



## Doctoral Thesis

# **Genetic determinism of *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* resistance and agronomic traits in apricot, and applications in marker-assisted selection**

**Author(s):**

Socquet-Juglard, Didier

**Publication Date:**

2012

**Permanent Link:**

<https://doi.org/10.3929/ethz-a-007620646> →

**Rights / License:**

[In Copyright - Non-Commercial Use Permitted](#) →

This page was generated automatically upon download from the [ETH Zurich Research Collection](#). For more information please consult the [Terms of use](#).

DISS. ETH Nr. 20814

**Genetic determinism of *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* resistance and agronomic traits in apricot, and applications in marker-assisted selection**

A dissertation submitted to  
ETH ZURICH

For the degree of  
Doctor of Sciences

Presented by  
Didier SOCQUET-JUGLARD  
M.Sc Agrar, Berlin, Germany

Born August 22<sup>nd</sup>, 1984  
Citizen of France

Accepted on the recommendation of

Prof. Dr. Cesare Gessler, examiner  
Prof. Dr. Bruce McDonald, co-examiner  
Dr. Andrea Patocchi, co-examiner

2012

## Abstract

Apricot (*Prunus armeniaca* L.) breeding mainly relies on classical techniques, which are time-consuming and expensive. Many important agronomical traits are polygenic and remain poorly understood in this crop. The aim of this thesis was to study the genetic control of key traits in apricot, with a great emphasis on the genetics of the host resistance to *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*. Indeed, *X. arboricola* pv. *pruni* is a devastating bacterial disease recently identified in Switzerland. Because a polygenic resistance to the disease was expected, different inoculation techniques were tested and compared for their potential to allow a quantitative assessment of the disease symptoms and for the reproducibility of the results. Dipping the plants into the inoculum appeared to be the best technique to score quantitative traits such as disease incidence or disease severity. This technique was tested on several apricot cultivars for resistance or susceptibility to the pathogen. Results obtained were similar to what was previously observed in the field, although disease severity was higher in all cases under greenhouse conditions.

In a second phase, 101 progeny plants obtained from a cross between the apricot cultivars “Harostar” and “Rouge de Mauves” were used to construct the genetic linkage maps of both parents. Replicates from each genotype were inoculated over two consecutive years following the protocol previously set, and plants were evaluated at 42 days post inoculation for disease incidence and resistance index. Quantitative trait loci (QTLs) involved in resistance against the pathogen were mapped with both year datasets combined. One major QTL was identified on LG5 of “Rouge de Mauves”, explaining up to 53% of the phenotypic variation, with one microsatellite marker near the peak of the QTL and two flanking markers identified. With the availability of both parental linkage maps, we further mapped QTLs for traits measured in field over one or two years of observation. Most important and stable QTLs over both years were identified for tree shape on LG1 and LG5 of “Rouge de Mauves”, for fruit form on LG3 of “Harostar”, and for ground color on LG3 and LG7 of “Harostar”. Time to initial reproductive bud break was measured only over one year, and two QTLs were detected on LG1 and LG4 of “Harostar”. Confirmation of the QTLs identified in this thesis in different genetic backgrounds will permit to ensure their potential for marker-assisted selection.

For a broader understanding of the plant defense mechanisms in *Prunus* plants infected by *X. arboricola* pv. *pruni*, we used whole transcriptome sequencing (RNA-seq) to analyze differential gene expression at 2 and 12 hours post inoculation of inoculated peach leaf samples by comparison to their respective controls. Although only one putative gene was identified in the confidence interval of the QTL previously mapped on LG5, differentially expressed genes involved in basal defense, disease resistance, but also in photosynthesis, cell wall reorganization or in signaling pathways were identified. This work is a first study of plant defense responses in a *Prunus* crop using RNA-seq.

## Résumé

La sélection de l'abricotier (*Prunus armeniaca* L.) s'appuie principalement sur des techniques classiques, qui demandent beaucoup de temps et qui sont onéreuses. De nombreux caractères agronomiques sont polygéniques et très peu ont été étudiés chez l'abricotier. L'objectif de cette thèse était donc d'étudier le contrôle génétique de caractères clés chez l'abricotier, avec un accent sur la résistance de la plante hôte au pathogène *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*. Cette bactérie provoque une maladie dévastatrice et a été récemment identifiée en Suisse. Une résistance polygénique à la bactérie étant présumée, différentes techniques d'inoculation ont été testées ; leur potentiel à induire des symptômes pouvant être évalués de manière quantitative a été comparé en tenant compte de la reproductibilité des résultats. Plonger les plantes directement dans la solution d'inoculum est la technique qui est apparue comme étant la plus appropriée pour évaluer des caractères quantitatifs tels que l'incidence ou la sévérité de la maladie. Cette technique a été testée sur différentes variétés d'abricotier pour tester leur résistance ou leur sensibilité à la maladie. Les résultats obtenus ont été semblables à ce qui avait été précédemment rapporté en verger, malgré le fait que la sévérité de la maladie était dans tous les cas beaucoup plus importante sous serre.

Dans un second temps, 101 hybrides obtenus d'un croisement entre les variétés d'abricotier « Harostar » et « Rouge de Mauves » ont été utilisés pour construire la carte de liaison génétique de chacun des deux parents. Des clones de chaque génotype ont été inoculés lors de deux années consécutives en suivant le protocole d'inoculation précédemment établi, et les plantes ont été évaluées 42 jours après l'inoculation pour l'incidence de la maladie et pour l'indice de résistance. Des locus de caractères quantitatifs (QTLs) contribuant à la résistance à la maladie ont été cartographiés en utilisant les données des deux années combinées. Un QTL majeur a été identifié sur le groupe de liaison 5 (GL5) de « Rouge de Mauves », expliquant jusqu'à 53% de la variance phénotypique, et un marqueur microsatellite proche du pic du QTL ainsi que deux marqueurs flanquant le QTL ont été détectés. Les cartes de liaison génétique de chaque parent étant disponibles, des QTLs impliqués dans des caractères mesurés en verger ont été mesurés sur une ou deux années. Les principaux QTLs cartographiés montrant une stabilité avec les années ont contribué à la forme de l'arbre (sur GL1 et GL5 de « Rouge de Mauves »), à la forme du fruit (sur GL3 de « Harostar »), et à la couleur du fruit (sur GL3 et GL7 de « Harostar »). Le temps d'initiation du débournement des bourgeons inflorescenciels a été évalué seulement sur une année, et deux QTLs ont été détectés sur GL1 et GL4 de « Harostar ». La confirmation des QTLs identifiés dans cette thèse dans un patrimoine génétique différent permettra de s'assurer de leur potentiel d'utilisation dans un programme de sélection assistée par marqueurs.

Afin d'obtenir une meilleure compréhension des mécanismes de défense de la plante infectée par *X. arboricola* pv. *pruni*, nous avons utilisé une technique de séquençage du transcriptome (ARN-

seq) pour analyser l'expression différentielle des gènes dans des échantillons de feuilles de pêcher inoculées par comparaison à leurs contrôles respectifs, à 2h et 12h après inoculation. Même si un seul gène putatif a été identifié dans l'intervalle de confiance du QTL cartographié précédemment sur GL5, de nombreux autres gènes différentiellement exprimés ont été identifiés, les plus intéressants étant impliqués dans des mécanismes de défense basale, dans la résistance aux pathogènes, dans la photosynthèse, dans la réorganisation de la paroi cellulaire ou dans les voies de signalisation de la résistance. Ce travail est la première étude des mécanismes de défense d'une plante appartenant au genre *Prunus* en utilisant la technique de l'ARN-seq.