

Etude et compréhension du déterminisme génétique et moléculaire de la floraison chez le cerisier doux (*Prunus avium*)

**Équipe 'Adaptation du Cerisier aux Changements Climatiques' (A3C)
UMR Biologie du Fruit et Pathologie**

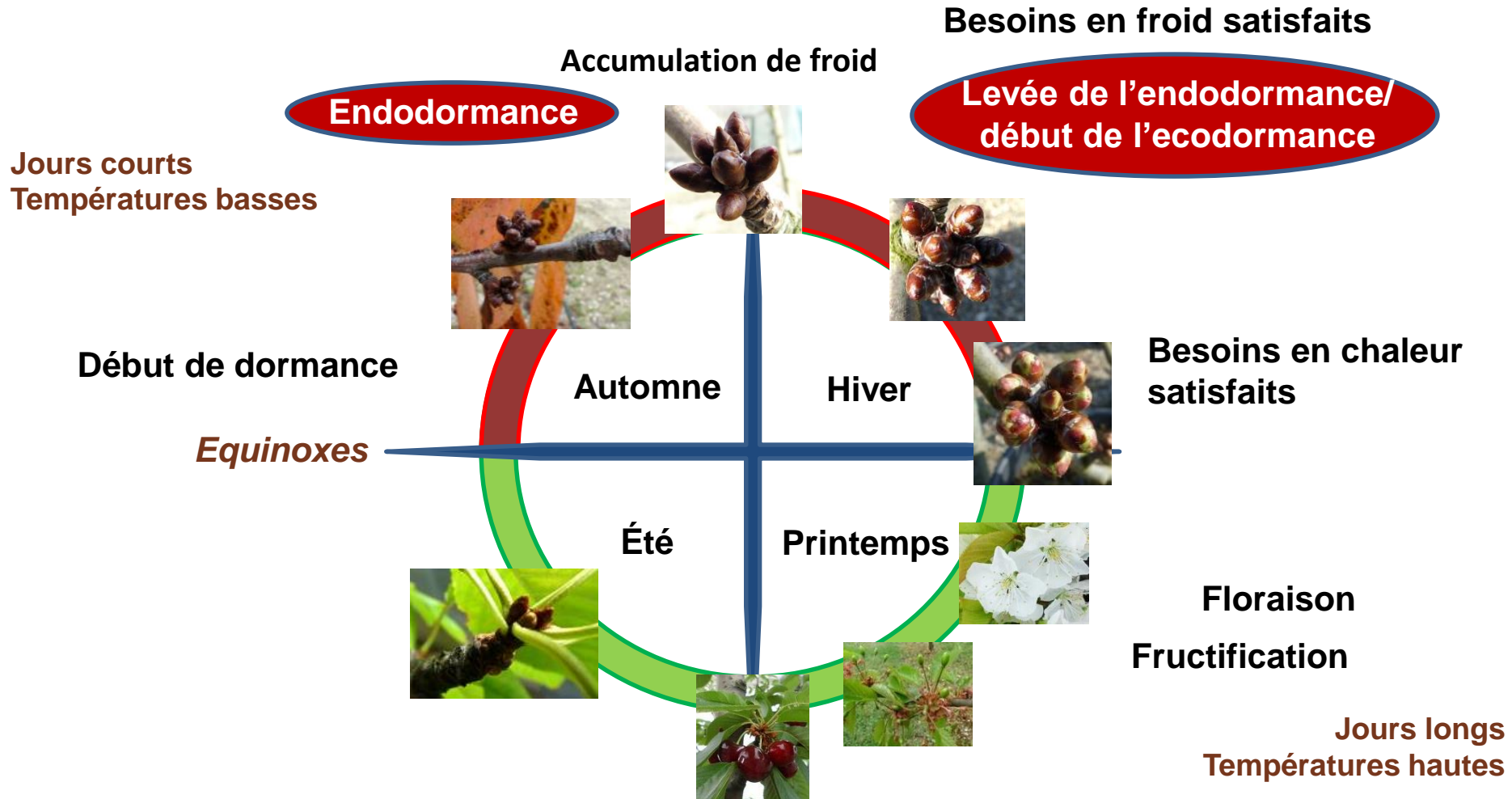
Contexte: *Prunus avium*

- Espèce pérenne
- Diploïde ($2n=16$)
- Petit génome (338Mb)
- Période juvénile: 3 ans
- Fruit petit, charnu à noyau
- Très sensible aux variations de température

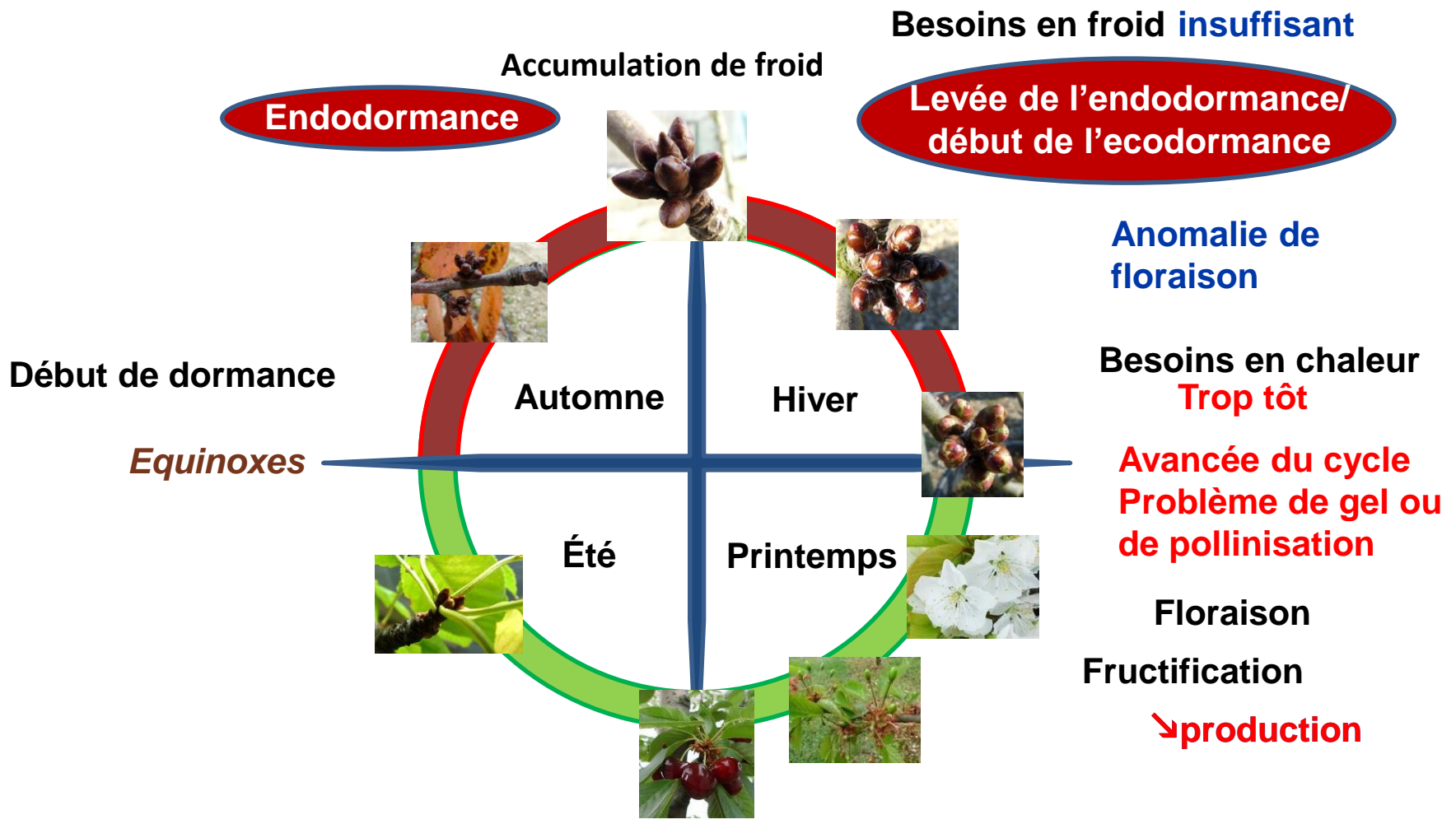
Fruits très appréciés en été
=> impact socio-économique



Cycle phénologique



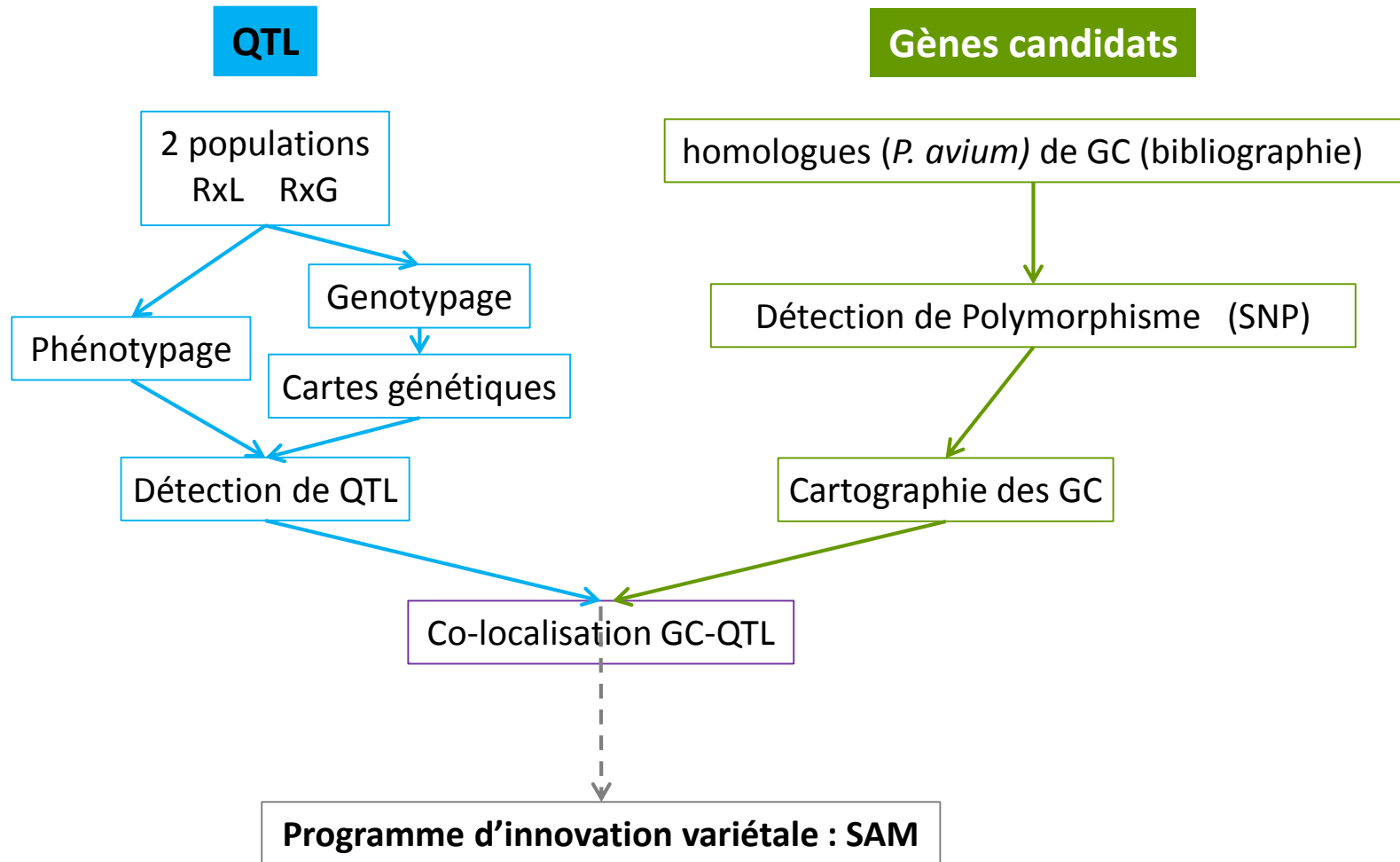
Que fera le cerisier si les températures augmentent?



Question de recherche

Quels sont les déterminants génétiques et moléculaires impliqués dans la floraison du cerisier doux?

- ▶ **meilleure compréhension des mécanismes impliqués dans la floraison de *Prunus avium***
- ▶ **nouveaux éléments pour le programme d'innovation variétale.**



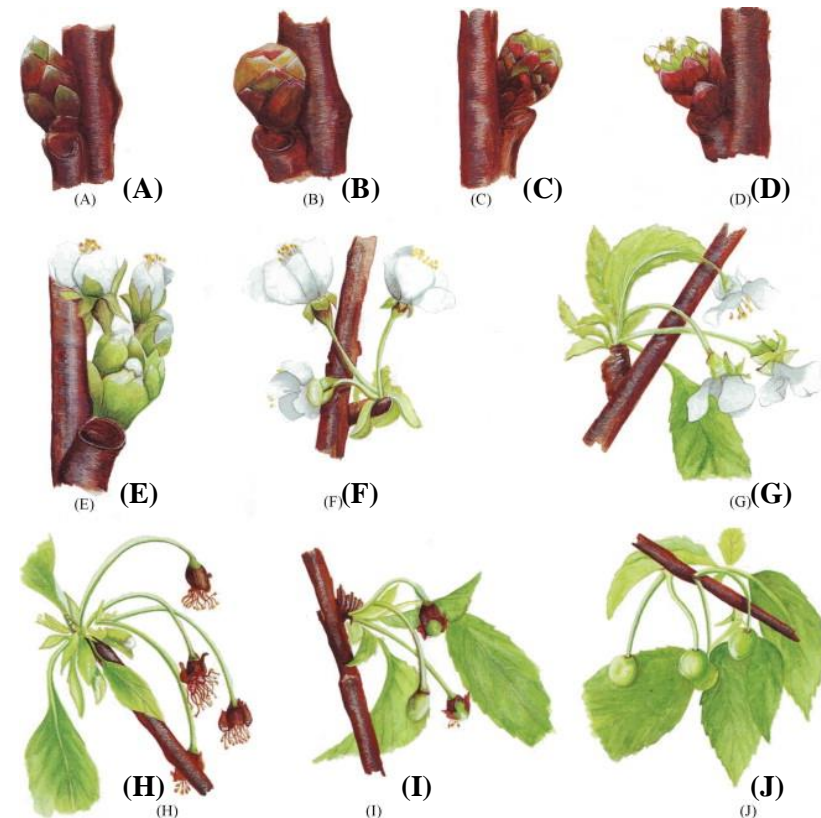
Ressources génomiques Cerisier

- Transcriptome du cerisier Regina
 - Banques d'ADNc séquencés, assemblés... => « unigène » cerisier
 - 5 tissus (bourgeons, feuilles, fleurs, fruits, tiges)
- Génotypage : puces à ADN 6K SNP

| | R × G | | R × L | |
|---------------------------------|----------|----------|----------|----------|
| | R | G | R | L |
| Couverture | 704,3 cM | 768,2 cM | 619,4 cM | 610,1 cM |
| Nb de marqueurs | 175 | 150 | 335 | 247 |
| Distance entre marqueurs | 4,03 cM | 5,12 cM | 1,8 cM | 2,5 cM |

- **Évaluation des besoins en froid et en chaleur**
 - 3 ans pour R×G
 - Collecte de rameaux de Décembre à Février
 - Test de forçage (7jours, 25°C)
 - Relevé des dates à 30% de bourgeon en stade B-C
- **Date de floraison**
 - 6 ans pour R×L
 - 5 ans pour R×G

Stades phénologiques du cerisier

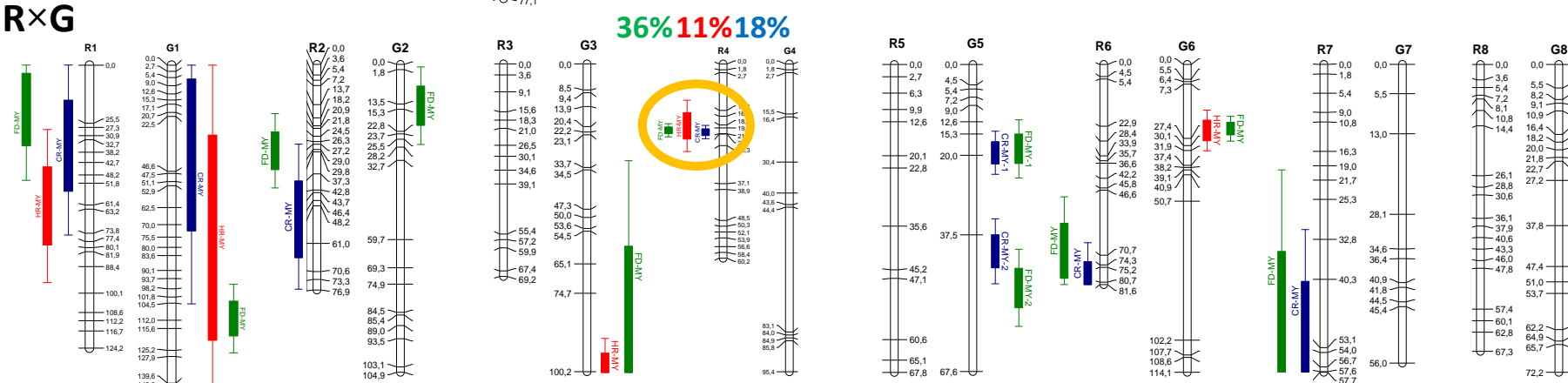
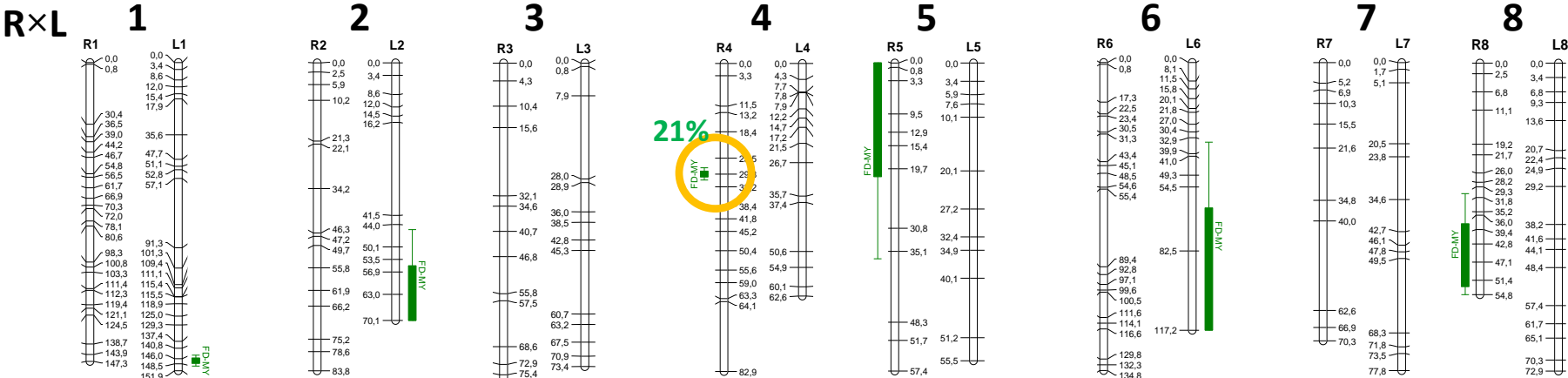


Source: Lichou, 1990 (adapted from Baggiolini, 1952)



Résultats

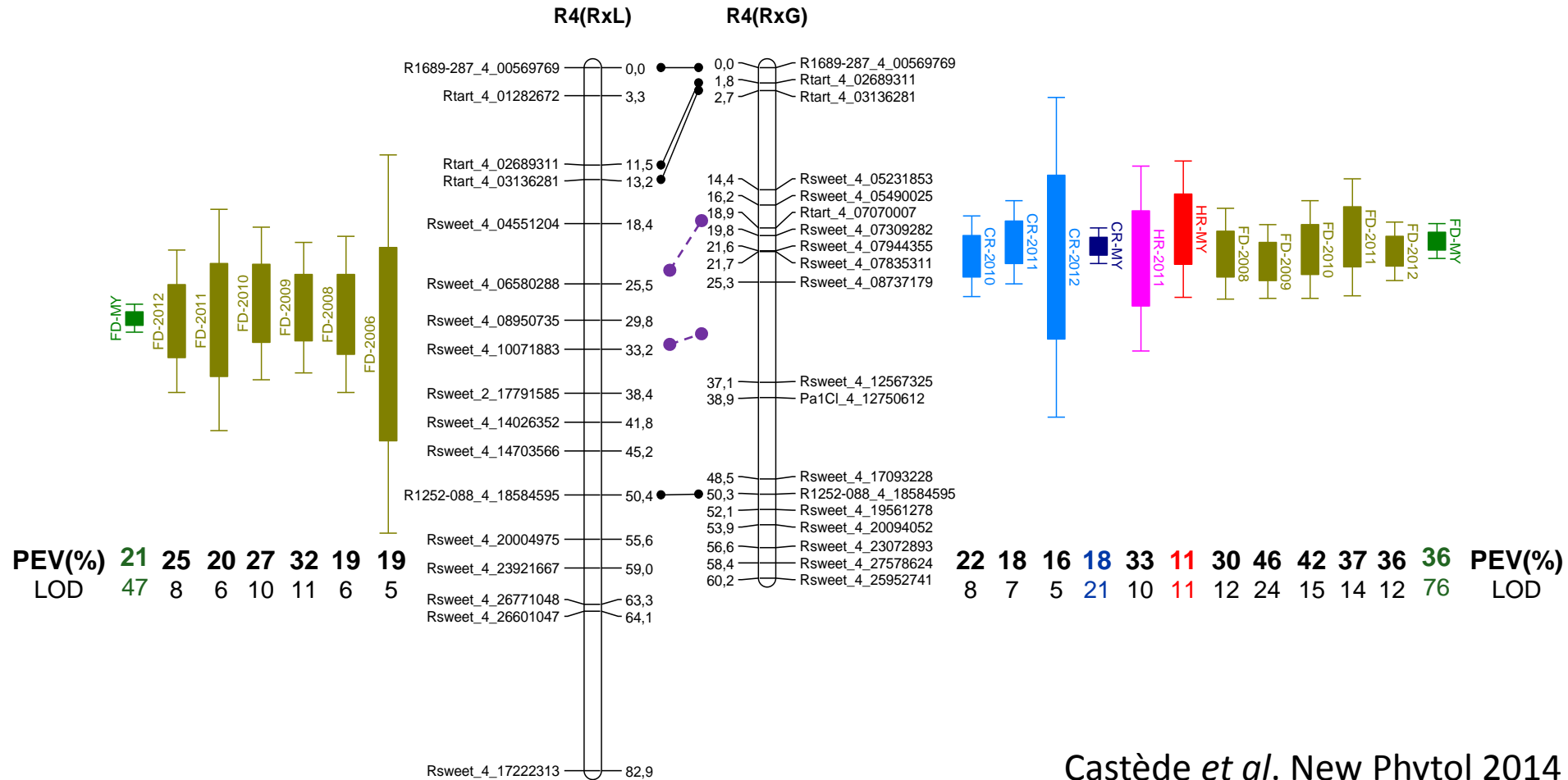
Détection de QTL



QTL besoins en froid
 QTL besoins en chaud
 QTL date de floraison

Castède *et al.* New Phytol 2014

GL R4 : effet majeur



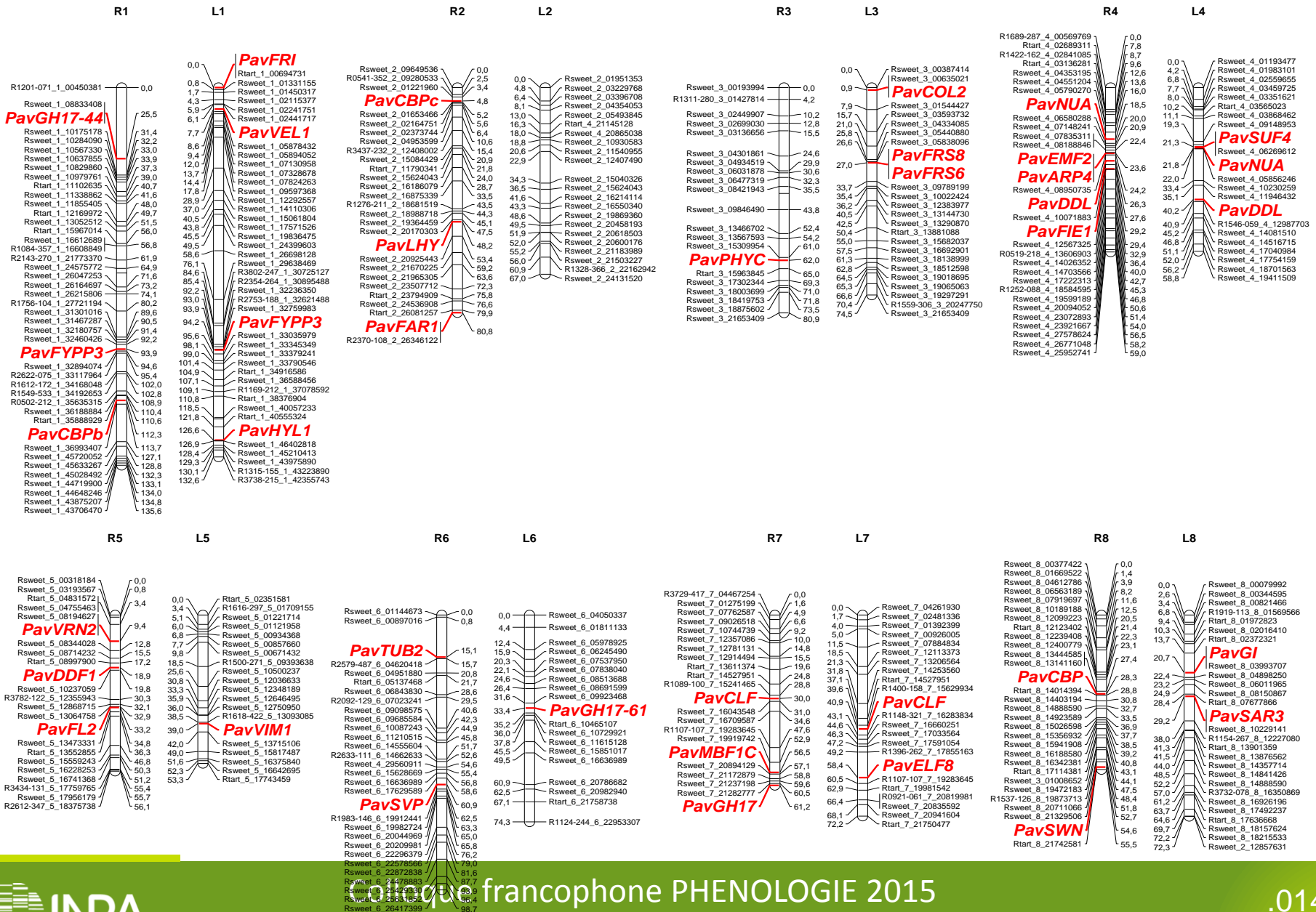
Castède *et al.* New Phytol 2014

Gènes Candidats fonctionnels

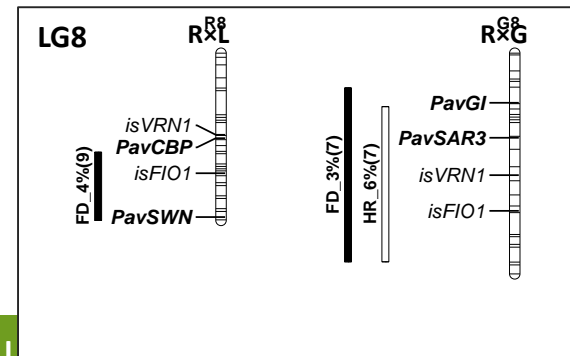
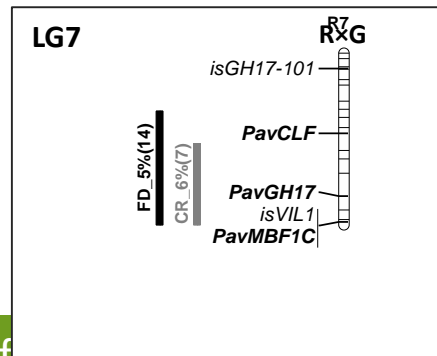
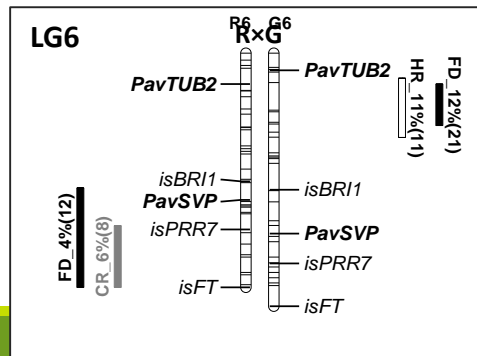
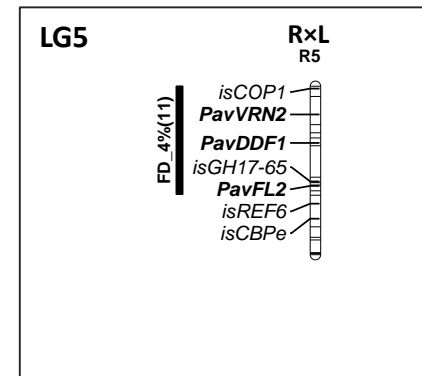
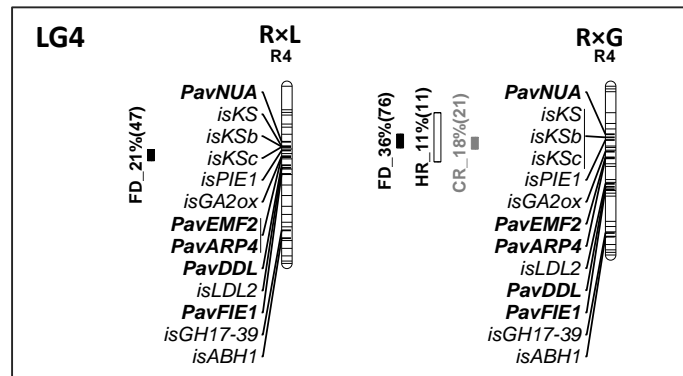
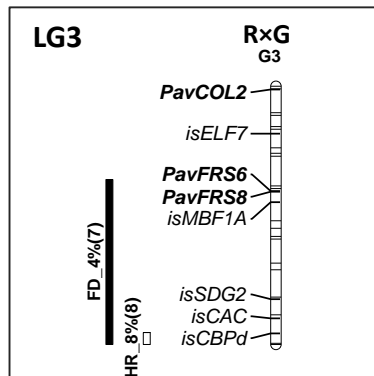
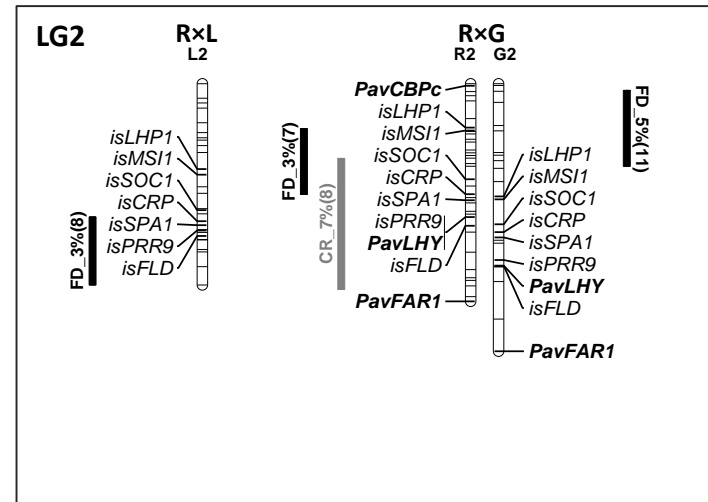
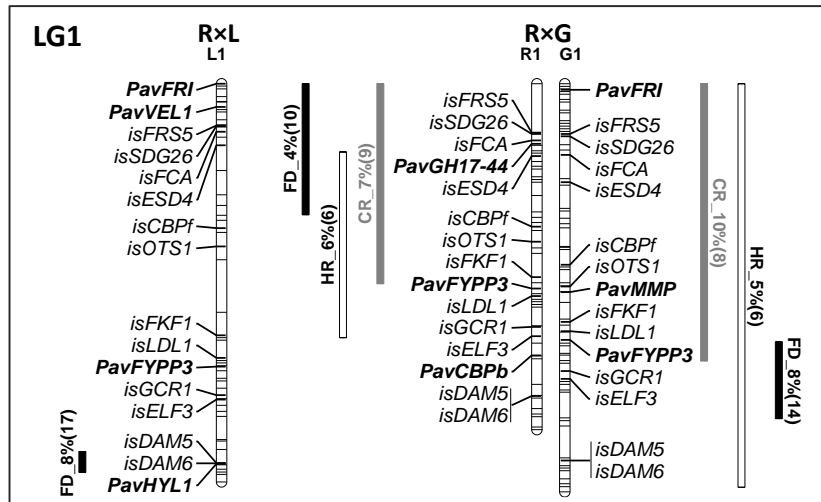
≈ 79 gènes candidats (GC) issus de la bibliographie
Identification des orthologues cerisier et pêcher
Définition d'amorces à partir du cerisier
67 GC avec fragment d'amplification unique
39 GC avec au moins un SNP
39 GC cartographiés génétiquement chez le cerisier
28 positionnés *in silico* (génomme du pêcher)

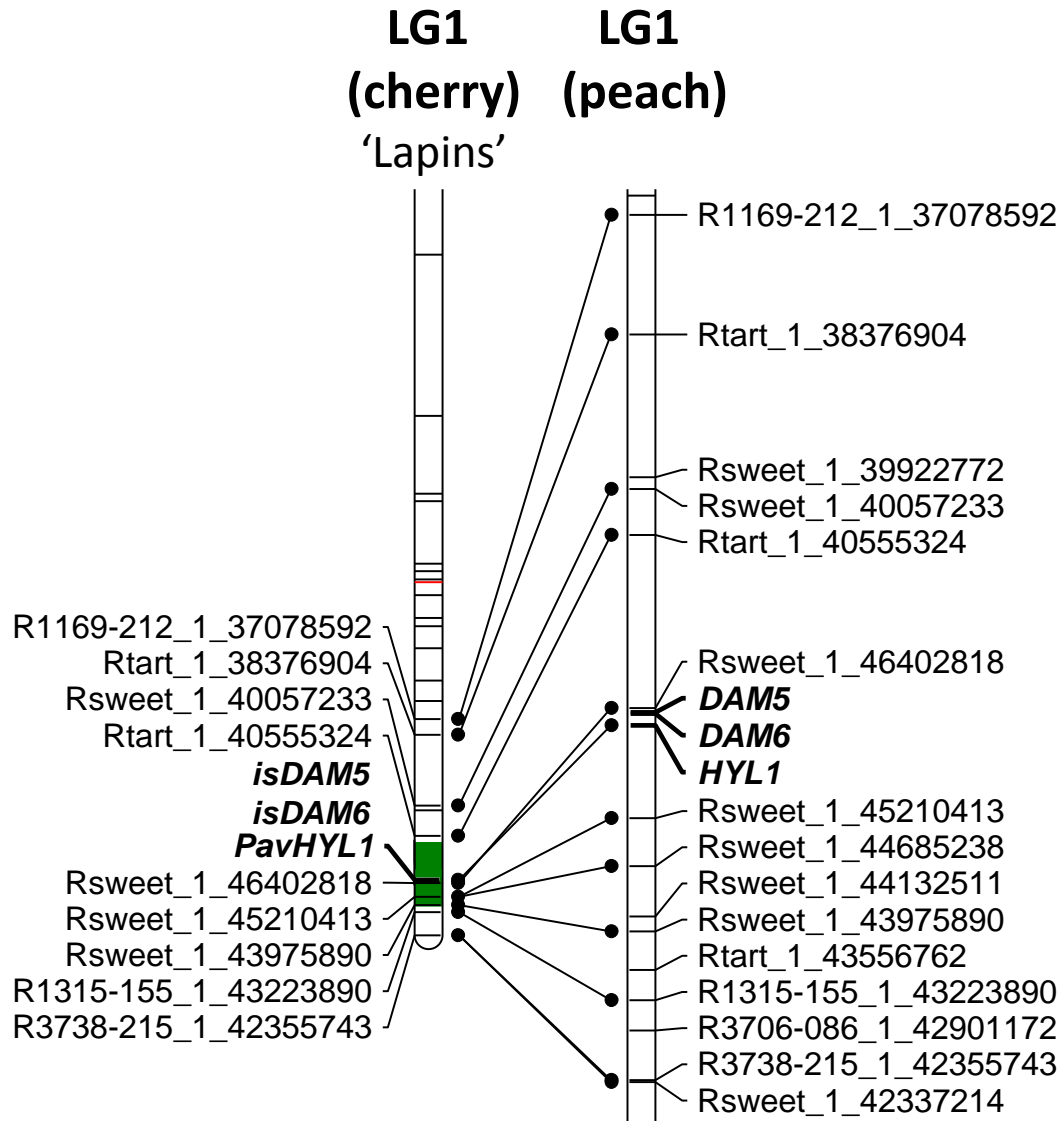
Castède *et al.* Plos One 2015

Cartographie des gènes candidats

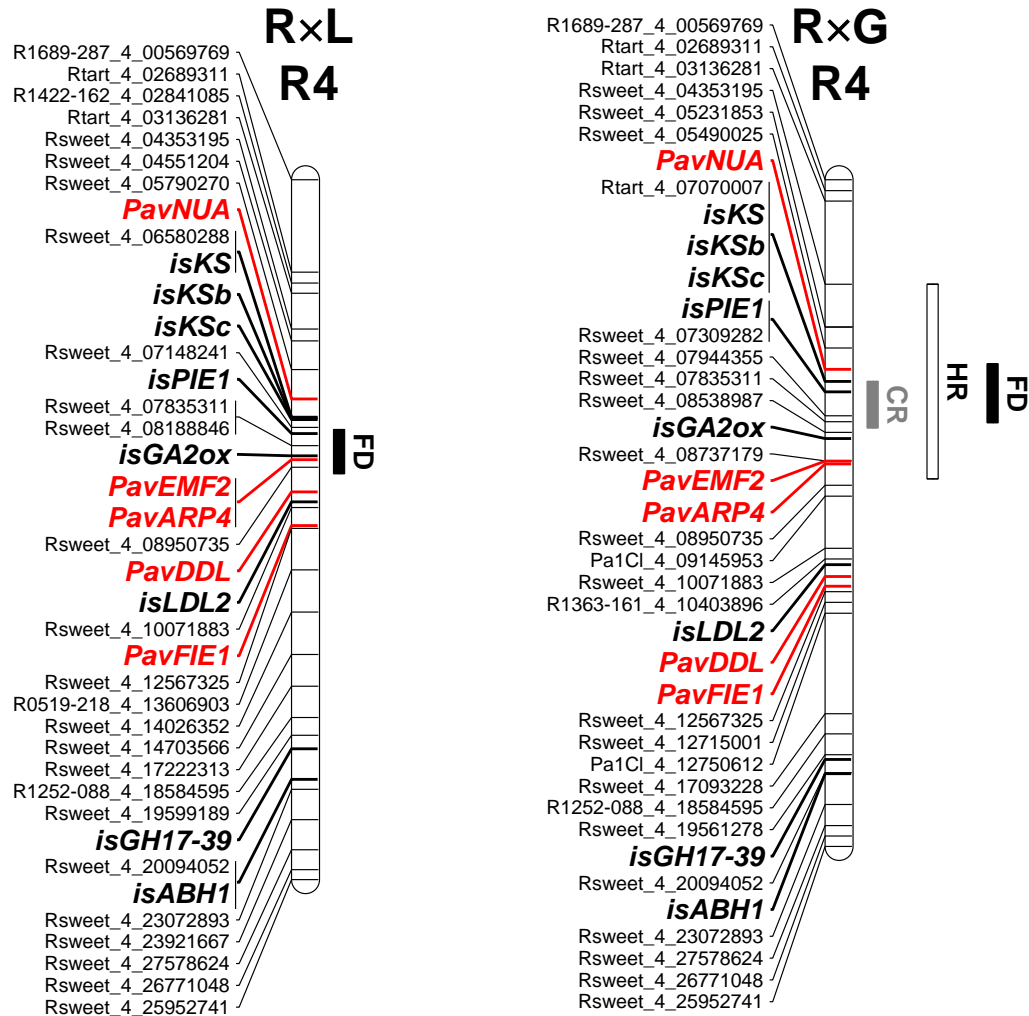


Colocalisation QTL-gènes candidats





Cartographie des gènes candidats



Haplotypes: GC localisés dans le QTL GL4

| Descendance | CG | Position (cM) | Haplotype | |
|-------------|---------|---------------|-----------|---|
| | | | 1 | 2 |
| R×G | PavNUA | 16.0 | T | C |
| | PavEMF2 | 23.7 | G | T |
| | PavARP4 | 24.0 | T | C |
| R×L | PavEMF2 | 23.6 | G | T |
| | PavARP4 | 23.6 | T | C |

1: 'Regina'; 2: 'Lapins' / 'Garnet'

| Descendance | Caractère | Année | Moyenne | |
|-------------|-------------------|-------|-------------------|---------------|
| | | | Haplotype 1 | Haplotype 2 |
| R×G | Besoins en froid | 2010 | 78,01* (45) | 72,86* (49) |
| | | 2011 | 72,13* (45) | 67,96* (49) |
| | | 2012 | 61,36* (45) | 56,04* (49) |
| | Besoins en chaud | 2010 | 6917,51* (43) | 6787,27* (49) |
| | | 2011 | 7209,02* (43) | 6712,29* (49) |
| | | 2012 | 6921,49 (43) | 6859,55 (49) |
| | Date de floraison | 2008 | 94,93* (41) | 90,67* (48) |
| | | 2009 | 95,93* (45) | 91,18* (49) |
| | | 2010 | 102,40* (45) | 100,37* (49) |
| | | 2011 | 92,22* (45) | 89,31* (49) |
| | | 2012 | 96,13* (45) | 93,98* (49) |
| | | R×L | Date de floraison | 2006 |
| | | 2008 | 96,13* (60) | 93,00* (56) |
| | | 2009 | 100,16* (61) | 97,09* (57) |
| | | 2010 | 103,31* (61) | 101,58* (57) |
| | | 2011 | 93,21* (61) | 91,77* (57) |
| | | 2012 | 97,08* (61) | 95,14* (57) |

• Effet allélique significatif:

❖ Besoins en froid : 5.32 CP

❖ Besoins en chaud : 490 GDH

❖ Date de floraison : 4.75 jours

Utilisation dans les
programmes de
création variétale

Conclusions

- La floraison est un mécanisme complexe
- QTL à effet fort : GL4 > GL1 > GL6
- 39 cartographiés: bonne synténie avec le pêcher
- Haplotypes déjà utilisables en SAM

Perspectives

- **Phénotypage plus fin de la levée de dormance** : marqueurs haut débit - nouvelles détection de QTL
- Etude d'expression des GC colocalisant avec des QTL (qPCR)
- Identification de nouveaux GC par RNAseq
- **Etude du contrôle épigénétique de la dormance** : modifications de la chromatine et des histones dans les bourgeons dormants
- **Programme d'innovation variétale** : SAM pour de faibles besoins en froid et date de floraison tardive
- **Élaboration de modèles prédictifs** : Prédiction des dates de floraison, construction d'idéotypes

Travaux de thèse de Sophie Castède (2011-2014)

UMR BFP-Équipe A3C

- Élisabeth Dirlewanger
- Bénédicte Wenden
- José Antonio Campoy
- José Quero García
- Loïc Le Dantec
- Teresa Barreneche
- Laurent Richard
- Hélène Christmann
- Jacques Joly
- Lydie Fouilhaux

Collaborations :

UEA, INRA Bordeaux

Université de Michigan (USA) : Amy Iezzoni

Projet RosBreed

Financements :

Projet Région 2011-2014

Métaprogramme INRA : ACCAF



Haplotype: GC localisés dans le QTL GL4

| Descendance | CG | Position (cM) | Haplotype | |
|-------------|---------|---------------|-----------|---|
| | | | 1 | 2 |
| R×G | PavNUA | 16.0 | T | C |
| | PavEMF2 | 23.7 | G | T |
| | PavARP4 | 24.0 | T | C |
| R×L | PavEMF2 | 23.6 | G | T |
| | PavARP4 | 23.6 | T | C |

1: 'Regina'; 2: 'Lapins' / 'Garnet'

| Descendance | CG | Position (cM) | Haplotype | |
|-------------|---------|---------------|-----------|---|
| | | | 1 | 2 |
| R×G | PavNUA | 16.0 | T | C |
| | PavEMF2 | 23.7 | G | T |
| | PavARP4 | 24.0 | T | C |
| R×L | PavEMF2 | 23.6 | G | T |
| | PavARP4 | 23.6 | T | C |

1: 'Regina'; 2: 'Lapins' / 'Garnet'