



**HAL**  
open science

## Maîtrise des maladies fongiques du feuillage des rosiers de jardin : vers une démarche de valorisation et labellisation des ressources génétiques économes en intrants phytosanitaires

Anne-Sophie Miclot, Magali Larenaudie, Hanaé Roman, Annie Chastellier, Tatiana Thouroude, Fabrice Foucher, F. Robert, J.M. Delacour, M. Tragin, O. Gros, et al.

### ► To cite this version:

Anne-Sophie Miclot, Magali Larenaudie, Hanaé Roman, Annie Chastellier, Tatiana Thouroude, et al.. Maîtrise des maladies fongiques du feuillage des rosiers de jardin : vers une démarche de valorisation et labellisation des ressources génétiques économes en intrants phytosanitaires. *Innovations Agronomiques*, 2016, 49, pp.179-188. 10.15454/1.462277668259721E12 . hal-01456020

**HAL Id: hal-01456020**

**<https://hal.science/hal-01456020>**

Submitted on 28 May 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

## **Maîtrise des maladies fongiques du feuillage des rosiers de jardin : vers une démarche de valorisation et labellisation des ressources génétiques économes en intrants phytosanitaires.**

**Miclot A.S.<sup>1</sup>, Larenaudie M.<sup>1</sup>, Roman H.<sup>1</sup>, Chastellier A.<sup>1</sup>, Thouroude T.<sup>1</sup>, Foucher F.<sup>1</sup>, Robert F.<sup>2</sup>, DelaCour J.M.<sup>2</sup>, Tragin M.<sup>2</sup>, Gros O.<sup>2</sup>, Gironde S.<sup>3</sup>, Bersihand S.<sup>3</sup>, Massot M.<sup>3</sup>, Bryone F.<sup>3</sup>, Félix F.<sup>4</sup>, Hibrand-Saint Oyant L.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> INRA, UMR1345 Institut de recherche en horticulture et semences, 49071- Beaucouzé, France.

<sup>2</sup> ASTREDHOR, 44 rue d'Alésia - 75014 Paris

<sup>3</sup> VEGEPOLYS Innovation, 26 rue Dixmèras – 49066 Angers

<sup>4</sup> Fédération nationale des producteurs horticulteurs pépiniéristes, FNPHP, 19 boulevard Magenta - 75010 Paris

Correspondance : [laurence.hibrand-saint-oyant@angers.inra.fr](mailto:laurence.hibrand-saint-oyant@angers.inra.fr)

### **Résumé :**

Le rosier est une des plus importantes espèces ornementales de par le monde. Sa valeur esthétique est dépendante d'un niveau de sensibilité aux maladies notamment foliaires dont les plus fréquentes sont la maladie des taches noires et l'oïdium. Les obtenteurs, pépiniéristes et consommateurs s'orientent de plus en plus vers l'utilisation de variétés résistantes à ces maladies. Ainsi, afin de mieux comprendre ces maladies et de développer des outils de sélection, des tests d'infection en conditions contrôlées et des études de déterminisme génétique de la résistance/sensibilité sont nécessaires. Les essais en conditions contrôlées sur oïdium ont été difficiles à conduire du fait des difficultés à multiplier et à conserver le champignon (*Podosphaera pannosa*) alors que plusieurs essais sur la maladie des taches noires (*Diplocarpon rosae*) ont été mis en place. Des études génétiques ont été menées sur une population interspécifique permettant de mettre en évidence l'existence de trois QTLs potentiels pour la résistance à la maladie des taches noires et un QTL majeur pour la résistance à l'oïdium. L'obtention récente de la séquence du génome du rosier devrait permettre d'identifier l'existence de gènes de résistance au niveau de ces QTLs. Toutefois, des analyses plus approfondies devront être menées afin d'identifier le(s) gène et/ou la(es) séquence(s) responsable(s) des interactions mises en évidence dans ce projet.

**Mots-clés :** Rosier, *Podosphaera pannosa*, *Diplocarpon rosae*, résistances, QTL

### **Abstract: Controlling fungi diseases of the foliage of garden roses: towards use and labeling of genetic resources for saving phytosanitary inputs**

Roses are one of the most important ornamental crops in the world. Its esthetical value is closely linked with the resistance against the major foliar diseases, i.e. black spot disease and powdery mildew. As the cosmetic appearance of an ornamental plant is key to its marketability and consumer acceptance, a high degree of pest/disease resistance is required for the rose. To aim to understand the genetic control of disease resistance and to develop breeding tools, development of assays under controlled conditions and genetic determinism studies of the resistance/susceptibility are necessary. The assays on powdery mildew have been challenging to conduct due to the difficulty to preserve and produce the pathogen (*Podosphaera pannosa*) while the same tests were successfully developed for the black spot disease (*Diplocarpon rosae*). The interspecific population genetic studies made it possible to identify three QTLs governing the black spot resistance and one for powdery mildew resistance. The recent available rose genome could be an opportunity to identify genes under the QTLs. Nevertheless, some comprehensive studies have to be conducted to clearly detect the identified genes under these QTLs.

**Keywords:** Rose, *Podosphaera pannosa*, *Diplocarpon rosae*, resistance, QTL

## Introduction

Le rosier est la première espèce d'ornement d'importance économique dans le monde. En France, il s'agit d'une des plus importantes plantes ornementales tant en production que par son utilisation en jardins et espaces verts. Cependant, les variétés les plus courantes sont particulièrement sensibles aux maladies fongiques qui dégradent leur image ; en effet, une étude réalisée aux USA a montré que 7% seulement des variétés commercialisées présentaient une résistance durable (Debener and Byrne, 2014).

Les producteurs et les utilisateurs doivent traiter, engendrant ainsi une certaine dépendance aux produits phytosanitaires, responsables de pollutions diverses qui représentent une réelle menace pour la santé publique. Pour les professionnels, l'application de traitements représente une contrainte importante et coûteuse.

La maladie fongique la plus importante est la maladie des taches noires causée par un champignon hémibiotrophique, *Diplocarpon rosae* Wolf. Cette maladie provoque des taches foliaires brunes et une défoliation sur les rosiers de jardin, réduisant la valeur ornementale de la plante. L'autre maladie fongique qui préoccupe la production est due à l'oïdium *Podosphaera pannosa* ; cette maladie touche les rosiers de jardin et les fleurs coupées. On estime que 40% de pesticides appliqués lors de la production des fleurs coupées ciblent ce champignon (Tjosvold and Koike, 2001).

Des études du déterminisme génétique ont été menées en Europe et aux USA et ont permis de caractériser soit des gènes majeurs de la résistance contre la maladie des taches noires (Linde et al., 2006; Biber et al., 2010; Whitaker et al., 2010) ou contre l'oïdium (Linde and Debener, 2003) soit des résistances partielles vis-à-vis de la maladie des taches noires (Shupert, 2005; Whitaker and Hokanson, 2009) ou de l'oïdium (Linde et al., 2006; Moghaddam et al., 2012).

**Consciente de la nécessité environnementale et économique de proposer des rosiers présentant un bon comportement vis-à-vis des principales maladies fongiques du feuillage, la filière « rosier de jardin » française a souhaité lancer un programme de recherche finalisée stratégique pour son avenir.**

Le recours à de nouveaux systèmes de production, plus respectueux, est généré par une demande sociétale forte (Grenelle de l'Environnement, Plan Ecophyto). La valorisation, l'utilisation et la création future de variétés plus résistantes aux principaux bio-agresseurs s'inscrivent dans cette tendance de réduction des intrants dans un objectif de prévention des risques.

Le rosier peut recevoir plus d'une dizaine de traitements phytosanitaires ciblés contre les maladies fongiques du feuillage. Cette intensité de traitement est indispensable à la production d'un produit dont l'apparence visuelle est le premier critère de qualité pour les clients. En réduire significativement le nombre est possible en favorisant le développement de variétés plus résistantes et adaptées à leur zone de culture.

Un tel projet intéresse la filière « rosier » et plus largement celle de la filière ornementale française, au sein de laquelle le rosier est une espèce leader. La valorisation de variétés plus résistantes aux maladies du feuillage et la mise sur le marché de nouvelles variétés doivent permettre aux roséristes français de gagner de nouvelles parts de marché, au niveau européen, et de « faire face » à leurs principaux concurrents (Pays Bas, Allemagne, Pologne, Hongrie...).

Le projet Rosa Fortissima (CASDAR 2011-2013) a pour objectif i) de mettre en place un outil de caractérisation de deux maladies foliaires du rosier (taches noires et oïdium) et ii) d'étudier le déterminisme génétique de ces maladies dans une population dans laquelle l'un des parents présente une résistance à ces maladies.

## 1. Matériel et Méthodes

Deux types de matériel ont été produits dans le cadre de ce projet : **matériel végétal et matériel fongique**.

### 1.1 Matériel végétal :

Deux ressources génétiques ont été mises en place et étudiées : une population interspécifique F1 (209 individus) permettant l'étude du déterminisme génétique et un set de variétés connues pour leur comportement contrasté vis-à-vis des deux maladies étudiées : taches noires et oïdium

La population interspécifique dénommée HW présente une ségrégation pour les résistances aux deux principales maladies étudiées dans ce projet. Cette population HW est issue du croisement interspécifique entre un dihaploïde H190 issu d'une variété cultivée et un hybride de *Rosa wichurana*. Elle comporte 600 hybrides F1 installés en plein champ à l'Unité expérimentale HORTI, INRA d'Angers-Nantes et dont une partie a servi à l'établissement d'une carte génétique (Hibrand-Saint Oyant et al., 2008; Remay et al., 2009). Le parent mâle présente une forte résistance aux taches noires et une résistance partielle à l'oïdium alors que le parent femelle H190 apparaît sensible à ces maladies. Sur les 600 hybrides de cette population, 209 ont été sélectionnés pour établir les études génétiques.

Un set de variétés témoins constitué de neuf variétés de rosiers de jardin et présentant des comportements différents (résistant / sensible) vis-à-vis des maladies étudiées. L'ensemble du matériel génétique étudié au cours du projet a été :

- **Pour la population HW** : écussonné sur porte-greffe Laxa à l'été 2010, planté en plein champ puis arraché à l'hiver 2011/2012 et replanté selon un dispositif de Fisher à l'hiver 2011/2012 ou au début du printemps 2012 sur les trois sites d'expérimentation :
  - Pépinières France Pilte (région Centre, 45270 Quiers-sur-Bezonde)
  - Pépiniériste/Obtenteur Meilland Richardier (région Rhône-Alpes, 38790 Diemoz)
  - Pépinières de la Saulaie (région Pays de Loire, 49700 Doué la Fontaine) puis INRA Angers - Unité expérimentale HORTI
- **Pour les variétés « témoins »** : écussonné en pot, courant 2011 puis intégré au dispositif de Fisher à l'hiver 2011/2012 ou au début du printemps 2012 sur les trois sites d'expérimentation.

Le comportement de l'ensemble des individus vis-à-vis des deux maladies et en infection naturelle a été évalué par des notations effectuées en 2012 et 2013 sur les trois sites d'expérimentations.

Les ADN de l'ensemble de la population (209 hybrides et les deux parents) ont été extraits avec le kit NucleoSpin® Plant II (Macherey Nagel). Les ADN ont été dosés et normalisés. A partir de ces solutions de travail, le polymorphisme de 64 microsatellites a été étudié. Les marqueurs moléculaires (SSR) ont été analysés sur le plateau ANAN de la SFR Quasav ainsi que sur la plateforme Gentyane de l'INRA de Clermont-Ferrand. Les données récoltées ont été exploitées par le logiciel GeneMapper. La carte génétique a été construite à l'aide du logiciel JoinMap® 4.0 (Van Ooijen, 2006) et les QTLs ont été positionnés à l'aide du logiciel MapQTL® 5.0 (Van Ooijen, 2004) (Société Kyasma). Les figures ont été réalisées à l'aide du logiciel MapCHART.

### 1.2 Matériel fongique :

Des isolats des deux champignons ont été récupérés sur les trois sites d'expérimentation ainsi que chez des collègues étrangers (ILVO, Belgique et Hanovre, Allemagne) afin de réaliser une collection d'isolats. Des essais de multiplication et de conservation des champignons ont été conduits tout au long du projet.

### 1.3 Mise en place d'un test d'infection en conditions contrôlées :

La production d'inoculum a été réalisée à partir de feuilles détachées de rosier infectées artificiellement, avec des isolats de la collection de *D. rosae* et *P. pannosa*. Des pathotests sur jeunes plants issus de

bouturage et sur feuilles détachées ont ensuite été développés dans les modules climatiques de VEGEPOLYS Innovation. Les tests ont été réalisés à partir du matériel végétal (population HW et variétés « témoins ») produit et maintenu en conditions contrôlées (et serre) par l'équipe INEM (INStallations Expérimentales Mutualisées) de l'IRHS (Institut de recherche en horticulture et semences).

La production d'inoculum de *D. rosae* a été réalisée à partir de feuilles artificiellement infectées obtenues en suivant le protocole de multiplication de l'agent pathogène (développé dans le cadre du projet). Les boutures de rosier ont été acclimatées en module climatique (20°C jour / 18°C nuit ; photopériode 16 h de jour) pendant deux jours et installées selon un dispositif présenté Figure 2 B. Une suspension de spores de *D. rosae* a été réalisée à partir d'un mélange de feuilles infectées dans de l'eau stérile additionnée d'une goutte de Tween 20. L'inoculation a été effectuée par pulvérisation du feuillage des boutures de rosier à l'aide d'un pulvérisateur manuel. Une bâche a été installée sur les boutures pendant 24 heures afin de maintenir une hygrométrie relative  $\geq 90\%$ . Des notations des symptômes ont été réalisées une fois par semaine pendant un mois (7, 14, 21 et 28 jours après inoculation). Des inoculations sur feuilles ont aussi été réalisées mais ne seront pas présentées dans cet article.

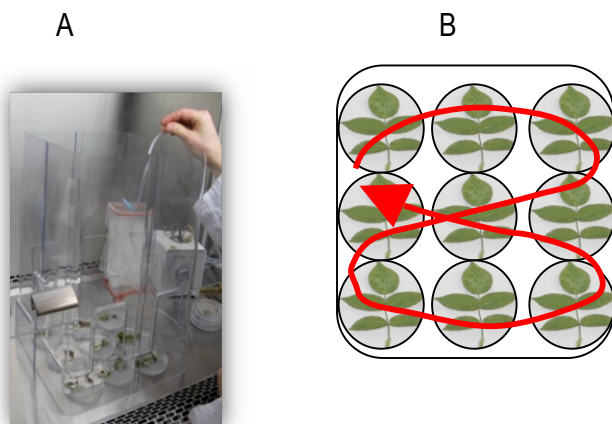
#### 1.4 Notations en plein champ :

Les notations en plein champ ont été menées en 2012 et 2013 sur les trois sites d'expérimentation. L'échelle de notation utilisée est identique à celle développée pour les notations en conditions contrôlées. L'évolution de la maladie a été suivie par trois ou quatre notations sur la période Juin à Septembre. Pour les analyses génétiques, les notes correspondant au pic de la maladie, c'est-à-dire la notation pour laquelle la sévérité de la maladie était la plus importante, ont été utilisées.

## 2. Collection d'isolats de *P. pannosa* et *D. rosae*

### 2.1 Collection d'isolats de *P. pannosa*

Des isolats dits « locaux » (INRA Angers) et exotiques (ILVO Belgique) ont été récupérés entre 2011 et 2012. Ces isolats ont été isolés puis multipliés sur feuilles de rosier détachées (variété *Rosa chinensis* 'Old Blush') à l'aide d'une tour d'inoculation (Figure 1). Comme ce champignon est un parasite obligatoire pour lequel aucun processus de conservation à long terme n'a pu être mis en place, il nécessite des repiquages toutes les trois semaines. La faible sporulation, l'altération de l'état physiologique des feuilles utilisées pour leur multiplication, et des contaminations par des champignons saprophytes ont entraîné des pertes de souches notamment dans les souches exotiques.



**Figure 1** : A - Photo du dispositif de « tour d'inoculation ». B - Schéma du « circuit en huit » des feuilles oïdiées, « soufflées » par le jet d'air au-dessus des boîtes de Petri contenant des feuilles saines.

Au cours des multiplications successives réalisées pour conserver ces isolats, seulement trois ont pu être maintenus dans la collection. Plusieurs essais de conservation ont été menés : conservation sur grain de silice, dessiccation de feuilles oïdiées, enrichissement du milieu de culture, conservation sur plants *in vitro*. Ces essais ont donné des résultats assez décevants qui ne sont pas présentés dans cet article. Un stockage à 4°C a permis une conservation maximum d'un mois des isolats. Ce laps de temps passé, il était nécessaire de multiplier de nouveau le champignon sur du matériel végétal frais.

## 2.2 Collection d'isolats de *D. rosae*

La collection a été initiée par l'acquisition d'un isolat "exotique" de référence provenant de l'Université de Hanovre (Allemagne) (DR11HA1). Cet isolat a pu être conservé tout au long du projet et a été utilisé comme isolat de référence pour le criblage en conditions contrôlées de la population HW et des variétés « témoins ».

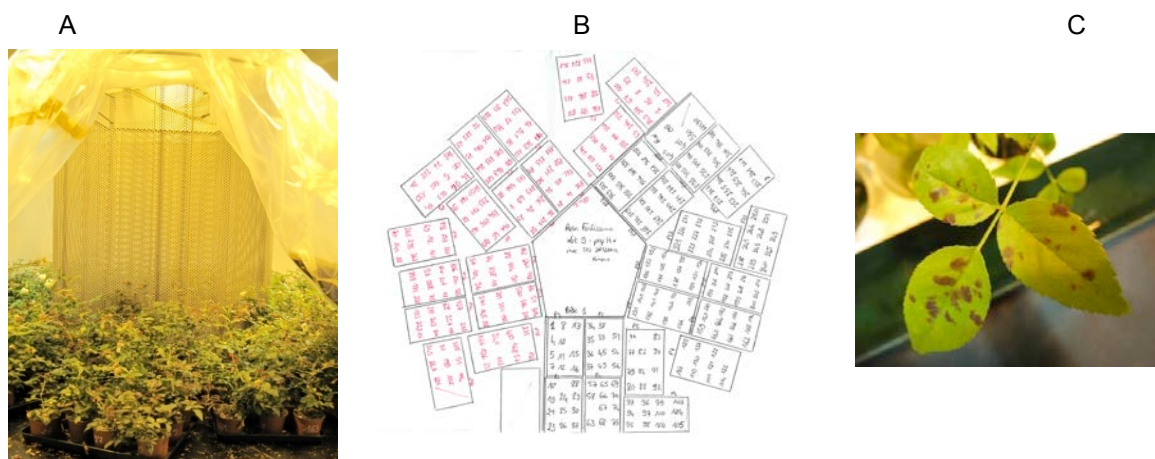
En 2012, dans les parcelles de chaque site expérimental, des prélèvements de feuilles infectées ont été réalisés. Sur dix-sept isolats collectés, huit ont pu être multipliés et ont développé des fructifications (acervules) permettant leur conservation. A la fin du projet, la collection comporte neuf isolats de *D. rosae*

## 3. Évaluation de la résistance/sensibilité aux maladies

Les résultats présentés dans cet article correspondent aux notations réalisées pour :

- La maladie des taches noires : notation après inoculation en conditions contrôlées (IN) et en plein champ (inoculation naturelle : OUT)
- Oïdium : notation en plein champ (inoculation naturelle : OUT)

### 3.1 Production d'inoculum et inoculation artificielle avec *D. rosae* sur jeunes plants (IN)

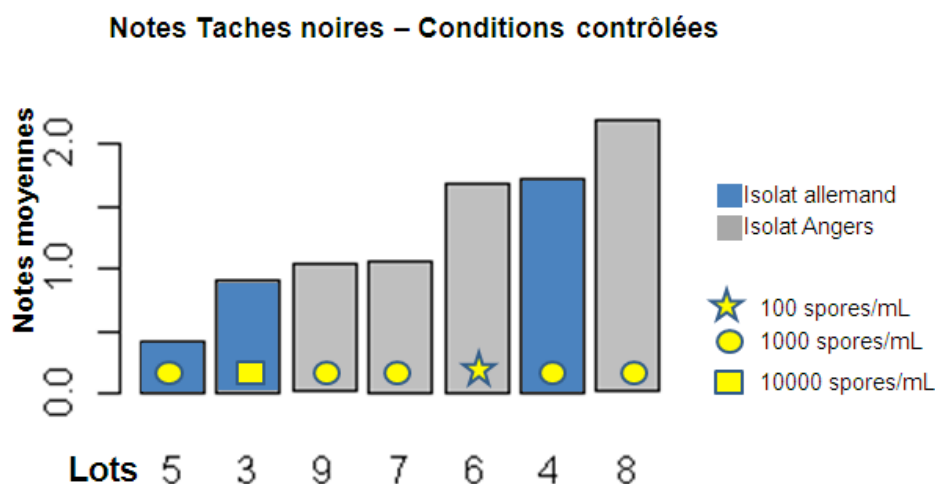


**Figure 2 :** A) Boutures de rosier en module climatique avant inoculation, B) Plan du dispositif en bloc (Bloc 1, en noir / Bloc 2, en rouge) d'un essai sur boutures (taches noires) en module climatique, C) Symptômes de taches noires, obtenus après inoculation de *D. rosae* en conditions contrôlées.

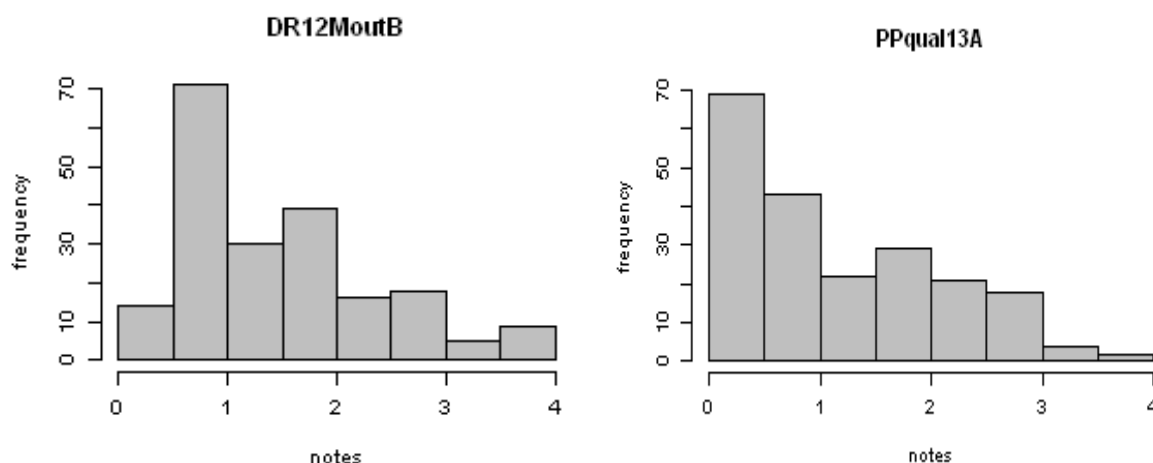
L'histogramme de la Figure 3 représente les notes moyennes (blocs 1 et 2 ne présentant pas de différences significatives) qui ont été observées lors du phénotypage à 28 jours après inoculation des différents lots de boutures HW sur sept expérimentations notées du N°3 au N°9. Deux paramètres ont été testés : concentrations d'inoculum (100/1000/10000 spores/ml) et souches (isolat d'Allemagne ou français : Angers).

Ces résultats montrent que :

- l'inoculation dans les conditions des essais a permis la reproduction de symptômes en conditions contrôlées sur des individus de la population;
- pour un même isolat et une même concentration, les résultats obtenus entre chaque essai ne sont pas toujours reproductibles. Cette variabilité peut s'expliquer par un état sanitaire des boutures différent d'un essai à l'autre, et l'utilisation d'isolats non monosporés (plusieurs individus fongiques au sein d'un même isolat) qui peut engendrer des interactions non maîtrisées entre individus;
- sur les deux isolats testés, nous n'observons pas de différences de virulence marquées sur le matériel végétal testé.



**Figure 3 :** Moyenne des notes attribuées à chaque lot criblé en module climatique, selon l'isolat de tache noire inoculé et la concentration de spores pulvérisée.



**Figure 4:** Distribution en fréquence (nombre d'individu) pour chaque classe de notations taches noires (DR) et oïdium (PP) en plein champ. Les infections en plein champ ont été notées en 2012 (A) et 2013 (B).

### 3.2 Étude des infections naturelles en plein champ

Des notations ont été menées en plein champ et l'analyse génétique a été réalisée à partir des notes correspondant au pic de la maladie et ce pour chaque site (Angers/Bellegarde/Diémoz) et sur deux

années (2012/2013). Les distributions de résistance/sensibilité de la maladie des taches noires et de l'oïdium (à titre d'exemple Figure 4) ont montré des distributions non-normales (logiciel R, test de Shapiro) ainsi l'ensemble des analyses notamment de déterminisme génétique a été réalisé à l'aide de tests non-paramétriques.

### 3.3 Analyse et déterminisme génétique des maladies fongiques du rosier

Une carte génétique a été réalisée sur la population HW (Miclot et al., 2012 ; Roman et al., 2015).

Afin d'identifier le type de déterminisme génétique qui gouverne les résistances à la maladie des taches noires et à l'oïdium dans cette population, une analyse de corrélation entre génotype et phénotype a été menée avec le logiciel MapQTL à l'aide de la fonction Kruskal-Wallis. Les résultats obtenus sont présentés Tableau 1 et Figure 5. Nous observons que les données de phénotypage en conditions contrôlées (IN) et en plein champ (OUT) pour la maladie des taches noires (DR) et l'oïdium (PP) interagissent avec une ou plusieurs régions du génome.

#### 3.3.1 Taches noires IN et OUT

Vingt et un QTLs ont pu être localisés à partir des sept expérimentations IN exploitées (N°3 à N°9) et des notations en plein champ (Tableau 1). Parmi ces QTLs, les plus significatifs et conservés se positionnent sur les groupes de liaison (LG) 3 et 5 (Tableau 1, Figure 5). Ces deux régions semblent donc contenir des gènes R/S stables entre les différentes expérimentations et les différents sites.

De même, parmi les QTLs communs entre les expérimentations contrôlées et en plein champ, un QTL se positionne sur le LG6. D'autres régions apparaissent spécifiques de certaines expérimentations : c'est le cas pour une région présente sur le LG1 (DRinM5, DRinM9, DR12B1out\_D), LG2 (DRinM5, DRout12M\_B), LG4 (DRB1inM5 et DRinM5, DR12B3out\_D), LG7 (DRinM6).

Seule l'expérience DRinM8 (moyenne des deux blocs de l'expérimentation contrôlée N°8 pour la maladie des taches noires) se localise sur une seule région du génome (LG5).

#### 3.3.2 Oïdium OUT

Pour les deux années, un seul QTL est détecté sur le LG3 (Tableau 1) – ce QTL à forte interaction pourrait correspondre à un gène majeur de résistance.

## Conclusion

Le travail réalisé dans ce projet a permis d'initier un travail de collections de pathogènes responsables de la maladie de la tache noire et d'oïdium. Si les travaux menés sur l'oïdium n'ont pas permis de conserver d'isolats fongiques, les travaux menés sur les souches de champignons responsables de la tache noire ont permis d'établir une collection qui se poursuit dans un nouveau projet Belarosa (CASDAR 2014-06).

Les tests en conditions contrôlées, initiés dans ce projet, se sont avérés très difficiles à établir pour l'oïdium.

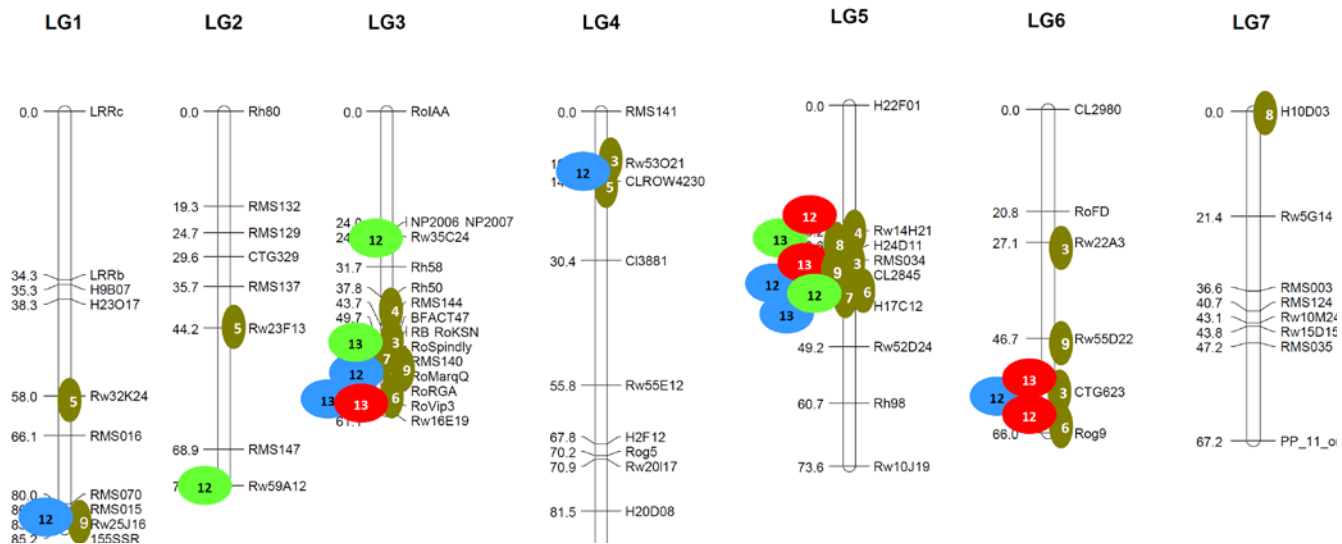
L'analyse des données phénotypiques en plein champ ou à partir des tests en infections contrôlées pour la maladie de la tache noire montre que trois QTLs sont retrouvés sur plusieurs essais et pourraient contenir des gènes contrôlant le niveau de sensibilité/résistance à cette maladie et dans cette population ; il s'agit (par ordre de niveau d'interaction, du plus fort au plus faible) de QTLs présents sur les **LG5, LG3 et LG6**

Ces QTLs sont communs aux essais menés en conditions contrôlées et en plein champ. Ce résultat montre que 1/ les essais en conditions contrôlées reflètent en partie les observations terrains, 2/ les gènes de résistance jouent un rôle important dans l'interaction avec le champignon et sont peu soumis à l'environnement.



**Tableau 1** : Récapitulatif des QTLs identifiés à partir des notations en conditions contrôlées (DRin) et en plein champ (DRout), moyennées (M) ou non (Bloc1, Bloc2, Bloc3) et selon différentes expérimentations (DRin + N° d'expérimentation) ou différentes années (2012, 2013). Les degrés de significativité sont indiqués par un code couleur.

	LG1	LG2	LG3	LG4	LG5	LG6	LG7
DRinM3			■		■	■	
DRB1in4			■	■	■		
DRB2in4							
DRinM5	■	■		■		■	
DRinM6			■		■	■	■
DRinM7			■		■		
DRinM8					■		
DRinM9	■		■		■	■	
DRout12M_A					■	■	
DRout12M_B		■	■				
DR12B1out_D	■		■		■		
DR12B2out_D			■	■	■	■	
DR12B3out_D			■	■	■	■	
DRout13M_B			■		■		
DRout13M_D			■		■		
DRout13M_A			■		■	■	
PPqual13_A			■				
PPquant13_A			■				



**Figure 5** : Carte génétique de la population HW sur laquelle a été positionné l'ensemble des QTLs identifiés à l'aide de la fonction Kruskal-Wallis (logiciel MapQTL).

● : QTLs obtenus d'après les notations en infections contrôlées (le chiffre correspond au N° de l'expérimentation)  
 ● ● ● : QTLs obtenus d'après les notations en champ (rouge : Angers ; vert : Bellegarde ; bleu : Diémoz) – le nombre correspond à l'année de notation (12 pour 2012 et 13 pour 2013)

L'obtention récente de la séquence du génome du rosier devrait permettre de renseigner la présence de gènes de résistance au niveau de ces QTLs. Néanmoins, des analyses plus poussées devront être menées pour identifier le gène et/ou la séquence responsable des interactions mises en évidence dans ce projet.

Sur les LG5 et LG6, les analyses montrent que les différences observées entre individus sont dues aux différents allèles portés par le parent mâle. Pour le LG3, on observe plutôt que l'interaction entre un allèle femelle et un allèle mâle provoque un plus fort niveau de sensibilité. Le parent mâle *Rosa wichurana* est connu pour présenter un niveau de résistance important ; confirmé aussi par les analyses de caractérisation des ressources génétiques du projet (population HW et variétés témoins) en conditions contrôlées et par les données collectées en plein champ par Byrne et al (2009) ou sur feuilles détachées (Allum et al., 2010).

Jusqu'à présent les gènes de résistance identifiés sont essentiellement issus d'un fond génétique *Rosa multiflora* et ont montré un déterminisme avec des gènes majeurs Rdr1 à 3 (Malek et Debener, 1998; Hattendorf et al., 2004; Whitaker et al., 2010) avec un seul gène responsable de la sensibilité/résistance en interaction avec un gène de virulence du pathogène ou QTLs ((Whitaker et Hokanson, 2009).

Les résultats obtenus dans ce travail montrent l'existence d'une autre source de résistance multigénique issue de *Rosa wichurana*. Il serait donc intéressant de pouvoir introgresser cette résistance dans des programmes de sélection bien que ce type de schéma se heurte à deux obstacles 1/ le niveau de ploïdie (diploïde pour *Rosa wichurana* et tétraploïdes pour les rosiers modernes) et 2/ le cumul de plusieurs QTLs dans un hybride qui peut nécessiter plusieurs croisements successifs.

Concernant l'oïdium, un seul locus de résistance a été identifié sur le LG3. Les données génétiques de résistance ont montré soit la présence d'un gène de résistance majeur (Linde et al., 2006) ou partielle (Xu et al., 2005; 2007; Moghaddam et al., 2012).

Pour confirmer ou approfondir ces résultats, nous avons poursuivi en 2014 les notations terrain (Master 2 Amandine Leclere) ; de plus, un travail important doit être mené sur les données d'intérêt produites dans le cadre de ce projet : notamment, en transformant les données de phénotypage pour obtenir des distributions normales permettant de faire des analyses statistiques avec des tests paramétriques.

#### Références bibliographiques :

- Allum J.F., Bringloe D.H., Roberts A.V., 2010. Interactions of four pathotypes of *Diplocarpon rosae* with species and hybrids of *Rosa*. *Plant Pathology* 59, 516-522.
- Biber A., Kaufmann H., Linde M., Spiller M., Terefe D., Debener T., 2010. Molecular markers from a BAC contig spanning the Rdr1 locus: a tool for marker-assisted selection in roses. *Theoretical and Applied Genetics* 120, 765-773.
- Byrne D.H., Anderson N., Orwat M., Soules V., 2010. Field assessment of black spot resistance in roses in a hot humid climate. *Acta Horticulturae*, 870, 115-120.
- Debener T., Byrne D.H., 2014. Disease resistance breeding in rose: Current status and potential of biotechnological tools. *Plant Science* 228, 107-117.
- Hattendorf A., Linde M., Mattiesch L., Debener T., Kaufmann H., 2004. Genetic analysis of rose resistance genes and their localisation in the rose genome. *Acta Horticulturae*, 651, 123-130.
- Hibrand-Saint Oyant L., Crespel L., Rajapakse S., Zhang L., Foucher F., 2008. Genetic linkage maps of rose constructed with new microsatellite markers and locating QTL controlling flowering traits. *Tree Genetics and Genomes* 4, 11-23.
- Linde M., Debener T., 2003. Isolation and identification of eight races of powdery mildew of roses (*Podosphaera pannosa*) (Wallr.: Fr.) de Bary and the genetic analysis of the resistance gene Rpp1. *Theoretical and Applied Genetics* 107, 256-262.

- Linde M., Hattendorf A., Kaufmann H., Debener T., 2006. Powdery mildew resistance in roses: QTL mapping in different environments using selective genotyping. *Theoretical and Applied Genetics* 113, 1081-1092.
- Malek B.v., Debener T., 1998. Genetic analysis of resistance to blackspot (*Diplocarpon rosae*) in tetraploid roses. *Theoretical and Applied Genetics* 96, 228-231.
- Moghaddam H.H., Leus L., Riek J.d., Huylensbroeck J.v., Bockstaele E.v., 2012. Construction of a genetic linkage map with SSR, AFLP and morphological markers to locate QTLs controlling pathotype-specific powdery mildew resistance in diploid roses. *Euphytica* 184, 413-427.
- Remay A., Lalanne D., Thouroude T., le Couviour F., Hibrand-Saint Oyant L., Foucher F., 2009. A survey of flowering genes reveals the role of gibberellins in floral control in rose. *Theoretical and Applied Genetics* 119, 767-781.
- Roman H., Rapicault M., Miclot A.S., Larenaudie M., Kawamura K., Thouroude T., Chastellier A., Lemarquand A., Dupuis F., Foucher F., Loustau S., Hibrand-Saint Oyant L., 2015. Genetic analysis of the flowering date and number of petals in rose. *Tree Genetics & Genomes* 11, 1-13.
- Shupert D.A., 2005. Inheritance of flower, stem, leaf and disease traits in three diploid interspecific rose populations. thesis of Texas A&M University 1-52. Available electronically from <http://hdl.handle.net/1969.1/4450>.
- Tjosvold S.A., Koike S.T., 2001. Evaluation of reduced risk and other biorational fungicides on the control of powdery mildew on greenhouse roses. In: Zieslin, N., Agbaria, H. (Eds.), *Acta Horticulturae*, 547, 59-67.
- Van Ooijen J.W., 2004. MAPQTL® 5.0 software for the mapping of quantitative trait loci in experimental populations. Plant Research international, Wageningen.
- Van Ooijen J.W., 2006. JoinMap® 4.0 software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations. Plant Research international, Wageningen.
- Whitaker V.M., Bradeen J.M., Debener T., Biber A., Hokanson S.C., 2010. Rdr3, a novel locus conferring black spot disease resistance in tetraploid rose: genetic analysis, LRR profiling, and SCAR marker development. *Theoretical and Applied Genetics* 120, 573-585.
- Whitaker V.M., Hokanson S.C., 2009. Partial resistance to black spot disease in diploid and tetraploid roses: general combining ability and implications for breeding and selection. *Euphytica* 169, 421-429.
- Xu Q., Wen X., Deng X., 2005. Isolation of TIR and nonTIR NBS-LRR resistance gene analogues and identification of molecular markers linked to a powdery mildew resistance locus in chestnut rose (*Rosa roxburghii* Tratt). *Theoretical and Applied Genetics* 111, 819-830.
- Xu Q., Wen X., Deng X., 2007. Cloning of two classes of PR genes and the development of SNAP markers for powdery mildew resistance loci in chestnut rose (*Rosa roxburghii* Tratt). *Molecular Breeding* 19, 179-191.

Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY-NC-ND 3.0)



<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/3.0/fr/>

Pour la citation et la reproduction de cet article, mentionner obligatoirement le titre de l'article, le nom de tous les auteurs, la mention de sa publication dans la revue « Innovations Agronomiques », la date de sa publication, et son URL)