

# AVIS DE SOUTENANCE DE THÈSE

DOCTORAT (Arrêté du 26 août 2022 modifiant l'arrêté du 25 mai 2016)

## Madame Laurine LAMBELIN

candidate au diplôme de Doctorat de l'Université d'Angers, est autorisée à soutenir publiquement sa thèse

**le 12/12/2024 à 14h00**

**Faculté des Sciences**

**AMPHI L003**

**2, boulevard Lavoisier**

**49045 ANGERS Cedex 01**

sur le sujet suivant :

### **Identification de gènes candidats dans la résistance quantitative du rosier à la maladie des taches noires causée par le champignon *Diplocarpon rosae***

Directeur de thèse : **Monsieur Fabrice FOUCHER**

Composition du jury :

Monsieur Fabrice FOUCHER, Directeur de Recherche INRAE Pays de la Loire, Directeur de thèse

Monsieur Antoine GRAVOT, Professeur des Universités Université de Rennes, Rapporteur

Monsieur Thomas GUILLEMETTE, Professeur des Universités Université d'Angers, Examinateur

Madame Leen LEUS, Senior Scientist ILVO, Belgique, Examinatrice

Madame Sophie PAILLARD, Chargée de recherche INRAE Pays de la Loire, Co-directrice de thèse

Madame Camille RUSTENHOLZ, Directrice de Recherche INRAE Université de Strasbourg, Rapportrice

Madame Vanessa SOUFFLET-FRESLON, Maîtresse de Conférences Institut Agro Angers, Co-encadrante

Madame Lucile TONIUTTI, Chargée de recherche CIRAD Guadeloupe, Examinateur

### **Résumé de la thèse**

La maladie des taches noires, causée par le champignon *Diplocarpon rosae*, est l'une des principales maladies foliaires des rosiers de jardin. Les cultivars résistants constituent une alternative efficace à l'utilisation de fongicides, mais les bases génétiques de la résistance ne sont pas bien connues. Pourtant, la compréhension des mécanismes sous-jacents est essentielle pour un déploiement efficace et durable des cultivars résistants. Un hybride de *Rosa wichurana* (RW) présente une résistance quantitative à la maladie des taches noires. L'analyse d'une descendance F1 issue d'un croisement entre le cultivar sensible *Rosa chinensis* 'Old Blush' et RW a montré que sa résistance résulte principalement de deux loci de traits quantitatifs (QTL), situés sur les groupes de liaison 3 (QTL B3) et 5 (QTL B5). Les objectifs de cette thèse étaient de caractériser les mécanismes moléculaires associés à ces QTL et d'identifier des gènes candidats potentiels. Ainsi, le séquençage de l'ARN a été effectué sur RW et quatre individus F1 présentant différentes combinaisons de QTL (B3, B5 ou les deux). Le QTL B3 était associé à des mécanismes de résistance « classiques », impliquant la détection de l'agent pathogène et des cascades de signalisation conduisant à la production de ROS, au dépôt de callose et à une mort cellulaire localisée. En revanche, les individus possédant le QTL B5 partageaient peu de gènes différentiellement exprimés, ce qui rendait difficile de faire un lien avec des mécanismes globaux. L'expansion de la descendance F1 et son génotypage avec des marqueurs KASP ont permis d'affiner les intervalles de confiance des QTL et d'identifier deux QTL distincts sur le groupe de liaison 5. L'examen des gènes dans les intervalles de confiance des QTL a révélé des gènes hémizygotes et des gènes avec des variants génomiques, représentant des candidats intéressants pour la résistance à la maladie des taches noires. Cette étude constitue une première étape vers le clonage des gènes sous-jacents aux QTL de résistance et l'identification de marqueurs moléculaires utilisables en sélection variétale de rosiers de jardin.