

**Résistance à *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*
chez le pêcher**

RéXapPêch

Organisme chef de file :

Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement (INRAE)

Partenaire :

Station Expérimentale Fruits Rhône-Alpes (SEFRA)

Nom et organisme du chef de projet :

QUILOT-TURION Bénédicte, INRAE

Mars 2021



SOMMAIRE

A – Contexte socio-économique et scientifique

B – Note synthétique

C – Compte rendu technique

I – Résultats du projet

Action 1 - Validation de tests ADNs vis-à-vis des réactions à *X. pruni* chez le pêcher

Action 2 - Création variétale pour la résistance à *X. pruni* chez le pêcher

II – Valorisation

III – Bilan et perspectives

ANNEXES

A – Contexte socio-économique et scientifique

La maladie des taches bactériennes, causée par *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* (Smith 1903 ; Vauterin et al. 1995), est à l'origine de dégâts importants sur les arbres fruitiers à noyau (Ritchie 1995 ; EPPO/CABI 1997 ; Palacio-Bielsa et al. 2010 ; Marchi et al. 2011 ; Tjou-Tam-Sin et al. 2012), notamment sur le pêcher, l'abricotier et les pruniers (Dunegan 1932 ; Du Plessis 1988 ; Stefani 2010). Cette bactérie pathogène contamine tous les organes de l'arbre occasionnant à la fois des lésions sur feuilles, rameaux et fruits, ainsi que des chancres sur tiges (EPPO 2006 ; 2016 ; Ritchie 2005). Les fruits infectés ne sont pas commercialisables et les arbres fortement contaminés présentent de graves défoliations associées à des pertes significatives de rendement et de vigueur (Janse 2012). En cours de végétation, la sévérité et la dissémination de la maladie sont particulièrement influencées par les facteurs climatiques, principalement liés à la pluie, l'humidité-relative-rosée-brouillard, la température et le vent (Ritchie, 1993 ; Battilani et al. 1999 ; Garcin et al. 2005 ; Bugiani et al. 2008 ; Young et al. 1977 ; Garcin et al. 2011). Différentes études montrent d'autre part que les symptômes de la maladie sont plus accentués dans les vergers de pêcheurs plantés sur des sols légers et caillouteux, plutôt qu'en sols lourds et argileux (Matthee & Daines 1968 ; Zehr et Shepard, 1996). De même, la concentration de l'inoculum (Civerelo 1975 ; Civerelo et al. 1982), l'aspersion sur frondaison, ainsi qu'une fertilisation azotée (forts apports) et potassique (faibles apports) déséquilibrée, semblent jouer un rôle prépondérant dans la contamination des vergers par la bactérie *X. pruni* (Matthee & Daines 1969).

Cette maladie a été identifiée pour la première fois aux Etats-Unis dans l'état du Michigan (Smith 1903 ; Rolfs 1915). Elle est maintenant présente au niveau mondial dans toutes les grandes régions productrices de fruits à noyau (OEPP 1990 ; EPPO 2016 ; Robe et al. 2018). Pour ce qui concerne l'Europe, *X. pruni* est localement implantée dans plusieurs pays, mais se propage actuellement dans de nombreux autres où des foyers locaux ont été signalés (Shepard and Zehr 1994; Battilani et al. 1999 ; Boudon et al. 2005 ; Garcin 2009 ; Scortichini 2010). En outre au sein de l'Union Européenne, *X. pruni* a été considérée comme un organisme de quarantaine de 2000 à 2020. Depuis juin 2020, elle est classée dans les listes de organismes réglementés non de quarantaine (ORNQ). En France, *X. pruni* a été observée pour la première fois en 1995 (OEPP 1997). Cependant, les premiers dégâts sérieux ont été constatés en 2000 et 2001 sur des parcelles de pêcheurs du Gard (30) et de la Drome (26). La maladie s'est rapidement étendue au niveau régional, i.e. Languedoc-Roussillon, Rhône-Alpes, Midi-Pyrénées et dans une moindre mesure en PACA, mais semble aujourd'hui circonscrite aux Costières du Gard, à la Drome et à quelques zones adjacentes (SudArbo 2013).

En verger contaminé, la lutte contre *X. pruni* repose essentiellement sur des applications préventives de bactéricides à base de cuivre (SudArbo XAP 2013), hormis aux USA où les antibiotiques comme l'oxytétracycline sont/étaient autorisés (Ritchie 1999). Les pulvérisations de cuivre sont habituellement appliquées en début de saison (débourrement, préfloraison) à des intervalles de 7 à 14 jours, selon les précipitations et la pression de la maladie. Cependant, ces traitements cupriques n'ont souvent qu'une efficacité modérée (Delobel-Pascal 2006) car ils ne sont pas toujours appliqués au moment le plus approprié, notamment lorsque les conditions sont particulièrement favorables aux infections bactériennes (Boudon et al. 2005). De plus, les applications de cuivre sont souvent associées à des réactions de phytotoxicité sur feuilles, tiges et fruits, plus spécifiquement sur le pêcher (Lalancette et al. 2007 ; SudArbo XAP 2013). L'usage de cuivre pose également un certain nombre de problèmes en termes de durabilité des systèmes. L'application répétée de pesticides à base de cuivre est la principale source de pollution cuprique des sols agricoles, et cause une accumulation parfois massive de cet élément dans les horizons superficiels. Des concentrations excédentaires en cuivre ont des effets phytotoxiques reconnus sur la croissance et le développement de la plupart des plantes. Les effets délétères d'excès en cuivre sur les communautés microbiennes des sols, ainsi que sa toxicité pour certaines composantes de la faune du sol, comme les collemboles, semblent bien établis (ESCo-INRA 2018). Enfin, des cas de résistance au cuivre de la bactérie du genre *Xanthomonas arboricola* pv. *juglandis* ont déjà été observés en France (Anses 2015 ; Barrès 2017), ce qui incite fortement à diminuer ou se passer autant que faire se peut des applications de cuivre en verger.

Dès lors, afin d'accroître l'efficacité de la lutte vis-à-vis de *X. pruni*, de nombreux modèles de prévisions ont été élaborés afin d'améliorer l'évaluation des risques et pouvoir guider au mieux les applications de bouillies cupriques en verger (Young et al. 1977 ; Zehr et Shepard, 1996 ; Stefani 2010 ; Garcin et al. 2011 ; Dugé de Bernonville et al. 2014 ; Morales et al. 2016 ; 2017). Ces modèles intègrent dans leurs calculs un nombre important de paramètres, à la fois d'ordre phénologique (débourrement, dates de floraison, ...), climatique (données météorologiques), agronomique (types de sols, systèmes d'irrigation, ...), épidémiologique (niveau d'inoculum, durée d'incubation, variabilité des souches bactériennes, ...) ou variétal. Toutefois, ils sont encore aujourd'hui en cours de validation (Ctifl 2016). Des tests

d'identification sont par contre disponibles en laboratoire pour caractériser les différentes souches de *X. pruni* et diagnostiquer avec fiabilité les symptômes de la maladie bactérienne sur feuilles et sur fruits (LNPV/SDQPV/DGAL : https://www.anses.fr/fr/system/files/ANSES_LSV_BLO601_Va.pdf ; Cesbron et al. 2014 ; Palacio-Bielsa et al. 2015), qui visuellement sont proches de ceux occasionnés par *Tranzschelia pruni-spinosae*, l'agent causal de la rouille du pêcher (maladie fongique).

Dans ce contexte difficile, des efforts importants ont été conduits dans de nombreux pays pour caractériser, d'une part, les souches de *X. pruni* présentes sur leur territoire, et d'autre part, les cultivars de pêcher selon leur degré de résistance à cette bactérie pathogène, à la fois en conditions de laboratoire (Hammerschlag 1988 ; Suesada et al. 2013), et en conditions de verger (Shiina et al. 1966 ; Palmiter and Hickey 1970 ; Keil and Fogle 1974 ; Sherman and Lyrene 1981 ; Simeone 1985 ; Werner et al. 1986 ; Martins 1996 ; Okie 1998 ; Bresson et Garcin 2008 ; Garcin et al. 2008 ; Garcin et Bresson 2011 ; Medeiros et al. 2011). Il ressort de ces travaux que les souches de *X. pruni* sont moins diversifiées en France et en Europe, qu'aux USA (Boudon et al. 2005). Il apparaît aussi clairement qu'il existe une variabilité génétique des réactions à cette maladie chez le pêcher, démontrant ainsi que le développement de variétés peu sensibles ou tolérantes à *X. pruni* peut être une alternative envisageable et crédible aux traitements cupriques contre la maladie.

Dans la foulée, les travaux menés aux USA dans le cadre du projet RosBREED (<https://www.rosbreed.org/>) ont permis de révéler la nature polygénique de la résistance chez le pêcher (Yang et al. 2010 ; 2011 ; 2012). Ainsi, à partir d'une carte génétique construite à base de marqueurs SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) et d'une population F₂ dérivée du croisement entre les variétés de pêcher 'Clayton' (résistante) et 'O'Henry' (sensible), quatre facteurs majeurs de résistance (quantitative trait loci ou QTL) ont été détectés sur les groupes de liaison (GL) 1, 4, 5 et 6, i.e. les QTLs *Xap.Pp.OC-4.1* et *Xap.Pp.OC-4.2* sur le GL4 associés à la résistance du feuillage ; *Xap.Pp.OC-5.1.2* sur le GL5 associé à la fois à la résistance du feuillage et du fruit ; et les QTLs *Xap.Pp.OC-1.2* et *Xap.Pp.OC-6.1*, respectivement positionnés sur le GL1 et GL6, associés à la résistance du fruit (Yang et al 2013) ; ces deux derniers QTLs expliquaient de 33 à 44% de la variation phénotypique observée sur les fruits en réponse à l'infection par *X. pruni*. A partir du jeu de SNPs utilisés pour la cartographie génétique, trois haplotypes composés de 4 marqueurs, liés à la résistance ou à la sensibilité, ont été identifiés pour chacun de ces deux QTLs (*G1XapF* 4-SNP et *G6XapF* 4-SNP), et validés sur un panel de 240 variétés de pêcher (un haplotype résistant, R^{G1}, un haplotype intermédiaire I^{G1} et un haplotype sensible S^{G1} pour *Xap.Pp.OC-1.2* ; deux haplotypes résistants R1^{G6} et R2^{G6} et un haplotype sensible S^{G6} pour *Xap.Pp.OC-6.1*). Le niveau de résistance varie ainsi selon les haplotypes présents dans les variétés testées : par exemple, un individu avec les deux allèles de résistance pour *Xap.Pp.OC-6.1* (soit R1^{G6}/R1^{G6}, R2^{G6}/R2^{G6} ou R1^{G6}/R2^{G6}) présenterait un niveau de résistance aux taches bactériennes sur fruits significativement plus élevé (note moyenne de 1,1 à 1,2) que les individus ayant un seul ou aucun allèle de résistance (note moyenne de 2,0 ou 3,5 ; voir Fig. 11 ci-dessous) (Gasic et al. 2015 ; lezzoni et al. 2017).

Un test ADN, pour dépister en routine les allèles liés à *Xap.Pp.OC-1.2* et *Xap.Pp.OC-6.1* conférant la résistance des fruits à *X. pruni*, a été mis au point et validé dans la collection Pêcher de l'Université de Clemson (Caroline du Nord - USA). Ce test ADN appelé Ppe-Xap est basé sur deux marqueurs microsatellites (Single Sequence Repeats - SSRs), plus pratiques d'utilisation que les haplotypes SNPs. Il permet de distinguer sans ambiguïté les individus résistants des individus sensibles pour le locus *Xap.Pp.OC-6.1*, mais il est peu fiable (50%) pour ce qui concerne la résistance portée par le locus *Xap.Pp.OC-1.2*, tout au moins dans le panel de variétés utilisé pour la validation. De plus, il ne permet pas de différencier les individus intermédiaires de ceux résistants ou sensibles, pour ce même locus (lezzoni et al. 2017). En conséquence, le test *G1XapF* 4-SNP, complémentaire et robuste (100%) basé sur les SNPs composant les trois haplotypes observés à ce locus (haplotype R^{G1}, I^{G1} et S^{G1}) devrait permettre de compléter l'information apportée par le test Ppe-Xap. En parallèle, l'équipe pêcher de Clemson (K. Gasic) a développé du matériel amélioré dérivé de croisements avec les variétés 'Clayton' et 'Loring'.

Dans ce contexte, le projet **RéXapPêch** a permis :

- i) de valider un outil d'aide à la décision (jeu de marqueurs moléculaires) pour optimiser le choix variétal afin de l'adapter au risque *X. pruni*. Ce type d'outil, Ppe-Xap, développé et disponible outre-Atlantique, n'a jusque-là jamais été testé en France ou en Europe, alors que les professionnels sont relativement démunis face à cette maladie bactérienne.
- ii) d'établir des listes de variétés de pêches et de nectarines à recommander aux producteurs pour la plantation en zone sensible, et ainsi de proposer une solution alternative et pérenne de type variétal aux arboriculteurs pour à terme réduire leur dépendance aux produits phytopharmaceutiques vis-à-vis de *X. pruni*.
- iii) d'initier la création de matériel végétal Pêcher résistant à *X. pruni*.

B – Note synthétique

Le projet est organisé en 2 actions.

La première action visait à valider un jeu de marqueurs moléculaires associés à la résistance et à la sensibilité à *X. pruni* dans des fonds génétiques différents de ceux jusque-là testés. Ainsi, un lot d'une quarantaine de variétés connues pour leur moindre ou forte sensibilité à *X. pruni* a été utilisé pour valider ces marqueurs. Ce test ADN peut être appliqué en routine à des variétés ou descendances en ségrégation pour les caractériser/les cribler vis-à-vis de cette maladie bactérienne. L'objectif est de pouvoir cribler efficacement les variétés de pêchers vis-à-vis de cette maladie et pouvoir ainsi les recommander à la plantation en zones sensibles.

Un panel de 102 variétés et hybrides appartenant à des programmes de sélection d'obteneurs privés et 191 accessions de la collection pêcher INRAE a été caractérisé avec le test ADN. Cela a permis de faire progresser les connaissances quant à la variabilité génétique disponible chez le Pêcher vis-à-vis de *X. pruni*. Un calendrier des variétés conseillées pour la plantation en zone de forte pression de la maladie a été élaboré à partir de ces résultats.

Un tel outil d'aide à la décision s'adresse potentiellement à différents acteurs de la filière Pêcher :

- les sélectionneurs-obteneurs-éditeurs de variétés de pêcher publiques et privés (aide à la sélection),
- les différentes structures publiques ou interprofessionnelles ayant en charge la caractérisation variétale :
- les responsables techniques de développement en charge de la caractérisation variétale organisée dans le cadre de la Charte Fruitière (Ctifl, stations régionales d'expérimentation : vergers de comportement de niveau 1 et 2)
- les instances nationales ou communautaires en charge des examens de DHS pêcher (INRA-GEVES-CTPS/INOV/OCVV) pour l'inscription et la protection des nouvelles variétés.

***In fine*, l'information recueillie bénéficie concrètement aux arboriculteurs soucieux de planter des variétés de pêches et de nectarines "résistantes" en zones sensibles à *X. pruni*.**

La seconde action avait pour objectif la création de matériel végétal Pêcher résistant à *X. pruni*, à partir de progéniteurs de résistance à cette maladie fournis par une équipe américaine de l'Université de Clemson (USA). Les individus hybrides issus de deux croisements ont été plantés dans une parcelle de verger de la SEFRA (Rhône-Alpes), dans laquelle cette maladie bactérienne est endémique. A partir de ces descendances, des croisements ont été réalisés pour obtenir des individus homozygotes résistants aux 2 loci, qui serviront de géniteurs aux sélectionneurs privés pour développer des gammes variétales complètes de pêches et de nectarines résistantes à la maladie.

En outre, ce projet a permis de renforcer les partenariats entre la recherche publique (INRA), les instituts techniques (Ctifl), les stations régionales d'expérimentation (SEFRA) et les organisations professionnelles (AOP Pêches et Abricot de France).

Le projet RéXapPêch est déjà notoirement cité dans la filière comme un exemple de projet collaboratif à vocation appliquée réussi et exemplaire.

C – Compte rendu technique

I – Résultats du projet

Cette action visait à valider un jeu de marqueurs moléculaires (Ppe-Xap) associés à la résistance et à la sensibilité à *X. pruni* dans des fonds génétiques différents de ceux jusque-là testés, afin de pouvoir cribler efficacement les variétés de pêcheurs vis-à-vis de cette maladie et pourvoir ainsi les recommander à la plantation en zones sensibles.

Dans un 1^{er} temps, le jeu de marqueurs moléculaires, Ppe-Xap, a été validé sur un lot d'une quarantaine de variétés bénéficiant d'observations, nombreuses et diverses, quant à leur comportement en situation de forte pression de la maladie. Elles ont été choisies pour leur moindre ou forte sensibilité à *X. pruni*.

Cette action s'est déroulée ainsi :

1. Etablissement par des experts Pêcher d'une liste de variétés ayant un comportement contrasté vis-à-vis de *X. pruni*
2. Récupération des ADN de variétés de pêcheur dites de référence auprès de K. Gasic
3. Prélèvement des échantillons de feuilles sur les variétés listées et génotypage
4. Extension du génotypage à des variétés et génotypes supplémentaires
5. Intégration d'informations sur la généalogie des variétés

1. Etablissement par des experts Pêcher d'une liste de variétés ayant un comportement contrasté vis-à-vis de *X. pruni*

La liste de référence, établie par la SEFRA, comprenait 39 variétés avec des observations à 'Dires d'experts et enquêtes' (10 'sensibles', 11 peu sensibles) et à 'Dires producteurs en situation de forte pression' (10 'sensibles', 8 'peu sensibles') (cf Annexe A1).

2. Récupération des ADN de variétés de pêcheur dites de référence

Nous avons reçu de K. Gasic (Université de Clemson) l'ADN des 2 variétés de référence américaines :

- Clayton 'peu sensible' _ allèles G1 : R1|SU _ allèles G6 : R1|R2
- O'Henry 'sensible' _ allèles G1 : SU|SU _ allèles G6 : SU|SU

De plus, pour compléter notre base de référence de génotypage avec l'ensemble des haplotypes disponibles, l'ADN de 8 variétés témoins supplémentaires a été transmis par K. Gasic :

- Loring, Bradley, Intrepid, Caroking, Raritan rose, Red globe, Crimson lady, Zin dai.

Cela a permis d'optimiser le génotypage des SNP et de compléter les interprétations des résultats de génotypage à partir des haplotypes.

3. Prélèvement des échantillons de feuilles sur les variétés listées et génotypage

Les feuilles des variétés à génotyper ont été prélevées, l'ADN extrait et le génotypage réalisé avec 3 SNP pour le groupe de liaison 1 et 4 SNP pour le groupe 6 (cf Annexe A2). A partir de ces données, les haplotypes ont été déduits et le comportement attendu en termes de résistance estimé.

Sur les 19 variétés « dites peu sensibles », 2 présenteraient au moins un allèle de résistance, **Pamela cov et Magique**[®] sur le chromosome 6. Certaines ne présentent pas les allèles de résistance décrits par les américains et testés par les marqueurs moléculaires (8 variétés). Il existe donc certainement d'autres zones de résistance. Les autres variétés sont très hétérozygotes, il n'est donc pas possible de conclure, mais elles ont potentiellement un allèle de résistance sur le chromosome 6 (cf Annexe A3).

4. Extension du génotypage à des variétés et génotypes supplémentaires

Dans un second temps, des variétés supplémentaires (commerciales ou récentes), sans observations, ont été génotypées, de façon à savoir si elles portent des allèles de résistance :

- 85 variétés en 2018
- 191 accessions de la core-collection INRAE en 2019
- 17 variétés en 2020

Sur les 85 variétés, 9 disposeraient d'au moins un allèle de résistance sur le chromosome 6 et devraient bien se comporter. Mais ce diagnostic devrait être confirmé par des observations.

Il s'agit des nectarines blanches Nectasweet®Nectardream cov, Nectasweet®Nectarlove cov et Big White®, des pêches plates REGALCAKE®Flatreine cov, REGALCAKE®Flatwo cov, REGALCAKE®Flatelse cov, Samantha cov, PSB 5927-3 et de la nectarine jaune Monbassa cov.

Sur les 17 variétés testées en 2020, une seule, **Omega**, ne porte que des allèles de résistance, aux 2 loci et 9 autres variétés sont, au minimum, hétérozygotes résistantes aux 2 loci. **Ces 10 variétés sont à privilégier en zone de forte pression de la maladie.** Les 7 restantes ne portent pas d'allèle de résistance sur le groupe de liaison 6 et sont à éviter en zone de forte pression de la maladie (cf Annexe A4).

En 2019, le génotypage a été étendu à la 'core-collection' Pêcher INRAE, sous-ensemble optimisé d'accessions, étudiée dans le cadre de CaressPrunus (CASDAR 2016). L'objectif était de caractériser ces ressources génétiques et d'identifier des accessions possédant des allèles de résistance et intéressante à utiliser dans de futurs croisements.

Nous avons ainsi repéré 7 accessions avec des profils homozygotes résistants sur les 2 groupes de liaison, parfaits pour transmettre systématiquement des allèles de résistance à leurs descendants. Il s'agit de Bolinha, Cardinal, Chui_Lum_Ta, Nectarine_cerise, Nemaguard, Sudanell et Super_Crimson. D'autres portent des allèles de résistance à l'état hétérozygote et peuvent être intéressantes également, mais requièrent l'utilisation des marqueurs pour cribler les descendants.

5. Intégration d'informations sur la généalogie des variétés

Du fait de la forte hétérozygotie des variétés, il n'est pas possible de connaître avec certitude leurs haplotypes. Génotyper les parents ou des descendants pour savoir comment les SNP se transmettent permet d'en déduire les haplotypes avec certitude.

Aussi, en 2018-19, 54 variétés ou hybrides de sélectionneurs, parents ou descendants des variétés analysées en 2018 et largement utilisés dans les programmes de sélection, ont été génotypés. Cela a permis d'étayer les conclusions pour les variétés génotypées précédemment.

Au total, en 2019 et 2020, 195 (39+85+54+17) variétés et hybrides en cours de sélection provenant de 13 sélectionneurs différents ont été génotypées, les haplotypes déduits et les conclusions sur les allèles proposées. Une vérification de la cohérence de la généalogie a été réalisée lorsque connue. Pour les hybrides des programmes, les analyses ont été effectuées en aveugle et chaque sélectionneur a reçu les résultats de ses variétés seulement.

Cette action, initiée en année -3 suite aux discussions avec des professionnels de Rhône-Alpes, avait pour objectif la création de matériel végétal Pêcher résistant à *X. pruni*. Pour ce faire, des croisements contrôlés ont été réalisés à partir de deux pro-géniteurs de résistance à cette maladie, SCo8-26008 et Loring, fournis par K. Gasic. Les individus issus de ces deux combinaisons (Zéphir x SCo8-26008 et Zéphir x Loring) ont été élevés en serre et plantés hiver année -3/année -2 dans une parcelle de verger de la SEFRA. L'implantation de ces descendances hybrides à la SEFRA pour sélection vis-à-vis de *X. pruni* a d'abord été dictée par le statut de maladie de quarantaine de *X. pruni*, donc non-expérimentable à INRAE en conditions de verger, et par le caractère endémique de la maladie en région Rhône-Alpes, notamment à la SEFRA. Ceci rendait donc possible une expérimentation en place vis-à-vis de *X. pruni* dans le cadre de contaminations dites naturelles. Cela tient aussi au fait d'avoir été interpellé par les producteurs adhérents à cette station expérimentale à qui cette maladie pose régulièrement d'importants problèmes.

Les individus des deux populations F1 Zéphir x SCo8-26008 et Zéphir x Loring, respectivement 101 et 173 individus plantés à la SEFRA, ont été génotypés avec les SNP. Le génotypage a permis d'éliminer les individus hors-type. Il s'est avéré que 2 parents sur 3 sont homozygotes pour la résistance en LG1 et LG6. Aussi les 2 populations F1 sont très homogènes et ne présentent pas de variabilité de sensibilité à *X. pruni* en champ. Aucun symptôme n'a été observé. L'évaluation de la qualité des fruits a été réalisée en 2019 et 2020 par la SEFRA.

Résultats de génotypage :

- Zéphir [R1|R1 ; SU|SU]
 - Loring [R1|R1 ; R2|R2]
 - SC08-26008 [R1|I ; R1|R2]
- population Zéphir x Loring -> homogène : [R1|R1 ; SU|R2]
population Zéphir x SC08-26008 : individus [R1|I ; SU|R1] ou [R1|I ; SU|R2]

En 2019, des autofécondations de 2 individus de Zéphir x Loring ont été réalisées afin d'obtenir des plantes homozygotes résistantes aux 2 loci. A l'issue du criblage de 72 plantes, 8 avec le génotype [R1|R1 ; R2|R2] ont été conservées.

En 2020, une nouvelle autofécondation, d'un 3^{ème} arbre de Zéphir x Loring, portant des fruits de qualité satisfaisante, a été réalisée. Vingt fruits ont été récoltés et les amandes mises en culture pour génotypage. 4 plantes avec le génotype [R1|R1 ; R2|R2] ont été conservées.

En 2021, des croisements contrôlés entre individus des deux descendance portant des allèles complémentaires, ont été réalisés. De plus, une autofécondation d'un arbre de la descendance Zéphir x SC08-26008 a été réalisée. Un marquage moléculaire sera réalisé en fin d'année pour ne conserver que des individus avec des génotypes de type [R1|R1 ; R1|R2] et [R1|R1 ; R2|R2].

II - Valorisation

La SEFRA a très souvent interagit avec les professionnels de la filière pour ajuster les actions et a provoqué des réunions régulières impliquant INRAE pour de nombreuses séances de restitution et discussion avec les professionnels (producteurs, techniciens et sélectionneurs) en lien avec l'AOP Pêches et Abricots de France.

Ainsi, des actions de communication ont été réalisées lors :

- des visites annuelles en saison des parcelles d'essai ouvertes aux préconisateurs (techniciens et conseillers de chambre d'agriculture, d'organisations de producteurs et d'associations de bassin),
- des expositions variétales et journées techniques
- de séminaires de restitution dans le cadre de manifestations type "Rencontres phytosanitaires fruits à noyau" (Ctifl, DGAL, SDQPV), ou de "Journée Pêche", journée technique de l'AOP

Interventions SEFRA

2019

- 05/02/2019 commission technique pêche
- 27/06/2019 expositions variétales
- 25/07/2019 expositions variétales
- 05/09/2019 expositions variétales et remise du calendrier des variétés

2020

- 06/02/2020 commission technique pêche
- 03/09/2020 expositions variétales et remise du calendrier des variétés

2021

- 05/02/2021 commission technique pêche

Interventions INRAE

2018

- 27/09/2018 Journée Technique SEFRA Séance Arbo ; Présentation du Projet
 - 15/10/2018 Réunion Réseau technique de l'AOP Pêches et Abricots de France
- Participants : AOP, stations expérimentales, INRAE, sélectionneurs et arboriculteurs
- 18/12/2018 Réunion Commission BioAgresseurs Fruits à Noyaux organisée par la SEFRA

2020

- 17/02/2020 Réunion de l'AOP Pêches et Abricots de France sur la génétique du pêcher
- Participants : AOP, stations expérimentales, INRAE, sélectionneurs et arboriculteurs

2021

- 19/01/2021 Rencontres du GIS Fruits sur le thème : gestion des bioagresseurs (Casdar)
<https://www.gis-fruits.org/Evenements-du-GIS/Les-Rencontres-du-GIS-Fruits-sur-le-theme-gestion-des-bioagresseurs2>
 - 5/02/2021 Réunion de l'AOP Pêches et Abricots de France sur la génétique du pêcher et de l'abricotier
- Participants : AOP, stations expérimentales, INRAE, sélectionneurs et arboriculteurs

Les variétés conseillées pour la plantation en zone de forte pression de la maladie ont été consignées dans un calendrier en 2019, mis à jour en 2020, et diffusé lors des expositions variétales en 2019 et 2020 (cf Annexe A5).

Une page internet dédiée au projet est disponible à cette adresse :

<https://www6.paca.inrae.fr/gaf/Partenariats-et-projets/Projets-nationaux/ReXapPech>

Le topo présenté le 19/01/2021 y est accessible ainsi que le calendrier des variétés conseillées pour la plantation en zone de forte pression de la maladie. Ce rapport y sera également disponible.

III – Bilan et perspectives

Les travaux réalisés ont permis la validation du jeu de marqueurs moléculaires (Ppe-Xap) associés à la résistance à *X. pruni* chez le Pêcher.

La difficulté d'utilisation de ces marqueurs repose sur la définition d'haplotypes résistants et l'hétérozygotie des variétés. L'interprétation des résultats n'est donc pas toujours évidente ou certaine et la connaissance des haplotypes des parents ou descendants est souvent nécessaire pour conclure.

Sur la base de ces éléments, observations et marqueurs du LG6 surtout, on peut conseiller de planter, en zone de forte pression Xanthomonas, certaines variétés plutôt que d'autres, sans cependant pouvoir garantir leur niveau de résistance.

- Les variétés bénéficiant d'observations, nombreuses et diverses, quant à leur comportement en situation de forte pression, sont à privilégier, d'autant plus si elles portent potentiellement un allèle de résistance sur LG6.
- Parmi les nouvelles variétés (pas d'observations), l'aide des marqueurs et de l'origine des variétés permet d'identifier des variétés qui devraient bien se comporter mais pour lesquelles on n'a pas de recul en situation de verger.
- Parmi les autres variétés, certaines pourraient porter d'autres facteurs de résistance que ceux portés par les 2 zones du génome (sur LG1 et LG6) décrites par les américains et testés par les marqueurs moléculaires ; c'est sans doute le cas des 8 variétés 'peu sensible' qui ne portent pas d'allèle de résistance sur LG6.

Ces informations sont d'ores et déjà importantes pour orienter les choix de plantations en zone de forte pression de la maladie. Les professionnels de la filière (producteurs, obtenteurs et techniciens) ont exercé une pression forte pour que nous avancions rapidement sur cette problématique et partageons les résultats sans attendre. Des communications fréquentes ont donc été effectuées, notamment pour influencer sur le choix des variétés à planter et sur l'utilisation de géniteurs résistants dans les programmes de croisement.

Ce projet a permis en outre de renforcer les partenariats entre la recherche publique (INRAE), les instituts techniques (Ctifl), les stations régionales d'expérimentation (SEFRA) et les organisations professionnelles (AOP Pêches et Abricots de France). **ReXaPech sert d'ores et déjà d'exemple à suivre pour élaborer d'autres actions visant à répondre aux demandes de la filière.**

Un point faible majeur réside dans le fait que les variétés résistantes identifiées ont pour une majorité un fond génétique similaire, ce qui réduit la diversité des facteurs de résistance déployés en plantation. Des efforts pour diversifier les sources de résistance à Xanthomonas seront importants pour le futur. Pour cela il faudra acquérir des connaissances quant à la variabilité génétique disponible chez le Pêcher vis-à-vis de *X. pruni*. Cependant, les contraintes expérimentales qu'impose le fait que ce soit un organisme réglementé compliquent la tâche.

Le test ADN peut être appliqué en routine à un échantillon plus large de variétés ou de descendances en ségrégation pour les caractériser/les cribler vis-à-vis de cette maladie bactérienne. Outre les sélectionneurs-obtenteurs-éditeurs de variétés de pêcher, ce test ADN pourra s'adresser à différentes structures publiques ou interprofessionnelles ayant en charge la caractérisation variétale, i.e. les responsables des vergers de comportements de niveau 1 et 2 Pêcher (Ctifl, stations régionales d'expérimentation), et/ou les instances nationales ou communautaires en charge des examens de DHS pêcher (INRA-GEVES-CTPS/INOV/OCV) pour l'inscription et la protection des nouvelles variétés.

Comme le test doit être accompagné d'une expertise permettant la définition d'haplotypes, voire d'analyses complémentaires sur des individus apparentés, de façon à conclure sur le génotype, cette analyse pourrait être proposée comme service par une 'plateforme R&D' en cours de réflexion.

Des actions supplémentaires de communication sont envisagées

- articles techniques d'information dans des revues destinées aux professionnels de l'arboriculture (L'Arboriculture fruitière) ou plus généralistes (Réussir Fruits & Légumes)

REFERENCES

- Anonymous (2000) Council Directive 2000/29/EC of 8 May 2000 on protective measures against the introduction into the Community of organisms harmful to plants or plant products and against their spread within the Community. Official Journal of the European Communities. L 169:1-146
- Anses (2015) Orientations de l'Anses dans le domaine de la santé et la protection des végétaux pour 2015. https://www.google.fr/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=10&cad=rja&uact=8&ved=0ahUKewiprrWF6bvZAhXD7RQKHaxUBZAQFghZMAk&url=https%3A%2F%2Fwww.anses.fr%2Ffr%2Fdocuments%2FORIENTATIONS_2015_SANTE_VEGETALE.pdf&usq=AOvVaw3ocWG Dq_skyBublFvR1jsZ
- Arrêté du 22/11/2002 modifié, transposant la directive 2000/29/CE: Annexes IIA, IVAI: https://www.anses.fr/fr/system/files/ANSES_LSV_BL0601_Va.pdf
- Barrès B. (2017) Résistances aux fongicides en arboriculture et maraîchage. JÉR 2017: <https://www.google.fr/url?sa=t&rct=j&q=&esrc=s&source=web&cd=3&ved=0ahUKewiprrWF6bvZAhXD7RQKHaxUBZAQFggxMAI&url=https%3A%2F%2Fcolloque.inra.fr%2Fresistances-pesticides%2Fcontent%2Fdownload%2F3871%2F40178%2Fversion%2F1%2Ffile%2F09-BB-Arbo-maraichagep.pdf&usq=AOvVaw1ozk9dGL5GZlleaX4LLhe>
- Battilani P., Rossi V., Saccardi A. (1999) Development of *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* epidemics on peaches. J. Pl. Path. 81(3):161-171
- Boudon S., Manceau C., Notteghem J.H. (2005) Structure and origin of *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* populations causing bacterial spot of stone fruit trees in Western Europe. Phytopath. 95:1081-1088
- Bressolier A. (2017) *Xanthomonas* : participez à l'enquête du Ctifl: <http://www.arboriculture-fruitiere.com/content/xanthomonas-participez-lenquete-du-ctifl>
- Bresson J. et A. Garcin (2008) Sensibilité des pêches à *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* - Conditions climatiques. Infos-Ctifl 239:38-40
- Bugiani R., Giosuè S., Gianni C., Rossi V. (2008) Prediction of *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* infection on peaches. IOBC/WPRS Bulletin. 2008; 54:565-569
- Cesbron S., Pothier J., Gironde G., Jacques M-A., Manceau C. (2014) Development of multilocus variable-number tandem repeat analysis (MLVA) for *Xanthomonas arboricola* pathovars J. Microbiol. Meth. 100:84-90
- Civerelo E.L. (1975) Quantitative aspects of pathogenesis of *Xanthomonas pruni* in peach leaves. Phytopath. 65:258-264
- Civerelo E.L., Sasser L., Helkie C. and D. Burbage (1982) Selective medium for *Xanthomonas campestris* pv. *pruni*. Plant Dis. 66:39-43
- Ctifl (2016) Programmation fruits Ctifl 2016:1-32: www.ctifl.fr/DocPdf/activites/ProgrammationCtiflFruits2016.pdf
- Dunegan J.C. (1932) The bacterial spot disease of the peach and other stone fruits. U.S.A. Dep. Agric. Bull. 273:53 p.
- Dugé de Bernonville T., Noël L.D., SanCristobal M., Danoun S., Becker A., Soreau P. et al. (2014) Transcriptional reprogramming and phenotypical changes associated with growth of *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* in cabbage xylem sap. FEMS microbiol Ecol. 2014; 89:527-541. <https://doi.org/10.1111/1574-6941.12345> PMID: 24784488
- Du Plessis (1988) Differential virulence of *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* to peach, plum, and apricot cultivars. Phytopathol. 78:1312-1315
- EPPO/CABI (1997) *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*. In: Smith I.M., McNamara D.G., Scott P.R., Holderness M. editors. Quarantine Pests for Europe. 2nd ed. CAB International, Wallingford, UK: 1096-1100
- EPPO (2006) Diagnostics *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*. EPPO Bulletin. 2006; 36:129-133
- EPPO (2016) *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* (XANTPR). EPPO Global Database. 2016. Available from: <https://gd.eppo.int>
- ESCO-INRA (2018) Peut-on se passer de cuivre en agriculture biologiques. <http://institut.inra.fr/Missions/Eclairer-les-decisions/Expertises/Toutes-les-actualites/Peut-on-se-passer-du-cuivre-en-agriculture-biologique>
- Garcin A., Rouzet J., Notteghem J.L. (2005) *Xanthomonas* des arbres fruitiers à noyau. Ed. Ctifl. Hortipratic:95 p.
- Garcin A., Bresson J., Fabresse M., Neyrand S. (2008) Orchard susceptibility of stone-fruit cultivars to *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*. IOBC/wprs Bulletin 37:91-95
- Garcin A. (2009) *Xanthomonas*, la vigilance est de mise. Infos-Ctifl n°252:p. 67
- Garcin A., Vibert J., Leclerc A. (2011) *Xanthomonas* sur Pêcher : étude des conditions d'infection – développement de l'outil. INFOS-Ctifl 268:26-33
- Garcin A. et J. Bresson (2011) Sensibilité des arbres fruitiers à noyau au *Xanthomonas* – Bilan de huit ans d'expérimentation. L'Arboriculture Fruitière 653:30-33
- Gasic K., Reighard G., Okie W., Clark J., Gradziel T., Byrne D., Peace C., Stegmeir T., Rosyara U. and A. Iezzoni (2015) Bacterial spot resistance in peach: functional allele distribution in breeding germplasm. Acta Hort. 1084: 69-74
- Hammerschlag F.A. (1988) Screening of peaches in vitro for resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *pruni*. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 113:164-166
- Iezzoni A., Gasic K. and C. DaSilva Linge (2017) Jewel in the genome: Fruit bacterial spot resistance in peach: p. 9: https://gallery.mailchimp.com/4ae6d1608d8c9a63ccab8cdec/files/04d50d13-9e8f-4223-890a-04cd39e638db/RB2_Newsletter_Oct_17_Final.pdf
- Janse J.D. (2012) Bacterial diseases that may or do emerge, with (possible) economic damage for Europe and the Mediterranean basin: Notes on epidemiology, risks, prevention and management on first occurrence. J. Plant Pathol. 94:S4.5-S4.29
- Keil H.L. and H.W. Fogle (1974) Orchard susceptibility of some apricot, peach and plum cultivars and selections to *Xanthomonas pruni*. Fruit Var:28:16-19
- Lalancette N., McFarland K. (2007) Phytotoxicity of copper-based bactericides to peach and nectarine. Plant Dis. 91:1122-1130.
- LNVP/SDQPV/DGAL (2001) Mise en évidence de *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* à partir de végétal symptomatique par isolement et identification de la souche. Méthode BL/06/01 : https://www.anses.fr/fr/system/files/ANSES_LSV_BL0601_Va.pdf
- OEPP (1997) Service d'information. Paris 6:1-28
- OEPP (1990) Fiche informative sur les organismes de quarantaine - *Xanthomonas arboricola* pv. *Pruni*. Préparé par le CABI et l'OEPP pour l'UE sous contrat 90/399003
- Okie W.R. (1998) Handbook of peach and nectarine varieties - performance in the Southeastern United States and index of names. USDA/ARS Agriculture Handbook 714:808
- Marchi G., Cinelli T., Surico G. (2011) Bacterial leaf spot caused by the quarantine pathogen *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* on cherry laurel in central Italy. Plant Dis. 95:74-74

- Martins O.M. (1996) Evaluation of virulence of strains of *Xanthomonas campestris* pv. *pruni* on peach and plum cultivars. *Fruit Var. J.* 20:221-225
- Matthee F.N & R.H. Daines (1968) The effects of soil types and substrate aeration on stomatal activity, water diffusion pressure deficit, water congestion, and bacterial infection of peach and pepper foliage. *Phytopath.* 58:1298-1301
- Matthee F.N & R.H. Daines (1969) The influence of nutrition on susceptibility of peach foliage to water congestion and infection by *Xanthomonas pruni*. *Phytopath* 59:285-287
- Medeiros J.G.S., Citadin I., dos Santos I. and A.P. Assmann (2011) Reaction of peach to genotypes to bacterial leaf spot caused by *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*. *Sci. Agric. (Piracicaba, Braz.)* 68: 57-61
- Morales G., Llorente I., Montesinos E. and C. Moragrega (2016) Basis for a predictive model of *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* growth and infections in host plants. *Acta Hort.* 2016: 1-8
- Morales G., Llorente I., Montesinos E. and C. Moragrega (2017) A model for predicting *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* growth as a function of temperature. *Plos One* 12(5): e0177583. doi: 10.1371/journal.pone.0177583
- Palacio-Bielsa A., Roselló M., Cambra M.A., López M.M. (2010) First report on almond in Europe of bacterial spot disease of stone fruits caused by *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*. *Plant Dis.* 94:786
- Palacio-Bielsa A., López-Soriano P., Bühlmann A., van Doorn J. Pham K., Cambra M.A., Berruete I.M., Pothier J.F. Duffy B., Olmos A. and M.M. López (2015) Evaluation of a real-time PCR and loop-mediated isothermal amplification for detection of *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* in plant tissue samples. *J. Microbiol. Method.* 112:36-39
- Palmiter D.H. and K.D. Hickey (1970) Relative resistance of 26 peach cultivars to bacterial spot and *Valsa* canker. *Plant Dis. Rep.* 54:395-399
- Ritchie D.F. (1993) Time of peach fruit infection by *Xanthomonas campestris* pv. *pruni*. *Phytopathology* 83:1376
- Ritchie, D.F. (1995) Bacterial spot, p. 50-52. In: J.M. Ogawa, E.I. Zehr and G.W. Bird (eds.). *Compendium of stone fruit diseases*. APS Press, St. Paul, MN
- Ritchie D.F. (1999) Sprays for control of bacterial spot of peach cultivars having different levels of disease susceptibility, 1998. *Fungicide and Nematicide Tests.* 54:63-64
- Ritchie D. (2005) Bacterial spot. In: Horton D, Johnson D, editors. *Southeastern peach growers' handbook*. Cooperative Extension Service, University of Georgia, College of Agriculture and Environmental Sciences, Athens
- Robe B.L., Cheng'An W., Zhixiang Z. & Shifang L. (2018) Bacterial leaf spot of peach caused by *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* in China. *Can J Pl Pathol.*: doi.org/10.1080/07060661.2017.1414883
- Rolfs F.M. (1915) A bacterial disease of stone fruits. N.Y. Cornell Agric. Exp. Station. Memoire 8
- RosBREED2 Newsletter (2017) : https://gallery.mailchimp.com/4ae6d1608d8c9a63ccab8cdec/files/04d50d13-9e8f-4223-890a-04cd39e638db/RB2_Newsletter_Oct_17_Final.pdf
- Scortichini M. (2010) Epidemiology and predisposing factors of some major bacterial diseases of stone and nut fruit trees species. *J. Plant Pathol.* 92:S1.73-S1.78
- Shepard D.P., Zehr E.I. (1994) Epiphytic persistence of *Xanthomonas campestris* pv. *pruni* on peach and plum. *Plant Dis.* 78:627-629
- Sherman, W.B. and P.M. Lyrene (1981) Bacterial spot susceptibility in low chilling peaches. *Fruit Var. J.* 35:74-77
- Shiina T., Shoji T. and S. Suzuki (1966) Studies on the resistance of peach varieties to the infection of bacterial spot, *Xanthomonas pruni* (E. F. Smith) Dowson, in the sand hill of Shonai district. *Bull. Yamagata Agri. Exp. Sta.* 1: 99-101 (In Japanese)
- Simeone A.M. (1985) Study on peach and nectarine cultivars susceptibility to the main fungus and bacteria. *Acta Hort.* 173:541-551
- Smith E.F. (1903) Observation on a hitherto unreported bacterial disease, the cause of which enters the plant through ordinary stomata. *Science* 17:456-457
- Suesada Y., Yamada M., Yamane T., Adachi E., Yaegaki H. and M. Yamaguchi (2013) varietal differences in susceptibility to bacterial spot (of *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*) among 69 peach cultivar and selections as evaluated by artificial inoculation to shoots. *J. Japa.. Soc. Hort. Sci.* 82(4) :293-300
- SudArbo XAP (2013) Maladie des taches bactériennes des arbres fruitiers à noyau.:4p.: www.occitanie.chambre-agriculture.fr/fileadmin/user_upload/National/FAL_commun/publications/Occitanie/SudA13Fiche_4_Xanthomonas.pdf
- Stefani E. (2010) Economic significance and control of bacterial spot/canker of stone fruits caused by *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*. *J. Plant Pathol.* 92:99-104
- Tjou-Tam-Sin N.N.A., van de Bilt J.L.J., Bergsma-Vlami M., Koenraadt H., Naktuinbouw J.W., van Doorn J., et al. (2012) First report of *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* in ornamental *Prunus laurocerasus* in the Netherlands. *Plant Dis* 96:759
- Vauterin L., Hoste B., Kersters K., Swings J. (1995) Reclassification of *Xanthomonas*. *Int. J. Syst. Bacteriology* 45:472-489
- Verde I., Bassil N., Scalabrini S., Gilmore B., Lawley C.T., Gasic K., Micheletti D., Rosyara U.R., Cattonaro F., Vendramin E., Main D., Aramini V., Blas A.L., Mockler T.C., Bryant D.W., Wilhelm L., Troglio M., Sosinski B., Aranzana M.J., Arús P., Iezzoni A., Morgante M. and C. Peace (2012) Development and evaluation of a 9K SNP array for peach by internationally coordinated SNP detection and validation in breeding germplasm. *PLoS One* 7(4):e35668
- Werner D.J., Ritchie D.F., Cain D.W. and E.I. Zehr (1986) Susceptibility of peaches and nectarines, plant introductions, and other *Prunus* species to bacterial spot. *Hortscience* 21:127-130
- Yang, N., G.L. Reighard, D. Ritchie, W.R. Okie and K. Gasic (2010) Construction of a genetic linkage map for identification of molecular markers associated with resistance to *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]. *HortScience* 45:S304 (abstr.)
- Yang, N., G.L. Reighard, D. Ritchie, W.R. Okie and K. Gasic (2011) Development of a genetic linkage map for identification of molecular markers associated with resistance to bacterial spot (*Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*) in peach. XIII Eucarpia Symp. on Fruit Breeding and Genet., September 11–15, 2011 Warsaw, Poland.
- Yang N. (2012) Mapping quantitative trait loci associated with resistance to bacterial spot (*Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*) in peach. Ph.D dissertation Clemson University, Clemson, S.C., US
- Yang N., Reighard G., Ritchie D., Okie W. and K. Gasic (2013) Mapping QTLs controlling bacterial spot (*Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*) resistance in peach. *Tree Genet. Genomes* 9:573-586
- Young J., Luketina R. and A. Marshall (1977) The effects on temperature on growth in vitro of *Pseudomonas syringae* and *Xanthomonas pruni*. *J. Appl. Bacteriol.* 42:345-354. PMID: 885818
- Zehr E.I. and D.P. Shepard (1996) Bacterial spot of peach as influenced by water congestion, leaf wetness duration, and temperature. *Pl. Dis.* 80:339-341

ANNEXES

A1. Liste des 39 variétés avec des observations à 'Dires d'experts et enquêtes' (10 'sensibles', 11 'peu sensibles') et à 'Dires producteurs en situation de forte pression' (10 'sensibles', 8 'peu sensibles')

"Dites Sensibles"	"Dites Peu sensibles"
Variétés dites sensibles par expert, confirmées par enquête (minimum 3 parcelles saisies dont au moins 2 avec présence de Xantho)	Variétés à priori peu sensibles (au minimum 2 parcelles saisies, avec absence totale xantho)
Garcica	Late glen
Ivory star	Orine
Ophélie	Ruby bel
Royal pride	Western Red
White red	Zéphir
Maura	Snow ball
Ivoire	Carène
Rosalia	Diamond Bright
Gypse	Magique
Royale queen	Spring Bright
	Pamela
Variétés rajoutées par producteurs référents en situation de forte pression xantho	Variétés rajoutées par producteurs référents en situation de forte pression xantho
Conquise	Surprise
Elise	Couloured
Monbello	Coraline
Honey royale	Plus Plus
Summer lady	Nectarrubby
Maillardiva	Spring belle
Diamond ray	Endogust
Royal summer	Early top
Majestic pearl	
FQ	

A2. Analyse haplotypes Xanthomonas

1. Marqueurs moléculaires utilisés

Nom SNP	G1Xap1	G1Xap2	G1Xap4	G6Xap1	G6Xap2	G6Xap3	G6Xap4
Groupe liaison prunus persica	Pp01	Pp01	Pp01	Pp06	Pp06	Pp06	Pp06
Position (V2.0)	13 367 604	13 459 887	15 954 607	24 156 699	24 157 299	24 159 588	24 166 391
Détail SNP	TC	AG	AG	TC	TC	AG	TC

Par la suite, les nucléotides T et A sont codés **A**, les nucléotides G et C sont codés **B**. **h** pour hétérozygote.

2. Haplotypes possibles des marqueurs moléculaires utilisés _ données de l'Université de Clemson

G1		G6	
AAAB	SU	BAAB	SU
BBAA	R1	BBBB	R1
BBAB	I	AABB	I
BBBB	R2	ABAA	R2
BAAB	alm	ABBA	Alm
AhAB	SU		
BB-A	I		
BhhA	R1		
AAAB	SU		
AA-B	SU		
BBhA	R1		
h-h	SU R		
BB-h	R1 I		
hhAh	SU R1		
hh-h	SU R1		
h-Ah	SU R1		
hAAh	SU alm		
hhAB	SU I		
BBAh	R1 I		
hhAh	SU R1		

SU : Susceptible
 Alm : Almond
 I : Intermediate
 R1 : R1 resistance
 R2 : R2 resistance

A3. Résultats détaillés de l'analyse moléculaire des 39 variétés de référence

Marqueurs du LG1

Le 3^{ème} marqueur SNP ne fonctionne pas bien : les amorces développées ne sont pas assez spécifiques.

- de très nombreuses variétés observées (25/39) sont hétérozygotes à 2 ou 3 des 4 SNP (25/39) : il y a de nombreuses combinaisons possibles donc il est impossible de prédire les haplotypes.

- 5 variétés 'peu sensibles' et 2 variétés 'sensibles' sont R1|I

- 2 variétés 'peu sensibles' et 5 variétés 'sensibles' sont SU|SU

Il n'y pas assez de résultats concluants pour que ces 4 SNP soient utilisés comme indicateurs.

Marqueurs du LG6

20 variétés dites 'sensible'

- 16 sont homozygotes pour le même allèle sensible, 1 est hétérozygote sensible

- 3 variétés ont 2 ou 3 SNP hétérozygotes : on ne peut pas conclure sur les haplotypes

19 variétés dites 'peu sensible'

- une seule est homozygote avec l'allèle de résistance R2 (Pamela cov)

- une est hétérozygote avec l'allèle de résistance R2 (Magique®)

- certaines ne présentent pas les allèles de résistances décrits par les américains : 8 variétés. Il existe donc certainement d'autres zones de résistances.

- les autres variétés sont très hétérozygotes, il n'est donc pas possible de conclure, mais elles ont potentiellement un allèle de résistance sur le chromosome 6.

L'utilisation de ces 4 SNP est sévère : on peut éliminer des variétés résistantes car elles ont un profil 'marqueurs' d'une sensible. L'hétérozygotie de certaines variétés ne permet pas de connaître les haplotypes et donc de conclure. La généalogie des variétés peut aider. Ainsi connaître les profils de marqueurs des parents, grands-parents ou des descendants permet souvent de déterminer sans ambiguïté les haplotypes des variétés.

Variété	Phénotype	Diagnostic préliminaire		Diagnostic augmenté	
		LG1	LG6	LG1	LG6
Magique	Peu sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	? _ ? _ R2/SU _ ?	R1?	R2
Pamela	Peu sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	R2	R1?	R2 R2
Endogust	Peu sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	? _ ? _ R2/SU _ ?	R1?	R2?
Nectarrubby	Peu sensible	SU SU	? _ ? _ R2/SU _ ?	SU	R2?
Carene	Peu sensible	R1 I	? _ ? _ R2/SU _ ?	R1 I	R2?
Couloured	Peu sensible	SU SU	? _ ? _ R2/SU _ ?	SU	R2?
Surprise	Peu sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	SU/R1 _ SU ?	R1?	R1?
Orine	Peu sensible	R1 I	SU/R1 _ SU ?	R1 I	R1?
Early_top	Peu sensible	R1 I	SU/R1 _ SU ?	R1 I	R1?
Ruby_bel	Peu sensible	? _	SU/R1 _ SU ?	SU	R1?
Spring_belle	Peu sensible	SU ?	SU R2	SU	R2?
Coraline	Peu sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	SU		
Western_red	Peu sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	SU		
Late_glen	Peu sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	SU		
Diamon_bright	Peu sensible	R1 I	SU		
Spring_bright	Peu sensible	R1 I	SU		
Plus_plus	Peu sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	SU		
Snow_ball	Peu sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	SU		
Zephir	Peu sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	SU		
Ivory_star	Sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	SU/R1 _ SU ?		
Garcica	Sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	? _ ? _ R2/SU _ ?		
Diamond_ray	Sensible	? ? ? R1	SU		
Majestic_pearl	Sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	SU		
Maura	Sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	SU		
Elise	Sensible	SU SU	SU		
Conquise	Sensible	SU SU	SU		
White_red	Sensible	? ? ? ?	SU		
Maillardiva	Sensible	SU SU	SU		
Monbello	Sensible	? ? ? R1	SU		
Gypse	Sensible	SU ?_alm ?	SU		
Ivoire	Sensible	SU SU	SU		
Summer_lady	Sensible	SU SU	SU		
Royal_pride	Sensible	? _ ? _ ? _ R1 ?	SU		
Honey_royale	Sensible	R1 I	SU		

Variété	Phénotype	Diagnostic préliminaire		Diagnostic augmenté	
		LG1	LG6	LG1	LG6
Ophelia	Sensible	?	SU/?		
Rosalia	Sensible	?_?_?_ R1 ?	SU		
Royale_queen	Sensible	?_?_?_ R1 ?	SU		
Royal_summer	Sensible	?_?_?_ R1 ?	SU		

A4. Résultats de génotypage de nouvelles variétés en 2020

Résultats de marquage moléculaire des 17 variétés 2020.

à recommander
meilleur
à éviter

	LG1	LG6
PSB_5709_52	R1	R2/Alm
PSB_5781_59	SU/R1	SU/R2
PSB_Omega	R1	R1/R2
PSB_5661_56	SU/R1	SU/R1
Crispdream_ASF	SU/R1	SU
Pajeny_ACF	R1	SU
PSB 5904-21	R1	SU/R2
IPS_763_11_PB	R1	SU
SF_10039	R1	SU
ASF_16168	SU	SU
PSB_Atanaïs	SU/R1	SU/R2
ASF_1325	SU/R1	SU/R1
SF14099_ACF	SU/R1	SU
ASF_1330	R1/?	SU/R1
Blanto_IPS	R1	SU/?
Melissa_PSB	R1	SU/R2
Burma_PSB	SU/R1	SU/R2

Conclusions :

Omega ne porte que des allèles de résistance, aux 2 loci

9 variétés sont au minimum hétérozygotes résistantes aux 2 loci

Ces 10 variétés sont à privilégier en zone de forte pression de la maladie.

Les 7 restantes ne portent pas d'allèle de résistance sur le groupe de liaison 6.

Ces 7 variétés sont à éviter en zone de forte pression de la maladie.

VARIETES CONSEILLEES DANS LES ZONES A FORTE PRESSION *Xanthomonas*

Important : il n'est pas connu à ce jour de variétés présentant une résistance totale. Les variétés présentées ci-dessous sont conseillées plutôt que d'autres sans pouvoir garantir leur niveau de résistance.

