

What is the contribution of the phyllosphere microbiota to the health of apricot trees?

Bich Ngoc DO

Supervisors: Hervé Sanguin (CIRAD) & Bénédicte Quilot (INRAE)

Co-supervisors: Karine Adeline (ONERA) & Thomas Defferier (Vegepolys Valley)

Host Lab: PHYTOBIOM – PHIM, CIRAD Baillarguet

July, 2026



**Plant Health
Institute
Montpellier**



Abstract

Apricot (*Prunus armeniaca* L.) is an economically important fruit tree whose productivity is strongly affected by foliar diseases and associated microbiome dynamics. The phyllosphere microbiome is increasingly recognized as an integral component of the plant holobiont, shaped by host genotype, tissue niche, and environmental conditions. Here, we characterized the fungal and bacterial phyllosphere of a genetically diverse apricot core collection grown in a common-garden orchard and investigated how host genetic background and foliar disease severity structure microbial communities. Leaves from 145 genotypes (ITS2) and 119 genotypes (16S rRNA V4 region), spanning seven germplasm origins, were analyzed using amplicon sequencing. Diversity and composition were assessed using Hill-number metrics, multivariate variance analyses, ordination, and variance partitioning. The fungal community was dominated by a conserved *Didymella*–*Aureobasidium* core shared across all origins, with richness and composition showing limited genotypic variation; geographic origin explained only a minor fraction of fungal turnover. Bacterial communities were more variable: richness differed significantly among host origins, and an origin-based compositional signal accounted for a small but highly significant proportion of variation ($R^2 = 4.5\%$, $P = 1 \times 10^{-4}$), indicating stronger host-genotype filtering of bacteria than fungi. Disease effects were kingdom-specific. *Coryneum* severity was linked to bacterial richness ($R^2 = 13\%$), rust to fungal richness ($R^2 = 6\%$). No significant relationship was detected for *Monilia*. Overall, these findings provide the first integrated characterization of the apricot leaf holobiont, suggesting a stronger relation between bacterial community with host genetic background than fungal communities, within a reciprocal host–microbiome–disease relationship.

GIS Fruits funded the internship

Quel est le rôle du microbiote de la phyllosphère dans la santé de l'abricotier ?

Résumé

L'abricotier (*Prunus armeniaca* L.) est une espèce fruitière d'importance économique dont la productivité est fortement affectée par les maladies foliaires. Le microbiome de la phyllosphère est aujourd'hui reconnu comme une composante intégrale de l'holobionte végétal, façonnée par le génotype de l'hôte, les tissus considérés et les conditions environnementales. Dans cette étude, nous avons caractérisé les microbiomes fongique et bactérien de la phyllosphère d'une collection d'abricotiers présentant une forte diversité génétique, cultivée dans un verger expérimental en jardin commun (« common garden »), et étudié l'influence du contexte génétique de l'hôte et de la sévérité des maladies foliaires sur la structuration des communautés microbiennes.

Des feuilles provenant de 145 génotypes (ITS2) et de 119 génotypes (région V4 de l'ARNr 16S), représentant sept origines de ressources génétiques, ont été analysées par séquençage d'amplicons. La diversité et la composition des communautés microbiennes ont été évaluées à l'aide des métriques de Hill, d'analyses multivariées de la variance, de méthodes d'ordination et de partitionnement de la variance.

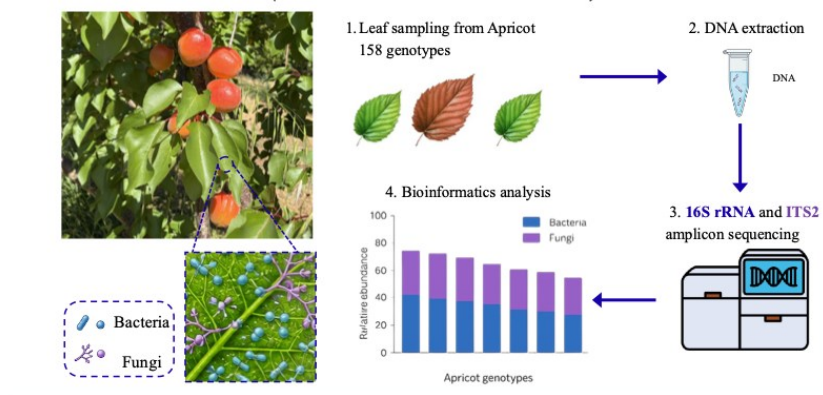
La communauté fongique est dominée par un noyau conservé composé principalement des genres *Didymella* et *Aureobasidium*, partagé entre toutes les origines génétiques. La richesse et la composition des communautés fongiques présentent une faible variabilité entre génotypes, et l'origine géographique n'explique qu'une faible part du renouvellement des communautés. En revanche, les communautés bactériennes se sont révélées plus variables : leur richesse diffère significativement selon l'origine génétique des hôtes, et cette dernière explique une faible mais très significative proportion de la variation de leur composition ($R^2 = 4,5 \%$, $P = 1 \times 10^{-4}$), indiquant un effet de filtrage du génotype de l'hôte plus marqué pour les bactéries que pour les champignons.

Les effets des maladies diffèrent selon le règne microbien. La sévérité du Coryneum est associée à la richesse des communautés bactériennes ($R^2 = 13 \%$), tandis que la sévérité de la rouille est associée à la richesse des communautés fongiques ($R^2 = 6 \%$). Aucune relation significative n'a été mise en évidence entre la sévérité de la moniliose et les communautés microbiennes.

Dans l'ensemble, ces résultats constituent la première caractérisation intégrée de l'holobionte foliaire de l'abricotier. Ils suggèrent que les communautés bactériennes sont plus fortement liées au contexte génétique de l'hôte que les communautés fongiques, et mettent en évidence des interactions réciproques entre le génotype de l'hôte, le microbiome de la phyllosphère et les maladies foliaires, soulignant l'importance de considérer l'holobionte végétal dans les études d'écologie des maladies et d'amélioration des cultures.

Le GIS Fruits a financé la bourse de stage

Apricot phyllosphere microbiome (*Prunus armeniaca*)



Key findings

