

Année universitaire : .2020 -2021

Spécialité :

Production végétale et Agroécologie

Spécialisation / Option :

Sciences et Ingénierie du Végétal / Génétique et
amélioration des plantes

Mémoire de fin d'études

d'ingénieur de l'École nationale supérieure des sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage (AGROCAMPUS OUEST), école interne de l'institut national d'enseignement supérieur pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement

de master de l'École nationale supérieure des sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage (AGROCAMPUS OUEST), école interne de l'institut national d'enseignement supérieur pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement

d'un autre établissement (étudiant arrivé en M2)

**ETUDE DE L'EVOLUTION DE LA DIVERSITE GENETIQUE ET PHENOTYPIQUE DES
ABRICOTIERS CULTIVES**

Illustration de la diversité génétique sur des caractères liés à l'adaptabilité variétale

Par : Alice MERCIER



Soutenu à Agrocampus-ouest Rennes le 14/07/2021

Devant le jury composé de :

Président : Anne LAPERCHR

Maître de stage : Jean-Marc AUDERGON et Ivan SCOTTI

Enseignant référent : Anne LAPERCHE

Enseignant correspondant : Helene RONGEOT

Autres membres du jury (Nom, Qualité) :

Rapporteur : Marie-Laure PILLET-NAYEL

Examinatrice : Maria MANZANAREZ

Les analyses et les conclusions de ce travail d'étudiant n'engagent que la responsabilité de son auteur et non celle d'AGROCAMPUS OUEST

Fiche de confidentialité et de diffusion du mémoire

Confidentialité

Non Oui si oui : 1 an 5 ans 10 ans

Pendant toute la durée de confidentialité, aucune diffusion du mémoire n'est possible ⁽¹⁾.

Date et signature du maître de stage ⁽²⁾ : 23/04/2024
(ou de l'étudiant-entrepreneur)

A la fin de la période de confidentialité, sa diffusion est soumise aux règles ci-dessous (droits d'auteur et autorisation de diffusion par l'enseignant à renseigner).

Droits d'auteur

L'auteur ⁽³⁾ Nom Prénom MERCIER Alice

autorise la diffusion de son travail (immédiatement ou à la fin de la période de confidentialité)

Oui Non

Si oui, il autorise

la diffusion papier du mémoire uniquement ⁽⁴⁾

la diffusion papier du mémoire et la diffusion électronique du résumé

la diffusion papier et électronique du mémoire (joindre dans ce cas la fiche de conformité du mémoire numérique et le contrat de diffusion)

(Facultatif) accepte de placer son mémoire sous licence Creative Commons CC-BY-NC-ND (voir Guide du mémoire Chap 1.4 page 6)

Date et signature de l'auteur : 23/04/2024

Autorisation de diffusion par le responsable de spécialisation ou son représentant

L'enseignant juge le mémoire de qualité suffisante pour être diffusé (immédiatement ou à la fin de la période de confidentialité)

Oui Non

Si non, seul le titre du mémoire apparaîtra dans les bases de données.

Si oui, il autorise

la diffusion papier du mémoire uniquement ⁽⁴⁾

la diffusion papier du mémoire et la diffusion électronique du résumé

la diffusion papier et électronique du mémoire

Date et signature de l'enseignant :

(1) L'administration, les enseignants et les différents services de documentation d'AGROCAMPIUS OUEST s'engagent à respecter cette confidentialité.

(2) Signature et cachet de l'organisme

(3) Auteur – étudiant qui réalise son mémoire de fin d'études

(4) La référence bibliographique (= Nom de l'auteur, titre du mémoire, année de soutenance, diplôme, spécialité et spécialisation/Option) sera signalée dans les bases de données documentaires sans le résumé.



ENGAGEMENT DE NON PLAGIAT

Je, soussigné (e),Alice MERCIER.....,

déclare être pleinement conscient(e) que le plagiat de documents ou d'une partie d'un document publiés sur toutes formes de support, y compris l'internet, constitue une violation des droits d'auteur ainsi qu'une fraude caractérisée. En conséquence, je m'engage à citer toutes les sources que j'ai utilisées pour écrire ce rapport ou mémoire.

Signature :

TABLE DES MATIERES

REMERCIEMENTS

GLOSSAIRE ET LISTE DES ABREVIATIONS

INTRODUCTION	1
Chapitre 1 : Etat de l'art sur la production d'abricots et la connaissance de sa diversité génétique.	2
I) La production de l'abricot et ses problématiques.....	2
a) Les problématiques économiques de la culture	2
b) La filière abricot.....	2
II) Génétique et biologie de l'espèce.....	2
a) Taxonomie de l'espèce.....	2
b) Cycle de développement.....	3
c) Sensibilité aux ravageurs.....	3
III) Diversité génétique.....	4
a) Origine et domestication de l'abricot.....	4
b) Vers une perte de la diversité génétique ?	5
IV) Les problèmes d'adaptabilité.....	5
a) Risque de gel sur fleurs et petits fruits.....	5
b) Développement d'anomalies et de nécroses.....	5
V) Présentation de la problématique.....	6
Chapitre 2 : Matériel et méthodes	7
I) Matériel végétal.....	7
a) Accessions	7
b) Métadonnées	7
c) Caractérisation des accessions.....	7
I) Analyse de données	9
a) Analyse de la diversité.....	9
b) Analyse de la structuration du jeu de données.....	10
c) Analyse de l'apparentement du jeu de données	10
d) Analyse en composante principale (ACP).....	10
Chapitre 3 : Résultats	11
I) Evolution du nombre de variétés en certification	11
II) Evolution de la diversité génétique au cours du temps.....	11
a) Diversité génétique	11

b) Distance génétique entre les variétés certifiées et les variétés patrimoniales	11
c) Résultats ACP.....	12
d) Une nouvelle structuration de la population	12
IV) Evolution de la diversité phénotypique.....	13
a) Evolution de la diversité au sein des variétés modernes	13
b) Distance phénotypique entre les variétés modernes et patrimoniales.....	14
Chapitre 4 : Discussion des Résultats.....	16
I) Analyse de la diversité génétique.....	16
a) Choix des mesures de distance	16
b) Evolution de la diversité génétique.....	16
II) Analyse de la diversité phénotypique	19
III) Relation diversité génétique et phénotypique.....	20
Conclusion	22
TABLE DES FIGURES ET DES ILLUSTRATIONS	23
BIBLIOGRAPHIE	24

GLOSSAIRE ET LISTE DES ABREVIATIONS

ACP : Analyse en Composante Principale

CTIFL : Centre Technique interprofessionnel des Fruits et Légumes

Indice de diversité de Nei : h_e : hétérozygotie attendue dans une population

ECA : Enroulement Chlorotique de l'Abricotier

FAO : L'Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (Food and Agriculture Organization of the United Nations)

GAFL : Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes

GWAS : Genome Wide Association Study

INRAe : Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'alimentation et l'environnement

MSA : Microsatellite Analyser

SSR : Marqueur microsatellite (Single Séquence Repeat)

Variétés patrimoniales : Variétés locales et anciennes.

Variétés cultivées modernes : Variétés hybrides issues de programme d'amélioration

URFM : Unité de Recherche sur la forêt Méditerranéenne

UPOV : Union pour la Protection des Obtentions Végétales

REMERCIEMENTS

Je tiens à remercier mes deux encadrants Jean-Marc AUDERGON et Ivan SCOTTI pour les connaissances qu'ils ont partagés avec moi. Ainsi que pour leur accompagnement et le temps qu'ils m'ont consacré.

Je tiens également à remercier les différents membres de l'équipe Prunus. Merci à Guillaume et Typhaine pour leur sympathie et l'aide qu'ils m'ont apporté dans mon stage. Merci également à Eric qui a consacré du temps à récupérer des informations qui m'ont grandement servies dans mes analyses. Et merci pour tous les abricots.

Je tiens également à remercier Alain pour m'avoir expliqué les notations de floraisons ainsi que pour toutes les informations récoltées qui m'ont servies dans mon stage. Merci également à Jean pour son aide et sa gentillesse. Je tiens également à remercier Gregory qui fut un excellent compagnon de covoiturage et sans qui je n'aurais pas pu faire le phénotypage.

Merci également à Carole, Arnaud et Muriel de l'équipe Biogeves pour leur écoute, le temps consacré à mon projet ainsi que pour leurs conseils.

Enfin, je tiens à remercier les autres stagiaires Marie et Eva, ainsi que Sébastien et Alexandre pour leur sympathie et leurs conseils.

Merci à l'ensemble de l'équipe du GAFL pour leur accueil, leur intérêt et leurs conseils. Merci également au GIS fruits pour son soutien financier et pour m'avoir permis de réaliser ce stage.

INTRODUCTION

Dans le cadre de ma dernière année de formation d'ingénieurs en Agronomie spécialisation génétique et amélioration des plantes, j'ai réalisé un stage de 6 mois au sein de INRAe (institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement). Le stage se déroule au sein de l'unité GAFL (Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes), située sur le site d'Avignon dans le Vaucluse, en partenariat avec l'URFM (Unité de Recherche sur la Forêt Méditerranéenne).

L'abricotier, *Prunus armeniaca*, est originaire d'Asie. À la fin du premier siècle avant J.C, l'espèce est introduite dans le bassin méditerranéen qui représente aujourd'hui plus de 50% de la production mondiale. L'abricot est fortement apprécié l'été ainsi, depuis plusieurs années sa consommation dans le monde est en augmentation. Toutefois, cet engouement ne bénéficie pas à la filière française dont la consommation semble reculer. En effet, les fruits souffrent des aléas climatiques et en particulier du gel printanier à l'origine d'une baisse de la production. Par ailleurs, la filière doit également faire face à la concurrence européenne et à des problèmes qualitatifs qui découragent les consommateurs.

Afin de répondre à ces problématiques, l'INRAe conduit des activités de sélection visant à promouvoir des variétés qualitatives et adaptées aux changements globaux. Dans cet optique, l'institut de recherche conserve et caractérise la diversité génétique de l'espèce. Celle-ci a déjà été évaluée à l'échelle mondiale ce qui a permis de mettre en évidence une diversité importante ainsi qu'une forte structuration phylogéographique. Mon stage s'inscrit dans la continuité de ces travaux. Il vise à **caractériser la diversité génétique et phénotypique des abricotiers cultivés et leur évolution au cours du temps. La connaissance de cette diversité permettra d'améliorer les programmes de sélection notamment sur des caractères d'adaptabilité.**

Ce rapport est structuré en quatre parties. Une première partie fera état du contexte bibliographique dans lequel s'inscrit l'étude. La seconde partie présentera les matériels et méthodes. Enfin, les résultats seront présentés et discutés dans la troisième et quatrième partie.

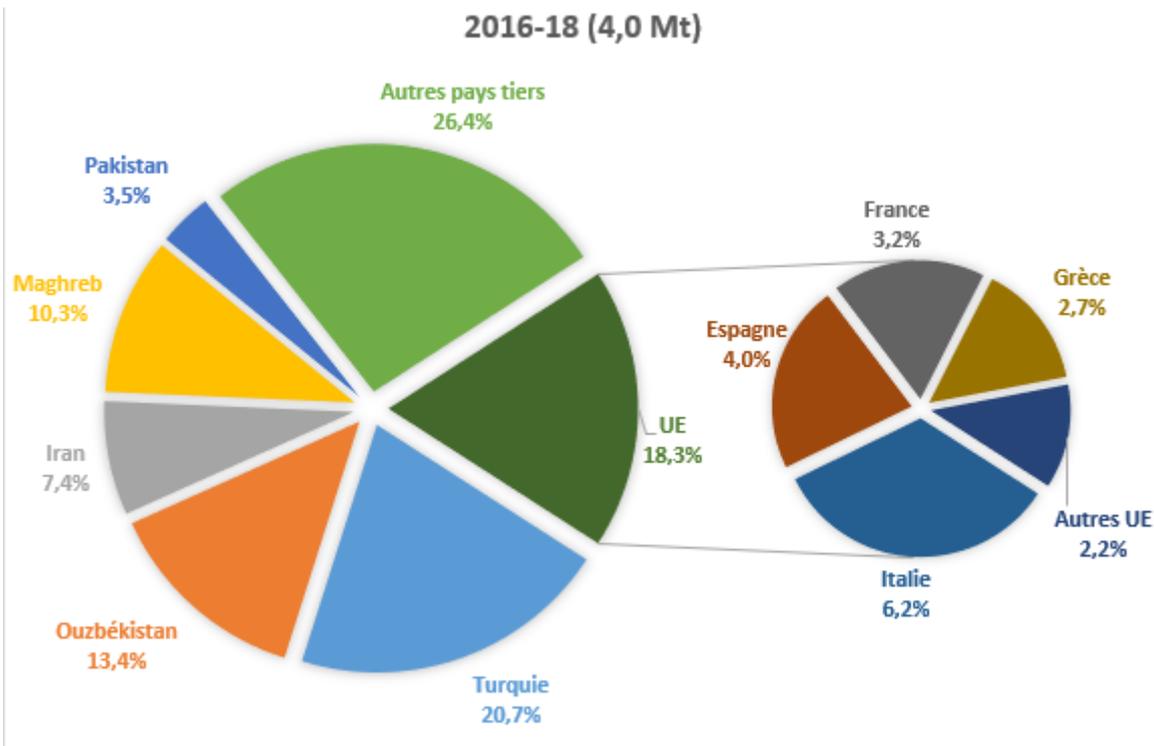


Figure 1 : Répartitions des pays producteurs d'abricots dans le monde en 2016-2018 (source : FAO)

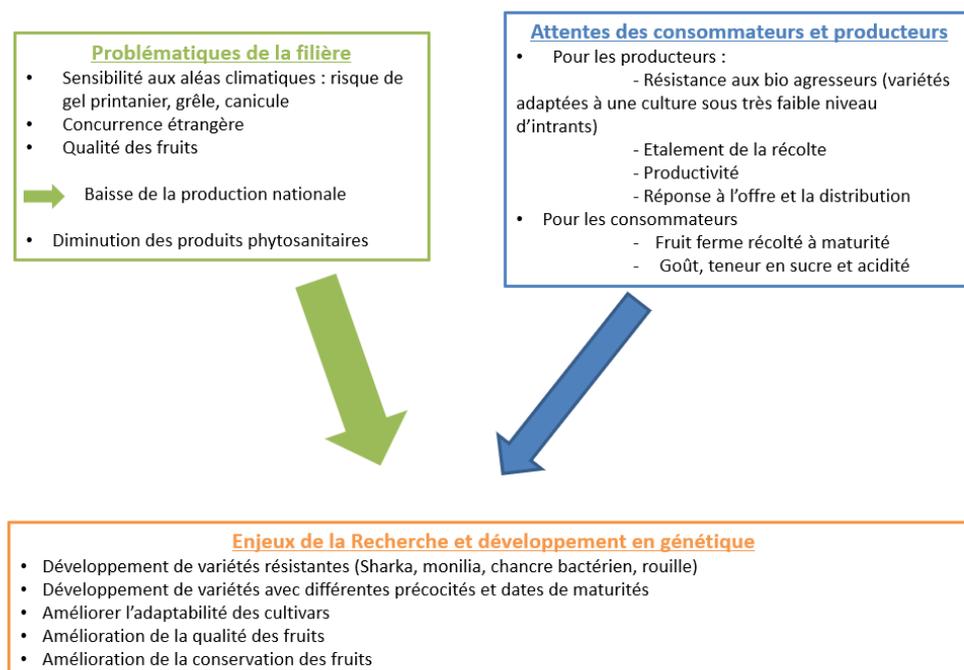


Figure 2 : Enjeux de la filière de production d'abricot

Chapitre 1 : Etat de l'art sur la production d'abricots et la connaissance de sa diversité génétique.

I) La production de l'abricot et ses problématiques

a) Les problématiques économiques de la culture

Avec une production mondiale de 4 milliards de tonnes (Vernin, 2021) l'espèce *P. armeniaca* est majoritairement produite en Asie (60% de la production mondiale) et dans le bassin méditerranéen (20% de la production). Entre 2016 et 2018 (FAO) le premier producteur mondial d'abricot était la Turquie avec 20,7% de la production, suivi par l'Ouzbékistan (13.4% de la production). Par ailleurs, d'après la FAO, la France était en 2019, le troisième producteur européen d'abricots après l'Italie et l'Espagne et le quatrième exportateur mondial (*Figure 1*).

Depuis 2008, la production nationale d'abricot est en légère baisse. En effet, entre 2006/2008 et 2016/2018 la production d'abricots a diminué de 1.9% (FAO). La production européenne est, au contraire, à la hausse et a augmenté de 5% en 10 ans. De nombreux épisodes climatiques défavorables peuvent expliquer la baisse de production nationale constatée ces dernières années. Les abricotiers souffrent d'hivers trop doux et de gels printaniers. Ainsi, en 2019, les abricotiers français ont souffert des épisodes de grêles et de la canicule (FRANCEAGRIMER, 2019). Les nombreux incidents climatiques de 2018 (gels, pluies et canicules) sont également à l'origine d'une baisse de la production et des fruits de moins bonnes qualités (FRANCEAGRIMER, 2018).

b) La filière abricot

En Europe, l'abricot est généralement cultivé pour la consommation humaine, en frais, sec ou distillé (Vernin, 2021). Toutefois, en Chine certaines variétés sont également utilisées à des fins forestières, ornementales ou médicinales. L'abricotier est un fruit d'été dont la demande dépend fortement des conditions estivales. D'après une étude menée par le CTIFL (Vernin, 2021), les consommateurs recherchent généralement des produits de qualité de couleur orangée, exempts de défauts visuels, présentant un degré de maturité suffisant, fermes et riches en sucre. De leur côté, les producteurs recherchent des cultivars résistants, ou peu exigeants en intrants phytosanitaires, et productifs. La régularité de la production d'abricot est donc un critère essentiel de sélection pour permettre aux consommateurs un accès à des fruits de qualité sur l'ensemble de la période de production. La *Figure 2* résume les différents enjeux portés par la filière.

II) Génétique et biologie de l'espèce

a) Taxonomie de l'espèce

Appartenant à la famille des Rosacées, l'abricotier est une espèce diploïde à 8 paires de 2 chromosomes ($2n=2x=16$) (Doré et Varoquaux 2006; Lichou et al., 2012). L'espèce est majoritairement allogame avec une stérilité liée à un système d'incompatibilité pollinique de type gamétophytique (Lichou et al., 2012). Toutefois, il existe des variétés auto-fertiles et ce

a.



b.



Figure 3 : Photos présentant les symptômes de la Sharka sur les feuilles (a.) et sur les fruits (b.) (photos de Guillaume ROCH)

caractère fait l'objet d'un enjeu de sélection. L'espèce abricotier se greffe sur des systèmes racinaires d'abricot, de pêcher ou de prunier, en fonction des conditions pédoclimatiques.

b) Cycle de développement

L'abricotier est une espèce pérenne. Les individus issus de semis possèdent de fait, une phase juvénile longue (pouvant aller jusqu'à 5 ans). La floraison va donc coïncider avec la période de risque de gel printanier, sachant que les fleurs sont détruites lorsque les températures sont inférieures à -2° (Lichou et al., 2012). La floraison est suivie par l'apparition des feuilles. Les fruits atteignent ensuite leur maturité de mai à septembre selon les variétés (Lichou et al., 2012).

c) Sensibilité aux ravageurs

L'abricot est sensible à de nombreux bio agresseurs (maladies et ravageurs) dont une partie peut conduire au dépérissement des arbres. Les principales maladies problématiques et l'importance des dégâts provoqués sont présentées dans le *Tableau 1*.

Maladie	Agent pathogène	Importance des dégâts	Contraintes particulière
Sharka	<i>Plum pox virus</i>	Perte de 3,5 milliards d'euros sur les trente dernières années (Lichou et al., 2012)	Organisme réglementé non de quarantaine ; absence de traitement mais arrachage obligatoire
ECA	<i>Candidatus Phytoplasma prunorum</i>	Entre 1 et 5 % des arbres atteints et dépérissant par an selon le système de culture	
Chancre bactérien	<i>Pseudomonas sp.</i>	Mortalité pouvant dépasser 50% des arbres en verger les années sensibilisantes	Maladie essentiellement présente en zone septentrionale
Monilia	<i>Monilia laxa</i>	Peut entraîner des dégâts importants par la destruction des fleurs	
Rouille	<i>Tranzchelia discolor</i>	Importance économique secondaire mais peut entraîner des défoliations graves des arbres préjudiciables pour l'induction florale	Problématique en culture biologique lorsque absence de traitement chimique

Tableau 1 : Tableau récapitulatif des principales maladies sur abricotiers et leurs importance économique

- La **Sharka** (*Figure 3*) est une maladie réglementée à l'échelle européenne. Cette virose est causée par l'agent pathogène : *plum pox virus* et est particulièrement préjudiciable sur les abricots. (Lichou et al., 2012) La maladie se caractérise par l'apparition de déformations et

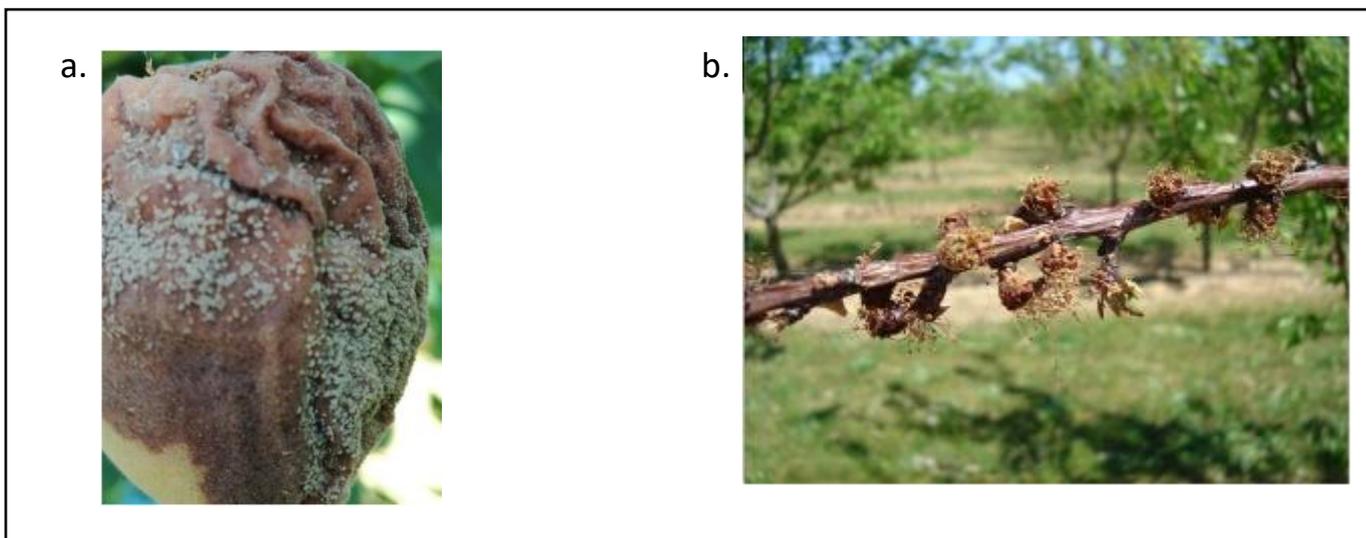


Figure 4 : Symptômes de *Monilia* sur les fruits (a.) et sur les feuilles (b.) (photos de Guy CLAUZEL)

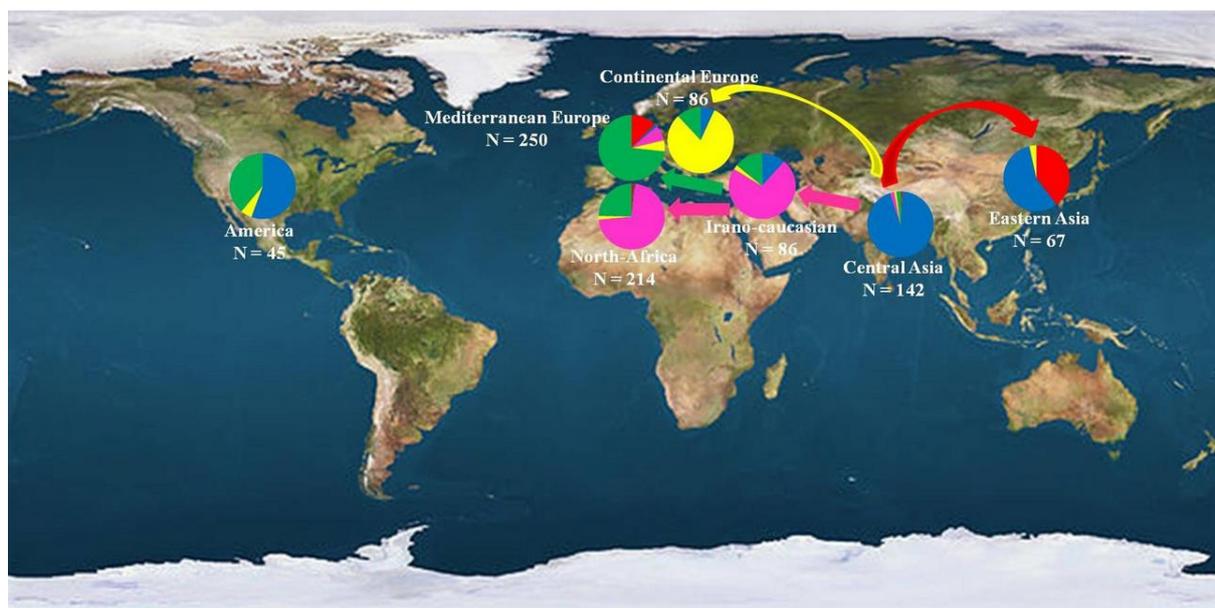


Figure 5 : Flux de domestication de l'abricot (Bourquiba et al. 2020)

Légende : distribution géographique des abricots et des groupes phylogénétiques identifiés par Bourquiba et al. (2020) à l'aide de STRUCTURE. L'étude a porté sur 890 accessions patrimoniales couvrant 7 groupes géographiques, groupe 1 : « Asie de l'est », groupe 2 : « Asie centrale », groupe 3 : « Irano-Caucasien », groupe 4 : « Europe Continentale », groupe 5 : « Europe méditerranéenne », groupe 6 : « Afrique du sud », groupe 7 : « Amérique ». Groupes de structure : Cluster 1 en rouge : Asie de l'Est, Cluster 2 en bleu : Asie centrale, Cluster 3 en rose : Irano-Caucasien, Cluster 4 en jaune : Europe continentale, Cluster 5 en vert : Europe méditerranéenne.

décolorations sur les feuilles et sur les fruits. Les pertes causées par la maladie sont estimées à plus de 3.5 milliards d'euros sur les trente dernières années (Lichou et al., 2012). Aucune technique de lutte culturale ne permet à ce jour de lutter efficacement contre l'agent pathogène, la seule solution est l'élimination des arbres contaminés. Il existe néanmoins des variétés résistantes. Les mécanismes de résistance à cette maladie sont encore méconnus, toutefois, Marandel et al. (2009) ont mis en évidence un locus à effet majeur qui est aujourd'hui utilisé dans le cadre d'une sélection assistée par marqueurs.

- **Le Monilia** est causé par différents champignons. Le plus préjudiciable, *Monilia laxa* provoque la chute des fleurs et donc des pertes importantes de production (*Figure 4*).

- **L'ECA** est une maladie réglementée provoqué par un phytoplasme induisant un dépérissement de l'arbre.

- **Le chancre bactérien** qui se traduit par l'apparition de chancre s'explique par des attaques hivernales et la présence de *Pseudomonas sp.*

- Enfin, **la Rouille** est provoquée par *Tranzchelia discolor*. Elle se caractérise par les symptômes suivants : apparition de taches jaunes et de pustules sur les feuilles suivis d'une chute anticipée des feuilles. Cette chute peut avoir lieu au mois de juillet pour les variétés sensibles ce qui empêche la mise en réserve et l'induction florale pour l'année suivante.

III) Diversité génétique

a) Origine et domestication de l'abricot

Valvilov (1992) identifie deux principaux centres d'origine de l'abricotier cultivé : la Chine et l'Asie centrale et un centre de diversification secondaire situé dans la région du Caucase, de l'Iran, et la Turquie. Cette hypothèse basée sur la connaissance de la diversité phénotypique a été confirmée en 2012 par Bourguiba et al. à l'échelle méditerranéenne puis validés à l'échelle mondiale par Bourguiba et al. 2020 en mobilisant des marqueurs de type SSR. Sur ces bases, l'abricot se serait répandu à partir du centre d'origine par la route de la soie dans la région Irano-Caucasienne. (*Figure 5*) D'après Bourguiba et al. (2012), les arbres se sont ensuite répandus dans la région méditerranéenne par le sud de l'Europe et par le nord de l'Afrique. Les abricots ont été introduits plus récemment en Amérique du Nord, en Afrique du Sud en Australie et en Nouvelle-Zélande.

On distingue ainsi les 5 groupes suivants :

- Le groupe 1 : Asie de l'Est : regroupant essentiellement des accessions venant du Japon. Ce groupe présente un fort niveau d'adaptabilité et une forte diversité.
- Le groupe 2 : Asie centrale : Ce groupe contient également des accessions chinoises, c'est le groupe qui présente la plus grande diversité.
- Le groupe 3 : Irano-Caucasien : Ce groupe contient également des accessions issues de l'Afrique du Nord. Les variétés sont caractérisées par des besoins en froid faibles et des variétés auto-incompatibles.
- Le groupe 4 : Europe continentale qui contient la plus faible diversité génétique, il est caractérisé par des besoins en froids importants.
- Le groupe 5 : Europe méditerranéenne qui regroupe également quelques accessions d'Afrique du Nord. Les variétés de ce groupe présentent le plus fort niveau de production et des besoins en froid plus faibles.

La diversité génétique des abricotiers patrimoniaux présente donc une forte structuration que l'on retrouve en incorporant des variétés sauvages (Liu et al. 2019).

b) Vers une perte de la diversité ?

Pour de nombreuses espèces, la sélection variétale s'est accompagnée d'une perte de diversité génétique. Cette perte de diversité s'explique généralement par le « domestication syndrome », l'humanité a favorisé lors de son évolution des individus possédant des traits intéressants pour l'utilisation humaine (Bourguiba et al. 2020; Miller et Gross 2011). Néanmoins, une étude menée en 2006 par le GEVES sur les plantes annuelles montrait l'absence de diminution significative de la diversité au sein des plantes inscrites au catalogues (Dubois. 2006). L'abricotier est une plante pérenne présentant donc un cycle de développement long. De fait, depuis sa domestication l'espèce aurait réalisé moins de cycles sexuels par rapport à une annuelle. (Bourguiba et al. 2020, Groppi et al. 2021). On pourrait donc s'attendre à ce que le goulot d'étranglement lié à la domestication soit plus marqué pour cette espèce or ce n'est pas le cas (Bourguiba et al. 2020). Cela pourrait s'expliquer par une domestication simultanée en plusieurs endroits et par des flux de gènes avec les populations sauvages (Miller et Gross 2011; Bourguiba et al., 2012).

L'objectif de notre étude est de s'intéresser à l'évolution de cette diversité pour l'espèce *P. armeniaca* en examinant la diversité patrimoniale en comparaison avec la diversité moderne. D'après Liu et al. (2019), les abricots cultivés sont génétiquement différents des espèces sauvages. En effet, les fonds génétiques cultivés sont issus de fonds génétiques anciens ainsi que d'introgessions plus récentes et la domestication se serait accompagnée d'une baisse de la diversité génétique. Dans une étude comparant des variétés patrimoniales avec des fonds cultivés modernes Lasnier, (2013) met également en évidence une baisse du nombre d'allèles présents ce qui traduirait une réduction de la variabilité génétique au sein des fonds génétiques améliorés.

Pour relativiser les résultats, il faut être conscient que jusque dans les années 1980, la plupart des régions de production ne cultivaient qu'une ou deux variétés. (Lichou et al., 2012). Les variétés cultivées en Europe avaient alors une base génétique très étroite. Toutefois, sur les trois dernières décennies, l'offre variétale s'est diversifiée (Lichou et al., 2012 ; Lamine et al., 2014). La diversification de l'offre s'est accompagnée de l'introduction récente d'une plus grande diversité ce qui a apporté des aspects positifs et négatifs. Elle a permis notamment l'extension de la gamme de maturité, l'amélioration de la couleur, de la fermeté et de la qualité gustative. Toutefois, cette amélioration s'est accompagnée de problèmes d'inadaptation régionale d'une partie des accessions en cours de déploiement.

IV) Les problèmes d'adaptabilité

Les problèmes d'inadaptation suivants sont constatés en culture :

a) Risque de gel sur fleurs et petits fruits.

Les bourgeons d'abricotiers ont besoin, pour lever la dormance hivernale, d'une certaine accumulation de froid ainsi que de chaleur pour se développer (Lichou et al., 2012). Les exigences en froid diffèrent selon les variétés et leur origine génétique. Pour la plus grande majorité d'entre elles, les besoins en froids sont satisfaits au cours du mois de janvier, cependant des variétés possédant des besoins en froid très faibles peuvent fleurir plus tôt (Lichou et al., 2012). Ainsi, une variété avec des besoins en froid et en chaleur faible fleurira plus tôt ce qui implique des risques de gels des fleurs et des petits fruits.

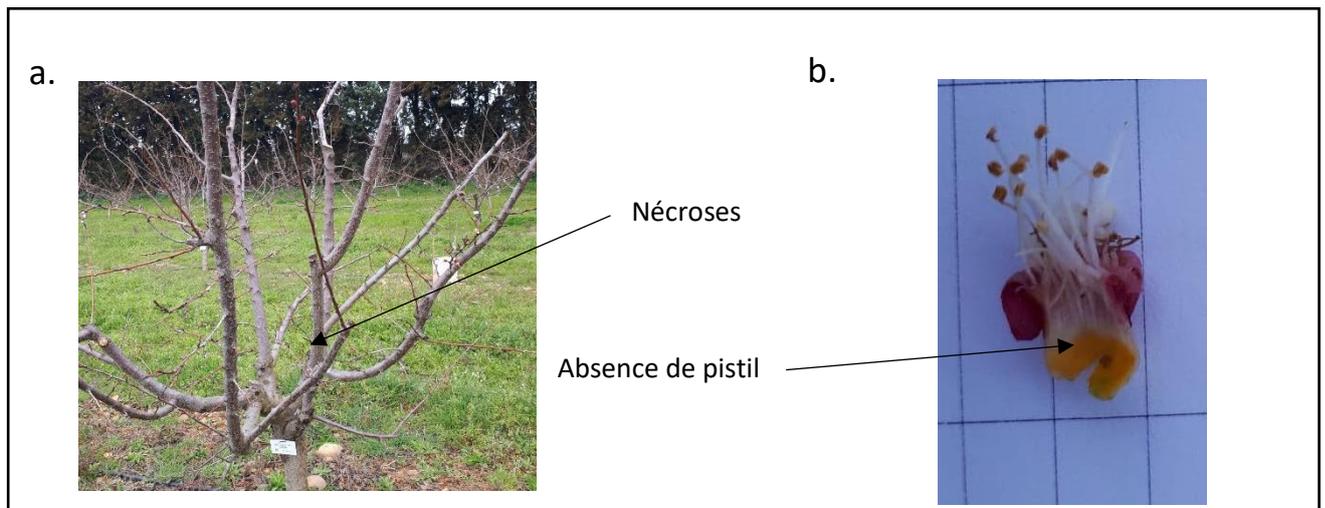


Figure 6 : Photos présentant des nécroses (a) et des anomalies florales (b)

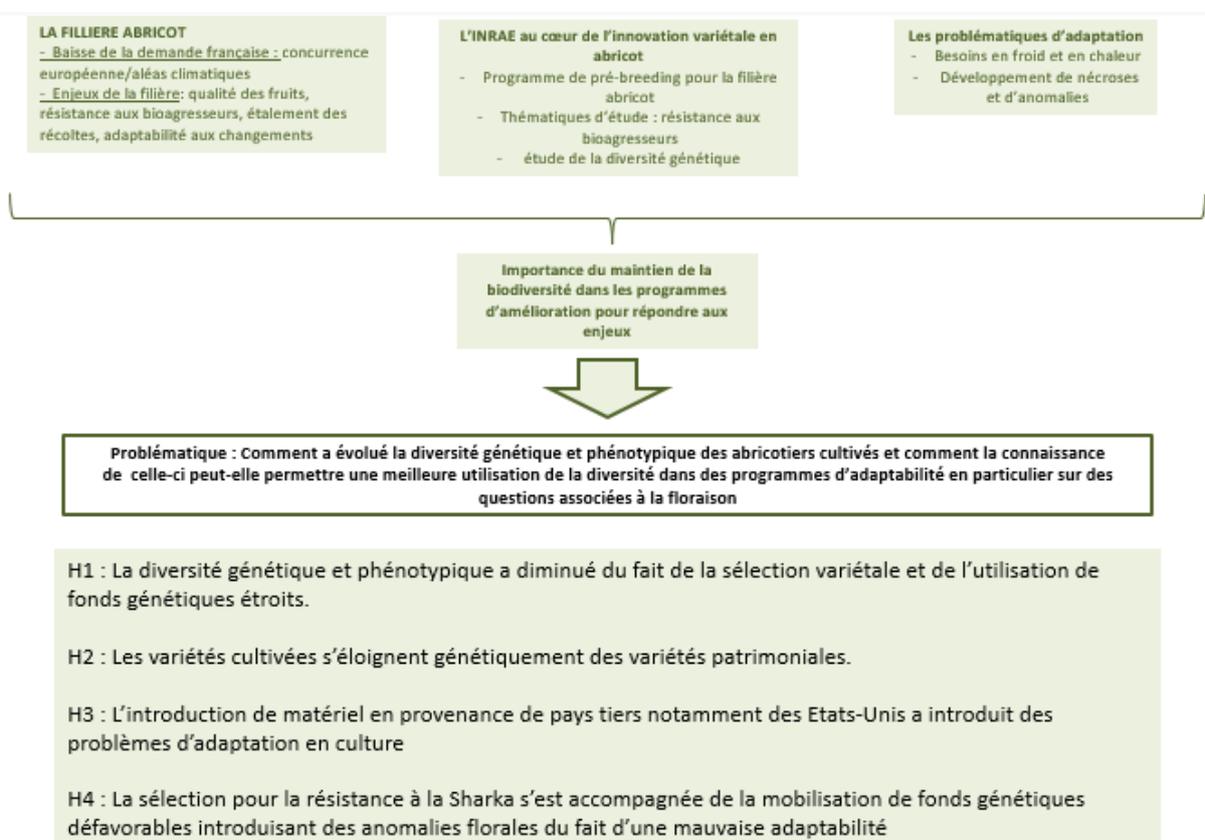


Figure 7 : Schéma récapitulatif de la *problématique*

b) Développement d'anomalies et de nécroses.

Les abricotiers peuvent également développer des anomalies florales. Celles-ci sont très présentes et concernent principalement les fonds génétiques issus d'Asie centrale actuellement mobilisés pour introgresser la résistance à la Sharka. Les nécroses (*Figure 6a*) et anomalies florales (*Figure 6b*) doivent être considérées comme un phénomène continu du bourgeon nécrosé ne s'ouvrant pas au printemps à la fleur anormale sans pistil ou avec des verticilles d'étamines non complets lors de la floraison (Lichou et al., 2012). La présence d'anomalies florales est un phénomène génétique. Toutefois, ce caractère s'exprime de manière différentielle selon les années et les conditions climatiques.

V) Présentation de la problématique et des hypothèses

L'objectif du stage était d'appréhender l'évolution de la diversité génétique et phénotypique au sein des variétés cultivées modernes. La connaissance de cette diversité devrait permettre d'adapter les programmes de sélections. Nous nous sommes intéressés plus spécifiquement, aux problématiques d'adaptabilités. Ainsi l'un des questionnements de cette étude était de comprendre l'origine génétique des problèmes d'adaptation constatés en culture et en particulier les problèmes de nécroses et anomalies florales.

L'objectif de mon stage sera donc de répondre aux problématiques suivante (*Figure 7*) :

Comment a évolué la diversité génétique et phénotypique des abricotiers cultivés, notamment par rapport aux variétés patrimoniales ? Comment la connaissance de cette diversité peut-elle permettre une meilleure utilisation de celle-ci dans des programmes d'amélioration pour l'adaptabilité en particulier sur des questions associées à la floraison

L'étude a permis de répondre aux questions suivantes :

- Diversité génétique des variétés cultivées :
 - H1 : La diversité génétique et phénotypique a diminué du fait de la sélection variétale et de l'utilisation de fonds génétiques étroits.
 - H2 : Les variétés cultivées s'éloignent génétiquement des variétés patrimoniales.
- Impact de la diversité génétique sur l'adaptation variétale
 - H3 : L'introduction de matériel en provenance de pays tiers notamment des Etats-Unis a introduit des problèmes d'adaptation en culture.
 - H4 : La sélection pour la résistance à la Sharka s'est accompagnée de la mobilisation de fonds génétiques défavorables introduisant des anomalies florales du fait d'une mauvaise adaptabilité.

Pays obtenteur	Nombre de variétés cultivées
France	219
USA	92
Espagne	54
Canada	20
Italie	35
Nouvelle Zélande	13
Roumanie	8
Slovénie	9
Suisse	5
République tchèque	4
Autres	22
Inconnu	10
Total	491

Tableau 2 : Tableau récapitulatif de l'origine des variétés modernes utilisées pour l'analyse de la diversité

Chapitre 2 : Matériel et méthodes

I) Matériel Végétal

a) Accessions

La base de données qui a servi à l'analyse de la diversité est constituée de 491 variétés dites modernes et de 1001 variétés dites patrimoniales ou issues de prospection incluant les 890 accessions utilisées par Bourguiba et al (2020) pour son étude d'analyse de diversité. Le *tableau 2* résume l'origine des variétés modernes utilisées pour l'analyse. Le terme variété patrimoniale désigne des variétés plus anciennes, localement adaptées tandis que les variétés modernes proviennent de programmes d'amélioration. Les variétés patrimoniales sont issues de différentes collections et ont été choisies pour couvrir la diversité mondiale.

b) Métadonnées

Afin d'évaluer l'évolution des variétés, des variables complémentaires ont été relevées et ajoutées à la base de données :

- La date d'introduction au registre INRAe : indicateur du moment où la variété a été portée à connaissance.
- Le sélectionneur : variable qui permet de qualifier l'origine de l'accession
- Le pays de l'obteneur : indicateur spatial qui nous renseigne sur les fonds génétiques mobilisés.
- Dates d'entrées et de sorties en certification en France : Ces variables rendent compte de la durée de vie commerciale des accessions. Elles ont été recueillies auprès du CTIFL et du GEVES pour la période 2000-2019

c) Caractérisation des accessions

- **Génotypage**

Les accessions ont été génotypées à l'aide de 25 marqueurs microsatellites (SSR) par BioGeves, (Cipriani et al., 1999 ; Testolin et al., 2000 ; Aranzana et al., 2002 ; Dirlwanger et al., 2002 ; Yamamoto et al., 2002 ; Hagen et al., 2004), sélectionnés en fonction de leur position sur le génome pêcher de référence.

- **Données de phénotypage**

Plusieurs caractères phénotypiques ont été relevés à l'aide des critères UPOV. Les caractères pris en compte dans notre étude sont présentés dans le *tableau 3* (UPOV, 2007)

Numéro caractère UPOV	Caractère
2	Port de l'arbre
5	Présence d'anthocyane sur l'Apex
28	Taille des fruits
30	Forme en vue latérale
35	Ratio largeur épaisseur
48	Proportion du Lavis (=couleur de surimpression)
49	Couleur de la chair
54	Forme du noyau en vue latérale
56	Epoque de début floraison
57	Epoque de début de maturité

Tableau 3 : Tableau présentant les différents critères UPOV utilisés pour l'analyse de la diversité

Le caractère type de fruit (blanc, orangé, rouge ou bicolore) a également été ajouté.

Des caractères phénotypiques complémentaires relevés sur les individus présents en collection et dans la core-collection INRAe ont été ajoutés à l'analyse. La core-collection a été mise en place en 2017 sur le site de Gotheron, situé à proximité de Valence dans la Drôme. Ce dispositif est constitué de 5 blocs randomisés avec une répétition par bloc sur chaque accession. Il a été dupliqué en 2018, sur le domaine de l'Amarine à proximité de Nîmes. La core-collection est constituée de 150 accessions greffées sur des portes greffes pêcher Montclar®Chanturgue, ceux-ci ont été sélectionnées pour maximiser la variabilité génétique et phénotypique. Le dispositif expérimental de Gotheron est présenté en ANNEXE 1.

Les caractères phénotypiques complémentaires sont les suivants :

- La présence de nécroses et d'anomalies florales, notées de 0 (absence) à 2 (influence la production). La note maximale attribuée à chaque clone a été conservée pour l'analyse, sur les notations réalisées en 2020 et 2021 à Gotheron et en 2021 à l'Amarine.
- La floribondité. Cette variable rend compte de la quantité de fleurs sur l'arbre. Elle est relevée par une note d'intensité allant de 0 (absence de fleurs) à 4.
- La sensibilité à la Rouille a également été observée en 2020 sur les individus présents dans la core-collection de Gotheron par une note d'intensité allant de 0 (absence de symptômes) à 5.
- La présence d'Oïdium sur les faces supérieures des feuilles a été également relevée par une note d'intensité allant de 0 (absence de symptômes) à 5 sur les individus de la core-collection.
- La sensibilité au Monilia. Cette variable est notée par le pourcentage de fleurs atteintes. La note maximale obtenue entre 2017 et 2020 a été attribuée.

- La résistance à la Sharka : Celle-ci a été relevé sur les individus présents en expérimentation en serre à INRAe après inoculation par le virus. Les variétés qui ne présentent aucun symptôme et ne multiplient pas le virus sont résistantes. Celles dont certaines répétitions possèdent des symptômes relativement faibles à la base (tronçon préformé) sont notées résistantes/tolérantes. Les variétés qui présentent des symptômes sous forte pression sont notées tolérantes. Enfin, les variétés qui présentent toujours des symptômes sont sensibles.

II) Analyse des données

a) Analyse de la diversité

- **Génétique**

La diversité génétique au sein des variétés modernes a été mesurée à l'aide de plusieurs indicateurs de diversité :

- Le nombre d'allèles présent au sein des variétés modernes introduites : mesuré à l'aide du logiciel R et du package Adegnet.
- La diversité de Nei : mesurée au sein des variétés modernes introduites à l'aide du package Adegnet.

Cette diversité a ensuite été mise en comparaison de la diversité génétique contenue dans les variétés patrimoniales. Pour cela, la distance entre les variétés modernes commercialisées sur une année (=certifiées) et les variétés patrimoniales (Bourguiba et al. 2020) a été calculée à l'aide de deux mesures :

- Le $(\delta\mu)^2$ de Goldstein (Goldstein, 1984) qui mesure une différence de taille allélique entre les populations. Un script a été développé afin de calculer cette métrique à l'aide du logiciel R.
- Roger's modifiée (Rogers, 1972) qui mesure une différence de fréquence allélique entre les populations : La distance a été mesurée avec le package Adegnet et de la fonction dist.genet.

Pour ces deux distances, un intervalle de confiance a ensuite été définis à l'aide de Bootstraps (=1000 répétitions).

- **Phénotypique**

La diversité a été mesurée au niveau phénotypique. L'évolution dans le temps, de 1970 à 2019 a été illustrée au sein des variétés modernes pour chaque caractère. L'évolution des différents caractères a été évaluée par leur moyenne et leur écart type.

La diversité phénotypique présente au sein des variétés modernes a ensuite été mise en regard de la diversité patrimoniale en mesurant une distance euclidienne entre les variétés modernes et les variétés patrimoniales. La distance phénotypique mesurée prend en compte l'ensemble des caractères phénotypiques décrits précédemment en donnant exactement le même poids à chaque variable. La distance a également été calculée individuellement pour chaque variable.

Pour une variable la distance est calculée ainsi :

$$D = \sqrt{(x_1 - x_2)^2}$$

Où x_1 représente la moyenne des notes des individus pour la population 1 (moderne) et x_2 la moyenne des notes des individus pour la population 2 (patrimoniale).

Pour plusieurs caractères la distance est calculée par la moyenne pondérée des distances (D) afin de donner le même poids à chaque caractère.

Un script a été développé avec le logiciel R. Cette distance a été calculée en fonction des années de certification. Un intervalle de confiance à 95% a également été calculé à partir de bootstraps (1000 répétitions)

b) Analyse de la structuration du jeu de données

La structuration de la diversité totale (moderne et patrimoniale) ainsi que celle de la diversité moderne ont été réalisées à l'aide du logiciel STRUCTURE et paramétré avec length of burning period 50000 runs, et 50000 Markov Chain Monte Carlo (MCMC) itérations avec un modèle en admixture¹. Les accessions dont la probabilité d'assignation à un groupe était supérieure à 80% ont été assignées à ce groupe², les autres sont considérées comme admixées. La valeur du nombre de cluster le plus probable (K) a été définie à l'aide de la méthode ΔK (Evanno et al. 2005), les données ont été implémentées dans STRUCTURE HARVESTER (Earl and VonHoldt, 2012)

c) Analyse de l'apparement du jeu de données

Une matrice d'apparement a également été réalisée uniquement sur les variétés modernes à l'aide du logiciel MicroSatelite Analyser (MSA) (Dieringer, Daniel et al. 2003)

d) Analyse en composante principale (ACP)

Plusieurs ACP ont été réalisées à l'aide du logiciel DARWin (Perriél et al. 2006), afin de visualiser la diversité génétique totale et le positionnement des variétés modernes par rapport aux variétés patrimoniales. Les données manquantes n'ont pas été considérées et sont supprimées dans l'analyse. Les coordonnées des deux premiers axes ont ensuite été importées dans le logiciel R afin de visualiser les fonds génétiques mobilisés par les sélectionneurs et par les pays obtenteurs. L'ACP a permis de visualiser l'origine des variétés introduites entre 1970 et 2019. Elle permet de retracer l'évolution de l'origine des fonds génétiques utilisés pour l'amélioration variétale. Une ACP a également été réalisée uniquement sur les variétés modernes afin de visualiser la nouvelle structuration de la population ainsi que l'origine des caractères phénotypiques étudiés.

¹ La structuration de la diversité patrimoniale correspond à celle publiée dans Bourguiba et al 2020.

² Critère définis selon le seuil d'assignation donnée par Bourguiba et al. (2020)

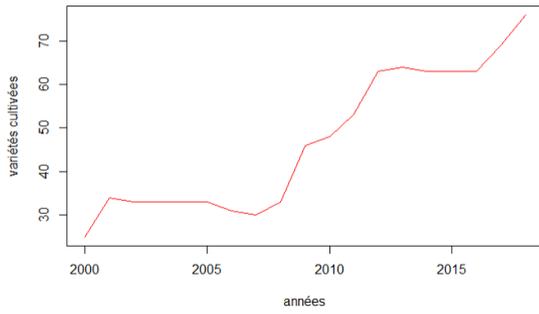


Figure 8. : Evolution sur la période 2000-2019 du nombre de variétés certifiées

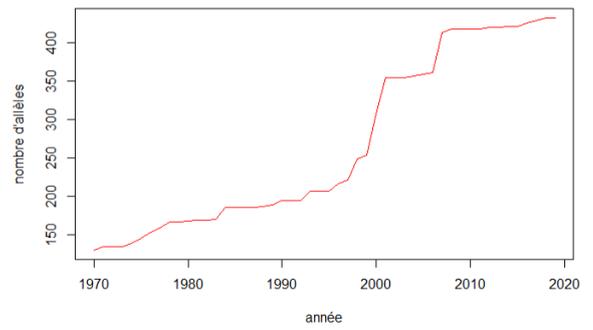


Figure 9 : Evolution sur la période 1970-2019 du nombre d'allèles total présent au sein des variétés modernes (résultats cumulés)

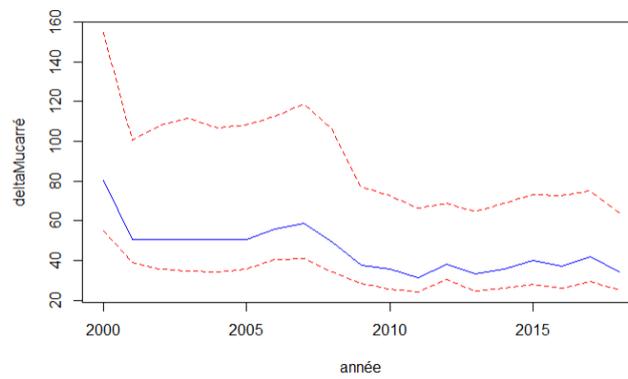


Figure 10 : Evolution de la distance génétique entre les variétés certifiées chaque année et les variétés patrimoniales calculée à partir du $(\delta\mu)^2$ (Goldstein, 1994) sur la période 2000 à 2019.

Légende : trait bleu : valeur du $\delta(\mu)^2$; traits rouge pointillés : intervalle de confiance à 95 % (bootstraps, 1000 permutations)

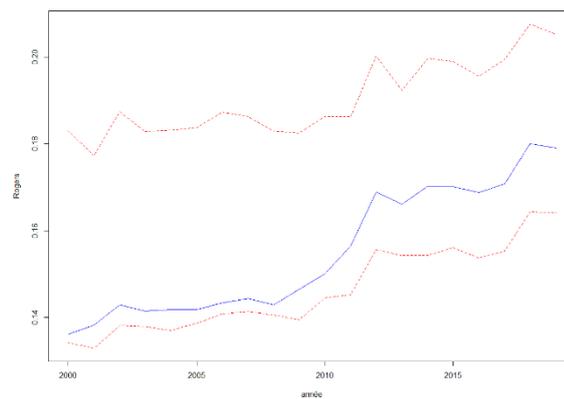


Figure 11 : Evolution de la distance génétique entre les variétés certifiées chaque année et les variétés patrimoniales calculée à partir du $(\delta\mu)^2$ (Goldstein, 1994) sur la période 2000 à 2019.

Légende : trait bleu : valeur de Rogers ; traits rouge pointillés : intervalle de confiance à 95 % (bootstraps, 1000 permutations).

Chapitre 3 : Résultats

Le chapitre suivant fera état des différents résultats obtenus sur l'analyse de l'évolution de la diversité d'un point de vue génétique et d'un point de vue phénotypique.

I) Evolution du nombre de variétés en certification

Le nombre de variétés certifiées augmente au cours du temps sur la période 2000-2019 (*Figure 8*) En 2000, 23 variétés étaient certifiées tandis qu'en 2019, on comptabilisait 78 variétés certifiées. Avant 2008, le nombre de variétés certifiées était constant (entre 30 et 34 variétés) et augmente fortement à partir de cette date, avec 33 variétés en 2008 et 46 en 2009.

II) Evolution de la diversité génétique au cours du temps

a) Diversité génétique

Les résultats présentés en *Figure 9* montrent une augmentation de la diversité génétique entre 1970 et 2000. Ces résultats sont présentés en cumulés. Ainsi, pour une année X, le nombre d'allèles est calculé sur l'ensemble des variétés ayant été introduites avant cette année.

On distingue cinq phases complémentaires dans l'évolution du nombre d'allèles :

- Jusque dans les années 2000, le nombre d'allèles augmente progressivement.
- A partir de 2000, l'augmentation du nombre d'allèles devient plus importante passant de 308 en 2000 à 350 en 2001.
- Entre 2001 et 2008 : le nombre d'allèle est constant
- Entre 2008 et 2011, celui-ci augmente à nouveau
- A partir de 2011 il se stabilise pour atteindre en 2019, 433.

Sur la même période, l'hétérozygotie (h_e) a, au contraire, peu augmentée elle passe de 0.60 en 1970 à 0.68 en 2019. (*Tableau 4*)

	1970	1980	1990	2000	2010	2019
Diversité de Nei	0.60	0.64	0.64	0.66	0.68	0.68

Tableau 4 : Evolution de la diversité de Nei de 1970 à 2019

b) Distance génétique entre les variétés certifiées et les variétés patrimoniales

La distance génétique entre les variétés certifiées et les variétés patrimoniales (à l'échelle mondiale) mesurée à l'aide du $(\delta\mu)^2$ de Goldstein (*Figure 10*) est caractérisée par une diminution en tendance de la distance entre les deux groupes d'accessions. On constate néanmoins deux points singuliers en 2000-2001 et en 2007-2008 ou on assiste à une baisse importante de la distance qui se stabilise sur les périodes intermédiaires. Celle-ci se stabilise

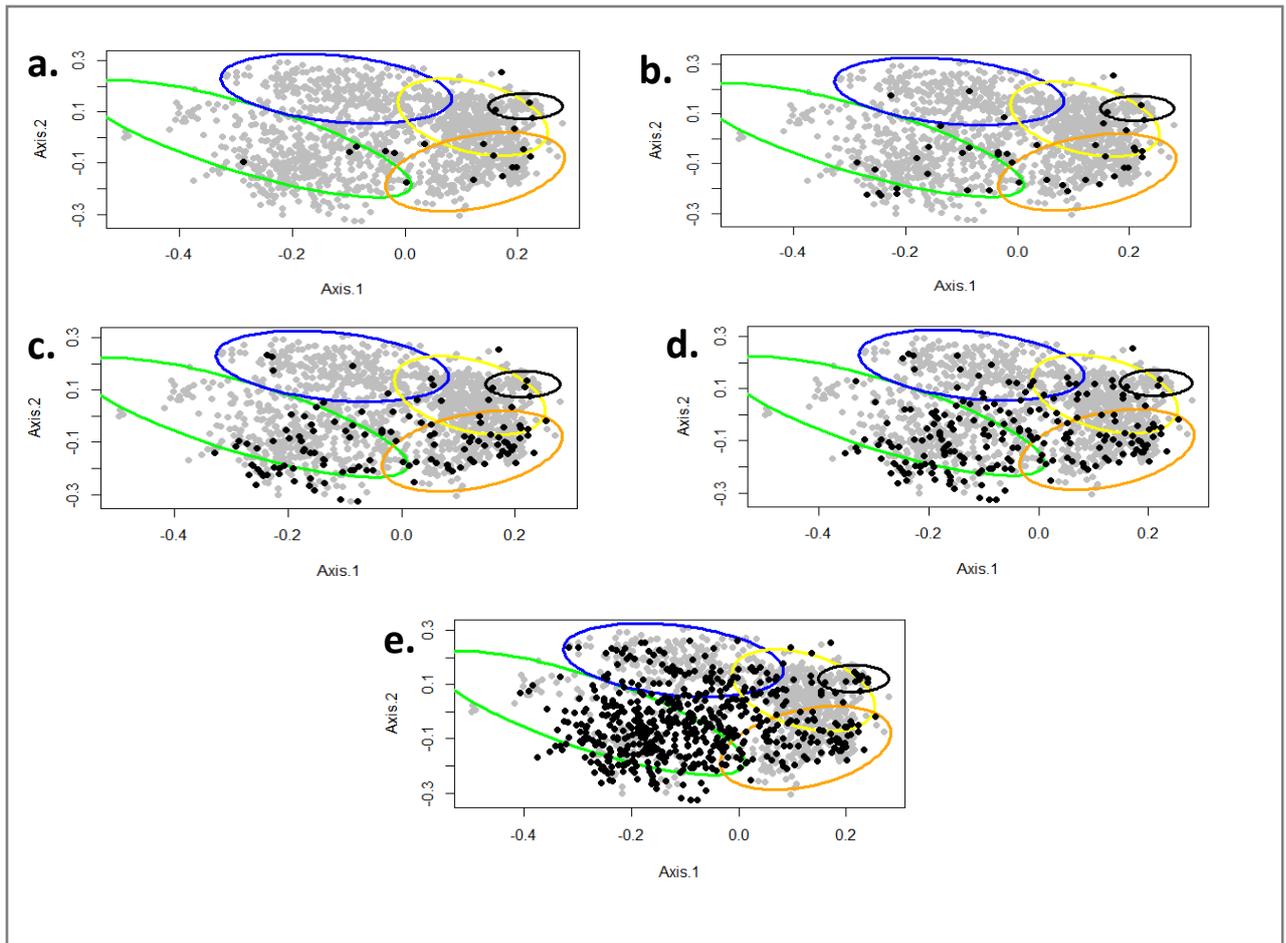


Figure 12 : Projection sur les deux premiers axes de l'Analyse en Composante Principale de la diversité génétique totale disponible (variétés patrimoniales +variétés modernes). Visualisation des variétés introduites jusqu'en 1970 (a.), jusqu'en 1980 (b.), jusqu'en 1990 (c.), jusqu'en 2000 (d.), jusqu'en 2019 (e.)

Légende : les cercles représentent les groupes phylogénétique identifiés sur les variétés patrimoniales (Bourguiba, 2020) ; groupe Asie de l'Est (en vert) ; groupe Asie centrale (en bleu) ; groupe Irano-Caucasien (en jaune) ; groupe Europe continentale (en noir) ; groupe méditerranéen (en orange). Les points gris représentent la diversité totale et les points noirs représentent les variétés modernes.

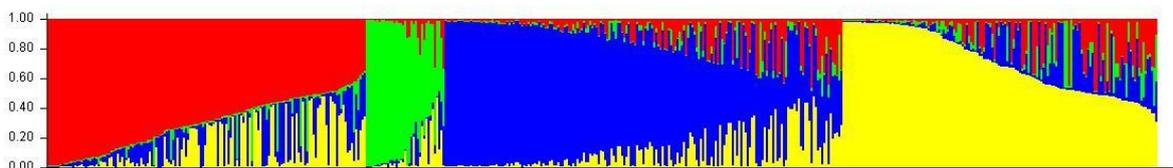


Figure 13 : Résultats de l'analyse de structure sur les variétés modernes pour K=4 (logiciel STRUCTURE)

Légende : Individus en abscisse et probabilité d'appartenance à un groupe en ordonnée. En rouge : groupe 1, En vert : groupe 2, En bleu : groupe 3, En jaune : groupe 4.

par la suite. La tendance étant similaire lorsque le calcul est réalisé avec les marqueurs codés ou avec les longueurs exactes (ANNEXE 2), la suite des analyses sera donc réalisée uniquement sur les longueurs codées. Les résultats obtenus en mobilisant la distance de Rogers (*Figure 11*) sur le même jeu de données montre, au contraire du $(\delta\mu)^2$, une augmentation en tendance de la distance génétique des variétés modernes par rapport aux variétés patrimoniales.

c) Résultats ACP

La réalisation d'analyses en composantes principales a permis de visualiser les éléments structurant la diversité et de positionner les fonds génétiques mobilisés dans la création de nouvelles variétés. La *Figure 12* illustre ainsi le positionnement des variétés introduites entre 1970 et 2019 vis-à-vis des groupes phylogénétiques patrimoniaux qui avaient été établis par Bourguiba et al. (2020). D'après le graphique, les variétés introduites jusque dans les années 1970 (*Figure 12a*) semblent majoritairement présente au sein des groupes phylogénétiques, Asie de l'Est, zone Irano-Caucasienne, et zone méditerranéenne.

La succession des figures permet de rendre compte de l'évolution de la mobilisation des fonds génétiques présents dans les variétés cultivées. La *Figure 12b* illustre le positionnement des variétés introduites jusqu'en 1980, celles-ci sont davantage présentes au sein du groupe Asie de l'Est. Quelques variétés semblent également appartenir au groupe Asie centrale. Sur la Figure suivante (*Figure 12c*), présentant les variétés introduites jusqu'en 1990, on constate une augmentation importante du nombre de variétés introduites. En effet, en 1970, 18 variétés d'abricots avaient été introduites, 41 en 1980 et 123 en 1990. Enfin, la *Figure 12d* présente l'ensemble des variétés introduites jusqu'en 2019, et montre une prédominance de variétés cultivées ayant pour base génétique Asie de l'Est.

L'ACP a également permis de visualiser les fonds génétiques utilisés par les sélectionneurs. Sur 31 sélectionneurs, 21 utilisent les fonds génétiques issus d'Asie de l'Est, 10 utilisent des fonds génétiques issus de la zone méditerranéenne et 2 ceux issues de la zone Irano-Caucasienne. Les fonds génétiques issus d'Europe centrale et de la zone Asie centrale ont été moins sollicités.

d) Une nouvelle structuration de la population

Par analogie avec la démarche développée sur les variétés patrimoniales qui a permis de positionner les variétés modernes relativement aux variétés patrimoniales, nous avons cherché à identifier les éventuels fondateurs des variétés modernes. A cet effet, nous avons mis en œuvre une analyse de Structure sur les variétés modernes. L'analyse de structure réalisée sur les variétés cultivées (*Figure 13*) montre la présence de 4 groupes, différents des 5 groupes identifiés sur les variétés patrimoniales (Bourguiba, 2020). A première vue, la nouvelle structuration de la population ne semble pas être liée à une origine géographique. La mise en relation entre les résultats issus du logiciel STRUCTURE et la matrice d'apparentement, permet toutefois d'observer que :

- Le premier groupe est constitué de dérivés de la variété Orangered® Bhart (A2892).
- Le deuxième cluster se compose de variétés issues d'Asie centrale ainsi que d'espèces botaniques et interspécifiques.
- Le troisième cluster se compose de Perfection (A2634) ainsi que de variétés qui en sont dérivés dont Goldrich (A2218).

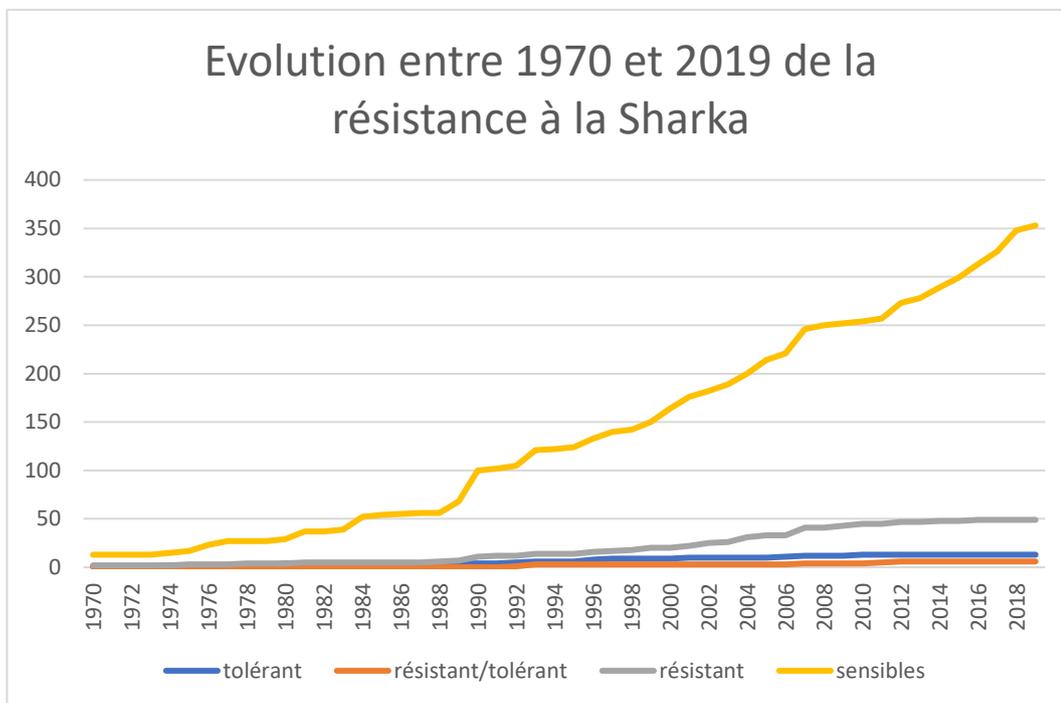


Figure 14. : Evolution de la résistance à la Sharka entre 1970 et 2019

Légende : trait bleu : variétés tolérantes = présence de symptômes sous forte pression ; trait orange : variétés résistantes/tolérantes : présence sur quelques répétitions de symptômes ; trait gris : variétés résistantes : absence de symptômes ; trait jaune = variété sensible

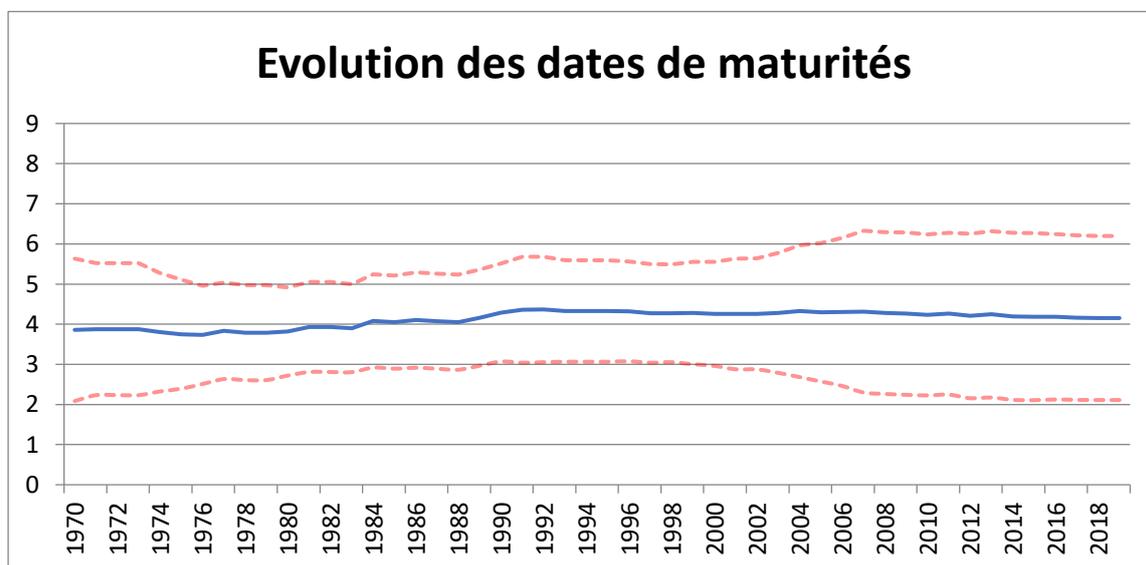


Figure 15 : Evolution des dates de début de maturité (en valeurs standardisées par rapport à un témoin) de 1970 à 2019

Légende : maturité notée de 1 à 9 : 1= variétés très précoces ; 9= variétés très tardives ; trait bleu : date de maturité moyenne ; traits rouge pointillés : écart type.

- Enfin, le groupe 4, semble composé de variétés dérivées du phylum méditerranéen et de la variété Luizet (A0665).
- Beaucoup d'individus sont également admixés (56 % des individus)

Parallèlement, afin de visualiser la nouvelle structuration de la population totale, une analyse de structure a été réalisée sur le jeu de données comprenant les variétés modernes et les variétés patrimoniales. L'analyse montre une structuration de la population en deux groupes distincts. La mise en relation des origines géographiques des variétés a permis de mettre en évidence une composante géographique dans la structuration de la population. Le premier groupe est composé de variétés d'Asie (Asie centrale et Asie de l'Est) tandis que deuxième groupe se compose des variétés de la zone méditerranéenne, de la zone Irano-Caucasienne et d'Europe centrale, 21% des individus étaient considérés comme admixés.

III) Evolution de la diversité phénotypique

a) Evolution de la diversité au sein des variétés modernes

Pour compléter l'analyse sur les données génétiques, une analyse sur l'évolution de 17 caractères phénotypiques a été réalisée. L'évolution de la diversité phénotypique au sein des variétés modernes a été représenté graphiquement en cumulé afin de mettre en évidence l'évolution des caractères entre 1970 et 2000. Certains caractères phénotypiques ont fortement évolué depuis 1970, quant au contraire, d'autres caractères sont stables. C'est le cas par exemple des résistances aux maladies (ANNEXE 3). Seule la résistance à la Sharka (*Figure 14*) a fortement évolué avec une augmentation forte du nombre de variétés résistantes à partir de 1990.

Les autres caractères ayant fortement évolués depuis 1970 sont présentés ci-dessous.

- Date du début de maturité : La *Figure 15* illustre l'évolution de la date de maturité depuis 1970. Celle-ci est présentée sur une échelle de tardiveté allant de 1 (variété précoce) à 9 (variétés tardives). Les traits en pointillés représentent l'écart-type, ils traduisent une augmentation de la variabilité phénotypique au cours du temps. On constate donc, à partir de 2002 une augmentation importante de la variabilité de ce caractère. Par ailleurs, entre 1990 et 2010, les variétés introduites sont plus tardives ce qui se traduit par l'augmentation de la moyenne des dates de maturité. Les variétés introduites ensuite sont plus précoces.

- Date de début de floraison : Les variétés introduites entre 1990 et 2010 comme présenté dans le *Tableau 5*, sont de plus en plus tardives en floraison. Les résultats sont similaires à ce que l'on observe pour la date de maturité. Toutefois, la variabilité de ce caractère a peu évolué.

	1970	1980	1990	2000	2010	2019
Moyenne	3,666666667	4	4,73076923	5,06976744	4,89808917	4,77232143
Variance	1,333333333	1	2,12461538	2,06644518	2,82288094	3,0286475
Ecart-type	1,154700538	1	1,45760605	1,43751354	1,68014313	1,74030098

Tableau 5 : Evolution de la date de floraison de 1970 à 2019

Légende : note de floraison évaluée selon les critères UPOV (note de 1 à 9)

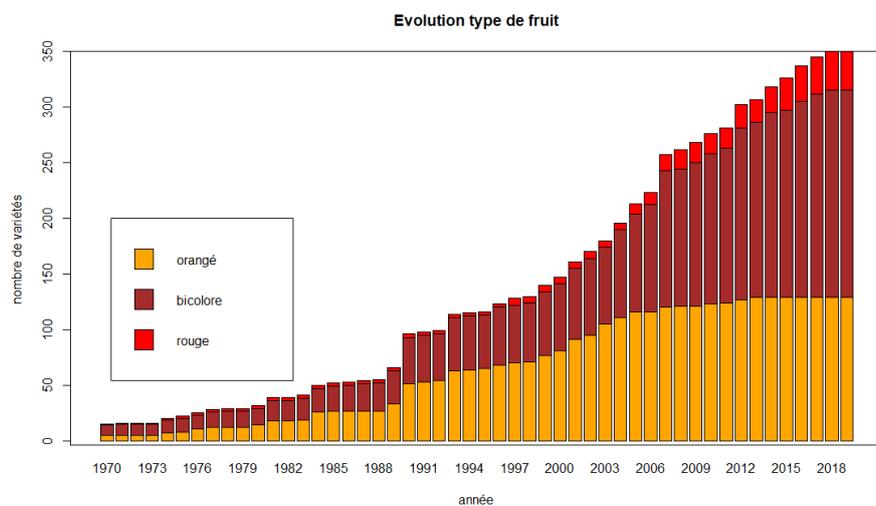


Figure 16. : Evolution du type de fruits de 1970 à 2019

Légende : orange= Orangé ; marron=bicolore ; rouge=rouge

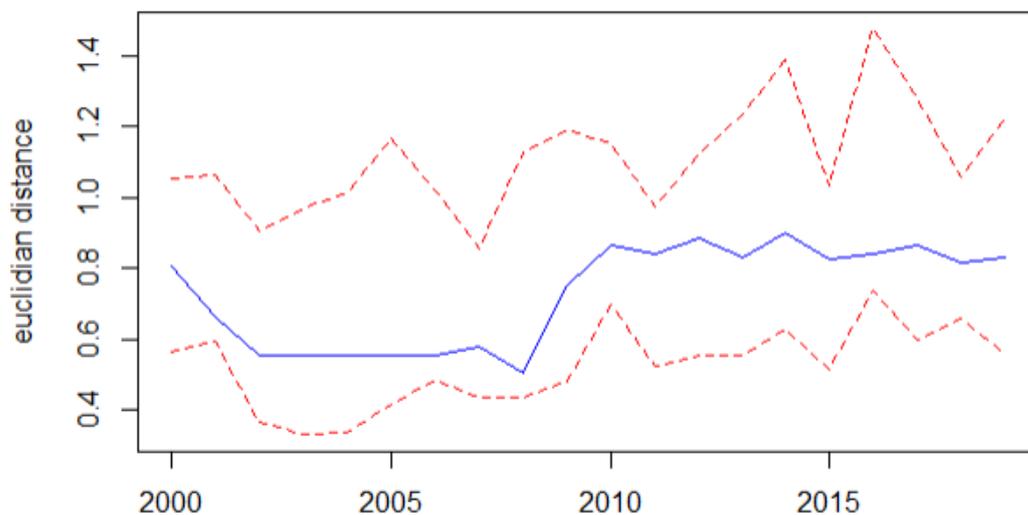


Figure 17 : Evolution de la distance phénotypique entre les variétés certifiées et les variétés patrimoniales de 1970 à 2019 calculé à partir de 17 caractères phénotypique différents.

Légende : trait bleu : moyenne des distances euclidiennes pour les 17 caractères ; traits rouge pointillés : intervalle de confiance à 95 % (bootstraps, 1000 permutations).

- Le poids des fruits : On observe également une variation du poids des fruits au cours du temps (*Tableau 6*). Le poids moyen des fruits a peu évolué depuis 1970. Toutefois, alors que ce caractère était très variable en 1980, avec une variance de 4,3, il devient beaucoup moins variable à partir des années 2000, et en 2019, la variance n'était plus que de 2,28.

	1970	1980	1990	2000	2010	2019
Moyenne	4,9	6,03571429	5,75	5,62162162	5,75812274	5,97126437
Variance	1,65555556	4,33201058	3,13461538	2,7402096	2,35070371	2,28735632
Ecart-type	1,28668394	2,08134826	1,77048451	1,65535785	1,53320048	1,51240085

Tableau 6 : Evolution de la taille des fruits de 1970 à 2019

Légende : note de taille évaluée selon les critères UPOV (note de 1 à 9)

- Les nécroses et anomalies florales (*Tableau 7*) : Les problèmes de floraisons tels les anomalies florales sont devenus particulièrement importants à partir des années 1980. Ceux-ci se stabilisent par la suite mais restent à un niveau très élevé et présentent donc un risque accru pour les producteurs. La présence de nécrose semble par ailleurs avoir peu évoluée entre 1970 et 2019

Note de nécrose						
	1970	1980	1990	2000	2010	2019
0	22%	28%	31%	26%	29%	29%
1	44%	34%	36%	38%	37%	37%
2	33%	38%	33%	36%	33%	34%
Note d'anomalies florales						
	1970	1980	1990	2000	2010	2019
0	56%	68%	58%	57%	60%	61%
1	44%	25%	31%	31%	27%	26%
2	0%	7%	12%	12%	13%	13%

Tableau 7 : Evolution en pourcentage du nombre de variétés présentant des anomalies florales et de nécroses de 1970 à 2019

Légende : 0 : absence d'anomalies florales/nécroses ; 1 : anomalies florales/nécroses qui n'impactent pas la production ; 2 : anomalies florales/nécroses qui impactent la production

Le Type de fruit : On constate une évolution structurante du type de fruits au cours du temps. En effet, la *Figure 16* montre une forte augmentation de la proportion de variétés bicolores. À partir de la fin des années 90 la proportion de variétés rouges augmente.

Traits étudié (numéro de critère UPOV)	Nombre d'individus certifiés	Nombre d'individus présents dans la référence	Distance en 2000	Distance en 2019
Moyenne pour l'ensemble des traits	100	161	0.80	0.82
Epoque de début floraison (56)	89	78	0.80	0.79
Epoque début de maturité (57)	90	119	0.32	0.53
Type de port(2)	91	164	0.11	0.19
Pigmentation anthocyane apex (5)	91	173	0.98	1.7
Taille (28)	98	108	0.81	1.4
Proportion du lavis (48)	98	110	1.4	1.6
Couleur de la chair (49)	96	109	0.3	1.15
Forme du fruit (30)	96	108	1.0	0.6
Forme du noyau (54)	96	107	0.17	0.28
Ratio hauteur/épaisseur (34)	96	107	0.33	0.44
Nécroses	38	106	0.07	0.06
Floribondité	38	113	0.49	0.22
Anomalies florales	38	103	0.12	0.18
Rouille	88	60	0.52	0.36
Oïdium	98	61	0.33	0.65
Sharka	88	179	0.54	0.74
Monilia	32	32	0.7	0.5

Tableau 8 : Evolution de la distance phénotypique entre les variétés certifiées et les variétés patrimoniales de 1970 à 2019

Légende : en rouge : caractères phénotypiques avec un nombre d'individus non représentatif

Toutefois, les variétés bicolores sont toujours plus importantes et semblent avoir été privilégiées lors de la sélection.

b) Distance phénotypique entre les variétés modernes et patrimoniales

Dans l'objectif de visualiser comment avait évolué les caractères phénotypiques nous avons mesurer une distance entre les variétés patrimoniales et les variétés cultivées (certifiées). La *Figure 17* illustre cette évolution. Nota : Du fait de la difficulté de récolter des informations phénotypiques sur les variétés patrimoniales, seules 161 variétés ont été utilisées pour la comparaison. Il s'agit des variétés présentes dans les collections de référence et dans la core-collection qui peuvent être considérées comme représentatives de la diversité cultivée. Parmi ces 161 variétés 46 sont affiliées au groupe Europe méditerranée, 14 au groupe Asie de l'Est, 7 au groupe Asie centrale, 1 au groupe Irano-Caucasien et 6 au groupe d'Europe centrale, les autres variétés sont admixées. La distance phénotypique entre ces variétés a peu évolué au fil des ans. Elle passe de 0.80 en 2000 à 0.82 en 2019. On observe néanmoins, une légère baisse de celle-ci entre 2000 et 2007, suivi d'une augmentation importante entre 2007 et 2010. La distance semble se stabiliser par la suite. Les Bootstraps mettent en évidence une forte sensibilité de la distance à certains individus.

Par ailleurs, on constate que la distance varie en fonction des caractères. Par exemple, le caractère époque de début de floraison a peu évolué, entre 2000 et 2019, comparé à l'époque de début de maturité. Le caractère couleur de la chair a également fortement évolué ainsi que les caractères de taille, de forme du fruit et la pigmentation anthocyane de l'apex. Les caractères, taille des fruits, proportion du lavis, couleur de la chair, pigmentation anthocyane de l'apex, époque début floraison, époque de début de maturité et résistance à la Sharka sont les plus éloignés en 2019 des variétés patrimoniales.

Chapitre 4 : Discussion des Résultats

L'objectif de notre étude était d'identifier les facteurs d'évolution de la diversité des abricotiers cultivés. Pour cela, différentes analyses ont été menées afin de mesurer la diversité génétique et phénotypique au sein des variétés modernes par rapport aux variétés patrimoniales. Dans cette partie, les résultats obtenus sont discutés et mis en regard de la bibliographie.

I) Analyse des données génétiques

a) Choix des mesures de distance

Pour analyser l'évolution de la diversité génétique deux principales mesures de distance ont été testées, le $(\delta\mu)^2$ de Goldstein et la distance de Rogers. Ces deux techniques ont pour avantage de ne pas reposer sur des postulats sur le mode d'évolution des fréquences alléliques (Cooper et al. 1999, Ruzzante. 1998). De même, d'après Ruzzante. (1998), le $(\delta\mu)^2$ serait une des techniques la mieux adaptée pour calculer la distance entre deux populations à partir de données microsatellites. D'évidence, les résultats obtenus diffèrent entre les deux métriques. Les différences observées confirment **l'importance d'utiliser plusieurs méthodes de distances** afin de ne pas surinterpréter les résultats. Pour rappel le $(\delta\mu)^2$ mesure une différence entre le nombre de répétitions d'un microsatellite tandis que la distance de Rogers mesure une différence de fréquence allélique. Dans le cas de cette étude, les différences peuvent s'expliquer par la nature des données. On peut émettre l'hypothèse que les variétés présentes en certification sont proches génétiquement des variétés patrimoniales, les différences de taille allélique entre les variétés sont donc faibles et la distance génétique augmente peu. Contrairement, au $(\delta\mu)^2$, Rogers prend en compte des fréquences alléliques et peut surestimer la distance si un allèle est particulièrement fréquent dans l'une des populations. De même, Ruzzante (1998) met en évidence qu'avec des échantillons de faibles effectifs (<50 individus) et avec un faible nombre d'allèles (< 30 allèles), les valeurs du $(\delta\mu)^2$ peuvent être biaisées.

Par ailleurs, pour la mesure de la distance génétique, le choix de la référence est particulièrement important. En effet, nous avons fait le choix d'analyser la distance par rapport aux variétés patrimoniales. Toutefois, celle-ci aurait également pu être calculée vis-à-vis des variétés présentes dans une région donnée ou dans une collection déterminée vis-à-vis de la diversité locale, les résultats et leur interprétation auraient donc été différents et auraient été caractérisés par une augmentation de la diversité du fait de la mobilisation de fonds génétiques nouveaux dans les programmes d'amélioration.

b) Evolution de la diversité génétique.

- **Une perte de variabilité génétique entre les fonds génétiques améliorés et les variétés patrimoniales**

Les résultats obtenus à partir du $(\delta\mu)^2$ et de Rogers montrent une faible évolution de la distance génétique, entre 2000 et 2019 par rapport aux variétés patrimoniales. De même, les valeurs obtenues avec ces deux mesures sont faibles, les variétés cultivées ne sont donc pas trop

éloignées des variétés patrimoniales. Toutefois, on constate que les variétés issues de programmes d'amélioration présentent une diversité plus réduite que la variabilité disponible au sein des variétés patrimoniales. En effet, en 2019, le nombre d'allèles présent au sein des variétés cultivées était de 433 alors qu'il était de 609 au sein des variétés patrimoniales (Bourguiba et al 2020). De même, l'hétérozygotie (He) est plus importante au sein des variétés patrimoniales (0,732) alors qu'elle atteint (0,68) en 2019 pour les variétés modernes. Lasnier et al. (2013) identifiaient également la présence d'une diversité moins importante au sein des variétés hybrides par rapport aux variétés patrimoniales.

- **Prise en compte d'une diversité génétique de plus en plus large**

L'augmentation du nombre de variétés en certification aurait contribué à une augmentation de la diversité génétique par la prise en compte d'une diversité de plus en plus large. Les résultats issus du $(\delta\mu)^2$ suggèrent une diminution de la distance dans les années 2000, puis de nouveau entre 2007 et 2009. Or, pendant ces deux périodes un nombre important de variétés sont rentrées en certification. Entre 2000 et 2001, neuf nouvelles variétés ont été rentrées tandis qu'entre 2007 et 2009, dix-neuf nouvelles variétés sont rentrées en certification. Le choix des variétés pourrait donc être un facteur explicatif de l'évolution de la distance génétique de Goldstein : les nouvelles introductions auraient rapproché le groupe cultivé de la référence, en moyenne. La nature et l'origine génétique de ces variétés nouvellement introduites sont également des facteurs explicatifs. Les ACP ont permis de visualiser l'évolution de la diversité en illustrant les principales causes de son évolution. Elles ont notamment permis de mettre en évidence que les fonds génétiques mobilisés dans les programmes d'amélioration ne sont pas les mêmes entre 1970 et 2019.

- Avant 1970 : Mobilisation des fonds génétiques issus de la zone Irano-Caucasienne et de la zone méditerranéenne.
- De 1970 à 1980 : Mobilisation des fonds génétiques issus de la zone Irano-Caucasienne et de la zone méditerranéenne et d'Asie de l'Est.
- De 1980 à 1990 : Mobilisation des fonds génétiques issus de la zone Irano-Caucasienne et de la zone méditerranéenne et d'Asie de l'Est et début de mobilisation des fonds d'Asie centrale.
- De 1990 à 2019 : Mobilisation préférentielle des fonds génétique d'Asie de l'Est et d'Asie centrale.

Plusieurs éléments peuvent expliquer l'évolution de la diversité utilisée. En France, les premiers programmes d'amélioration variétale ont été mis en place par l'INRA en 1970 (Lamine et al. 2015). Ainsi, jusque dans les années 1990, les variétés introduites ne prenaient pas en compte l'ensemble de la diversité génétique présente au sein des variétés patrimoniales. Les premiers programmes de sélection menés jusque dans les années 1980 utilisaient préférentiellement des fonds génétiques issus de la zone méditerranéenne, de la zone Irano-Caucasienne et d'Europe centrale et dans une moindre mesure la diversité issue d'Asie. Cela peut s'expliquer par la proximité géographique de ces fonds génétiques, et par le désir d'éviter d'être confronté à des problématiques d'adaptabilité locale. A partir des années 1980, la production d'abricot s'intensifie et le nombre de variétés augmente (Lamine et al. 2015). Les sélectionneurs vont

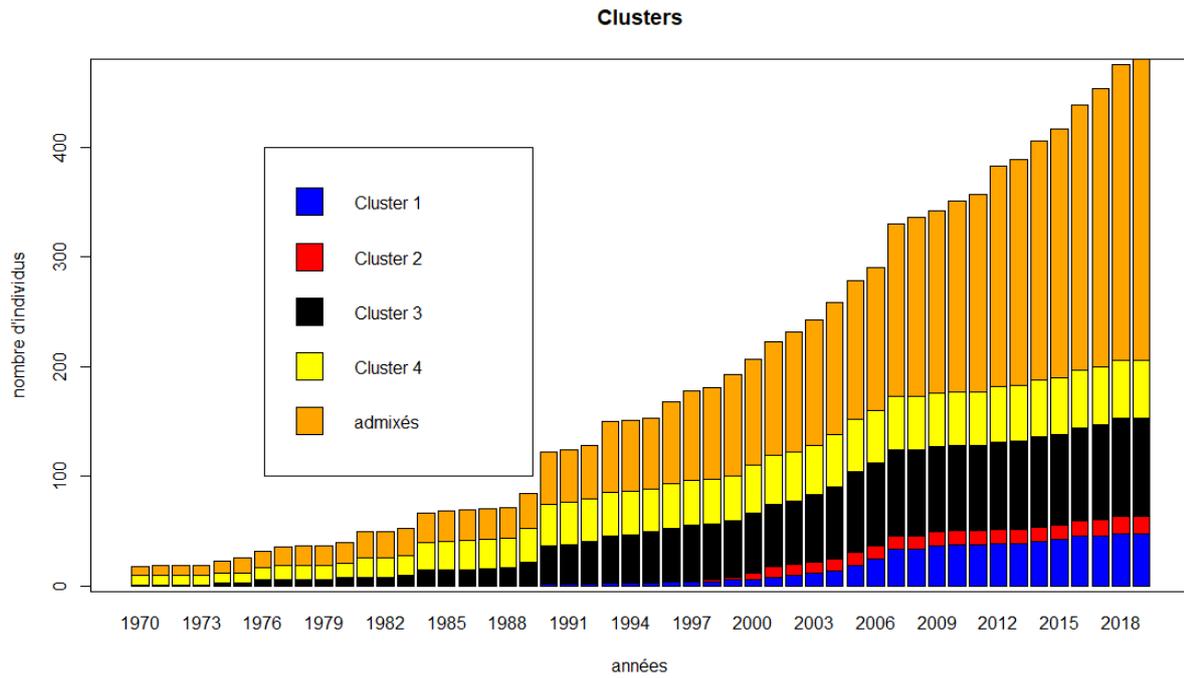


Figure 18. : Evolution de la répartition des groupes de STRUCTURE identifiés sur les variétés modernes de 1970 à 2019.

Légende : bleu : Cluster 1 : Variétés dérivées de Orangered®Bhart ; rouge : Cluster 2 : Interspécifiques et variétés d'Asie ; Cluster 3 : Variétés dérivées de Perfections ; Cluster 4 : Variétés dérivées du phylum méditerranéen.

chercher une diversité plus importante. En 2013, Lasnier et al. identifiaient que les variétés hybrides n'exploraient qu'une partie très réduite de la diversité de l'espèce et étaient essentiellement dérivés de la zone euro-méditerranéenne. Nous trouvons des résultats similaires en prenant uniquement en compte les variétés introduites avant 1990. Toutefois, aujourd'hui, les variétés modernes font appel à une diversité génétique de plus en plus large. Les variétés introduites récemment, après les années 2000, semblent être majoritairement issues de fonds génétiques d'Asie de l'Est. D'après Bourguiba et al. (2020), ces fonds génétiques sont caractérisés par une très forte variabilité et une bonne tolérance aux maladies. Ces caractères intéressants d'un point de vue agronomique justifient leur mobilisation.

L'introduction nouvelle de variétés issues de ce cluster ainsi que du cluster d'Asie centrale à partir des années 2000 pourrait expliquer l'augmentation importante du nombre d'allèles, observé entre 2000 et 2011. De plus, d'après Bourguiba et al. (2020), ce groupe est le plus éloigné génétiquement de la diversité génétique totale. L'introduction de ce fond génétique dans les années 80 peut donc être à l'origine d'une baisse de la distance génétique entre les variétés cultivées et l'ensemble des variétés patrimoniales, comme observé avec le $(\delta\mu)^2$. En effet, les variétés nouvellement certifiées entre 2000 et 2001 sont majoritairement dérivées des fonds génétiques d'Asie de l'Est. Après 2011, on constate sur l'ACP que l'air de répartition des variétés certifiées au sein de la diversité totale n'évolue plus beaucoup ce qui pourrait expliquer la stabilisation de l'évolution du nombre d'allèles.

Les résultats suggèrent donc que certains fonds génétiques ont été privilégiés. Au contraire, d'autres ont été très peu favorisés par la sélection. C'est par exemple, le cas des variétés issues d'Europe centrales. D'après Bourguiba et al. (2020) ce groupe présentait le plus faible niveau de variabilité génétique et phénotypique. Il serait donc potentiellement moins intéressant pour la sélection. L'évolution des fonds génétiques utilisés pourrait s'expliquer par une sélection centrée sur certains caractères intéressants issus d'un phylogroupe spécifique. La prévalence de certains groupes peut également s'expliquer par l'utilisation préférentielle de certains géniteurs.

- **Un effet fondateur**

Les résultats issus de STRUCTURE ont été mis en relation avec une matrice d'apparentement. La nouvelle structuration de la population semble être liée à l'utilisation de géniteurs communs. Les groupes de STRUCTURE se forment autour de Orangered® Bhart (clone A2892), Perfection (clone A2634) ainsi que du groupe méditerranéen. La *Figure 18* permet de visualiser l'évolution de la part relative de chaque Cluster en fonction des années d'introductions. Les résultats viennent compléter les observations des ACP. Jusque dans les années 1970, les variétés de la zone méditerranéenne (groupe 4) prédominent. A partir de 1980, apparaissent les premières variétés issues de Perfection (Cluster 3), dérivé du Phylum Asie de l'Est (Bourguiba et al. 2020). Ce cluster est prédominant aujourd'hui, ce qui est en accord avec les résultats des ACP. Les variétés issues de Orangered® Bhart (Cluster 1) apparaissent dans les années 1990, et augmentent jusque dans les années 2000. Introduite en 1989, la variété est l'un des premiers cultivars bicolores à gros calibre, il est donc possible qu'elle ait beaucoup été utilisée comme

parent afin d'introduire ces deux caractères. Par ailleurs, Orangerd® Bhart dérive de Lasgerdi Mashal associé au groupe de structure Asie centrale selon les groupes définis par Bourguiba et al. (2020). Comme observé sur les ACP, ce groupe devient plus important à partir des années 1990. Enfin, on constate entre 1970 et 2019 une forte augmentation de la proportion de variétés admixées traduisant la remobilisation des différents clusters induisant une homogénéisation de la variabilité génétique. Introduit également en 1989, Perfection possède de nombreux caractères intéressants. Ce fut la première variété possédant des fruits très gros (supérieurs à 100g). De plus, la variété possède une bonne adaptabilité et un bon comportement vis-à-vis des maladies.

II) Analyse des données phénotypiques

Après avoir analysé les données génétiques nous nous sommes intéressés à l'évolution des données phénotypiques pouvant être un facteur explicatif de l'évolution génétique. On constate que certains caractères ont fortement évolués au fil des ans. Les caractères ayant le plus fortement évolués sont la date de maturité, le calibre des fruits, le type de fruits ainsi que certains caractères d'adaptabilité, en particulier la présence de nécroses et d'anomalies florales. D'autres caractères ont, au contraire, très peu évolués. C'est le cas notamment de la résistance aux maladies, qui ne constitue pas un enjeu de sélection majeur pour les espèces fruitières. (Bassi et al. 2006) Au contraire, d'autres caractères ont subi une pression de sélection importante et ont fortement évolués depuis 1970, amenant à une perte de variabilité phénotypique.

Premièrement, on constate à partir des années 2000, une forte augmentation de la gamme de maturité. En effet, en 1970, les variétés atteignaient leur maturité entre mai et juillet. En 2010, la date de maturité s'étend de mai à août. Cela répond à une demande des producteurs de produire sur une plus longue période (Lamine et al.2015). L'évolution de la gamme de maturité a été possible par la mise en évidence de mutants à maturité tardive qui ont permis le développement de variétés à maturité très tardive, ainsi que la découverte de mutants à maturité précoce.

De la même manière, la taille des fruits a fortement évolué. Avant 1990, celle-ci était en moyenne de 50 à 60g mais il existait une forte diversité de taille. A partir de 1990, le poids des fruits s'adapte à une norme de fruits moyen à large compris entre 55 et 65g.

Le type de fruit a également fortement évolué et a connu une pression de sélection importante. Avant 1980, les variétés sont toutes orangées. En 1990, les variétés bicolores apparaissent et se démocratisent avec l'arrivée de Orangered® Bhart sur le marché (Lamine et al. 2015). Les premières variétés rouges apparaissent un peu plus tard - à la fin des années '90 - et se démocratisent ensuite rapidement. Le type de fruit est définis par les deux caractères UPOV : proportion du lavis et couleur de la chair. Or on constate que ces deux caractères sont aujourd'hui très éloignés des variétés patrimoniales. Celles-ci étaient majoritairement bicolores mais comptant très peu de variétés rouges.

De la même manière, la pigmentation de l'apex est très éloignée des variétés patrimoniales. On peut émettre l'hypothèse qu'il existe une relation entre le type de fruit et la pigmentation de

l'apex, les fruits plus colorés présentant plus d'anthocyane et donc une plus forte coloration des apex en croissance. Pour autant, la réalisation d'un test de khi-deux entre la variable proportion du lavis et pigmentation de l'apex ne permet pas de mettre en évidence l'existence d'une liaison entre ces deux variables ($P\text{-value}= 0.86$, $X^2=30.3$, $df=40$).

A partir des années 1990, on constate une augmentation du nombre de variétés présentant des nécroses et des anomalies florales. Or les premières variétés résistantes Sharka, issues du phylum Asie centrale (Zhebentyayeva et al. 2008), ont été introduites à cette période. D'après (Lichou et al. 2012), la présence d'anomalies et de nécroses est un caractère génétique. Un test de chi-deux a également été réalisé pour identifier une potentielle relation entre la résistance à la Sharka et la présence de nécroses, toutefois ce test est non significatif ($P\text{-value}=0.12$, $X^2=13.7$, $df=8$). Nous mettons néanmoins en évidence, l'existence d'une corrélation entre la présence de nécroses et d'anomalies florales ce qui confirme l'existence d'un continuum entre ces deux caractères.

Les résultats de l'étude peuvent être mis en relation avec les travaux réalisés par Groppi et al. (2021) qui démontrent l'existence de marques de sélection sur le génome au sein de cultivars européens, notamment pour certains traits d'intérêts. Ceux-ci comprennent, des traits liés au cycle circadien à la qualité des fruits (la taille et le taux de sucre), à la maturité, la phénologie et l'architecture. Ces résultats convergent avec nos résultats évaluant l'évolution des caractères phénotypiques pour la date de maturité, la date de floraison et la taille. Toutefois, nous constatons peu d'évolution pour l'architecture (type de port).

III) Relation entre l'évolution de la diversité génétique et la diversité phénotypique.

Pour finir, nous avons mis en relation l'évolution des données phénotypiques avec l'évolution des fonds génétiques utilisés pour l'amélioration variétale. L'objectif est de répondre aux questions suivantes : quelle est l'origine génétique des traits phénotypiques évalués dans notre étude ? Favoriser ou non ce trait phénotypique a-t-il eu un impact sur le choix des fonds génétiques utilisés dans les programmes d'amélioration ? Enfin, favoriser certains traits a-t-il pu entraîner la sélection involontaire de certains caractères, comme les anomalies florales ou les nécroses ?

Pour cela, nous avons étudié la relation entre les groupes génétiques identifiés sur les variétés patrimoniales et les caractères étudiés précédemment. Les tableaux de contingences présentant la relation entre les groupes génétiques et les variables phénotypiques sont présents en ANNEXE 4 et 5. Il est toutefois important de noter que dans l'étude le nombre d'individus phénotypés était faible et ne permet pas toujours de conclure sur l'origine des caractères.

Ainsi, comme Zhebentyayeva et al. 2008 et Decrooq et al. 2016, l'avaient démontré précédemment, le caractère résistance à la Sharka serait originaire d'Asie centrale et de Chine (vérifié par un test de khi-deux, $P\text{-value}= 0.002$, $X^2=16.8$, $df=4$). Ce caractère aurait dans un premier temps été introduit de manière involontaire. Les premiers programmes de sélection mobilisant les fonds génétiques d'Asie centrale ont été réalisés aux Etats-Unis (Zhebentyayeva et al. 2008), ces fonds génétiques ont ensuite été introduits plus tardivement en Europe. Les

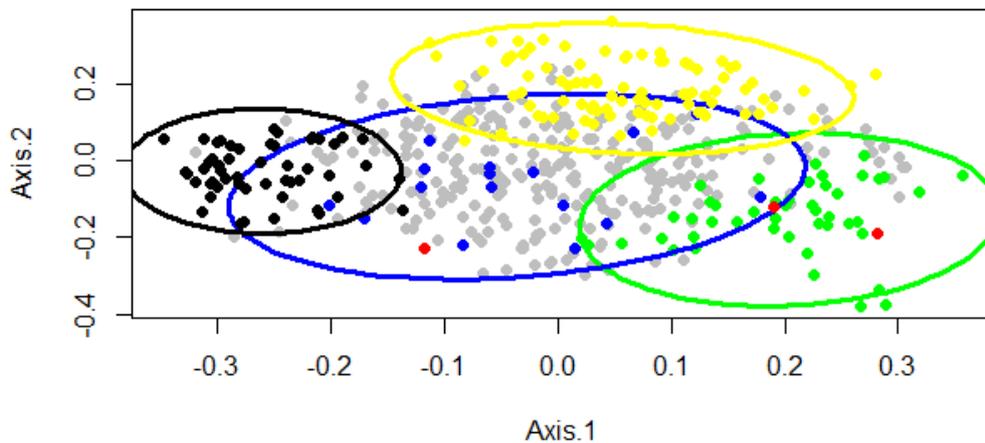


Figure 19 : ACP réalisée sur les variétés modernes présentant l'origine des variétés présentant des nécroses et introduites avant 1970.

Légende : vert : Clusteur 1 : variétés dérivées de Orangered®Bhart ; bleu : Clusteur 2 : Variétés issues du phullum Asie ; jaune : Clusteur 3 : variétés dérivées de perfection ; Clusteur 4 : variétés issues de la zone méditerranéenne. Points rouges = variétés présentant des nécroses et introduites avant 1970.

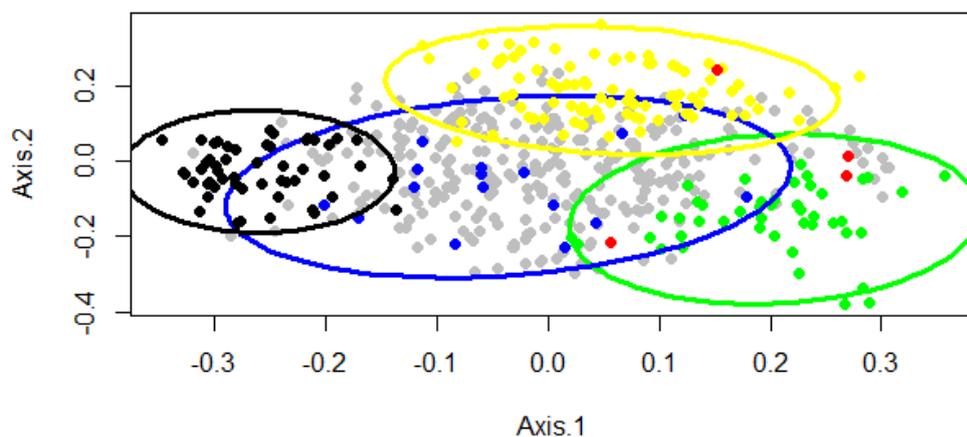


Figure 20 : ACP réalisée sur les variétés modernes présentant l'origine des variétés bicolores et introduites avant 1970.

Légende : vert : Clusteur 1 : variétés dérivées de Orangered®Bhart ; bleu : Clusteur 2 : Variétés issues du phullum Asie ; jaune : Clusteur 3 : variétés dérivées de perfection ; Clusteur 4 : variétés issues de la zone méditerranéenne. Points rouges = variétés bicolores et introduites avant 1970.

quatre premières variétés introduites et présentant la résistance à la Sharka sont issues des programmes de sélection américains, ce qui appuie cette hypothèse. D'après Zhebentyayeva et al. (2008) la résistance à la Sharka serait originaire de l'introduction de variétés dérivant d'interspécifiques dont *P.mume* ou *P. davidiana*. Or d'après les tableaux de contingence, il semblerait que la résistance provienne du phylogroupe Asie centrale, dans lequel sont présent *P.mume* et *P.davidiana*. Néanmoins pour valider ces résultats il faudrait récupérer l'information de résistance sur un nombre plus important d'individus. Ces éléments permettent d'apporter une explication complémentaire à l'évolution des fonds mobilisés lors de la sélection. A partir des années 2000, les programmes de sélection à l'INRAe s'orientent vers la problématique de la Sharka du fait des dégâts causés en vergers, ces fonds génétiques (Asie centrale) sont ainsi beaucoup plus mobilisés (Lamine et al. 2015).

Selon l'INRAe, la mobilisation de ces fonds génétiques aurait également entraîné une augmentation du nombre de nécroses et d'anomalies florales. Néanmoins, les tests de khi-deux ne permettent pas de mettre en évidence la présence d'une liaison entre l'origine génétique et la présence de nécroses et anomalies. Cependant, les tableaux de contingence mettent en évidence une présence de nécroses plus importante dans les fonds génétiques issues d'Asie centrale, une part moins importante dans la zone méditerranéenne et la zone Irano-Caucasienne. Il est possible que les anomalies originaires de fonds asiatiques se soient diffusées dans la zone méditerranéenne et caucasienne. Les ACP présentées en *Figure 19* permettent d'illustrer l'origine génétique du matériel présentant des nécroses. Il semblerait que les nécroses aient ainsi été introduites à partir de matériel dérivé de Orangered® Bhart.

D'après Bourghuiba et al. (2020), il existe des différences de besoin en froid en fonction des phylogroupes. Les groupes Irano-Caucasien et méditerranéen présentent des faibles besoins en froids et devraient logiquement fleurir plus tôt. Dans notre étude le nombre d'individus phénotypés était trop faible pour pouvoir identifier une relation entre la date de floraison et les groupes génétiques.

La résistance aux autres maladies - Monilia, Rouille et Oïdium - ne semble pas liée à un fond génétique particulier, et elle ne semble pas du tout avoir fait l'objet d'une pression de sélection. Nous n'avons pas non plus identifié de différences significatives entre le poids des fruits issus des différents phylogroupes. Toutefois, nous avons peu de données phénotypiques pour ces caractères.

Enfin, nous avons mis en relation l'origine génétique des variétés avec la typologie des fruits. D'après la *Figure 20*, les fruits bicolores auraient été introduits par Perfection et Orangered® Bhart, deux variétés bicolores. De la même manière, du fait du nombre trop faible de variétés phénotypées nous ne pouvons pas objectivement définir l'origine génétique de ce caractère.

Conclusion

Pour conclure, l'étude avait pour objectif d'identifier les trajectoires d'évolution de la diversité génétique et phénotypique des variétés d'abricotiers cultivés. Elle permet de mettre en évidence que les variétés cultivées présentent une diversité génétique plus faible que ce que l'on observait au sein des variétés patrimoniales à l'échelle mondiale. Néanmoins, elle montre également que les programmes d'amélioration ont mobilisé l'ensemble des fonds génétiques présents au sein des variétés ancestrales. En Europe, les premiers programmes de sélection ont utilisés la diversité présente localement, en mobilisant dans un premier temps, les variétés méditerranéennes puis les variétés issues de la zone Irano-Caucasienne. Les sélectionneurs ont ensuite cherché d'autres caractères et ont mobilisé des variétés dérivées d'Asie de l'Est puis d'Asie centrale.

De la même manière, certaines variétés présentaient des caractères particulièrement intéressants et ont été fortement mobilisées en tant que géniteur dans les programmes de sélection. Cela pourrait entraîner une diminution de plus en plus importante de la diversité génétique. Il semble donc important, que les sélectionneurs mobilisent l'ensemble de la diversité disponible. Les contraintes de la filière ont joué un rôle non négligeable dans l'évolution de la diversité des abricotiers. Les programmes de sélection ont favorisés des traits demandés par l'aval tels que le calibre ou la date de maturité. D'autres traits qui n'étaient pas un enjeu majeur pour les producteurs et distributeurs n'ont pas été intégrés. Par exemple, aucune sélection n'a été réalisée sur la résistance aux maladies, *Monilia*, Rouille et Oïdium.

L'introduction de ces fonds génétiques a entraîné la sélection involontaire de certains traits phénotypiques tels que la présence de nécroses et anomalies florales. Nous mettons ainsi en évidence que ces deux caractères ont été introduits par la mobilisation de fonds génétiques issus d'Asie centrale. L'absence de dépendance entre la présence de nécroses et de Sharka montre que ceux-ci n'ont pas directement été introduits lors de l'introduction de matériel résistant. Toutefois, il est possible que les anomalies aient été introduites en mobilisant les mêmes fonds. En effet, nous montrons également que la résistance à la Sharka provient de matériel américain probablement dérivé de fonds génétiques asiatiques. Afin d'éviter l'introduction de ce caractère défavorable, l'approche complémentaire serait de réaliser une GWAS pour identifier les zones du génomes impliquées dans l'expression de ce trait. Cela permettrait par la suite de mobiliser les fonds génétiques qui possèdent des caractères intéressants tout en évitant d'intégrer des traits défavorables.

TABLE DES FIGURES ET DES ILLUSTRATIONS

FIGURES

Figure 1 : Répartitions des producteurs d'abricots dans le monde en 2016-2018 (source : FAO)	2
Figure 2 : Schéma récapitulatif des enjeux de la filière de production d'abricot.....	2
Figure 3 : Photos présentant les symptômes de la Sharka sur les feuilles (a.) et sur les fruits (b.) (photos de Guillaume ROCH)	3
Figure 4 : Photos présentant les symptômes du Monilia sur les fruits (a.) et sur les feuilles (b.) (photos de Guy Clauzel)	4
Figure 5 : Flux de domestication de l'abricot (Bourguiba et al. 2020)	4
Figure 6 : Photos présentant des nécroses (a.) et des anomalies florales(b.).....	6
Figure 7 : Schéma récapitulatif de la problématique	6
Figure 8. : Evolution sur la période 2000-2019 du nombre de variétés certifiées.....	11
Figure 9 : Evolution sur la période 1970-2019 du nombre d'allèles total présentent au sein des variétés modernes (résultats cumulés)	11
Figure 10 : Evolution de la distance génétique entre les variétés certifiées chaque année et les variétés patrimoniales calculée à partir du $\delta(\mu)^2$ (Goldstein, 1994) sur la période 2000 à 2019.	11
Figure 11 : Evolution de la distance génétique entre les variétés certifiées chaque année et les variétés patrimoniales calculée à partir du $\delta(\mu)^2$ (Goldstein, 1994) sur la période 2000 à 2019.....	11
Figure 12 : Projection sur les deux premiers axes de l'Analyse en Composante Principale de la diversité génétique totale disponible (variétés patrimoniales +variétés modernes). Visualisation des variétés introduites jusqu'en 1970 (a.), jusqu'en 1980 (b.), jusqu'en 1990 (c.), jusqu'en 2000 (d.), jusqu'en 2019 (e.)	12
Figure 13 : Résultats de l'analyse de structure sur les variétés modernes pour K=4 (logiciel STRUCTURE).....	12
Figure 14. : Evolution de la résistance à la Sharka entre 1970 et 2019	13
Figure 15 : Evolution des dates de début de maturité (en valeurs standardisées par rapport à un témoin) de 1970 à 2019.....	13
Figure 16. : Evolution du type de fruits de 1970 à 2019	14
Figure 17 : Evolution de la distance phénotypique entre les variétés certifiées et les variétés patrimoniales de 1970 à 2019 calculé à partir de 17 caractères phénotypiques différents.....	14
Figure 18. : Evolution de la répartition des groupes de STRUCTURE identifiés sur les variétés modernes de 1970 à 2019.....	18
Figure 19 : ACP réalisée sur les variétés modernes présentant l'origine des variétés présentant des nécroses et introduites avant 1970.....	21
Figure 20 : ACP réalisée sur les variétés modernes présentant l'origine des variétés bicolores et introduites avant 1970.....	21

TABLEAU

Tableau 1 : Tableau récapitulatif des principales maladies sur abricotiers et leurs importance économique ...	3
Tableau 2 : Tableau récapitulatif de l'origine des variétés utilisé pour l'analyse de la diversité	7
Tableau 3 : Tableau présentant les différents critères UPOV utilisés pour l'analyse de la diversité	8
Tableau 4 : Evolution de la diversité de Nei de 1970 à 2019	11
Tableau 5 : Evolution de la date de floraison de 1970 à 2019	13
Tableau 6 : Evolution de la taille des fruits de 1970 à 2019	14
Tableau 7 : Evolution du nombre de variétés présentant des anomalies florales et de nécroses de 1970 à 2019	14
Tableau 8 : Evolution de la distance phénotypique entre les variétés certifiées et les variétés patrimoniales de 1970 à 2019.....	15

BIBLIOGRAPHIE

- Agreste, 2020. Info rapide abricot. n° 2020-112.
- Aranzana, M. J., Garcia-Màs, J., Carbo, J., and Arùs, P. (2002). Development and variability analysis of microsatellite markers in peach. *Plant Breed.* 121, 87–92.
- Bourguiba Hedia, Audergon Jean-Marc, Krichen Lamia, Trifi-Farah Neila, Mamouni Ali, Trabelsi Samia, D'Onofrio Bayram, M Asma Bayram, Santoni Sylvain, Khadari Bouchaib et al. 2012. « Loss of genetic diversity as a signature of apricot domestication into the mediterranean Basin ». *BMC plant Biology*.
- Bourguiba Hedia, Scotti Ivan, Sauvage Christopher, Zhebentyayeva Tetyana, Ledbetter Craig, Krška Boris, Remay Arnaud, et al. 2020. « Genetic Structure of a Worldwide Germplasm Collection of *Prunus Armeniaca* L. Reveals Three Major Diffusion Routes for Varieties Coming From the Species' Center of Origin ». *Frontiers in Plant Science* 11 (mai): 638. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00638>.
- Cipriani, G., Lot, G., Huang, W. G., Marrasso, M. T., Peterlunger, E., and Testolin, R. (1999). AC/GT and AG/CT microsatellite repeats in peach (*Prunus persica* L. Batsch) isolation, characterization and cross-species amplification in *Prunus*. *Theor. Appl. Genet.* 99, 65–72.
- Decroocq Stéphane, Amandine Cornille, David Tricon, Sevda Babayeva, Aurélie Chague Jean-Philipp Eyquard Raul Karychev, et al. « New Insights into the History of Domesticated and Wild Apricots and Its Contribution to Plum Pox Virus Resistance ». *Molecular Ecology* 25, no 19 (2016): 4712-29. <https://doi.org/10.1111/mec.13772>.
- Dirlewanger E., Cosson P., Tavaud M. et al. Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Theor Appl Genet* **105**, 127–138 (2002). <https://doi.org/10.1007/s00122-002-0867->
- Dieringer, Daniel & Schlötterer, Christian (2003) Microsatellite analyser (MSA): a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets. *Molecular Ecology Notes* 3 (1), 167-169
- Dirlewanger, E., Cosson, P., Tavaud, M., Aranzana, M., Poizat, C., Zanetto, A., et al. (2002).
- Doré Claire, et Varoquaux Fabrice. 2006. *Histoire et amélioration de cinquante plantes cultivées Ed. 1*. Editions Quae. doi: 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x
- Dubois P. « Estimation de la diversité des variétés inscrites au GEVES Catalogue français des espèces agricoles cultivées Brion », s. d., 50.
- Earl D. A., and VonHoldt, B. M. (2012). Structure Harvester: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Cons. Genet. Res.* 4, 359–361.
- Evanno G., Regnaut S., and Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.* 14, 2611–2620.
- FranceAgrimer, 2020. L'abricot en 2020 : bilan campagne
- FranceAgrimer, 2018. L'abricot en 2018 : bilan campagne
- FranceAgrimer, 2019. L'abricot en 2019 : bilan campagne
- Goldstein David B., Andres Ruiz bares, Luigi Luca Cavalli-Sforza and Marcus W. Feldman 1994. An Evaluation of Genetic Distances for Use With Microsatellite Loci.

- Hagen, L. S., Chaib, J., Fady, B., Decroocq, V., Bouchet, J. P., Lambert, P., et al. (2004). Genomic and cDNA microsatellites from apricot (*Prunus armeniaca* L.). *Mol. Ecol. Notes* 4, 742–745.
- Lamine Claire, Pluvinage Jean, Aubenas Régis, Faugier Vincent, Simon Sylvaine, Guy Clauzel, Lamberet Magali, et al. s. d. « Innovation variétale en Prunus, 1960-2013 : les enseignements d'une analyse socio-historique co-construite avec les acteurs », 15.
- Lasnier Adrien, 2012 « Analyse de la diversité génétique chez l'abricotier (*Prunus armeniaca* L.) à l'aide de marqueurs microsatellites » Rennes : Agrocampus Ouest, Mémoire de fin d'étude.
- Lichou Jean, et Jay Michel. 2012. *Monographie abricot*. 2012^e éd.
- Liu Shuo Cornille Amandine, Decroocq Stéphane, Tricon David, Chague Aurélie, Eyquard Jean-Philippe, Liu Wei-Sheng, Giraud Tatiana, et Decroocq Véronique. 2019. « The Complex Evolutionary History of Apricots: Species Divergence, Gene Flow and Multiple Domestication Events ». *Molecular Ecology* 28 (24): 5299-5314. <https://doi.org/10.1111/mec.15296>.
- Marandel Grégoire, Jaroslav Salava, Abbott Albert, Candresse Thierry, et Decroocq Véronique. 2009. « Quantitative Trait Loci Meta-Analysis of Plum Pox Virus Resistance in Apricot (*Prunus Armeniaca* L.): New Insights on the Organization and the Identification of Genomic Resistance Factors ». *Molecular Plant Pathology* 10 (3): 347-60. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2009.00535.x>.
- Miller Allison J., et Briana L. Gross. 2011. « From Forest to Field: Perennial Fruit Crop Domestication ». *American Journal of Botany* 98 (9): 1389-1414. <https://doi.org/10.3732/ajb.1000522>.
- Perrier X., Jacquemoud-Collet, J.P. (2006). DARwin software <http://darwin.cirad.fr/>
- Rogers J.S. (1972) Measures of Genetic Similarity and Genetic Distance. In: *Studies in Genetics VII*, University of Texas Publication 7213, Austin, 145-153.).
- Ruzzante Daniel E. « A comparison of several measures of genetic distance and population structure with microsatellite data: bias and sampling variance ». *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 55, no 1 (1 janvier 1998): 1-14. <https://doi.org/10.1139/f97-203>.
- Testolin R., Marrazzo T., Cipriani G., Quarta R., Verde, I., and Dettori, M. T. (2000). Microsatellite DNA in Peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars. *Genome* 43, 512–520
- UPOV, Guideline for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability. [en ligne]. Disponible sur : https://www.upov.int/edocs/mdocs/upov/en/tc/43/tg_70_04_rev_proj_2.pdf
- Vavilov, N. I., Mykola I. Vavylov, Níkolaj Ívanovítsj Vavílov, et Vladimir Filimonovich Dorofeev. *Origin and Geography of Cultivated Plants*. Cambridge University Press, 1992.
- Vernin Xavier, Le marché de l'abricot. Rencontre live : "L'abricot quelles offre pour quelles consommateurs ". [En ligne]. Disponible sur : <https://www.ctifl.fr/Pages/Agenda/DetailsEvenement.aspx?id=579>. Mars 2021
- Yamamoto, T., Mochida, K., Imai, T., Shi, Y. Z., Ogiwara, T., and Hayashi, T. (2002). Microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] derived from an enriched genomic and cDNA libraries. *Mol. Ecol. Notes* 2, 298–301
- Zhebentyayeva Tatyana, Craig Ledbetter, Lorenzo Burgos, et Gerardo Llácer. « Apricot ». In *Fruit Breeding*, édité par Marisa Luisa Badenes et David H. Byrne, 415-58. *Handbook of Plant Breeding*. Boston, MA: Springer US, 2012. https://doi.org/10.1007/978-1-4419-0763-9_12.

LISTE DES ANNEXES

ANNEXE 1 : Core-collection installée à Gotheron	I
ANNEXE 2 : Evolution de la distance génétique entre les variétés cultivées et les variétés certifiées chaque année (calculée avec le $\delta(\mu)^2$ de Goldstein à partir des longueurs exactes sortie séquenceur)	II
ANNEXE 3 : Figures présentant l'évolution de la résistance au maladies (monilia et Rouille).....	III
ANNEXE 4a : Tableaux de contingence entre les caractères phénotypiques et les phylogroupes (Sharka, nécroses et anomalies).....	IV
ANNEXE 4b: Tableaux de contingence entre les caractères phénotypiques et les phylogroupes (date de maturité, date de floraison et poids du fruit)	V
ANNEXE 4c: Tableaux de contingence entre les caractères phénotypiques et les phylogroupes (type de fruit)	VI
ANNEXE 5a : Boxplot représentant la liaison entre la présence de maladies et les différents phylogroupes (rouille et monilia).....	VII
ANNEXE 5b : Boxplot représentant la liaison entre la présence de maladies et les différents phylogroupes (Oïdium).....	VIII

ANNEXE 1 : Core-collection installée à Gotheron

	Clones	A	B	C	D	F	G	H	I	J	K	L	M
Bloc 1	1	6239	2348	4589	2346	1731	2243	2669	2361	2458	2067	5347	4415
	2	2069	2821	4079	5665	4294	380	2343	76	3976	5304	4516	3902
	3	2218	2360	4316	4892	3967	1811	4576	300	3950	2219	4804	4076
	4	157	4373	4034	3597	5129	2662	1314	74	2388	4806	4374	1727
	5	5328	5446	1343	1453	1915	1814	4049	2311	2265	4852	4800	1601
	6	4705	5006	2217	4896	2924	1714	2310	4445	3521	4710	4586	862
	7	1711	5271	5810	1793	2914	2382	682	2335	4394	4811	4360	1693
	8	3862	3698	4002	4423	1939	2205	2215	2928	2137	2410	1145	4650
	9	2129	1352	4322	2312	892	6240	2843	544	2635	4456	2089	1601
	10	3845	4617	4728	2481	1236	1813	2712	1729	2340	4711	2635	3075
	11	3408	500	6039	2241	660	804	8	2715	1330	2490	2994	3865
Bloc 2	12	4811	1727	4589	2310	2243	665	2894	2358	2156	634	4793	4167
	13	5304	3545	2069	2205	1793	2360	3075	2218	3865	2669	2914	1809
	14	3902	3844	4853	2241	2712	2928	3698	4166	4167	74	2156	3936
	15	5271	4710	4705	4516	2924	1693	3862	4449	4034	2358	4079	3967
	16	2662	4589	4617	2894	6239	2312	4456	2204	2388	1711	2217	8
	17	4423	1939	2067	3976	4076	544	4576	4373	4316	2410	2458	539
	18	4711	5810	1714	4804	1813	4445	4650	1601	157	2715	2481	6240
	19	4656	5446	3408	4892	1731	5347	5328	4793	2219	2635	1145	2346
	20	2343	1915	5006	4852	5665	3845	804	4394	2340	660	2129	2137
	21	3521	4728	4360	4806	2348	4843	2382	4374	544	3597	2311	4002
	22	500	3950	1811	6039	4800	1814	1729	4049	2843	2335	1453	39
23	4322	1343	300	1236	4896	682	1352	892	4294	2821	2089	76	
Bloc 3	24	4896	4360	2914	1314	3950	2265	2490	862	2734	4415	4586	804
	25	4076	4650	3865	4516	3976	3862	5129	2215	2137	3408	1330	2205
	26	3075	1727	3902	2067	2712	2635	1601	2335	2343	4322	2924	2458
	27	2928	3845	3936	2715	4456	1793	4374	2310	4415	5129	2481	4423
	28	2241	665	3967	4079	4294	1811	2156	4373	4316	4167	1731	4586
	29	157	300	2219	682	2311	2217	1809	2361	4049	2360	2129	1352
	30	1729	634	1814	3545	4800	76	2204	4394	2089	6239	5006	500
	31	2340	544	2490	4656	1453	660	4711	4710	2358	5304	1714	1145
	32	2410	862	4576	892	6240	2312	2821	2382	4449	2894	1939	1236
	33	539	2218	4166	4804	4445	4034	4793	2734	5328	4806	1711	4843
	34	1314	74	3844	4728	2069	380	4811	2388	3521	2348	2669	4892
35	8	2243	2994	380	3698	2346	5665	2662	4853	1915	5271	6039	
36	4589	1813	5347	2843	3597	1343	39	4705	5810	5446	1729	4617	
Bloc 4	37	4079	4650	1601	3936	3902	2712	4394	4456	4167	3698	2358	2361
	38	2215	4793	1314	3967	2137	2924	3597	4896	2067	3408	300	1236
	39	6039	5665	4445	4360	1814	1314	3862	4711	2348	1813	544	3845
	40	1793	4853	5810	2734	1731	2458	4374	4076	4811	2346	4516	2312
	41	5304	4576	1693	2311	2241	2156	1915	4034	2994	1729	4316	1809
	42	5446	4728	4049	3950	2481	3521	2928	1330	1453	4166	3844	660
	43	3075	5271	4449	4002	2129	1714	3976	665	500	892	2335	2243
	44	2205	2382	4322	2388	74	1939	4294	39	2410	6239	2894	157
	45	4892	4843	8	1145	2662	4373	4586	3408	634	2217	4705	4806
	46	2843	76	2490	1343	4710	4617	3545	1727	2914	2360	1711	5006
	47	2821	4852	1352	2218	2343	4800	2715	2219	6240	2089	5129	804
48	380	2340	1811	2310	4804	862	4656	3865	539	2265	2069	4423	
Bloc 5	49	2217	2360	4294	1727	1915	4002	4415	2669	2204	682	5347	5328
	50	39	4711	8	4449	4576	4166	1731	2069	2067	2388	660	2924
	51	4656	2156	665	4373	4076	2343	2129	2361	2137	2312	4002	4728
	52	1236	2265	1330	4804	1813	3902	2218	1693	3936	3950	4360	300
	53	4892	2243	4853	804	2348	76	4589	3844	2928	2346	4374	4852
	54	4516	4322	74	1343	2241	4806	2340	3976	4034	1145	2843	5129
	55	157	3862	2358	2635	2410	3698	1793	2458	3597	1711	2712	4793
	56	4710	4586	1809	2715	3545	2219	1939	2205	6239	3545	4617	2734
	57	5271	5328	4705	682	539	2382	4316	2089	1693	4843	4079	1352
	58	5446	1453	2204	4049	862	2481	634	4456	4800	5006	4445	3967
	59	2662	2994	3865	3075	2669	3521	2310	2490	4415	1714	4853	4650
60	5810	5665	4394	5347	500	4811	2311	1814	2894	5304	4167	4852	
61	6039	4896	3845	2335	2821	1811	892	380	2914	6240	4423	2215	

N
↑

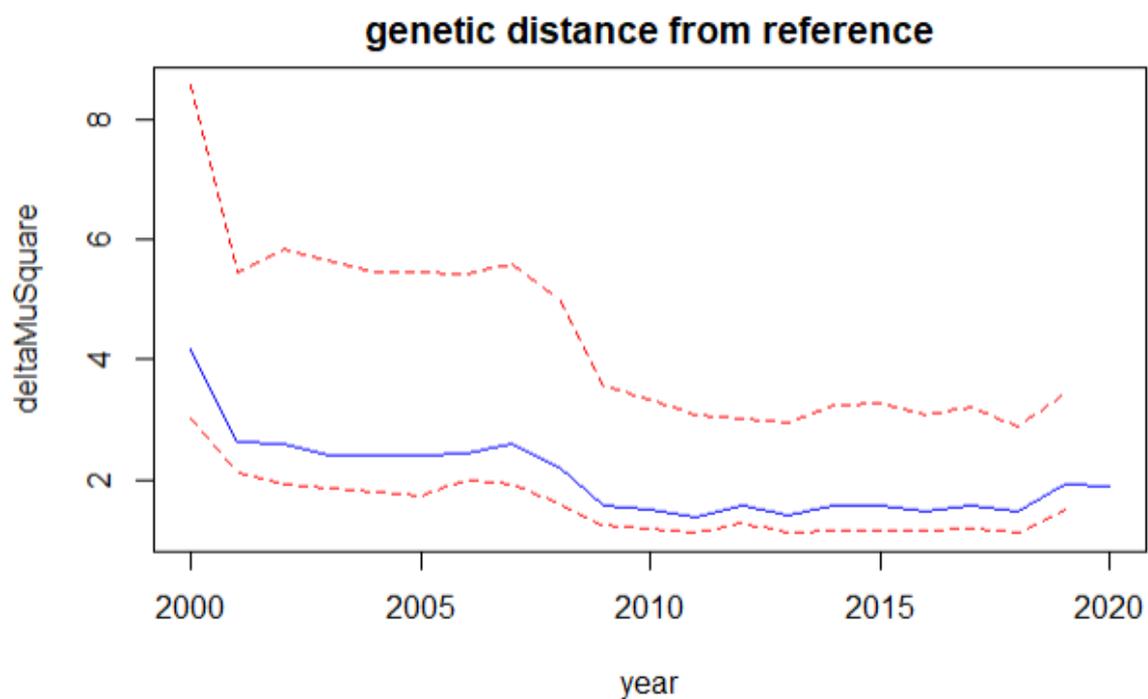
0000 : Pas de production en 2019

première feuille 2021 (Greffage 2020)

Première feuille 2019 (greffage 2018)

Première feuille 2020 (greffage 2019)

ANNEXE 2 : Evolution de la distance génétique entre les variétés cultivées et les variétés certifiées chaque année (calculée avec le $(\delta\mu)^2$ de Goldstein à partir des longueurs exactes des bandes)



ANNEXE 3 : Figures présentant l'évolution de la résistance aux maladies (monilia et Oïdium)

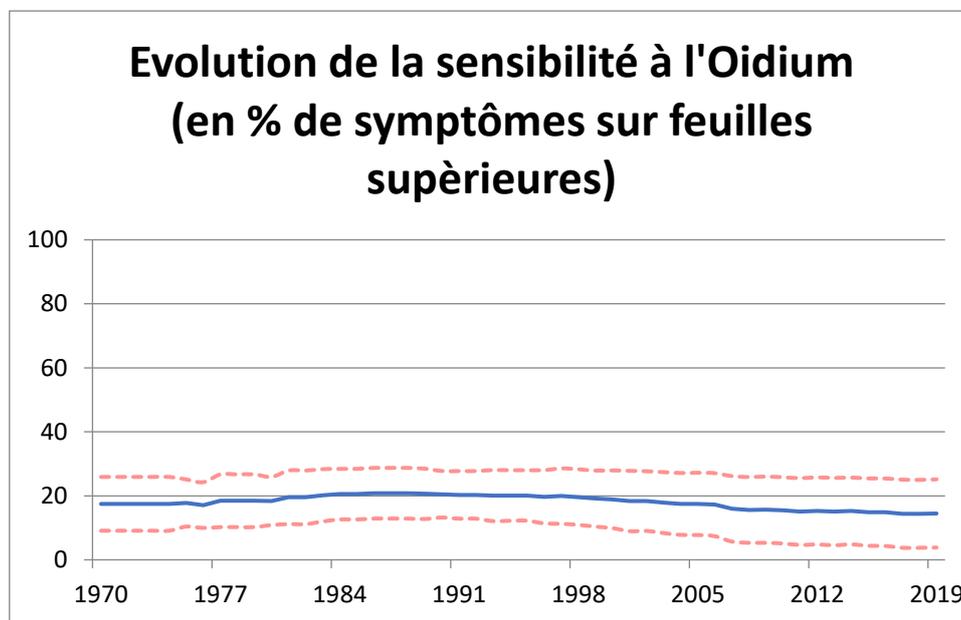


Figure A : Evolution de la sensibilité à l'Oïdium (en % de symptômes sur feuilles supérieures).
 Légende : trait bleu = moyenne, traits rouges pointillés = écart type.

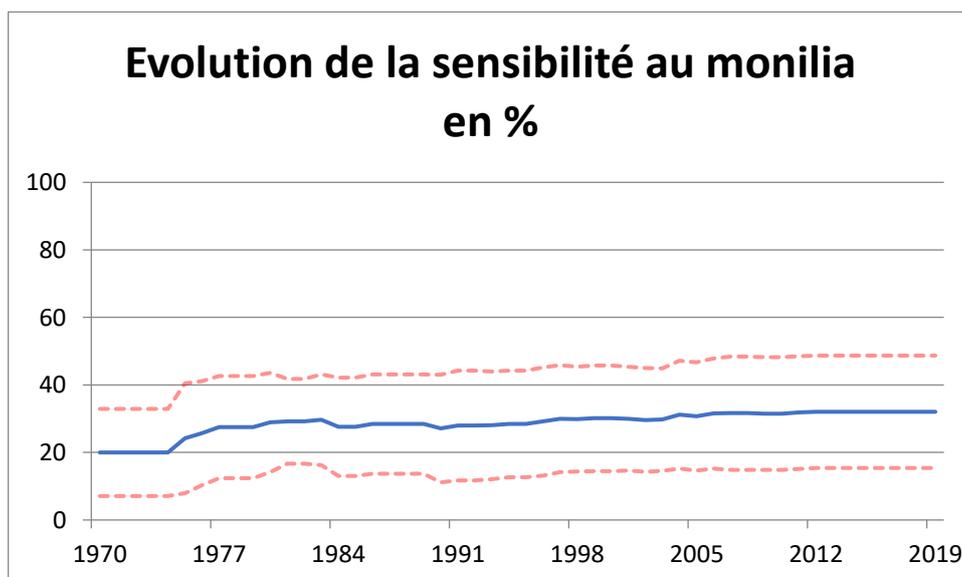


Figure B : Evolution de la sensibilité au monilia en %.
 Légende : trait bleu = moyenne, traits rouges pointillés = écart type.

ANNEXE 4a : Tableaux de contingence entre les caractères phénotypiques et les phylogroupes (Sharka, nécroses et anomalies)

Nombre de Clones Clusters variétés patrimoniales	Résistance à la Sharka		Total général
	Sensible	Résistant	
Asie de l'Est	11	0	11
Asie Centrale	5	2	7
Zone Irano caucasienne	3	0	3
Europe Continentale	4	0	4
Zone méditerranéenne	39	0	39
Total général	62	2	64

Figure A : Tableau de contingence entre les phylogroupes sur les variétés patrimoniales et la résistance à la Sharka

Nombre de Clones Cluster variétés patrimoniales	Note de nécrose			Total général
	0	1	2	
Europe Centrale	0	1	0	1
Asie de l'Est	6	5	0	11
Zone Irano-caucasienne	1	1	1	3
Zone méditerranéenne	8	13	10	31
Asie Centrale	0	1	4	5
Total général	15	21	15	51

Figure B : Tableau de contingence entre les phylogroupes sur les variétés patrimoniales et la présence de nécroses

Légende : 0 : absence de nécroses ; 1 : présence de nécroses qui n'impactent pas la production ; 2 : présence de nécroses qui impactent la production

Nombre de Clones Cluster variétés patrimoniales	Note d'anomalies			Total général
	0	1	2	
Europe Centrale	1	0	0	1
Asie de l'Est	6	2	3	11
Zone Irano-caucasienne	3	0	0	3
Zone méditerranéenne	20	9	2	31
Asie Centrale	4	1	0	5
Total général	34	12	5	51

Figure C : Tableau de contingence entre les phylogroupes sur les variétés patrimoniales et la présence d'anomalies

Légende : 0 : absence d'anomalies ; 1 : présence d'anomalies qui n'impactent pas la production ; 2 : présence d'anomalies qui impactent la production

ANNEXE 4b : Tableaux de contingence entre les caractères phénotypiques et les phylogroupes (date de maturité, date de floraison et poids du fruit)

Nombre de Clone Clusters variétés patrimoniales	Date de maturité								Total général
	1	2	3	4	5	6	7	8	
Asie de l'Est			4	7	2			1	14
Asie Centrale			2	2					4
Zone Irano-caucasienne	1								1
Europe Continentale			1		1		2		4
Zone méditerranéenne		1	3	12	17	3			36
Total général	1	1	10	21	20	3	2	1	59

Figure D : Tableau de contingence entre les phylogroupes sur les variétés patrimoniales et la date de maturité.

Légende : note de 1 à 9 avec 1 : variété précoce et 9 : variété tardive

Nombre de Clones Clusters variétés patrimoniales	Date de floraison									Total général
	1	2	3	4	5	6	7	9		
Asie de l'Est			4	2	1					7
Asie Centrale			1	1		1	1			4
Zone irano-caucasienne	1									1
Europe Continentale	1						2			3
Zone méditerranéenne		1	1	6	6	1	6	7		28
Total général	2	1	6	8	8	1	9	8		43

Figure E : Tableau de contingence entre les phylogroupes sur les variétés patrimoniales et la date de floraison.

Légende : note de 1 à 9 avec 1 : variété précoce et 9 : variété tardive

Nombre de Clone Clusters variétés patrimoniales	Poids des fruits								Total général
	1	3	4	5	6	7	8		
Asie de l'Est	1	2	5	2		1			11
Asie Centrale					2				2
Europe Continentale			2				1		3
Zone méditerranéenne			6	4	9	7	3	1	30
Total général	1	10	9	13	7	5	1		46

Figure F : Tableau de contingence entre les phylogroupes sur les variétés patrimoniales et le poids du fruit.

Légende : note de 1 à 9 avec 1 (très petit) : <20g ; 2 (très petit à petit) <30g ; 3 (petit)<40g ; 4 (petit à moyen) <50g ; 5 (moyen)<60g ; 6 (moyen à large) <70g ; 7 (large) <80g ; 8 (large à très large) < 90g ; 9 (très large)> 90g.

ANNEXE 4c : Tableaux de contingence entre les caractères phénotypiques et les phylogroupes (type de fruit et floribondité)

Nombre de Clone	Type de fruits		Total général	
	Orangé	Bicolore		
Clusters variétés patrimoniales				
Asie de l'Est		8	6	14
Asie centrale			7	7
Zone Irano-Caucasienne		1		1
Europe continentale		2	4	6
Zone méditerranéenne		14	31	45
Total général	25	48	73	

Figure G : Tableau de contingence entre les phylogroupes sur les variétés patrimoniales et le type de fruits.

Nombre de Clone	Floribondité							Total général	
	1	3	4	5	6	7	8		
Clusters variétés patrimoniales									
Asie de l'Est	1	2	5	2		1		11	
Asie centrale				2				2	
Europe continentale			2			1		3	
Zone méditerranéenne			6	4	9	7	3	1	30
Total général	1	10	9	13	7	5	1	46	

Figure H : Tableau de contingence entre les phylogroupes sur les variétés patrimoniales et la floribondité.

Légende : note d'intensité de 0 à 4 avec 0 : absence de fleurs.

ANNEXE 5a : Boxplot représentant la liaison entre la présence de maladies et les différents phylogroupes (rouille et monilia)

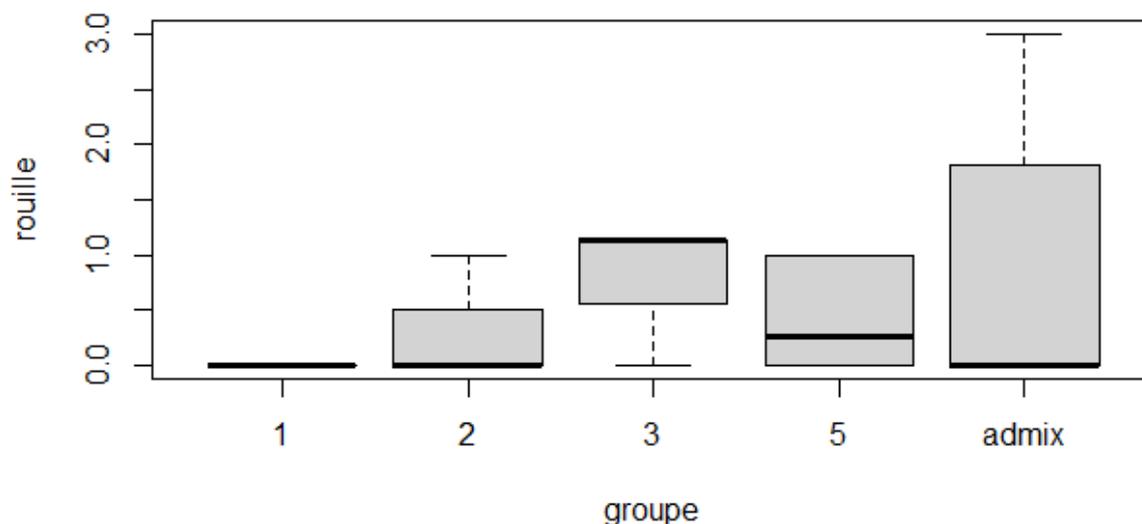


Figure D : Boxplot présentant la sensibilité à la rouille au sein des groupes phylogénétiques des variétés patrimoniales.

Légende : 1 : Cluster 1 : variétés d'Asie de l'Est ; 2 : Cluster 2 : Variétés d'Asie centrale ; 3 : Cluster 3 : variétés Irano-Caucasienne ; 4 : Cluster 4 : variétés d'Europe continentale ; 5 : Cluster 5 : Variétés méditerranéennes

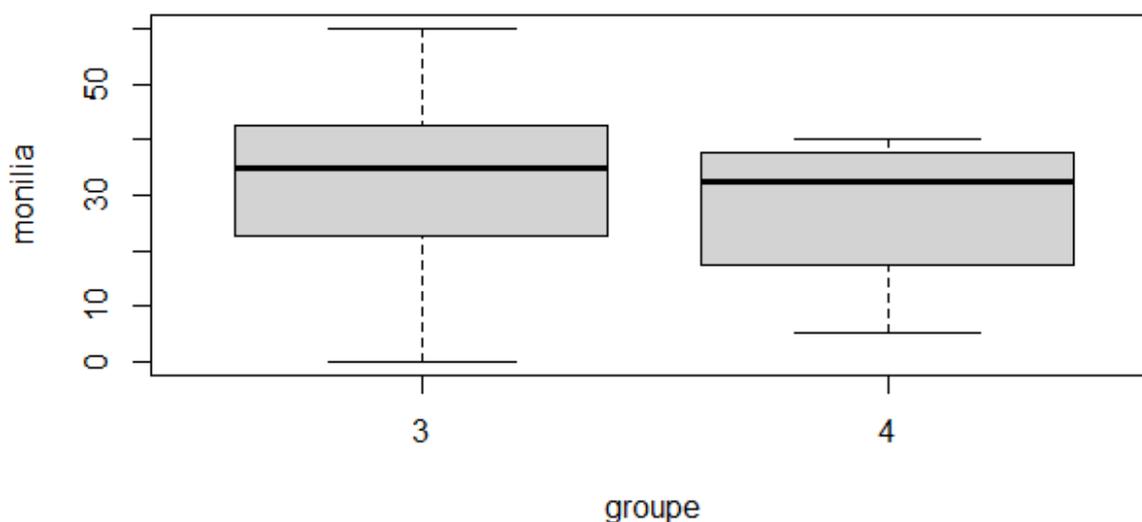


Figure E : Boxplot présentant la sensibilité au monilia au sein des groupes phylogénétiques des variétés patrimoniales.

Légende : 1 : Cluster 1 : variétés d'Asie de l'Est ; 2 : Cluster 2 : Variétés d'Asie centrale ; 3 : Cluster 3 : variétés Irano-Caucasienne ; 4 : Cluster 4 : variétés d'Europe continentale ; 5 : Cluster 5 : Variétés méditerranéennes

ANNEXE 5b : Boxplot représentant la liaison entre la présence de maladies et les différents phylogroupes (Oïdium)

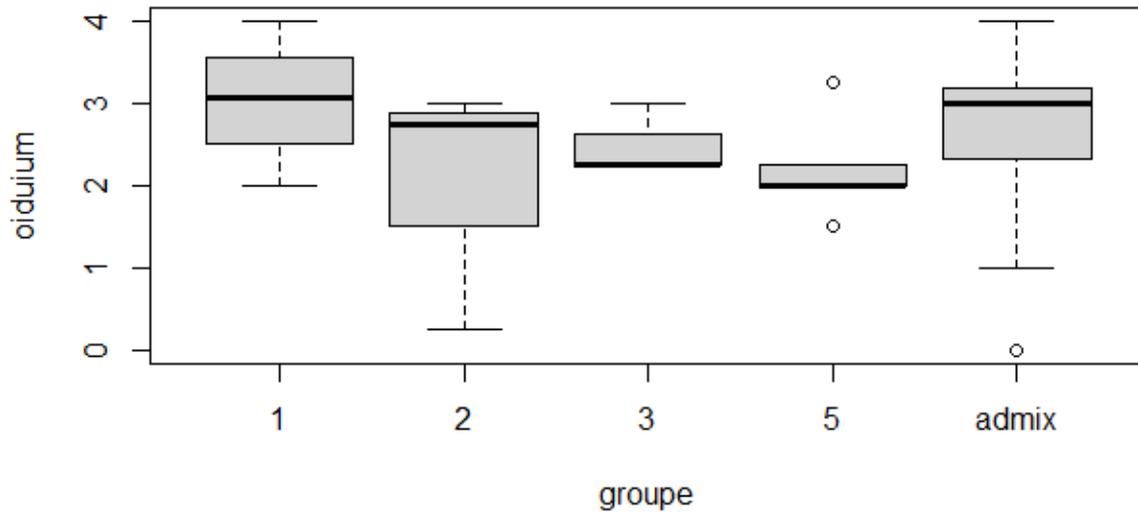


Figure F : Boxplot présentant la sensibilité à l'Oidium au sein des groupes phylogénétiques des variétés patrimoniales.

Légende : 1 : Cluster 1 : variétés d'Asie de l'Est ; 2 : Cluster 2 : Variétés d'Asie centrale ; 3 : Cluster 3 : variétés Irano-Caucasiennes ; 4 : Cluster 4 : variétés d'Europe continentale ; 5 : Cluster 5 : Variétés méditerranéennes

 agriculture • alimentation • environnement	Diplôme : Ingénieur en agricultures de l'école supérieure d'agricultures d'Angers Spécialité : SIV – Science de l'ingénierie du végétale Spécialisation / Option : Sciences et Ingénierie du Végétal /Génétique et amélioration des plantes Enseignant référent : Anne Laperche
Auteur(s) : Alice MERCIER Date de naissance : 31/07/1998	Organisme d'accueil : INRAe centre PACA Adresse : Domaine Saint-Maurice, 67 allée des Chênes 84140 Avignon
Nb pages : 25 Annexe(s) : 7	Maîtres de stage : Jean-Marc AUDERGON et Ivan SCOTTI
Année de soutenance : 2021	
Titre français : <p style="text-align: center;">ETUDE DE L'EVOLUTION DE LA DIVERSITE GENETIQUE ET PHENOTYPIQUE DES ABRICOTIERS CULTIVES</p> <p style="text-align: center;">Illustration de la diversité génétique sur des caractères liés à l'adaptabilité variétale</p> Titre anglais : <p style="text-align: center;">STUDY OF THE EVOLUTION OF GENETIC AND PHENOTYPIC DIVERSITY OF CULTIVATED APRICOTS.</p> <p style="text-align: center;">Illustration of the diversity on adaptability traits</p>	
Résumé (1600 caractères maximum) : L'abricotier (<i>Prunus armeniaca</i>), est une espèce à fort intérêt économique et nutritionnel. En France, depuis plusieurs années sa production est en baisse, du fait notamment de problèmes d'adaptabilités. Pour répondre à ces problématiques nous nous sommes intéressés à la diversité de l'espèce et à l'évolution de celle-ci au sein des variétés cultivées. A l'aide de 25 marqueurs SSR et de 17 caractères phénotypiques, nous avons étudié l'évolution de la diversité cultivée depuis 1970 à aujourd'hui. L'étude met en évidence une augmentation de la diversité génétique des abricotiers cultivées. Les premières variétés étaient essentiellement dérivées de fonds méditerranéens et irano-caucasiens. Depuis 1980, les fonds génétiques d'Asie centrale et d'Asie de l'Est sont également utilisés dans les programmes d'amélioration, avec une prévalence depuis les années 2000, des fonds asiatiques. L'évolution de la filière abricot a entraîné des variations de la diversité en induisant une pression de sélection importante de certains caractères. La structure de la filière a également pu favoriser certains géniteurs et certains fonds génétiques. L'étude permet de mettre en évidence l'origine génétique des caractères. Par exemple, les anomalies florales, caractère résultant de l'inadaptabilité des cultivars serait originaires de fonds génétiques d'Asie centrale et aurait été introduit involontairement en même temps que des matériels résistants à la Sharka. Le stage a pu être réalisé grâce au soutien financier du Gis fruits.	
Abstract (1600 caractères maximum) : Apricot (<i>Prunus armeniaca</i>), is a specie with a high economical and nutritional importance. In France, for several years, its production is in decline due to adaptabilities problems. To answer to these problematics, we study the diversity of the specie and its evolution in cultivated varieties. With 25 SSR markers and 17 different phenotypic traits, we analysed the diversity of cultivated apricot since 1970. It has shown an augmentation of the genetic diversity. The first varieties were derived from Iranian and Mediterranean phylogroups. Since 1980, phylogroups issued from Central Asia and East Asia have been introduced in the new breeding programs. The Asiatics phylogroups became more important from 21 st century. The evolution of the chain causes a variation of the diversity by promoting some favorable traits (fruit, color, maturity, date...). It promotes some progenitors and phylogroups. Our study also show the genetic origin of some traits. For example, floral anomalies and necrosis are now frequent in modern cultivars, causing inadaptation. This character is issued from Central Asia phylogroups and has probably been introduced by material resistant to plum pox virus. The internship was possible thanks to the financial support of the GIS fruits.	
Mots-clés : Abricotiers, diversité, adaptabilité, anomalies florales Key Words : Apricots, diversity, adaptability, floral anomalies	