	quantitatif							
texture fondante	4	Forte	Production éthylène, réomètre	quantitatif	melting / non-melting endoPG F-M (LG4)	Ppe-Texture	SNP test? France germplasm?			oui	?
texture croquante	3			Inconnue							
murissement homogène du fruit	4	modérée		quantitatif	QTL?			/			
évolution post-récolte: fruit climactérique _ vitesse d'évolution pas rapide	4	Forte	?								
Jutosité	4	Modérée		quantitatif							

Ppe-Texture: DNA Tests for Peach Texture

- EndoPG-6 targets the *F-M* locus controlling the degree of pit-to-flesh adhesion (freestone vs. clingstone) as well as the softening type (melting vs. non-melting flesh).
- SMF-SSR targets the newly discovered "*Smf*" locus influencing the softening rate of melting types (slow-melting vs. quick-melting).

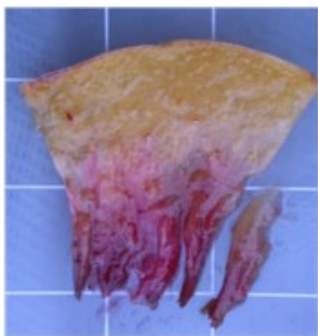
Freestone



Clingstone



Melting flesh



Non-melting flesh



Allelic State of Several Peach Cultivars

Genotype	Example Cultivars	Phenotype
F - & S S	Flavortop	free, slow-melting
F - & S S	Loring	free, quick-melting
f f1 & S S	Eastern Glo	cling, slow melting
f f1 & S Q	Zin Dai	cling, quick melting
f1 - & S S	Allgold	cling, non-melting

A table of haplotypes for important U.S. peach germplasm can be downloaded [here](#).



Fruits
33 traits / 35

pas d'étude

difficile

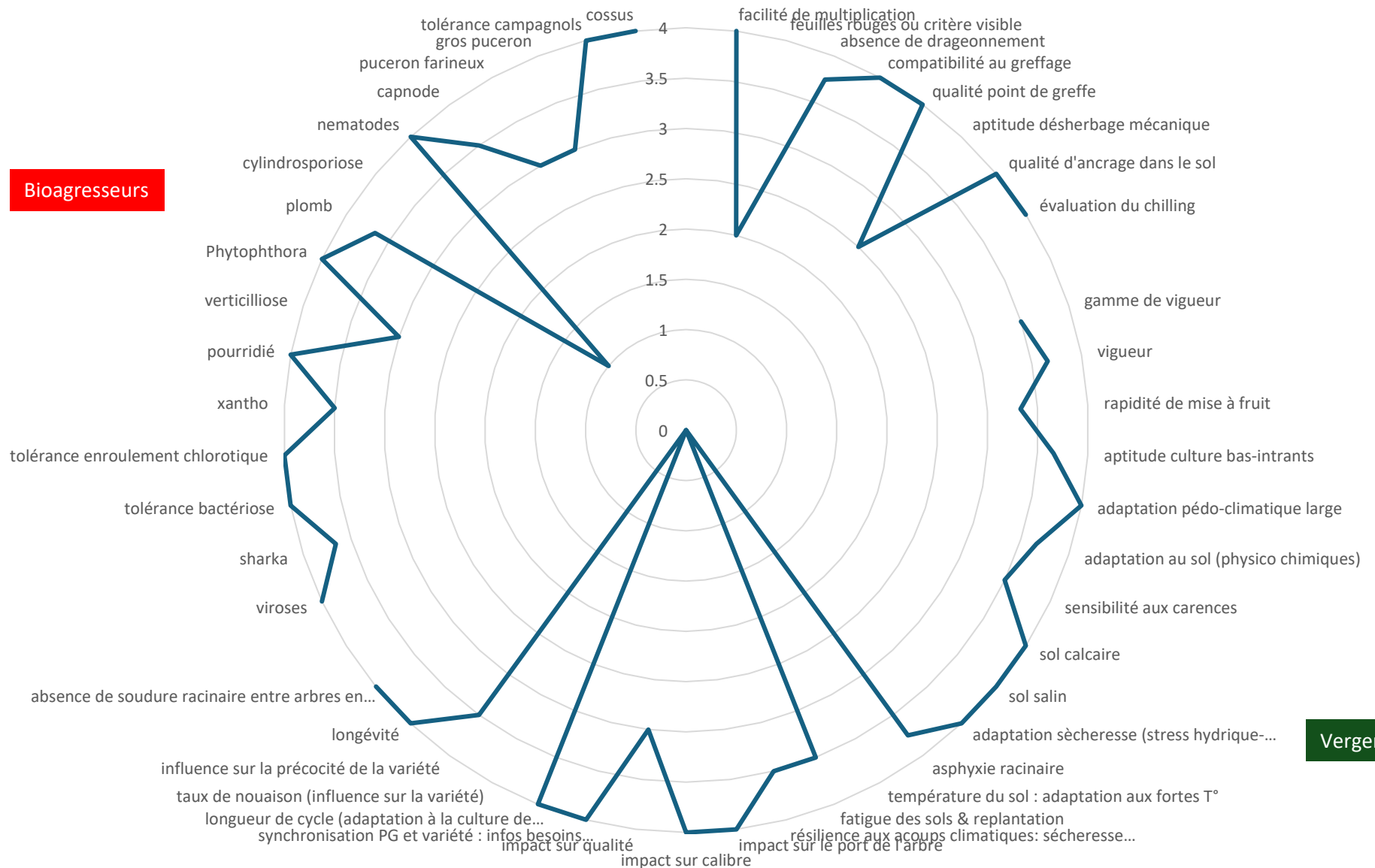
dvt en cours

disponible

GM: gène majeur, QTL: résistance partielle, SelGen : Sélection génomique, Phenot HD : phénotypage haut-débit

Traits	Score	Diversité génétique	Indicateurs / phénotypage	Héritabilité	Loci	Marqueurs moléculaires SAM/ diagnostic	Avancée Echéance	Autres leviers	Interactions	Privilégier le levier génétique ?	Evaluation
cracking	4	Significative Effets trop faibles	Obs verger, multifactoriel	QTL		Non		Charge, irrigation			
fragilité épiderme: vent, manipulation, calibrage	4	Inconnue		Inconnue							
sensibilité brulure et pluie (peau de crapaud)	4	Inconnue		Inconnue							
pigailé modéré	4			Inconnue							
désordres physiologiques (maladie du liège)	4	Modérée	quantitatif		QTLs (LG4-7)						
diversité d'usages: transformation	4							filière			
valorisation possible des écarts de tri	4		?								
homogénéité des caractères visuels : présentation du fruit	3	Forte	?								
pubescence très légère	3	Forte	qualitatif + modificateurs								
Pêche/nectarine					G (Glabrous skin) LG5	PpeMYB25 indel/LTR	Test germplasm France				
couleur de fond (Peach blush)	3	Forte	Gamme visuelle, colorimètre		GM Ppe-Rf + QTL LG 6 et 7	5-SNP haplotype or SSR U.S. germplasm	Test germplasm France			oui	Gamme visuelle, colorimètre
couleur chair élimination du fond vert, chair verdâtre	3	Modérée		Inconnue							
chair sanguine	2	modérée	quantitatif	2 gènes majeurs	bf (French) recessive DBF (Chinese) Dominant	Disponible pour bf					
éviter la chute des fruits	4	Inconnue									
facilité de cueillette	3		?								
insertion du fruit sur le rameau (profondeur cavité pédoncule _ longueur pédoncule)	4	Inconnue									
arrachement pédonculaire	4	Inconnue									
mucron, point pistillaire (surtout plate)	4	Inconnue									

Porte-greffes



M E M O I R E de fin d'études

pour l'obtention du titre

d'Ingénieur de Bordeaux Sciences Agro

EXPLORATION DES CARACTÈRES AGRONOMIQUES
ET PÉDOLOGIQUES POUR LE CHOIX DU
PORTE -GREFFE À L'INSTALLATION DE
VERGERS DE FRUITS À NOYAUX (PRUNUS SPP.)

Collarini Alessandro



BORDEAUX
SCIENCES
AGRO

Spécialisation : AGROGER

Étude réalisée à : Centre GAFL,
INRA Avignon

Domaine Saint Maurice
Allée des Chênes – CS 60094
84143 Montfavet Cedex
FRANCE



Tableau 5 : Porte-greffes utilisés par les agriculteurs enquêtés

¹nombre d'exploitations

²principale signifie qu'une large majorité du verger est planté sur ce ou ces porte-greffes

³secondaire signifie que ces porte-greffes ne sont présents que sur une ou deux parcelles ou sur une parcelle

Sols légers (8 exploitants)			Sols limoneux (2 exploitants)			
Culture	Porte-Greffe	n ¹	Culture	Porte-Greffe	n	
Principal ²	Montclar®	5	Principal	Ishtara®	1	
	GF305	1		Myrobolan et Montclar®	1	
	Montclar® et GF305	2	Abricotier	Myrobolan	1	
Abricotier	Ishtara®	2		Secondaire	Ishtara®	1
	GF8-1	1	GF8-1	1		
	Secondaire ³	Rubira	2	Pêcher Principal	GF677	1
		Myrobolan	1	Cerisier Principal	Tabel® et Gisela 6	1
	Manicot	2				
	GF43	1				
	Principal	GF677	2			
		GF677, Montclar®, Cadaman®	1			
Pêcher	Ishtara®	1				
	Secondaire	Gamme Rootpac®	2			
		GF677	1			
	Cadaman®	1				
Cerisier	Garnem	1				
	Principal	Tabel®, Gisela 5	1			
		Tabel®, Ste Lucie 64, Maxma®14	1			

Problématique (10 exploitants)		n ¹
Importante	Asphyxie	1
	Bactériose	3
	Chlorose	1
Secondaire	Asphyxie	1
	Bactériose	3
	Chlorose	1
	Pourridié	1
Non reliée au Porte-Greffe	Manque de Froid ²	3
	ECA ³	5
	Sharka ⁴	1

Tableau 15 : Pratiques agricoles visant à compenser les faiblesses des porte-greffes chez les agriculteurs enquêtés.

Problématiques	Pratiques agricoles mises en place
Asphyxie	Culture sur butte, drainage
Calcaire	Amendements de chélates de fer
Bactériose	Greffage haut
Nématodes et Pourridié	Rotations, jachère de un à deux ans, fumigation

GM: gène majeur, QTL: résistance partielle, SelGen : Sélection génomique, mk: marqueur

Classe	Traits	Score	Caractéristiques	Diversité génétique Facteurs de résistance	Indicateurs / phénotypage	Héritabilité	Loci	Marqueurs moléculaires SAM/diagnostic	Avancée Echéance	Autres leviers	Interactions	Privilégier le levier génétique ?	Evaluation
Bioagresseurs	viroses	4	intrinsèque										
	tolérance bactériose	4	induite	faible						Greffage haut			
	tolérance enroulement chlorotique	4	intrinsèque										
	pourridié	4	intrinsèque	Forte, interspé	Protocole en dvpt	inconnue							
	Phytophthora	4	intrinsèque										
	nématodes	4	intrinsèque	Modérée interspé	difficile	forte	3 gènes majeurs	disponibles				oui	mk mol
	tolérance campagnols	4	intrinsèque										
	cossus	4	intrinsèque										
	sharka	3.66	intrinsèque										
	plomb	3.66	intrinsèque										
	xantho	3.5	intrinsèque										
	capnode	3.5	intrinsèque										
	verticilliose	3	intrinsèque										
	puceron farineux	3	intrinsèque										
	gros puceron	3	intrinsèque										

Nématodes **Pourridié**

Présence du gène MA % d'arbres morts

Présence du gène Mia

Résistance à *M. arenaria*

Résistance à *M. incognita*

Résistance à *M. javanica*

Résistance à *P. vulnus*

Ling, J et al
 Rootstock Breeding of Stone Fruits Under Modern
 Cultivation Regime: Current Status and Perspectives.
Plants **2025**, *14*, 1320.
<https://doi.org/10.3390/plants14091320>






Species	Rootstock						
	Cold tolerance	Drought resistance	Waterlogging tolerance	Saline-alkali tolerance	Iron chlorosis tolerance	Nematode resistance	Other diseases resistance*
 Peach	Bailey Krymsk 86 Siberian C St. Julien GF655/2	Adesoto 101 GF677 Zhongtao kangzhen No.1	Adesoto 101 Krymsk 86 MP-29 Penta Tetra	Adesoto 101 GF677 St. Julien GF655/2 Empyrean 1	Adesoto 101 GF677 Higama Montelcor Sirio	Adesoto 101 Flordaguard Guardian Greenpac Ishtara Higama Montizo Monpol Nemaguard Nemared Replantpac Rootpac 20 Zhongtao kangzhen No.1	Adafuel (CB,TP,SP,Pspp) Adarcias (CB,TP) GF677 (PPV) Ishtara (AM) Nemaguard (AT) Rootpac 20 (RN) Lovell (PS)
 Almond		Adesoto 101 GF677 Hansen 536	Adesoto 101	Adesoto 101 GF677 Empyrean 1	Adesoto 101 GF677	Adesoto 101 Hansen 536 Ishtara Nemaguard Nemared Replantpac	Adafuel (CB,TP,SP,Pspp) GF677 (PPV) Ishtara (AM) Lovell (PS) Nemaguard (AT)
 Plum	Krymsk 86 Marianna GF8-1 Myrobalan 29C St. Julien GF655/2	Adaptabil Adesoto 101 St. Julien A	Ademir Adesoto 101 Jaspi Krymsk 86 Marianna 2624 Mr. S. 2/5 Myrobalan	Adesoto 101 Marianna 2624 St. Julien GF655/2	Ademir Adesoto 101	Adesoto 101 Ishtara Krymsk 1 Marianna GF8-1 Marianna 2624 Myrobalan 29C Nemaguard	Ishtara (AM) Lovell (PS) Marianna GF8-1 (PS, AM) Marianna 2624 (AT) Myrobalan (AM) Nemaguard (AT) St. Julien GF655/2 (AT)
 Apricot	Krymsk 86 Marianna GF8-1 Myrobalan 29C St. Julien GF655/2	Adaptabil Adesoto 101 St. Julien A	Ademir Adesoto 101 Jaspi Krymsk 86 Myrobalan Penta Tetra	Adesoto 101 St. Julien GF655/2	Ademir Adesoto 101	Adesoto 101 Ishtara Krymsk 1 Marianna GF8-1 Marianna 2624 Myrobalan 29C Montizo Nemaguard	Ishtara (AM) Lovell (PS) Marianna GF8-1 (PS, AM) Marianna 2624 (AT) Nemaguard (AT)
 Cherry	Aijie Gisela 5 Gisela 6 Haiying 1 Krymsk 6 Mazzard Mazzard F 12/1 Mahaleb	P-HL-A P-HL-B P-HL-C Aijie Haiying 1 Mahaleb SV2-7 OV14	Aijie Daqingye Gisela 6 Jingchun 2 Landing 2 Yanying 3	Haiying 1 Landing 1 Landing 2 Mahaleb 'CDR-1'	MaxMa	Mahaleb	Ajie (AT) Yanying 3 (AT) Colt (PPV, PS, Pspp) Haiying 1 (AT) Jingchun 1 (AT) Landing1 (AT) Mahaleb (PS) Mahaleb 'CDR-1' (AT) Mazzard F 12/1 (PS) Monrepos (PPV)

Figure 2. Common resistant rootstocks for stone fruit trees. Note: The abbreviation in parentheses refers to the bacterial species resisted by the rootstock. PPV: *Plum pox virus*; AT: *Agrobacterium tumefactions*; PS: *Pseudomonas syringae*; AM: *Armillaria mellea*; Pspp: *Phytophthora spp.*; CB: *Corineum beijerinckii*; TP: *Tranzschelia. pruni-spinosa*; SP: *Sphaerotheca pannosa*; RN: *Rosellinia necatrix*.

GM: gène majeur, QTL: résistance partielle, SelGen : Sélection génomique

Classe	Traits	Score	Caractéristiques	Diversité génétique Facteurs de résistance	Indicateurs / phénotypage	Héritabilité	Loci	Marqueurs moléculaires SAM/ diagnostic	Avancée Echéance	Autres leviers	Interactions	Privilégier le levier génétique ?	Evaluation
Porte-greffe	facilité de multiplication	4	intrinsèque										
	compatibilité au greffage	4	intrinsèque	Forte	Essais pluriannuels								
	qualité point de greffe	4	intrinsèque										
	qualité d'ancrage dans le sol	4	intrinsèque										
	évaluation du chilling	4	intrinsèque										
	absence de drageonnement	3.75	intrinsèque										
Verger	adaptation pédo-climatique large	4	intrinsèque										
	sol calcaire	4	intrinsèque	Forte	Tests					Amendements Chélates de fer			
	sol salin	4	intrinsèque	Forte	Tests								
	adaptation sécheresse (stress hydrique- économe en eau)	4	intrinsèque	Forte	Tests								
	impact sur le port de l'arbre	4	induite										
	impact sur calibre	4	induite										
	synchronisation PG et variété : infos besoins en froid PG	4	intrinsèque										
	longueur de cycle (adaptation à la culture de variétés tardives)	4	intrinsèque										
	longévité	4	induite										
	absence de soudure racinaire entre arbres en haute densité	4	intrinsèque										
	asphyxie racinaire	3.75	intrinsèque	Forte						Culture sur butte, drainage			
	vigueur	3.66	induite	Forte	Compatibilité	Calcaire	Asphyxie	Bactériose					
	aptitude culture bas-intrants	3.66	induite		Notation visuelle du point greffe	[Fe] fleurs	Taux d'arbres vivant	Notation visuelle					
	adaptation au sol (physico chimiques)	3.66	intrinsèque		Notation visuelle de l'arbre	[Fe] feuilles	Jours de survie après inondation	% d'arbres malades					
	gamme de vigueur	3.5	induite		Coupes du point de greffe	[Chlorophylle] feuilles	[Chlorophylle]	% d'arbres morts					
	sensibilité aux carences	3.5	intrinsèque			Mesures SPAD	Mesures SPAD	Nombre de points de gomme					
	fatigue des sols & replantation	3.5	intrinsèque										
	résilience aux coups climatiques: sécheresse_froid	3.5	intrinsèque										
	influence sur la précocité de la variété	3.5	induite			Intensité de chlorose	Activité photosynthétique						
	rapidité de mise à fruit	3.33	induite			Ratio FCR après 1 jour	Surface foliaire						
	impact sur qualité	3	induite			[FCR]	% de défoliation						

Merci pour votre attention



Place à la discussion

Critères	Indicateur	Leviers					Commentaires
		Pratiques culturales	Récolte	Post-récolte	Matériel végétal – Porte-greffe	Matériel végétal -Variété	
Phénologie							
Qualité							
Agronomie							
Bioagresseurs							

Littérature scientifique

Virus	Sharka	Rapport M2 https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-04399518v1/file/2023_Chargy_Manon_GGAP.pdf
		Houndafoche 2024, Caractérisation du potentiel épidémique des souches PPV-T et PPV-An du plum pox virus (PPV) sur Prunus sp. Rapport Master 2. https://www.gis-fruits.org/content/download/4629/45383?version=1
		Labonne, G. and Dallot, S. (2006), Epidemiology of sharka disease in France. EPPO Bulletin, 36: 267-270. https://doi.org/10.1111/j.1365-2338.2006.00985.x
		Rimbaud L, Dallot S, Delaunay A, Borrion S, Soubeyrand S, Thébaud G, Jacquot E. 2015, Assessing the Mismatch Between Incubation and Latent Periods for Vector-Borne Diseases: The Case of Sharka. Phytopathology. 105(11):1408-16. doi: 10.1094/PHYTO-01-15-0014-R
Champignons	monilia	Fu .. Gasic, 2021. Genome-Wide Association Study of Brown Rot (<i>Monilinia</i> spp.) Tolerance in Peach Front Plant Sci. DOI:10.3389/fpls.2021.635914 Fu .. Gasic K. 2022. Feasibility of genomic prediction for brown rot (<i>Monilinia</i> spp.) resistance in peach. <i>Fruit Research</i> 2: 2 doi: 10.48130/FruRes-2022-0002
	cloque	Serrie et al 2025
	oïdium	Marimon et al., 2020. Hortic Res. DOI:10.1038/s41438-020-00396-9 Pascal <i>et al.</i> Mapping of new resistance (<i>Vr2</i> , <i>Rm1</i>) and ornamental (<i>Di2</i> , <i>pl</i>) Mendelian trait loci in peach. <i>Euphytica</i> 213 , 132 (2017). Doi:10.1007/s10681-017-1921-5
	Fusicoccum (Diaporthe) Amandier	Study on the Susceptibility of Some Almond (<i>Prunus dulcis</i>) Cultivars to the Pathogen <i>Diaporthe amygdali</i> www.preprints.org/manuscript/202510.1877
	rouille	Serrie et al 2025
Bactérie	xanthomonas	Fleming Gasic K, (2022) Ppe.XapF: High throughput KASP assays to identify fruit response to <i>Xanthomonas arboricola</i> pv. <i>pruni</i> (<i>Xap</i>) in peach. PLoS ONE 17(2). Doi:10.1371/journal.pone.0264543
Insectes	pucerons	Pascal <i>et al.</i> Mapping of new resistance (<i>Vr2</i> , <i>Rm1</i>) and ornamental (<i>Di2</i> , <i>pl</i>) Mendelian trait loci in peach. <i>Euphytica</i> 213 , 132 (2017). Doi:10.1007/s10681-017-1921-5
	cicadelles	Serrie et al 2025
Phénologie	Date de maturité	Rosbreed : G4Mat is a simple PCR-based DNA test that consists of three primer pairs multiplexed into a single assay da Silva Linge C, Fu W, Calle A, Rawandoozi Z, Cai L, Byrne DH, Worthington M, Gasic K. Ppe.RPT/SSC-1: from QTL mapping to a predictive KASP test for ripening time and soluble solids concentration in peach. Sci Rep. 2024 Jan 17;14(1):1453. doi: 10.1038/s41598-024-51599-2.
	Dates floraison et maturité	Rawandoozi ZJ, Hartmann TP, Carpenedo S, Gasic K, da Silva Linge C, Cai L, Van de Weg E, Byrne DH. Mapping and characterization QTLs for phenological traits in seven pedigree-connected peach families. BMC Genomics. 2021 Mar 16;22(1):187. doi: 10.1186/s12864-021-07483-8.
	Besoins en froid, chaleur et date flo	Fan S., Bielenberg D.G., Zhebentyayeva T.N., Reighard G.L., Okie W.R., Holland D., Abbott A.G. (2010) — <i>Mapping quantitative trait loci associated with chilling requirement, heat requirement and bloom date in peach (Prunus persica)</i> . New Phytologist 185:917–930. DOI : 10.1111/j.1469-8137.2009.03119.x.
CC		Li Y., Cao K., Zhu G., Fang W., Chen C., Wang X., et al. (2021) — <i>Genomic analyses provide insights into peach local adaptation and responses to climate change</i> . Genome Research 31:592–606. DOI : 10.1101/gr.261032.120 adaptive evolution of high drought, strong UVB, cold hardiness, sugar content, flesh color, and bloom

Littérature scientifique

Fruit	Fruit weight, sugar content Titrable acidity,	Biscarini, F. <i>et al.</i> 2017, Genome-enabled predictions for fruit weight and quality from repeated records in European peach progenies. <i>BMC Genomics</i> 18 , 432. Doi: 10.1186/s12864-017-3781-8
	SSC, mealiness, maturity date	Nuñez-Lillo et al. 2019, High-density genetic map and QTL analysis of soluble solid content, maturity date, and mealiness in peach using genotyping by sequencing, <i>Scientia Horticulturae</i> , 257, doi: 10.1016/j.scienta.2019.108734.
	Couleur de fond	Sandefur, P., Frett, T., Clark, J. <i>et al.</i> A DNA test for routine prediction in breeding of peach blush, Ppe-R _f -SSR. <i>Mol Breeding</i> 37 , 11 (2017). Doi:10.1007/s11032-016-0615-3
	Malate	Chen, W., Xie, Q., Fu, J. <i>et al.</i> Graph pangenome reveals the regulation of malate content in blood-fleshed peach by NAC transcription factors. <i>Genome Biol</i> 26 , 7 (2025). D doi:10.1186/s13059-024-03470-w
	Texture fondante : Melting non melting	Gu et al. 2016. Copy number variation of a gene cluster encoding endopolygalacturonase mediates flesh texture and stone adhesion in peach. <i>J Exp Bot.</i> 67(6) doi: 10.1093/jxb/erw021
		Nakano et al. 2020. Postharvest Properties of Ultra-Late Maturing Peach Cultivars and Their Attributions to Melting Flesh (M) Locus: Re-evaluation of M Locus in Association With Flesh Texture. <i>Frontiers in Plant Science</i> 11 DOI:10.3389/fpls.2020.554158
	Fruit chilling injury (post-recolt storage)	Cantín et al. 2010. Chilling injury susceptibility in an intra-specific peach [<i>Prunus persica</i> (L.) Batsch] progeny, <i>Postharvest Biology and Technology</i> , 58:2, Doi:10.1016/j.postharvbio.2010.06.002.
	Pubescence	Lu et al. 2021. Fine Mapping of the Gene Controlling the Fruit Skin Hairiness of <i>Prunus persica</i> and Its Uses for MAS in Progenies. <i>Plants</i> 10(7):1433. doi:10.3390/plants10071433.
Scion	Longueur entre-nœud (semi-nain)	Lu, Z., Niu, L., Chagné, D. <i>et al.</i> Fine mapping of the <i>temperature-sensitive semi-dwarf (Tssd)</i> locus regulating the internode length in peach (<i>Prunus persica</i>). <i>Mol Breeding</i> 36 , 20 (2016). https://doi.org/10.1007/s11032-016-0442-6
		Zhang, H. 2025, A gap-free genome of pillar peach (<i>Prunus persica</i> L.) provides new insights into branch angle and double flower traits. <i>Plant Biotechnol. J.</i> , 23: 81-83. https://doi.org/10.1111/pbi.14480
		Lian, X. 2022. De novo chromosome-level genome of a semi-dwarf cultivar of <i>Prunus persica</i> identifies the aquaporin PpTIP2 as responsible for temperature-sensitive semi-dwarf trait and PpB3-1 for flower type and size. <i>Plant Biotechnol. J.</i> , https://doi.org/10.1111/pbi.13767
Porte-greffe	Armillaria (pourridié)	Devkota, P., Iezzoni, A., Gasic, K., Reighard, G., & Hammerschmidt, R. 2023. Rapid In Vitro Screening of <i>Prunus</i> Genotypes for Resistance to Armillaria Root Rot Using Roots of Young Rootstocks. <i>HortScience</i> , 58(10), 1163–1169. https://doi.org/10.21273/HORTSCI17196-23
	Graft incompatibility	Pina A, Irisarri P, Errea P, Zhebentyayeva T. 2021. Mapping Quantitative Trait Loci Associated With Graft (In)Compatibility in Apricot (<i>Prunus armeniaca</i> L.). <i>Front Plant Sci.</i> 12:622906. doi: 10.3389/fpls.2021.622906.

Lian, X. 2022. De novo chromosome-level genome of a semi-dwarf cultivar of *Prunus persica* identifies the aquaporin PpTIP2 as responsible for temperature-sensitive semi-dwarf trait and PpB3-1 for flower type and size. *Plant Biotechnol. J.*, <https://doi.org/10.1111/pbi.13767>

Table 2 Significant association between agronomic traits and candidate genes

Trait	Chromosome	Position	P-value	Candidate genes and functional annotation
Growth habit (<i>TSSD/tssd</i>)	G3	4,376,637	1.07E-27	Pp03G006310 (TIP2)
Flower type (<i>SH/sh</i>)	G8	14,438,628	4.93E-109	Pp08G015510 (B3-1)
Flower size	G8	14,983,191	8.41E-10	Pp08G015510 (B3-1)
Flesh colour around stone	G4	11,063,696	4.81E-14	Pp04G016610 (UDP-Glycosyltransferase superfamily protein), Pp04G016630 (UDP-Glycosyltransferase superfamily protein), Pp04G017800 (NAC6), Pp04G017810 (NAC19)
	G3	18,905,188	1.67E-08	Pp03G021030 (MYB32), Pp03G021610 (MYB114), Pp03G021660 (MYB10)
	G8	19,929,060	1.65E-08	Pp08G024560 (MYB-like)
	G6	13,088,613	3.72E-08	Pp06G024190 (WRKY)
Fruit maturity date	G4	11,019,990	1.18E-13	Pp04G017800 (NAC6), Pp04G017810 (NAC19), Pp04G016770 (NAC77)
Fruit hairiness	G5	16,757,982	2.91E-84	Pp05G004700 (MYB25)
Double flowers	G2	24,849,526	1.23E-41	Pp02G0287000 (AP2)
	G6	19,298,780	3.60E-41	Pp06G011800 (TOE type transcription factor)
Flesh colour (White/yellow)	G1	27,076,667	1.75E-44	Pp01G032380 (CCD4)
Flower opening time	G1	27,195,361	8.51E-11	Pp01G032380 (CCD4)
Pollen fertility	G6	1,944,951	4.89E-21	Pp06G039250 (ATP synthesis-related gene), Pp06G038900 (ATP-binding cassette transporter G26)
Kernel taste	G2	27,148,186	1.10E-39	Pp02G031770 (Anthranilate N-benzoyltransferase protein), Pp02G031580 (Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase) and Pp02G032190 (L-ascorbate oxidase precursor)
	G8	3,275,852	3.62E-42	Pp08G004140 (NAC67), Pp08G004150 (NAC74)

Marqueurs pour la Sélection Assistée

Utilisés

- Acidité: élimination
- Puceron vert (trop d'erreurs d'après ACfruit)
- Oïdium : vr2 / vr1
- Xanthomonas

A tester, adapter

SNP prédiction (Gasic)

- date de maturité
- taux de sucres solubles totaux
- tester fond génétique français ?

A développer

- texture chair
- fermé
- sucres et arômes

Pour suppression individus précocement:

- Noyau adhérent
- ever green
- Insertion pédonculaire...

Pas d'intérêt ?

- auto-incompatibilité
- marqueurs KASP (Chinois):
- caractère pêche/nectarine
- couleur chair

DNA TESTS FOR PEACH

Fruit Maturity Season Timing G4Mat-array

To peach growers, one of the most important characteristics of a particular cultivar is its maturity time, with the most successful new cultivars filling gaps in the harvest season. Therefore, breeders must consider the season of maturity when planning crosses, selecting seedlings, and advancing elite cultivar.

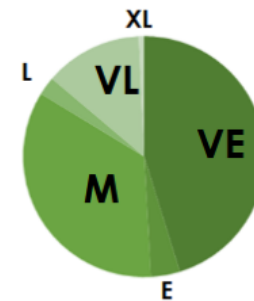
Genetics of the Trait

The peach harvest season can last for months, with almost 100 days between the earliest and latest cultivars in some locations. A particular genomic region, G4Mat, was found to account for up to 80% of observed phenotypic variation for maturity season timing, from which the G4Mat-array DNA test was developed.

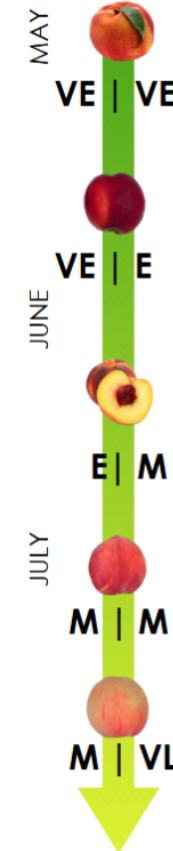
Alleles Available

Six distinct alleles are known from RosBREED's large set of U.S. cultivars and breeding germplasm. These alleles are labeled as: VE ("very early"), E ("early"), M ("mid"), L ("late"), VL ("very late"), and XL ("extra late"). Most common are VE, M, and VL.

G4Mat-array allele frequencies in U.S. cultivars & selections



Genotype	Example Cultivar	Maturity Timing (approximate)
VE VE	Westbrook	mid-June
VE M	Redhaven	mid-July
M M	Dr. Davis	mid-July
M VL	Elberta	early August



When to Assay

G4Mat-array has a range of breeding uses, such as:

- Cross choices, to help pick combinations of parents that will produce progeny in specific harvest windows.
- Seedling sorting, to enable planting of groups of seedlings ordered by predicted harvest date.
- Seedling selection, to discard unwanted types and field-plant only those seedlings expected to fruit within a specific harvest window.

Predictive Capacity

This DNA test explains almost all of the genetic effects on maturity season timing in U.S. breeding germplasm. By targeting and selecting specific allelic combinations, you can directly focus on one or more desired harvest windows. The predictive power of G4Mat-array was confirmed in the RosBREED project on four U.S. peach breeding programs. Confirm the effects in your own germplasm before widespread use.

Technical Details

G4Mat-array relies on SNP array genotyping with a custom 24-SNP mini-array or 9K array. Four adjacent SNPs define the locus. For more details on this test, other peach tests, or DNA tests for other rosaceous crops, visit www.rosbreed.org/breeding/dna-testing.

RosBREED

