



HAL
open science

La route des roses

Laurence Hibrand

► **To cite this version:**

Laurence Hibrand. La route des roses. Amélioration des plantes. Université d' Angers, 2019. tel-03140350

HAL Id: tel-03140350

<https://univ-angers.hal.science/tel-03140350>

Submitted on 17 Feb 2021

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.

Université d'Angers

Dossier pour l'obtention du diplôme d'

HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES

Laurence HIBRAND-SAINT OYANT

Ingénieur de Recherche

La route des roses

Centre de recherche Angers-Nantes

IRHS-Institut de Recherche en Horticulture et Semences
UMR1345 (INRA/Agrocampus-ouest/Université d'Angers)

Equipe GDO

<http://www6.angers-nantes.inra.fr/irhs/Recherche/GDO>

Tél. : +33 1 (0)2 41 22 57 95

Fax : +33 1 (0)2 41 22 56 05

42 rue Georges Morel BP 60057

49 071 Beaucouzé Cedex

France

www.inra.fr



Le 04 Octobre, 2019

Devant le jury

Prof Philippe Simoneau, président du Jury

Dr Thierry Candresse, INRA Centre de Bordeaux, rapporteur

Prof Sylvie Baudino, Université St Etienne, rapporteur

Dr Elisabeth Chevreau, INRA Centre Angers-Nantes, rapporteur

Dr Fabrice Foucher, INRA Centre Angers-Nantes, examinateur

Qui trouvera la variété en photo ?

Comme Anne Sylvestre, j'aime les gens qui doutent

CURRICULUM VITAE

HIBRAND-SAINT OYANT Laurence

Née le : **30/11/1964 à Bergerac,**

Adresse professionnelle : **IRHS, INRA, Agrocampus-Ouest, Université d'Angers, SFR 4207 QuaSaV, 49071, Beaucouzé, France**

Tél : **+33 241 225 795**

E-mail : **laurence.hibrand-saint-oyant@inra.fr**

Expérience professionnelle

- Depuis 2012 : Ingénieur de Recherche Equipe **GDO (Déterminisme Génétique et Diversité des plantes Ornementales)**, IRHS, Centre INRA Angers-Nantes – projet “Déterminisme génétique de caractères architecturaux”
- 2001 – 2011 : Ingénieur de Recherche : Équipe **Architecture du rosier**, UMR GenHort – Génétique et Horticulture, Centre INRA Angers-Nantes – projet “Déterminisme génétique de caractères architecturaux”
- 1998 – 2001 : Post-doctorat (1998-1999) et Chargée de Recherche (1999-2001) / Project CEE-FAIR CT96-1339, INRA Tours - “Protection Active et passive des porcelets contre les infections virales respiratoires et entériques”
- 1992 – 1996 : Maître de conférences, Université de Limoges, collaboration INRA Jouy-en-Josas
- 1988 – 1992 : Doctorat - INRA Université Bordeaux II

Formation

1992 : Doctorat de l'université Bordeaux II.

1987 : Master 2- Université de Bordeaux II.

SOMMAIRE

PREAMBULE.....	7
A - Le contexte	11
B - Les interlocuteurs – collaborateurs	12
C – Résumé des activités et résultats de recherche sur le modèle Rosier	17
1 - CREATION ET INSTALLATION DE MATERIEL VEGETAL :	
2 - ETUDES DU DETERMINISME GENETIQUE :	
2.1 Focus sur le caractère nombre de pétales	
2.2 Focus sur le caractère Résistance à la maladie de la tache noire	
3-Mise en place d'un protocole de transformation génétique du Rosier :	
D - Description de l'expérience de l'encadrement et/ou l'animation d'une recherche (simplifiée avant 2010 – détaillée après 2010).....	44
1 - ACTIVITES ENCADREMENT :	
2 - EXPERTISE	
2.1 Responsable d'un plateau technique au sein de la SFR Quasav.	
2.2 Représentation et participation à des instances	
2.3 Referees et expertise projets	
3 - GESTION ET PARTICIPATION A DIFFERENTS PROJETS	
E - Réflexion sur la prospective précisant vos projets notamment en matière de recherche et de perspective de carrière.....	56
1 - FINALISATION DES ETUDES DE DETERMINISME GENETIQUE	
2 - POURSUITE DU PROJET SUR L'ETUDE DE LA RESISTANCE/SENSIBILITE A LA MALADIE DES TACHES NOIRES	
3 - TRANSFERT DE MES COMPETENCES SUR D'AUTRES ORNEMENTALES	
F – Publications.....	60

Liste des figures et tableaux

Tableau 1 : Composition de l'équipe IRHS-GDO.

Tableau 2 : Etude du déterminisme génétique de caractères d'intérêt du rosier sur différentes populations F1 diploïdes.

Tableau 3 : Carte génétique haute densité SNP obtenue sur la population OW.

Tableau 4 : Note moyenne d'infection obtenue dans le test en conditions contrôlées.

Tableau 5 : Récapitule les publications de transformation génétique

Tableau 6 : Répartition des encadrements selon mes principales activités de recherche

Tableau 7 : Présentation des instances dans lesquelles j'ai été ou je suis représentante

Figure 1 : Etapes de la multiplication et du maintien du matériel végétal

Figure 2 : Carte consensus Rosier obtenue par intégration de trois cartes génétiques de populations diploïdes (Spiller et al. 2011).

Figure 3 : Représentation schématique de QTL et gènes majeurs

Figure 4 : Analyse du caractère nombre de pétales

Figure 5 : Validation des marqueurs SNP pour le caractère "nombre de pétales".

Figure 6 : Modèle de l'implication de l'allèle euAP2-miR172 résistant d'après François et al. 2018.

Figure 7 : Poster sur les différentes maladies du rosier.

Figure 8 : Arbre phylogénétique des 77 monoconidies de *Diplocarpon rosae*

Figure 9 : Différentes étapes du protocole de transformation génétique du rosier

Figure 10 : Schéma d'analyse de gènes différentiellement exprimés entre les tissus de plants de *Yucca panachés*

Figure 10 : Comparaison des phénotypes de pélargonium non transformés et transformés par le gène *RoDELLA*.

Figure 11 : Transformation de *Rosa* RED INTUITION® ('Delstriro') par le gène *RoKSN*.

Figure 12 : Plantes transformées par le gène *RoFT*.

Figure 13 : Représentation schématique des mots-clés autour de l'encadrement.

Figure 14 : Histogramme des positions actuelles des étudiants.

Figure 15 : Schéma d'analyse de gènes différentiellement exprimés entre les tissus de plants de *Yucca panachés*.

Préambule

Ce rapport présentera les activités scientifiques que j'ai exercées dans l'unité d'Amélioration des espèces fruitières et ornementales d'Angers (2001-2004), devenue ensuite UMR GenHort (2004-2012) puis intégrée au sein de l'IRHS (Institut de recherche en horticulture et semences) (2012 - à ce jour) sur le modèle du rosier.

Néanmoins, je résume ci-dessous les activités que j'ai exercées depuis mon doctorat jusqu'à mon intégration sur le centre INRA Angers-Nantes :

Doctorat Université de Bordeaux II (1992) : Au cours de mon D.E.A. et de mon doctorat effectués au Laboratoire de Virologie (Station de Pathologie Végétale - INRA Villenave d'Ornon), sous la direction de Thierry Candresse, j'ai participé à l'étude d'un népovirus, le virus de la mosaïque chromée de la vigne (GCMV : Grapevine Chrome Mosaic Virus). Ce virus possède un génome bipartite qui en fait un bon modèle d'études pour la stratégie d'expression des protéines virales et pour la mise en évidence des régions responsables du pouvoir pathogène. J'ai participé au séquençage de l'ARN2 (2400b) de ce virus et j'ai contribué au cours de mon doctorat à l'étude de l'expression et de la maturation des polyprotéines codées par les deux ARNs de ce virus en créant des anticorps spécifiques de chaque protéine mature. Ces anticorps ont permis d'étudier l'expression et la maturation des polyprotéines *in vivo* et dans un système de traduction *in vitro*. Pour étudier le rôle de ces intermédiaires de maturation et définir la (ou les) séquences(s) responsable(s) du pouvoir pathogène, il était nécessaire d'obtenir des transcrits infectieux de chacun des ARNs et des plantes transgéniques exprimant l'une des particules virales comme plante hôte aux transcrits infectieux. Les résultats ont permis de montrer les intermédiaires de maturation et les protéines maturées dans les deux systèmes d'expression. J'ai réalisé des plantes transgéniques transformées avec l'ADNc de l'ARN2 du GCMV ; néanmoins, l'expression de l'ARN viral n'a jamais pu être montrée. Ce travail a donné lieu à trois publications (Le Gall et al. 1988; Brault et al. 1989; Hibrand et al. 1992).

Maître de Conférences (1992-1996) : En Octobre 1992, j'ai obtenu un poste de Maître de Conférence à la faculté de Sciences de Limoges. Mon activité de recherche, au sein du laboratoire de Biochimie de la faculté de Sciences de Limoges, a consisté à étudier les bases moléculaires de la sensibilité à la colibacillose (souche K88) dans l'espèce porcine (dans laquelle co-existent des individus sensibles et résistants), modèle d'étude pour les colibacilloses humaines. Plusieurs hypothèses ont été abordées à travers l'encadrement d'étudiants (M2 (1994) et co-encadrement de deux doctorants (1992-1995 et 1994-1997)). Ce travail a permis de localiser un gène candidat sur le chromosome 13 du génome porcine (β -galactosidase α 2,6sialyltransferase)(Hibrand-Saint Oyant et al. 1997) à partir d'une banque YAC présente au sein du laboratoire de radiologie appliquée de l'INRA de Jouy-en-Josas où j'ai effectué mon activité de recherche 1995-1996.

Dans le même temps j'ai effectué mon activité d'enseignements en créant et en assurant différents cours magistraux, TP et TD de Virologie, Biochimie et Biologie du développement.

Entre 1996 et 1998, j'ai choisi de me mettre en détachement pour suivi de conjoint.

Stage post-doctoral en détachement (1998-1999) puis CR2 (1999-2001) : J'ai été recrutée en post-doctorat au Laboratoire Lymphocytes et Immunité des muqueuses, Station de Pathologies infectieuses et Immunologie, INRA de Nouzilly, sur un projet CEE-FAIR3-CT96-1339 qui visait à créer des vaccins à « double détente » chez les porcelets. L'objectif de ce projet était de développer de nouveaux vaccins en aérosol à même d'induire une réponse immunitaire mucoale (de type IgA) et pour remplacer les vaccins systémiques induisant une réponse immunitaire de type IgG. Notre participation consistait à étudier une souche mutante de *Bordetella bronchiseptica* ayant perdu sa capacité hémolytique mais à même de déclencher une réponse immunogène contre l'hémagglutinine filamenteuse (FHA), qui participe à l'adhésion des bactéries sur les cellules épithéliales nasales. Le projet consistait à obtenir des vecteurs bactériens ou viraux capables dans un premier temps d'exprimer des anticorps protecteurs et dans un second temps, d'exprimer des déterminants antigéniques à même de déclencher la réponse immunitaire mucoale. Les tests

d'adhésion ont été réalisés *in vitro* et *in vivo*. Ce travail a permis de montrer que la souche de *B. bronchiseptica* mutée possède des capacités d'adhésion mais n'est pas capable d'induire une réponse immunitaire mucoale contrairement à la bactérie sauvage ; il est difficile de prévoir si ce type de bactéries pourra faire un bon vecteur immunitaire ou non. Suite à ce post-doctorat, des travaux ont été menés pour cloner des antigènes dans ce type de vecteur mais n'ont pas abouti, à ce jour, à un nouveau type de vaccin. Au cours de ce projet j'ai encadré trois stagiaires M1 et un stagiaire M2. Ce travail a donné lieu à une publication (Tanneau et al. 1999).

En 2001, j'ai postulé, en détachement de l'enseignement supérieur, sur un poste d'ingénieur de recherche sur un projet concernant l'étude de l'architecture du rosier à l'INRA d'Angers. En 2004, j'ai fait une demande d'intégration à l'INRA qui a été acceptée.

Ce rapport présente les objectifs ciblés, les résultats obtenus et l'évolution du projet au fil du temps sur le modèle Rosier. Mes activités ont essentiellement consisté à étudier le déterminisme génétique de caractères d'intérêt chez le rosier et pour ce faire, à développer des outils biotechnologiques et à favoriser leur utilisation dans les objectifs de l'unité.

A - Le contexte

J'ai été recrutée en Septembre 2001, sur un poste IR2 à l'INRA d'Angers au sein de l'unité d'Amélioration des espèces fruitières et Ornementales (groupe ornement) dirigée par Yves Lespinasse par détachement de l'INRA de Tours. Ce recrutement consistait à mettre en place un nouveau programme sur l'étude du déterminisme génétique de l'Architecture du Rosier.

Pourquoi le rosier ? Le rosier, parfois appelé églantier, forme le genre *Rosa* et fait partie de la famille des *Rosaceae*, au même titre que le pommier, le poirier et le fraisier. Le rosier occupe une place importante au sein de la filière ornementale française et représente sur le marché des fleurs coupées un total d'environ 300 millions d'euros en 2015 (soit 57% des dépenses) et sur les végétaux d'extérieur, un total de 80 millions d'euros (soit 9% des dépenses). Cette plante pérenne peut se multiplier par voie végétative (boutures, marcottage) ou par voie sexuée (avec néanmoins des incompatibilités au croisement entre certains génotypes et des difficultés à réaliser des autofécondations). Le rosier est une plante hétérozygote et polyploïde, avec un nombre chromosomique de base de 7, dont la numération chromosomique peut aller de $2n = 2x, 3x, 4x, 5x, 6x, 8x$ et jusqu'à $10x$.

Le rosier constitue un bon modèle pour l'étude des plantes et en particulier des ornementales de par la grande variabilité de ces caractères phénotypiques (couleur, parfum, architecture, floribondité, remontée de floraison, sensibilité/résistance aux maladies etc...). La filière rosier est représentée par des obtenteurs (souvent des petites structures familiales et environ une dizaine en France) et des producteurs qui multiplient les obtentions. Cette structuration crée un écart entre le monde de la production et de la recherche sur ce genre. Au cours de ces quelques 20 années de recherche sur ce modèle, les différents acteurs ont œuvré pour se rapprocher, améliorer les connaissances et les outils de caractérisation. Dans ce rapport, j'espère pouvoir montrer comment nous avons participé à cet effort.

Lors de mon arrivée, un technicien de recherche (David Lalanne) était affecté sur ce sujet. Un chargé de recherche a été recruté et est arrivé sur ce sujet en Janvier 2003 (Fabrice Foucher). En 2004, l'UMR GenHort a été créée sous la direction

d'Elisabeth Chevreau (environ 80 personnes) et mon activité se situait dans le groupe Ornement animé par Véronique Kapusta. Pour développer les activités de culture *in vitro* du Rosier, un technicien a été mis à disposition à raison d'un quart de son temps et un recrutement de technicien en expérimentation végétale a été fait en 2005 (Tatiana Thouroude). Dans le même temps, Alix Pernet (IR INRA) a développé un projet d'étude de la diversité du genre *Rosa*.

En 2012, l'IRHS a été créé sous la direction de Jean Pierre Renou et mon activité a été rattachée à l'équipe GDO (Génétique et Diversité des plantes ornementales) sous la direction de Fabrice Foucher (DR INRA) et la co-direction d'Agnès Grapin (MCF Agrocampus Ouest). Cette unité d'environ 250 personnes comprend 13 équipes de recherche. L'équipe GDO est composée d'environ 20 personnes (1 Directeur de Recherche, 1 chargée de recherche recrutée en 2019, 4 Maîtres de Conférences, 3 Ingénieurs de Recherche, 1 Ingénieur d'études, 1 Assistant Ingénieur, 6 Techniciens de Recherche, 3 à 4 CDD, thésards, stagiaires).

De plus, j'étais membre, jusqu'en septembre 2017, du comité de direction de la SFR QUASAV (Qualité et Santé du Végétal) 149, en tant que responsable scientifique d'un plateau technique mutualisé (PTM ANAN : analyse des acides nucléiques). Cette SFR regroupe 10 unités dont l'IRHS, fédère 360 personnes et se réunit une fois par mois. Entre 2008 (date de création de cette SFR) et 2016, cette SFR était dirigée par Philippe Simoneau et co-dirigée par Elisabeth Chevreau ; en 2016, l'équipe de direction a été remplacée par Marie-Agnès Jacques et Thomas Guillemette.

B - Les interlocuteurs – collaborateurs

Mes projets de recherche ont été et sont menés en collaboration étroite avec :

Les membres de l'équipe GDO (tableau 1) :

- F. Foucher pour la conduite des projets, le co-encadrement des étudiants, la valorisation et les perspectives
- L. Hamama (et Noëlle Dorion départ à la retraite en 2009) avec qui nous avons créé un groupe autour de la culture *in vitro* et la transformation génétique des ornementales dans le cadre de l'UMR GenHort
- V. Soufflet-Freslon avec qui je collabore, depuis 2013 (date de son recrutement en tant que maître de conférences d'AgroCampusOuest), pour le développement de

projets sur les maladies du rosier et la valorisation des résultats

- Depuis son recrutement en 2019, Sophie Paillard : nous travaillons sur la séquence du champignon responsable de la maladie de la tache noire du rosier et la caractérisation de duplications au sein du génome
- Encadrement et co-encadrement de permanents et stagiaires, doctorants, post-doctorants (cf. paragraphe expérience d'encadrement)

Le PTM ANAN de la SFR QUASAV

- M. Bahut Assistant ingénieur, responsable technique du PTM ANAN : Lors de son arrivée par mobilité au sein de l'université d'Angers, j'ai encadré Muriel Bahut en tant que responsable scientifique du PTM ANAN créé en 2008 lors de la création de la SFR Quasav.
- S. Balzergue IR INRA, responsable scientifique du PTM ANAN depuis 2017. En 2017, du fait de nombreux encadrements de doctorants et stagiaires, j'ai souhaité me désengager de la responsabilité scientifique du PTM ANAN – de plus, cela faisait presque 10 ans que j'assurais cette responsabilité et il me semblait nécessaire pour le dynamisme du plateau de renouveler le responsable. Depuis cette date, je suis responsable des projets autour des marqueurs moléculaires sur ce plateau et donc en relation avec M. Bahut et S. Balzergue.

Les membres d'autres structures académiques au niveau national

- L'équipe ArchE-IRHS : L. Crespel dans le cadre du co-encadrement d'une thèse C. Li Marchetti (2013-2016), N. Leduc (LabCOM Match)
- L'équipe Ecofun-IRHS : B. Le Cam et C. Lemaire dans le cadre de la création d'une collection de champignon *Diplocarpon rosae*, du séquençage de deux souches de champignon et de la mise au point d'un pathotest en conditions contrôlées.
- L'équipe-ImHorPhen-IRHS pour la création, la multiplication et le maintien des plantes en serre, le développement des tests en conditions contrôlées et le maintien des plantes transformées en serre S2.
- Unité Expérimentale « Horticulture » pour l'installation et le maintien des collections de rosiers.
- L'université de Saint-Etienne : dans le cadre du projet ANR Rosascent (2017-2020) : S. Baudino et J.C. Caissard.
- L'ENS Lyon (équipe RDP) dans le cadre des projets

- CTPS 2007-2010 et GENIUS 2012-2019 sur l'amélioration de la transformation génétique du rosier (Ph Vergne)
- ANR-DODO (double dominant) sur l'étude du gène majeur de la duplication de la rose (A. Dubois)
- L'INRA de Clermont Ferrand (unité GDEC) : avec la plateforme Gentyane (C. Poncet pour le partage de compétences et les achats groupés de consommables entre Gentyane et le PTM ANAN) et GDEC pour les essais de Biolistique.
- Autres relations :
 - INRA Moulon pour le développement de logiciel de cartographie génétique (Biomecator)
 - INRA Bordeaux pour l'étude de SSR Rosaceae (B. Desnoyé)

Les partenaires privés-pôles de compétitivité-institut technique

- Les obtenteurs et pépiniéristes :
 - 13 et 11 de ces partenaires ont respectivement participé aux projets ROSA FORTISSIMA et BELAROSA,
 - Certains d'entre eux sont membres de la section CTPS POPAM,
 - Un partenaire privé a été partenaire sur les projets CTPS 2007-2010 et GENIUS 2012-2019 sur l'amélioration de la transformation génétique du rosier.
- Pôle de compétitivité Végépolys :
 - Ont été porteur puis partenaire des deux projets ROSA FORTISSIMA et BELAROSA,
 - Me sollicitent en tant qu'expert sur leurs projets,
 - Je suis membre du COSAI (Comité d'orientation stratégique des actions d'innovations) Innovation Variétale
- ASTREDHOR : institut technique en horticulture :
 - A été partenaire du projet ROSA FORTISSIMA,
 - A été employeur de la thèse CIFRE C. Li Marchetti (2013-2016),
 - Est membre de la section CTPS POPAM.

Des collègues internationaux

- Université du Texas (TAMU-USA) D. Byrne
- Université d'Hanovre (Allemagne) T. Debener, M. Linde : transfert des microsatellites développés, mise en place d'une carte consensus du rosier

(Spiller et al. 2011),

- PRI Wageningen (Pays-Bas) R. Smulders, C. Maliepaard : marqueurs SNP (Smulders et al. ; Hibrand Saint-Oyant et al. 2018).
- ILVO, Melle J. de Riek, L. Leus (Hibrand Saint-Oyant et al. 2018; Smulders et al. 2019) roadmap
- Université de Floride (K. Folta) : du fait de la difficulté à obtenir un protocole de transformation efficace du rosier, j'ai pris contact avec l'équipe de K. Folta pour mettre en place un outil de validation fonctionnelle des gènes du rosier dans un système hétérologue (Le Fraisier : Famille *Rosaceae* et tribu *Rosaideae* comme le Rosier). Ce travail a été mené par une étudiante M2 (J. Perrotte) et une post-doctorante (R. Gala). Le système de régénération par organogénèse a très bien fonctionné mais plusieurs essais de transformation n'ont pas permis d'obtenir des plants de fraisiers transformés et nous nous sommes concentrés sur le protocole de transformation génétique du rosier.

Tableau 1 : Composition de l'équipe IRHS-GDO

Equipe IRHS-GDO (Génétique de Diversité des plantes ornementales)	
Déterminisme génétique de caractères d'intérêt du Rosier	Impact de la sélection sur la diversité du Rosier
Resp : Fabrice Foucher (DR, INRA) génomique fonctionnelle	
Co-resp : Agnès Grapin MCF, ACO, Biotechnologies / Conservation / Sélection	
Sophie Paillard (CR INRA) Pathologie du Rosier	
Latifa Hamama IR, UA, biotechnologies	Jérémy Clotault MCF, UA, diversité
Laurence Hibrand-Saint Oyant IRHC, INRA génétique quantitative, biotechnologies	Valéry Malécot MCF, ACO botanique
Vanessa Soufflet-Freslon MCF, ACO interactions plante/pathogène	Alix Pernet IR1, INRA, diversité
Laurent Ogé IE, ACO biotechnologie - étude de caractères d'intérêt - gestion de laboratoire	
Julien Jeauffre TR, INRA, génomique fonctionnelle	Gilles Michel TR, INRA, diversité génétique
Annie Chastellier TR, INRA, génétique quantitative - diversité génétique	
Tatiana Thouroude TR, INRA gestion de matériel végétal et expérimentation végétale	
Sandrine Pierre, AT, INRA, biotechnologies	Jérôme Chameau AT, INRA diversité, cryoconservation
Linda Voisine TR, UA, biotechnologies	Christophe Vilfroy AT, INRA, gestion de laboratoire

C – Résumé des activités et résultats de recherche sur le modèle Rosier

Depuis 2001, j'ai mené plusieurs activités qui peuvent être divisées en 3 parties :

- 1 – Développement de ressources génétique rosier.
- 2 - Etudes du déterminisme génétique de caractères d'intérêt.
- 3 - Mise en place d'un protocole de transformation génétique du Rosier.

1 - CREATION ET INSTALLATION DE MATERIEL VEGETAL :

Pour développer les études de déterminisme génétique, il était indispensable de disposer de matériel végétal sur place ; j'ai choisi de récupérer des populations issues de croisements interspécifiques F1 diploïdes déjà disponibles et dans lesquelles plusieurs caractères d'intérêt étaient en ségrégation. Dès mon arrivée en 2001, j'ai pris contact avec l'INRA de Fréjus et les établissements Meilland pour avoir accès à différentes populations de rosier. La première population, comprenant 633 individus (**HW** : croisement entre un dihaploïde H190 et un hybride de *Rosa wichurana* [Rw]), a été arrachée du site de Fréjus (qui a été fermé en 2003), transportée par camion sur le site INRA et implantée à l'Unité expérimentale Horti sur le site de l'INRA d'Angers. Pour la deuxième population (**FW** : croisements The Fairy x un hybride de *Rosa wichurana* créée par les Ets Meilland), j'ai récupéré les quasi 100 individus de cette population sur place (prélèvements de rameaux) qui ont ensuite été bouturés sur le site d'Angers et installés en trois copies à l'UE Horti. La troisième population diploïde **OW** (*Rosa chinensis* « Old Blush » x un hybride de *Rosa wichurana*) a été créée par notre équipe dès 2006 et comprend, à ce jour, 1.000 descendants qui sont en cours d'installation à l'UE Horti à raison de trois copies par individu. Cette population a été développée en vue du projet de séquençage du génome de 'Old Blush', variété travaillée par de nombreuses équipes de par le monde. Le choix de OB a été décidé en 2007 lors d'une réunion internationale organisée à Angers. La figure 1 illustre les différentes étapes de multiplication en serre et installation des plantes en parcelles ainsi qu'une présentation des trois principales populations sur lesquelles nous travaillons (HW, FW et OW).

A



B



C



D



E



F



G



H



2 - ETUDES DU DETERMINISME GENETIQUE DE CARACTERES D'INTERET :

Pour développer ces études à partir des populations précédemment décrites, il était important de disposer de marqueurs de qualité. En 2003, seuls des marqueurs AFLP étaient disponibles. J'ai pris contact avec l'université de Clemson (Caroline du sud, USA) qui avait développé des marqueurs microsatellites (SSR) de Rosier et suis allée passer un séjour d'un mois (2002) dans cette université pour développer ces marqueurs. En parallèle, F. Foucher a créé une banque ADNc de bourgeons floraux en débourrement (Foucher et al. 2008) et j'ai développé des SSR-EST à partir des séquences obtenues. J'ai complété ces SSR par des SSR développés par une équipe allemande et par des SSR Rosacées (Fraisier, Prunier, Pommier) (Hibrand-Saint Oyant et al. 2008). Ces marqueurs ont été utilisés par un partenaire privé pour étudier la diversité des géniteurs potentiels dans le cadre d'un plan de création variétale (Crespel et al. 2009), ils sont encore aujourd'hui largement utilisés pour des études de diversité (Liorzou et al. 2016). De plus, plusieurs gènes candidats ont été localisés sur ces cartes génétiques par des techniques de PCR-RFLP (CAPS) ou SSCP (Remay et al. 2009). En parallèle, plusieurs cartes génétiques ont été obtenues sur le rosier par des équipes étrangères (Debener and Mattiesch 1999; Dugo et al. 2005; Linde et al. 2006).

Grâce à une collaboration avec l'équipe de T. Debener (Univ. Hannovre, Allemagne), une carte génétique consensus de Rosier a été publiée en 2011 (Spiller et al.) en intégrant trois cartes génétiques de différentes populations dont la population HW (Fig. 2). Cette carte présente des marqueurs SSR, des gènes et des données de déterminisme génétique (gènes majeurs et/ou QTLs) connues à cette époque. Depuis cette date, cette carte intégrée fait référence pour les numéros de groupes de liaison du rosier. Elle fut aussi les prémices d'une collaboration européenne (France, Allemagne, Belgique et Pays-Bas) sur la génétique de la rose.

En 2015 (Koning-Boucoiran et al.), des SNP Rosier (single nucleotide polymorphism) ont été développés par une équipe hollandaise et une puce Affymetrix de 68893 SNP, a été créée (Smulders et al. 2015). En collaboration avec le WUR (séjour d'une semaine dans le groupe de René Smulder), nous avons utilisé cette puce Affymetrix pour construire une carte haute densité sur la population OW (tableau 3) et cette carte a été utilisée

pour ancrer les contigs de la séquence du génome permettant de définir les 7 pseudo-molécules du rosier (Hibrand Saint-Oyant et al., 2018).

Toutes ces cartes génétiques ont été construites pour étudier le déterminisme génétique de nombreux caractères d'intérêt pour le rosier et ont été valorisées par plusieurs publications (tableau 2) ; la figure 2 montre une représentation graphique des gènes majeurs et QTLs localisés sur les cartes génétiques établies dans notre équipe. Dans le cadre d'une collaboration avec l'équipe ArchE de l'IRHS, une carte génétique SSR a été développée et a permis de cartographier des composants architecturaux dans le cadre de la thèse de C. Li Marchetti dont j'étais co-encadrante (Li-Marchetti et al. 2017).

Plusieurs étudiants ont participé à la construction des cartes génétiques et à la caractérisation des caractères d'intérêt notamment pour les notations phénotypiques et les analyses statistiques associées (tableau 2). Ce travail n'aurait pu être mené sans les permanents de l'équipe :

F. Foucher dans la conduite du projet et la responsabilité de l'équipe

T. Thouroude pour la partie expérimentation végétale (maintien, multiplication des plantes, installation des plantes à l'UE, phénotypage)

D. Lalanne puis J. Jeauffre dans l'étude des gènes impliqués dans les caractères d'intérêt

A. Chastellier dans l'étude des marqueurs moléculaires (SSR et SNP).

Ce travail s'est fait en collaboration avec l'Equipe ImHorPhen pour la multiplication et le maintien des plantes en serre, et l'Unité expérimentale HORTI pour le maintien des plantes en plein champ.

De plus, le développement et l'étude des marqueurs moléculaires ont été menés sur la plateforme Gentyane de l'INRA de Clermont Ferrand (C. Poncet) et le PTM ANAN de la SFR Quasav (M. Bahut).

Tableau 2 : Etude du déterminisme génétique de caractères d'intérêt du rosier sur différentes populations F1 diploïdes.

Caractères d'intérêt	Déterminisme génétique	Population étudiée	Publications	Gènes responsables du caractère / Gènes candidats	Groupes de liaison
Remontée de floraison	Gène majeur	HW, FW	(Remay et al. 2009; Kawamura et al. 2011; Iwata et al. 2012)	<i>RoKSN (TFL1)</i>	LG3
Nombre de pétales	Gène majeur + QTLs	HW, FW, OW	(Hibrand-Saint Oyant et al. 2008; Roman et al. 2015; Hibrand Saint-Oyant et al. 2018)	<i>RoAPETALA2</i> <i>RoAGAMOUS C1</i> , <i>RoAPETALA1</i> , <i>RoAGAMOUS D1</i>	LG3 LG2 LG5
Date de floraison	QTLs	HW, FW	(Hibrand-Saint Oyant et al. 2008; Roman et al. 2015)	<i>RoVIP3</i> , <i>RoDELLA</i> <i>RoFT</i> <i>RoFD</i>	LG3 LG4 LG6
Résistance à la maladie des taches noires	QTLs	HW, FW,	(Soufflet-Freslon et al. 2019)		LG3, LG5
Couleur de la fleur	QTLs	OW	Non publié		LG3, LG6, LG7
Composants architecturaux	QTLs	FW Pops. équipe IRHS-ArchE	(Kawamura et al. 2011; Kawamura et al. 2014; Kawamura et al. 2015) (Li-Marchetti et al. 2017)	<i>RoMax3</i> <i>GA pathway</i> <i>RoFT</i> <i>RoSleepy</i>	LG1, LG7 LG2 LG3 LG4 LG6
Epines	QTLs	OW	(Hibrand Saint-Oyant et al. 2018)		LG3 LG4
Parfum	Gène majeur + QTLs	HW, OW,	(Magnard et al. 2015; Hibrand-Saint Oyant et al. 2019)	<i>RhPAAS</i> <i>RhNUDX1</i>	LG6 LG2 LG7

Figure 2 : Carte consensus Rosier obtenue par intégration de trois cartes génétiques de populations diploïdes (Spiller et al. 2011).

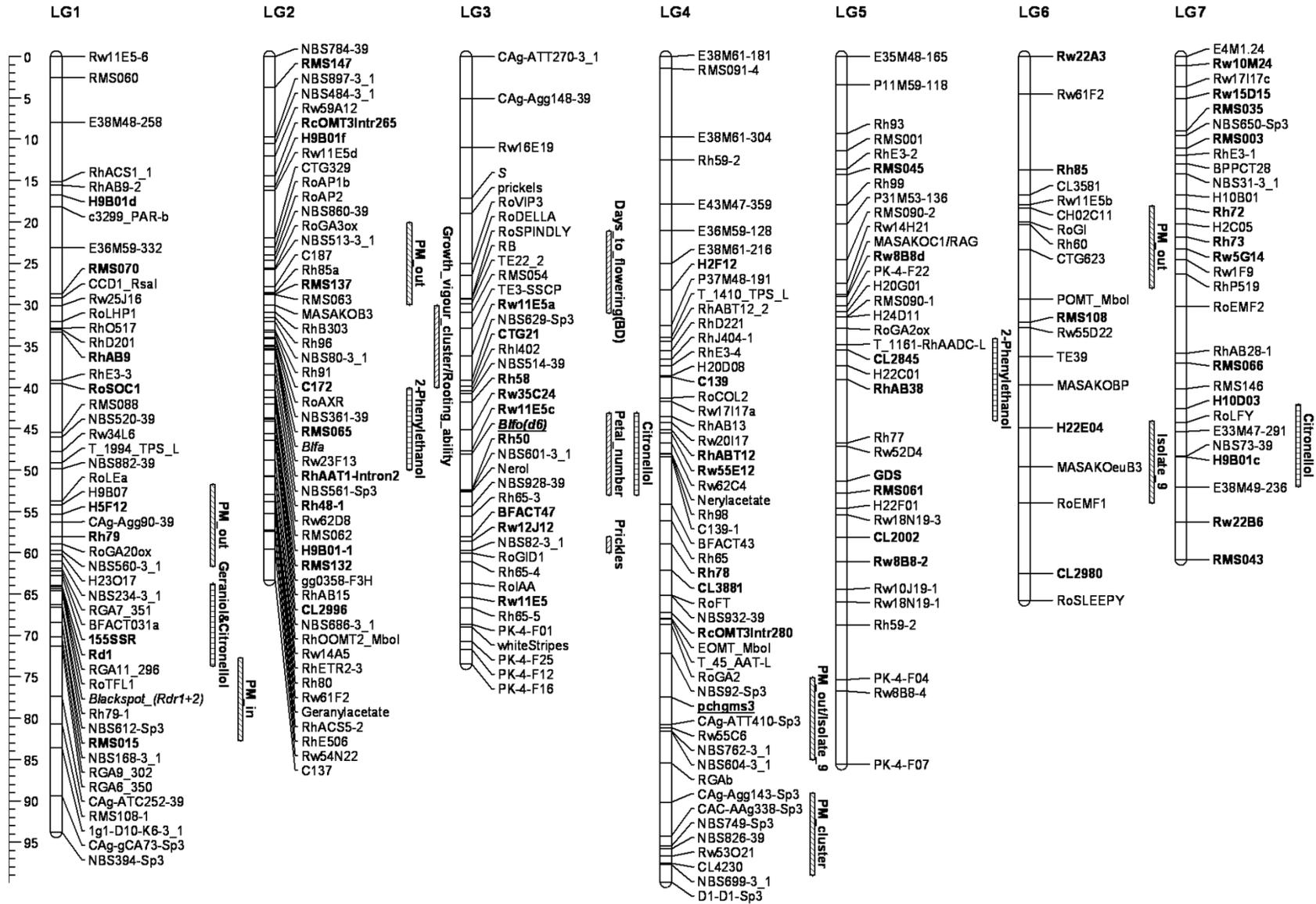


Tableau 3 : Carte génétique haute densité SNP obtenue sur la population OW issue du croisement entre *Rosa chinensis* 'Old Blush' (OB, femelle) et un hybride de *R. wichurana* (W mâle). Le nombre total de marqueurs SNP (No SNP) est indiqué par groupe de liaison (LG) de la carte femelle (A1 à A7) et mâle (B1 à B7) ainsi que la taille en cM de chaque LG, le nombre de loci unique par LG et la densité de SNP/cM (Hibrand Saint-Oyant et al. 2018).

LG Female (OB)	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	TOTAL
No SNP	715	1114	528	227	1031	1153	863	5631
Taille (cM)	72.9	40.1	49,7	52.2	96.2	72.7	86	469.8
Unique	87	51	51	43	124	101	95	552
Densité SNP/cM	1.19	1.27	1.02	0.82	1.29	1.39	1.1	1.17
LG Male (W)	B1	B2	B3	B4	B5	B6	B7	TOTAL
No SNP	195	303	564	404	362	254	241	2323
Taille (cM)	57.3	84.3	39,7	61.7	80.9	58.6	71.3	453,8
Unique	53	64	40	68	80	53	62	420
Densité SNP/cM	0.92	0.76	1,00	1.1	0.99	0.9	0.87	0.93

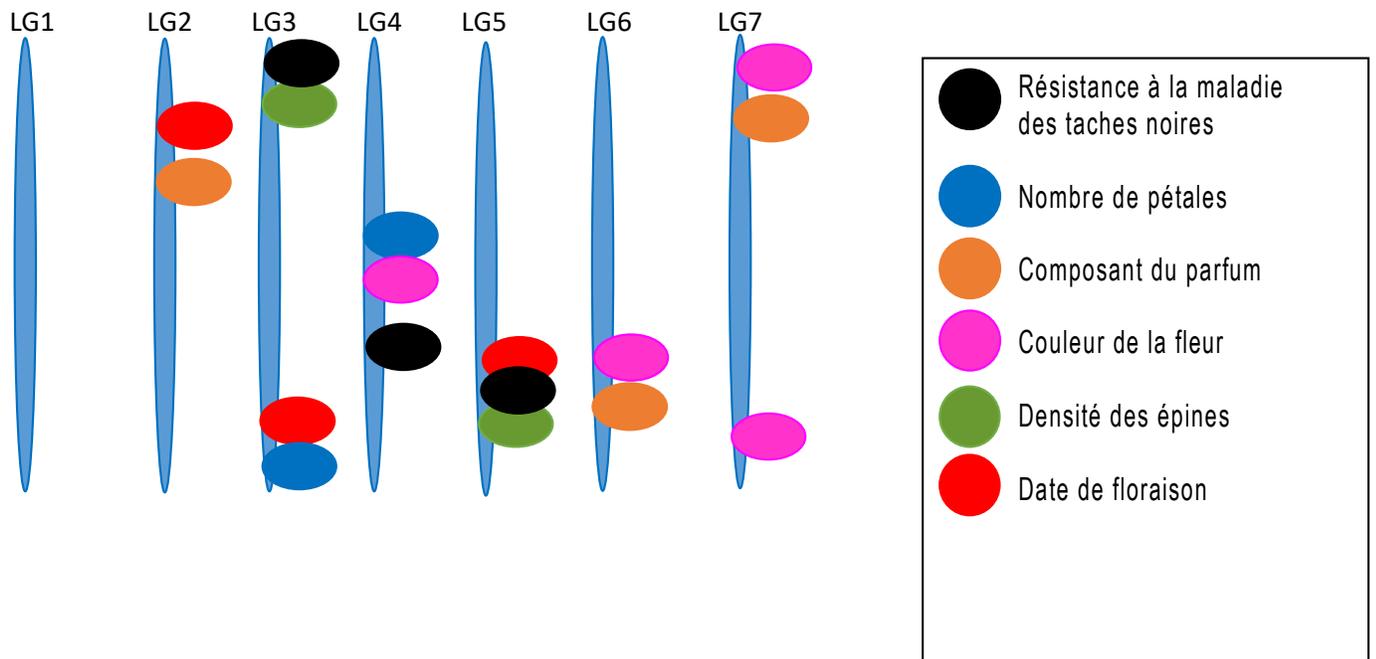


Figure 3 : Représentation schématique de QTL et gènes majeurs contrôlant le déterminisme génétique de différents caractères qui ségrégent dans la population OW.
 LG : groupes de liaison

2.1 Focus sur le caractère nombre de pétales

Ce caractère est étudié depuis plusieurs années par différentes équipes et sur plusieurs populations de rosier interspécifiques F1 sachant que les fleurs des rosiers sauvages sont, en majorité, composées de 5 pétales, que les rosiers modernes possèdent jusqu'à une centaine de pétales et que le nombre recherché pour les rosiers fleurs coupées se situent entre 40 et 60 pétales.

Ces études ont permis de définir un gène majeur responsable du phénotype simple pétale (SP) vs double pétale (DP) (Debener 1999; Crespel et al. 2002). Sur nos deux populations HW et FW, ce caractère a été noté par comptage des pétales sur 5 fleurs par individu, sur plusieurs années (Fig. 4a) et la distribution de ce caractère est présentée (Fig. 4b (Roman et al. 2015)). Nous avons choisi de fixer le seuil SP vs DP à 10 pétales (de 5 à <10 pétales pour le groupe SP et de ≥ 10 au maximum pour le groupe DP).

Quarante-neuf % et 46% des hybrides des populations HW (268 vs 271) et FW (40 vs 53) respectivement, présentent moins de 10 pétales. Dans la population OW, la répartition est de 2/3 SP et 1/3 DP (90 vs 57). Le déterminisme génétique a été étudié sur la base d'un gène majeur pour la ségrégation SP vs DP puis sur la recherche de QTL sur le groupe des individus présentant un nombre de pétales supérieur ou égal à 10. Ce travail a fait l'objet en grande partie, du sujet de master 2 d'Hanaé Roman (2012) et a donné lieu à deux publications (Hibrand-Saint Oyant et al. 2008; Roman et al. 2015). Le déterminisme génétique a permis de localiser le gène majeur (gène interrupteur) sur le LG3 et deux QTLs impliqués dans la variabilité du nombre de pétales chez les individus présentant un nombre de pétales supérieur à 10 ont été localisés sur les LG2 et LG5 (gènes variateurs) à proximité de deux gènes *RoAgamous* C1 et D1 et d'un gène *RoAPETALA1* connu pour contrôler la mise en place des pétales chez différentes espèces (Dubois et al. 2010; Sun et al. 2013; Tanaka et al. 2013).

Ce caractère a aussi été étudié sur la population OW sur laquelle nous disposons d'une carte génétique haute densité et par des études GWAS (genome-wide association study) montrant que sur le chromosome 3, deux régions étaient corrélées à la variabilité de ce caractère, dont l'une à 33Mpb et l'autre à 5Mpb. Un SNP présent dans la région à 33Mpb

a été transformé en marqueur KASP et a permis de montrer le lien entre le nombre de pétales et la présence de l'allèle favorable (allèle B) comme le montre la figure 5 (Hibrand Saint-Oyant et al. 2018). Dans la région concernée, nous avons identifié le gène interrupteur candidat correspondant au gène *RoAPETALA2* (RC3G0243000), un homologue de *APETALA2/TOE*. Nous avons pu montrer que chez le génotype séquencé (*Rosa chinensis* 'Old Blush'), deux allèles étaient présents dont l'un comprend une insertion au niveau de l'intron 8. Gattolin et al (2018) ont montré que cette insertion entraîne un défaut d'épissage alternatif et la perte d'un site miRNA (miR172).

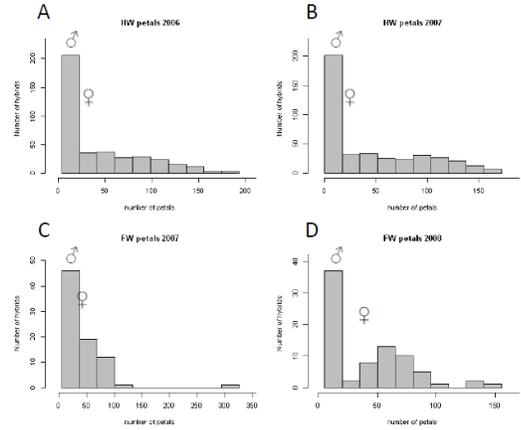
Plusieurs études récentes et complémentaires (Ma et al. 2015; Francois et al. 2018; Gattolin et al. 2018) ont permis d'élucider le mécanisme et de comprendre les régulations mises en jeu. L'expression du gène *APETALA2* induit la répression des gènes *Agamous* et l'augmentation du nombre de pétales. Les deux allèles connus du gène chez le rosier, sont intitulés *RcAP2^{WT}* (allèle sauvage et fonctionnel) et *RcAP2^{Δ172}* (allèle fonctionnel contenant l'insertion d'un élément transposable et ayant perdu le site miR172) (Francois et al. 2018). Le miRNA, miR172 est fortement exprimé dans les verticilles 3 et 4 du bouton floral, correspondant aux verticilles de production des étamines et des carpelles (Fig. 6). Ainsi dans un génotype sauvage, les transcrits *RcAP2^{WT}* vont être présents dans les verticilles 1 et 2, et dégradés dans les verticilles 3 et 4. Cette régulation post-transcriptionnelle, s'accompagne d'une répression du gène *AGAMOUS* dans les verticilles 1 et 2 et d'une expression de ce gène dans les verticilles 3 et 4, ce qui se traduit par le développement d'étamines dans le verticille 3 et la présence de fleurs simples. Dans un génotype contenant un allèle *RcAP2^{Δ172}*, les transcrits et donc la protéine vont s'accumuler dans tous les verticilles et décaler le verticille 2 entraînant la production de multipétales ; cette mutation est dominante dans les génotypes hétérozygotes (cas du *Rosa chinensis* 'Old Blush').

Si un gène interrupteur est identifié, il reste à caractériser les gènes variateurs (LG2 et LG5, rectangles bleus Fig. 4). Une analyse de corrélation entre allèles du gène *AGAMOUS C1* (à proximité du QTL LG5) et le nombre de pétales dans une population tétraploïde de *R. x damascena* a été réalisée récemment (Rusanov et al. 2019) mais aucune corrélation entre la combinaison allélique et le nombre de pétales n'a pu être montrée.

A



B



C

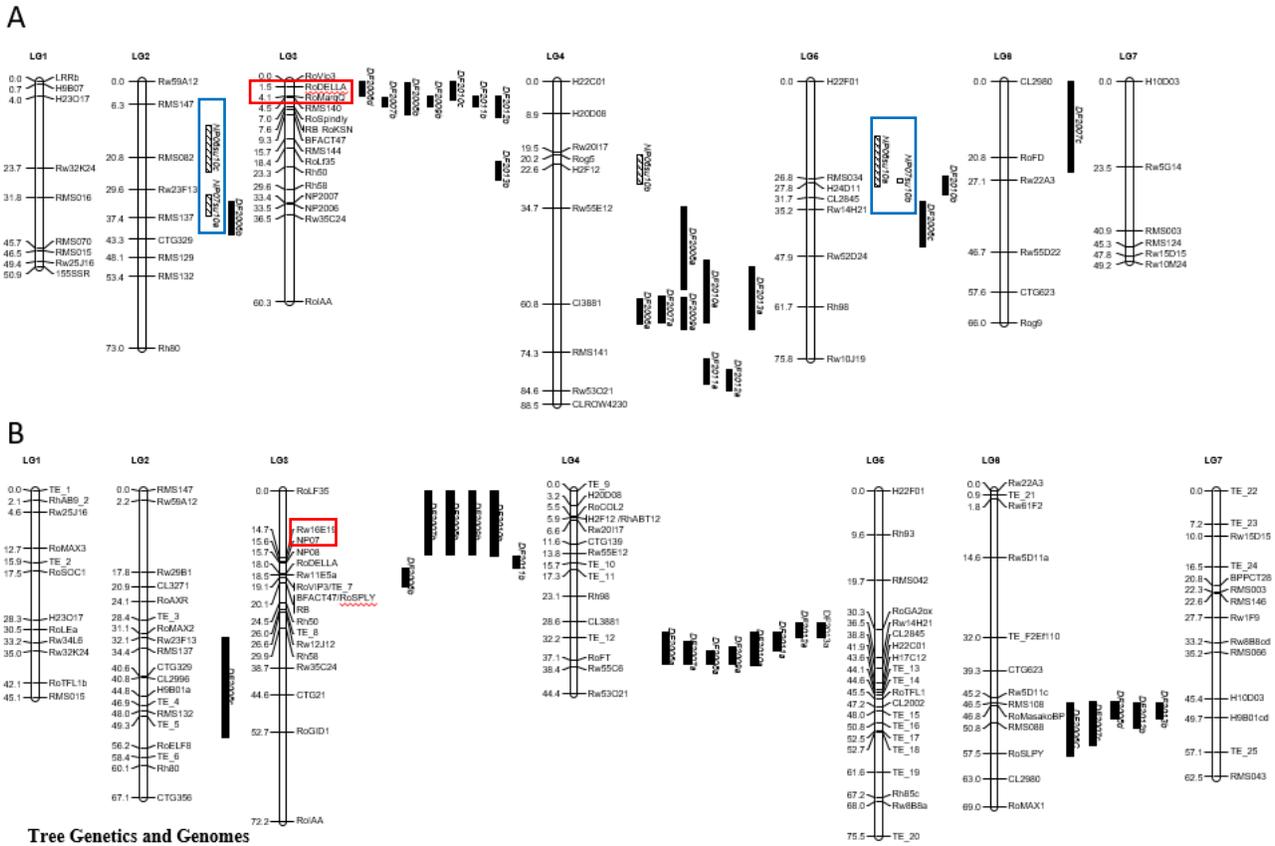


Figure 4 : Analyse du caractère nombre de pétales – du phénotypage au génotypage. Les pétales sont comptés sur 5 fleurs de chaque hybride grâce à une table de comptage (A) puis les données sont analysées au niveau statistique pour caractériser la normalité ou non de distribution (B), définir les différences significatives entre réplicat (5 fleurs/individu), entre années (2006/2007) et entre frères-sœurs de la population. Selon les résultats, les données sont moyennées et le déterminisme génétique est réalisé (B et C). La localisation du gène majeur (LG3) est visualisée par un rectangle rouge et les deux QTLs (LG2 et LG6 rebaptisé LG5 d'après Spiller et al. 2011) sont visualisés par un rectangle bleu.

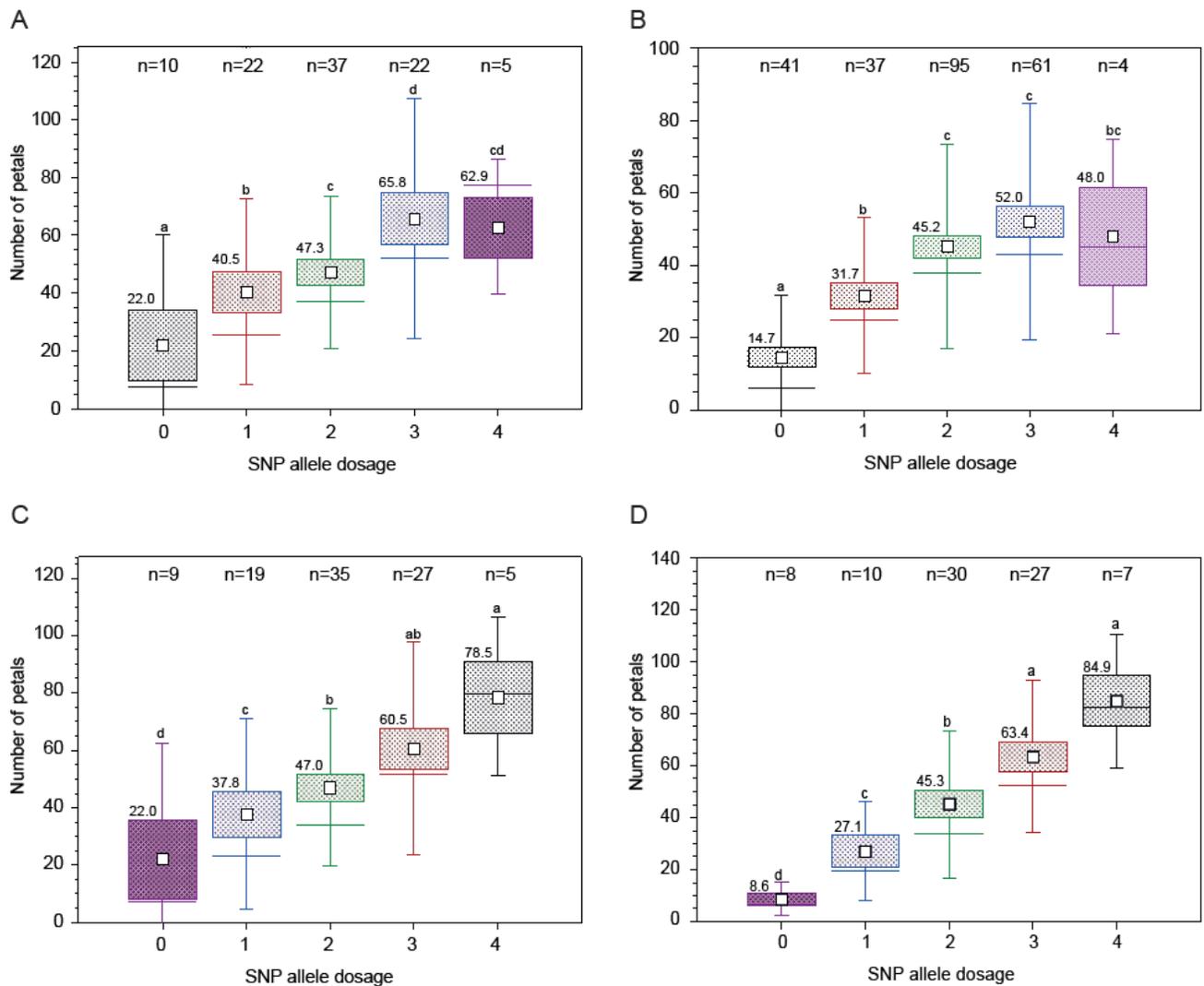


Figure 5 : Validation des marqueurs SNP pour le caractère "nombre de pétales". A-B) marqueur RhK5_4359_382 (Chr3 position 33.55 Mbp) en association avec un panel de 96 cultivars (A), et de 238 cultivars tétraploïdes indépendants (B). C) marqueur RhK5_14942 (Chr3 position 33.24 Mbp) en association avec un panel de 96 cultivars. D) marqueur RhMCRND_760_1045 (Chr3 position 33.21 Mbp) en association avec un panel de 96 cultivars. Le nombre en axe-X montre le dosage allélique pour les 5 classes de marqueur (0 et 4 pour les classes homozygotes et de 1 à 3 pour les classes hétérozygotes). Pour chaque groupe de dosage allélique, le nombre d'individus (n) est indiqué ; les groupes qui ont une différence significative à $p \leq 0.05$ sont indiqués par une lettre. La moyenne du nombre de pétales de chaque groupe est représentée par un petit carré blanc et la médiane par une ligne horizontale. Les valeurs moyennes du nombre de pétales sont indiquées au-dessus des boîtes à moustache ; les moustaches représentent la déviation standard. Supplementary data Figure 8 de Hibrand Saint-Oyant et al. (2018)

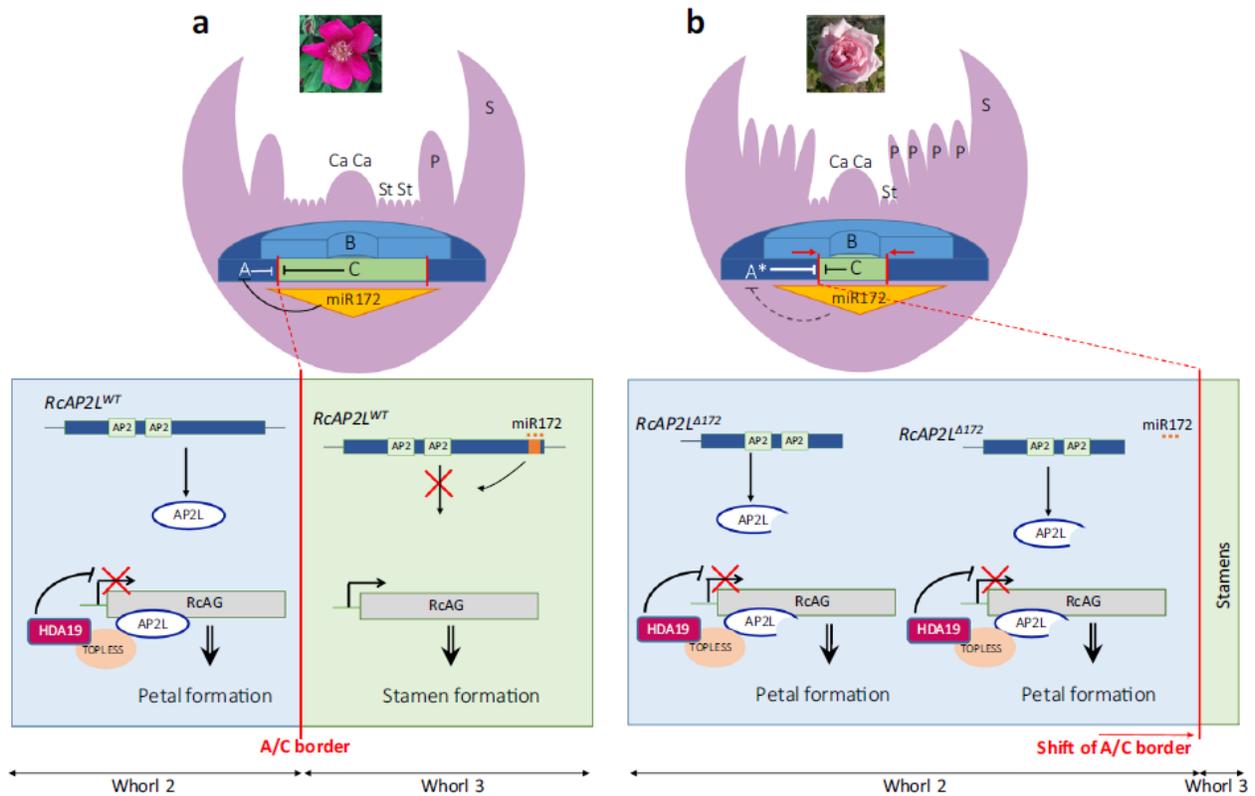


Figure 6 : Modèle de l'implication de l'allèle euAP2 miR172-résistant dans la formation des fleurs à double pétales. a) dans les fleurs de type sauvage, euAP2 est exprimé dans les premier et deuxième verticilles où la protéine peut inhiber la synthèse de RcAG (AGAMOUS) via l'interaction avec un facteur de transcription (TOPLESS) et une histone (HDA19) permettant la formation de pétales. Dans le troisième verticille, miR172 inhibe la production de la protéine euAP2, levant ainsi l'inhibition sur RcAG et permettant l'expression des étamines et carpelles. b) chez les fleurs doubles, l'allèle *RcAP2^{Δ172}* est insensible à l'inhibition par miR172. *RcAP2^{Δ172}* s'accumule et inhibe l'expression de RcAG ce qui permet un décalage de la bordure A/C vers le centre du méristème floral et la production de double-fleurs (Francois et al. 2018).

A : gènes de classe A (*RcAP1* et *euAP2*) ; A* : gènes de classe A comprenant *RcAP2^{Δ172}* ; B : gènes de classe B ; C : gènes de classe C (*RcAG*).

2.2 Focus sur le caractère Résistance à la maladie de la tache noire

Parmi les maladies les plus importantes du rosier (figure 7), ce sont les maladies foliaires dues à des champignons qui sont les plus problématiques, à la fois pour la production mais aussi pour l'aspect esthétique du rosier. Parmi ces maladies, la maladie de la tache noire représente, pour les consommateurs, la maladie la plus 'menaçante' (Waliczek et al. 2015). Les obtenteurs, producteurs mais aussi les consommateurs sont très demandeurs de plantes présentant des résistances durables, et ce dans un contexte d'interdiction d'utilisation des pesticides de synthèse qui a été mis en place en 2017 puis 2019 dans le cadre des lois Labbé et de transition énergétique, dans les collectivités et chez les particuliers respectivement. Il est donc nécessaire de développer des connaissances sur les résistances à cette maladie mais aussi des connaissances sur le champignon responsable et sur sa capacité d'évolution. Ces leviers ne seront sans doute pas suffisants pour mettre en place des résistances durables, il est donc nécessaire de compléter ces connaissances en tenant compte de la filière et des pratiques culturales (pour la production mais aussi à l'échelle du particulier). C'est dans cette optique et en essayant d'aborder ces différents leviers que je me suis impliquée, depuis 2011, dans un programme sur l'étude de la maladie des taches noires, et ce en abordant :

Le Déterminisme génétique de la résistance

L'étude du champignon responsable ; *Diplocarpon rosae*

- Déterminisme génétique de la résistance :

Le déterminisme génétique de la résistance à la maladie de la tache noire, a fait l'objet de plusieurs études sur différents fonds génétiques dont plusieurs sur des résistances transmises par l'espèce *Rosa multiflora*. Ainsi, 4 gènes majeurs (interaction gène-à-gène) ont été identifiés : *Rdr1* et *Rdr2* (sur le LG1), *Rdr3* qui n'a pas été localisé et récemment *Rdr4* localisé sur le LG5 (von Malek and Debener 1998; von Malek et al. 2000; Yokoya et al. 2000; Kaufmann et al. 2003; Hattendorf et al. 2004; Whitaker et al. 2010a; Terefe-Ayana et al. 2011; Menz et al. 2018) et seulement quelques données sur des résistances partielles à plus large spectre ont été reportées (Xue and Davidson 1998; Whitaker and Hokanson 2009; Dong et al. 2017).

Dans notre équipe, le déterminisme génétique a été initié dans le projet **ROSA FORTISSIMA** (CASDAR 2011-2013) sur la population de cartographie HW. Le parent mâle de cette population (Rw) est résistant à la maladie des taches noires et le parent femelle (H190) est sensible à cette maladie. Ce projet associait 13 partenaires privés, l'institut technique Astredhor, le pôle de compétitivité Vegepolys innovation (porteur du projet) et l'IRHS ; j'en étais responsable scientifique. La population HW (209 hybrides) a été installée à raison de trois copies par hybride, dans trois lieux géographiques (Angers – Diemoz – Bellegarde). Les notations de sensibilité/résistance à la maladie des taches noires ont été menées sur plusieurs années sur ces différents sites. Une étude complémentaire a été menée sur les populations FW et OW permettant ainsi d'avoir plusieurs années de notations sur ces différentes populations et plusieurs fonds génétiques d'expression de la résistance apportée par l'hybride de *Rosa wichurana* et le *Rosa hybrida* 'The Fairy'. Ces travaux ont permis de localiser deux QTLs présents sur plusieurs sites et sur plusieurs années (LG3 et LG5) et des QTLs site ou année spécifiques (LG1, LG4, LG6) ((Soufflet-Freslon et al. 2019), poster N°21, ACL N°5). Ce travail se poursuit dans le cadre de la thèse de Diana Lopez-Arias (2017-2020) « genetics and genomics of rose resistance to black spot disease ». Les travaux de Diana Lopez-Arias ont consisté à étudier la résistance transmise par le parent mâle RW dans les trois fonds génétiques des trois populations FW, HW et OW. Ces travaux sont en cours de publication et ont permis, notamment, d'identifier des QTL communs sur les LG3 et LG5 grâce au logiciel BiomeRCator ainsi qu'un QTL sur le LG4 (année spécifique) ; d'autres QTLs année ou population spécifiques ont aussi été identifiés et apportent un complément aux travaux menés dans le cadre du projet ROSA FORTISSIMA.

- L'étude du champignon responsable : *Diplocarpon rosae* :

Plusieurs collections d'isolats de ce champignon existent en Allemagne, aux USA, au Royaume-Uni et en Belgique. Ces souches ont été caractérisées pour leur virulence et 11 races ont été proposées sur un set de 9 géotypes de rosier (Debener et al. 1998; Leus 2005; Allum et al. 2010; Whitaker et al. 2010b; Zurn et al. 2018) grâce à un test sur feuilles détachées ou disques foliaires. Récemment, le génome d'une souche de

Diplocarpon rosae (DortE4, souche allemande) a été publié (Neu et al. 2017) et les auteurs ont montré que le génome de cette souche était très grand pour un ascomycète (90Mbp) et que le génome de cette souche était dupliqué.

Nous avons initié des travaux sur *D. rosae* dans le cadre de trois projets :

DIRO (SFR 2014-2015) Ce projet a permis de séquencer deux génomes du champignon et de développer 27 marqueurs microsatellites permettant d'étudier la diversité génétique du champignon. Une collection de 77 monoconidies a été créée en collaboration avec l'équipe Ecofun de l'IRHS.

BELAROSA (CASDAR 2015-2016) et **ROZ'ENFORM** (projet participatif Région Pays de la Loire 2017-2018) dont j'ai été porteur et responsable scientifique. Ces projets font suite au projet ROSA FORTISSIMA et ont permis de développer un test en conditions contrôlées (serre) et de comparer les résultats de ce test à la sensibilité/résistance des variétés de rosier en conditions naturelles. Ce test a été utilisé i) pour caractériser 10 souches françaises du champignon sur 9 variétés de rosier permettant ainsi d'établir un profil de virulence de ces 10 souches (tableau 4), ii) de tester 40 variétés de rosier en cours de commercialisation pour leur profil de résistance/sensibilité aux 10 souches de champignon et iii) de comparer les notes de S/R en conditions contrôlées et en champ.

Ainsi, grâce à ces projets, nous avons pu développer et conserver une collection de 77 souches de champignons monoconidiales comprenant 27 souches isolées sur des rosiers sauvages au Kazakhstan et 50 souches isolés sur des rosiers modernes en Europe et en Asie. Parmi ces 50 souches, 27 sont d'origine française. Cette collection est la première collection de souches de *Diplocarpon rosae* françaises ; ces collections complètent des collections déjà présentes et caractérisées dans la littérature (Debener et al. 1998; Yokoya et al. 2000; Leus 2005; Whitaker et al. 2007b; Allum et al. 2010; Whitaker et al. 2010b).

Le séquençage de deux souches de champignon (l'une isolée sur un rosier sauvage et l'autre sur un rosier cultivé moderne) a permis de définir 27 microsatellites qui ont été utilisés pour étudier la diversité génétique de la collection des 77 souches (figure 8). Cette étude a montré 1) que les souches isolées sur des rosiers sauvages se différencient

des souches isolées sur des rosiers modernes, 2) qu'il n'y a pas de lien entre la répartition géographique et la diversité génétique comme cela a déjà été montré par le passé sur des souches US ((Whitaker et al. 2007a), 3) que 12 SSR bi-alléliques peuvent différencier les souches sauvages et modernes.

Nous avons cherché les gènes uniques sur nos deux génomes de *Diplocarpon roase* et sur la séquence publiée en 2017 (Neu et al.) (Univ Hannovre, équipe de T. Debener). Cette étude a montré que 70% des gènes sont dupliqués contre environ 2% sur nos deux séquences. Qu'est-ce qui a provoqué la duplication de la souche DortE4 ? Quelle incidence cette duplication peut-elle avoir sur la virulence et l'agressivité de la souche ? Ces questions pourront être abordées dans le cadre d'une ANR bilatérale déposée cette année entre l'IRHS et l'université d'Hanovre sur la co-évolution hôte/pathogène dans le cadre du couple *Diplocarpon/Rosa*.

A l'aide du test en conditions contrôlées, nous avons défini 3 groupes à partir des 10 souches françaises de champignons testées sur 3 tests en conditions contrôlées (tableau 4). Ce test a été utilisé sur de nouvelles variétés de rosiers en cours de commercialisation et nous avons montré que certaines de ces variétés avaient des profils de résistance supérieurs à notre témoin résistant. De plus, les analyses réalisées dans le projet Roz'enForm ont montré une bonne corrélation entre le test en conditions contrôlées et les notes moyennes des plantes en champ (notes moyennes de 10 sites répartis en France).

Il est à noter que depuis la fin de ce projet, nous avons eu deux demandes de privés pour caractériser des variétés de rosier à l'aide du test (ce test est en co-propriété intellectuelle entre Vegepolys innovation (30%) et l'INRA (70%).

Ce travail a pu être réalisé grâce à plusieurs CDD recrutés sur les différents projets (Magali Larenaudie, Brice Marolleau, Anne-Sophie Miclot, Aurélien Petiteau) et aux permanents impliqués (Annie Chastellier, Vanessa Soufflet-Freslon MCF-ACO, Sandrine Pierre, Tatiana Thouroude). Depuis février 2019, une chargée de recherche (Sophie Paillard) a intégré l'équipe GDO et vient renforcer le projet d'étude des maladies foliaires

du rosier avec une compétence en bio-informatique. Ce projet fait aussi l'objet de la thèse de Diana Lopez-Arias (2017-2020).

Ce travail a donné lieu à une publication (Soufflet-Freslon et al. 2019) et une deuxième est en cours d'écriture (Marolleau et al. 2019).

Les principales maladies du rosier



Les Champignons

Diplocarpon rosae : maladie de la tache noire Black spot

Infecte feuilles (partie basse de la plante) (printemps – début d'automne)
Symptômes taches noires – décoloration – défoliation
Touche rosiers de jardin
Aime T°C 17-25 / l'humidité

Sphaerotheca pannosa : oidium Powdery mildew

Infecte feuilles jeunes, bourgeons floraux, pédoncules (printemps)
Symptômes moisissure ou léger duvet blanc
Touche rosiers de jardin et de serre (intérieur)
Aime T°C 20 - humidité mais non stagnante

Peronospora : mildiou Downy mildew

Infecte feuilles (été – début d'automne)
Symptômes taches noires délimitées par les nervures défoliation
Touche rosiers de jardin et de serre
Aime T°C 18

Botrytis

Infecte fleurs-tiges (stockage et transit)
Symptômes déformation - nécroses
Touche rosiers de jardin et de serre
Aime T°C 15 - humidité

Phragmidium : rouille Rust

Infecte dessous de la feuille (été – début d'automne)
Symptômes pustules orangées
Touche rosiers de jardin et de serre
Aime T°C 18-21

Les bactéries

Agrobacterium tumefaciens : galle du collet

Infecte tiges – racines - infection par le sol / blessures (été)
Symptômes tumeurs
Touche rosiers de jardin et de serre
 Les bactéries peuvent se maintenir 2 ans dans le sol

Les virus

Rose Rosette Virus

Infection par un acarien (printemps)
Symptômes Déformation des feuilles - élongation des tiges – baloi de sorcières – excès d'épines
Touche rosiers de jardin et de serre

Les insectes

Pucerons Aphid

Infecte tiges – bourgeons floraux (printemps - été)
Symptômes colonies d'insectes verts ou noirs - collants
Touche rosiers de jardin et de serre

Les recherches menées sur la maladie des taches noires du rosier à l'INRA Angers-Nantes

Le projet BELAROSA (2015-2017) prévoit la mise au point d'un test de routine pour l'évaluation de la sensibilité/résistance aux maladies des taches noires de variétés de rosiers en vue d'une commercialisation.

www.angers-nantes.inra.fr/inra/recherche/GDO/Partenariats/BELAROSA

Les conseils du jardinier pour lutter/limiter les maladies



- Choisir des cultivars résistants
- Eviter une plantation proche d'autres espèces sensibles à ces maladies et ravageurs
- Favoriser la diversité des espèces pour l'installation d'auxiliaires
- Fortifier ces pieds avec une fertilisation adaptée
- Eviter de mouiller le feuillage
- Eliminer les déchets de taille et les feuilles tombées (ne pas les mettre dans le compost)
- Désinfecter son sécateur
- Installer des plantes pièges comme l'aubergine et plantes attirants les auxiliaires comme la Potentille
- Préférer un endroit de plantation bien aéré

Voir aussi SNHF <http://www.jardiner-outrement.fr/>

Figure 7 : Poster sur les principales maladies du Rosier (fête de la science Angers 2015).

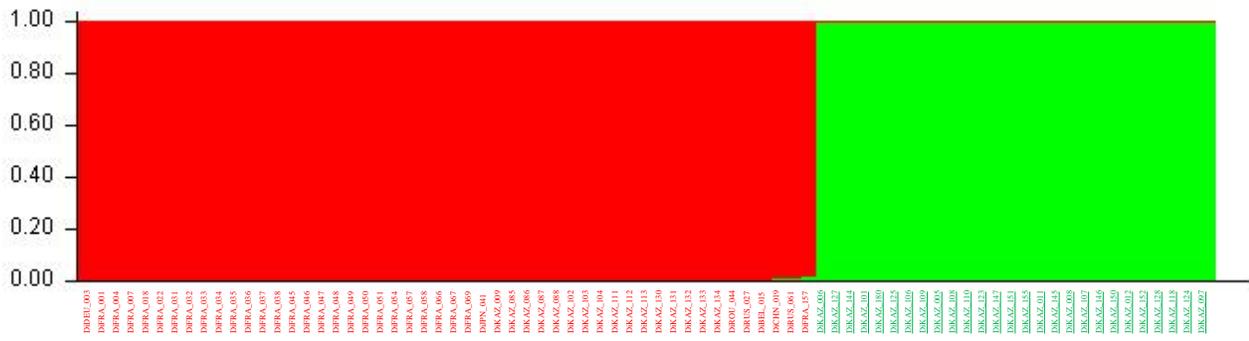


Figure 8 Arbre phylogénétique des 77 monoconidies de *Diplocarpon rosae* analysées à l’aide des 27 marqueurs microsatellites. En vert, les souches isolées à partir de rosiers sauvages au kazakhstan (27), en rouge les souches isolées à partir de rosiers modernes (50 origine divers : Europe-Asie). Analyse logiciel structure 2.3.4 (K=2 d’après (Evanno et al. 2005)).

Strain\Cv	EM	RM	MG	UT	LR	PJ	PB	VE	AC	
Group1	18	0.0±0	0.1±0.35	0.4±0.53	1.8±0.67	1.1±0.78	1.4±0.92	3.6±1.01	2.9±1.36	3.6±0.79
	22	0.0±0	0.8±1.16	1.2±0.83	1.9±0.93	1.6±0.73	2.4±1.41	2.3±1.41	3.0±1.31	3.0±1.29
	33	0.4±0.53	1.5±1.31	1.6±1.24	2.4±1.33	2.6±0.53	2.1±1.36	3.7±0.71	3.3±0.87	3.0±1.41
	34	0.3±0.58	0.7±0.58	0.3±0.58	3.3±0.58	1.7±0.58	3.0±1.73	2.0±1.73	3.7±0.58	4.0±NA
	36	0.1±0.33	0.6±0.74	0.9±0.78	2.3±1.12	1.7±1.41	2.9±1.36	3.2±1.09	3.3±1.22	2.3±1.38
	45	0.6±1.01	1.4±0.88	1.1±0.93	2.6±1.59	2.9±1.17	3.1±1.46	3.9±1.27	3.6±1.69	3.0±1.63
	54	0.3±0.5	1.0±0.93	1.2±0.97	3.0±1.12	2.3±1.12	2.6±1.77	4.2±0.97	4.0±0.93	3.0±1.29
	67	0.3±0.5	0.9±1.05	0.7±0.87	2.3±1.5	2.0±1.5	3.1±1.55	3.9±1.05	3.6±0.92	3.0±1.73
Group2	37	0.1±0.33	0.1±0.35	0.3±0.71	1.8±1.09	0.7±1	0.9±1.13	3.6±1.13	2.4±2.35	3.3±2.21
Group3	58	1.0±1	2.8±1.3	2.0±1	2.6±1.33	2.3±1.41	3.0±1.2	3.8±0.67	3.5±1.07	3.4±1.51

Tableau 4 : Note moyenne d'infection obtenue dans le test en conditions contrôlées (serre : Juillet 2015-2016, Octobre 2016)) sur jeunes plantules (boutures) pour des infections réalisées avec 10 souches de *Diplocarpon rosae* (DIFRA_18, 22, 33, 34, 36, 37, 45, 54, 58 et 67) sur 9 variétés de rosiers (EM : Emera, MG : Martine Guillot®, RM : Rose de Molinard®, LR : Line Renaud®, UT : Utopia®, PJ : Prince Jardinier®, AC : Amandine Chanel®, VE : Velasquez®, PB : Paul Bocuse®). 0-1 résistant (vert), >1-2 tolérant (orange), >2 sensible (rouge).

3-Mise en place d'un protocole de transformation génétique du Rosier :

Pour étudier les gènes potentiellement impliqués dans les caractères d'intérêt, une des possibilités est de disposer d'un outil de validation fonctionnelle *in planta*. Le choix s'est orienté vers un système de transformation stable car un de nos sujets d'étude concerne la remontée de floraison et qu'un système de transformation transitoire nous semblait peu adapté. Quelques publications récentes montrent que des systèmes de transformation par VIGS (Khaskheli et al. 2018; Sui et al. 2018; Sui et al. 2019) et sur feuilles (Terefe-Ayana et al. 2011) sont fonctionnels sur le rosier.

Ce projet a démarré en 2004 et a consisté à maîtriser les différentes étapes du cycle clonal et des processus de régénération du rosier. En parallèle, des études de gènes du rosier ont aussi été menées dans des systèmes hétérologues tel qu'*Arabidopsis thaliana*, (Randoux et al. 2014) et le pélargonium (Hamama et al. 2012). Des tentatives de transformation du fraisier ont aussi été menées ; la régénération du fraisier était très efficace, mais la transformation avec *Agrobacterium* n'a pas fonctionné (stage M2, J. Perrotte 2009 – post-doctorat Ruxandra Gala 2007-2009).

Le tableau 5 récapitule les publications de transformation génétique du rosier et montre le peu de publications sur cet aspect depuis 1994 et la faible efficacité de ce processus. Le protocole de transformation génétique du rosier nécessite la maîtrise de tissus aptes à la régénération.

Deux types de tissus ont été développés, des cals embryogènes et un protocole permettant la régénération directe à partir de feuilles (Hamama et al. 2019). Pour l'instant, les seuls tissus cibles qui ont permis d'obtenir des évènements de transformation génétique sont les cals embryogènes. Le protocole de transformation qui est présenté figure 9, permet d'obtenir une efficacité de transformation variant de 0 à 12% et le temps d'obtention de plantes enracinées varie de 6 mois à un an, du fait du temps de régénération des cals embryogènes en plantule. Nous avons réussi à obtenir différentes plantes transgéniques transformées avec les gènes de rosier *RoDELLA*, *RoKSN* et *RoFT*.

Le gène du rosier *RoDELLA* appartient à la famille DELLA des régulateurs négatifs

de la voie des gibbérellines. La présence de GA induit la croissance des plantes en dégradant les protéines DELLA. Ce gène a été cartographié et co-localise avec le gène majeur qui contrôle la remontée de floraison (capacité des rosiers modernes à fleurir plusieurs fois dans l'année) (Remay et al. 2009), il était donc intéressant de tester l'influence de ce gène *in planta* pour étudier son implication dans ce caractère. Nous avons transformé un génotype remontant de pélargonium (*Pelargonium x domesticum* 'Autum Haze') car le protocole de transformation génétique du rosier n'était pas fonctionnel. Les plantes obtenues présentaient une gamme d'expression du gène *RoDELLA* et une gamme de phénotypes avec une réduction de la taille, une augmentation de la ramification et du nombre d'entrenœuds (Fig. 10) et un blocage ou un décalage dans la floraison ; ce travail a fait l'objet d'une publication (Hamama et al. 2012).

Le gène responsable de la remontée de floraison est le gène *RoKSN* (Iwata et al. 2012). Ce gène qui appartient à la famille des répresseurs de floraison TFL1, est muté par insertion d'un rétro-transposon chez les rosiers remontants qui ne régulent plus leur floraison après la première floraison de printemps et ont la capacité à refleurir jusqu'aux premières gelées. Nous avons transformé des rosiers remontants à l'aide de ce gène et nous avons montré la fonction de répression de ce gène qui interagit au niveau protéique avec la protéine FD en compétition avec la protéine FT (FLOWERING LOCUS T : intégrateur floral). Ce travail a été mené dans le cadre de la thèse de M. Randoux et a donné lieu à une publication (Randoux et al. 2014). La figure 11 montre le génotype utilisé pour la transformation *Rosa* RED INTUITION® ('Delstriro') (A), le phénotype des plantes transformées qui n'ont plus la capacité à fleurir (B) et les southern-blots montrant l'insertion de 1 à 7 copies du gène (C).

L'expression du gène *RoFT* est régulée par les voies photopériodique, de vernalisation et autonome pour induire les gènes d'identité florale tel que *APETALA1* et *AGAMOUS*. Pour étudier la fonction de ce gène dans la transition florale, nous avons réalisé plusieurs constructions pour exprimer ce gène : sous promoteur 35S et sous promoteur inductif (pLOX et pHSP). Plusieurs variétés de rosier ont été transformées : des rosiers remontants (*Rosa* GUY SAVOY® ('Delstrimen') et *Rosa* PIMPRENELLE® ('Deldog') et un rosier non remontant (un hybride of *Rosa wichurana*). Les plantes sont

encore en cours d'analyse mais nous avons montré que l'expression constitutive de *RoFT* (*35S::RoFT*) induit une floraison précoce montrant le rôle de ce gène dans l'initiation florale.

Ces travaux ont été menés dans le cadre de deux projets CASDAR : 'transformation génétique du rosier' (2007-2010), dont j'étais responsable scientifique, et GENIUS (IA 2012-2018 : Genome engineering improvement for useful plants of a sustainable agriculture), coordonné par Peter Rogowsky, et dans lequel je suis partenaire et impliquée dans le WP4 coordonné par Elisabeth Chevreau. Ces travaux impliquent plusieurs permanents de l'équipe GDO (L. Hamama dont c'est le principal sujet de recherche, S. Pierre et L. Voisine) et plusieurs stagiaires et CDD, dont mon apprenti J. Bosselut (2016-2018) qui a travaillé sur de nouveaux processus de transformation génétique, notamment par biolistique. Je n'aborde pas ces travaux récents toujours en cours d'évaluation.



Figure 9 : Différentes étapes du protocole de transformation génétique du rosier à partir de cals embryogènes et via *Agrobacterium*.

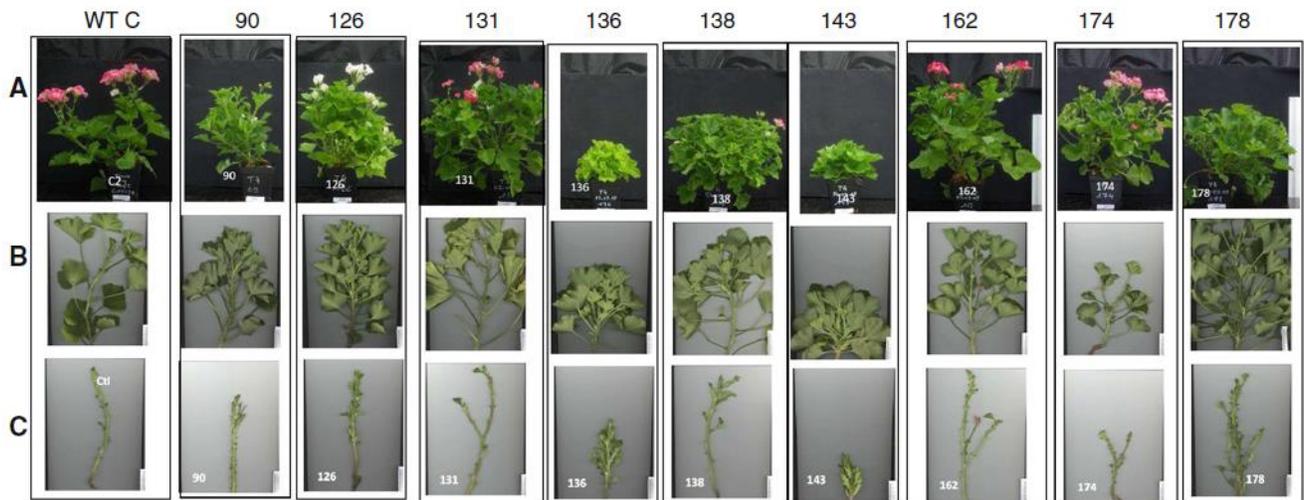


Figure 10 : Comparaison des phénotypes de pélargonium non transformés (WT) et transformés par une construction permettant la surexpression du gène *RoDELLA*. Les plantes ont été notées 27 semaines après leur installation en serre (A) Bar 40 cm. (B) Détails des tiges montrant l'insertion des feuilles Bar 5 cm. (C) Détails des tiges après ablation des feuilles montrant la ramification et le nombre d'entrenœuds. Bar 5 cm

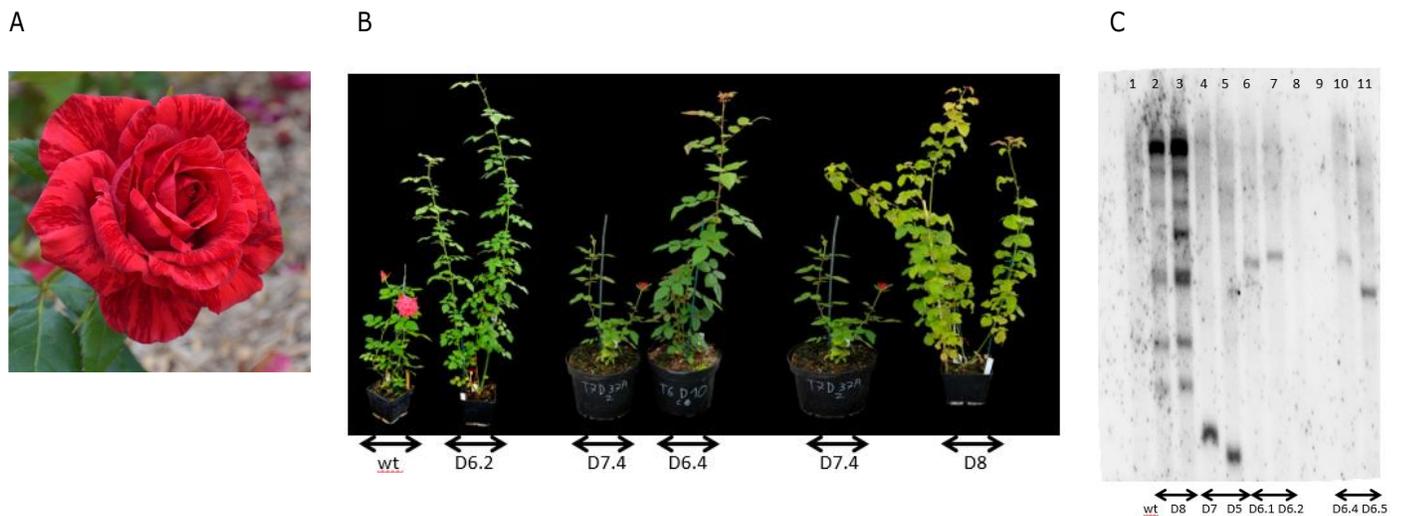


Figure 11 : Transformation de *Rosa* RED INTUITION® ('Delstriro') (A) par la construction *35S::RoKSN*. Le phénotype des plantes transformées (D6x et D7x) est comparé à celui des plantes non transformées (WT). (C) résultats de southern blot réalisé à l'aide d'une sonde GFP.



Figure 12 : Plantes transformées par la construction $p35S::RoFT$. (A) fleur de *Rosa* PIMPRENELLE® ('Deldog') et fleur de *Rosa* GUY SAVOY® ('Delstrimen') et C) et D) plantes en culture *in vitro* après transformation montrant une floraison précoce .

Reference	Cultivar	Ploidy	Modified character	Transformation by	Integrated gene	Target tissue	Efficiency of transformation
Firoozabady <i>et al.</i> 1994	'Royalty'	4X	Flower color	<i>A. tumefaciens</i>	<i>Chalcone synthase</i>	Embryogenic callus	ND
Matthews <i>et al.</i> 1994	<i>Rosa persica</i> X <i>xanthine</i>	4X	Marker Gene	<i>A. tumefaciens</i>	β -glucuronidase (intron)	Protoplastes	ND
Derks <i>et al.</i> 1995	'Sonia'	4X	Disease resistance	<i>A. tumefaciens</i>	β -glucuronidase (intron), <i>cecropin B</i>	Embryogenic callus	ND
Souq <i>et al.</i> 1996	'Deladel'	4X	Plant Architecture and Flower color	<i>A. tumefaciens</i>	<i>Chalcone synthase</i>	Embryogenic callus	1-2 %
Van der Salm <i>et al.</i> 1997, 1998	'Moneyway'	4X	Root system	<i>A. rhizogenes</i>	<i>Rol gene</i>	Embryogenic callus	ND
Marchant <i>et al.</i> 1998	'Glad tidings'	4X	Disease resistance	Biolistic	β -glucuronidase (intron)	Embryogenic callus	ND
Dohm <i>et al.</i> 2001, 2002	'Heckenzauber' et 'Pariser charme'	4X	Disease resistance	<i>A. tumefaciens</i>	<i>Chitinase Glucanase Lysozyme</i>	Somatic Embryo	ND
Li <i>et al.</i> 2002	'Carefree beauty'	4X	Marker Gene	<i>A. tumefaciens</i>	β -glucuronidase	Somatic Embryo	ND
Condliffe <i>et al.</i> 2003	'Only love' 'Romy' 'Fresco' 'Tineke' 'Glad Tidings'	4X	Marker Gene	<i>A. tumefaciens</i>	β -glucuronidase (intron)	Somatic Embryo	ND
Li <i>et al.</i> 2003	'Carefree Beauty'	4X	Disease resistance	<i>A. tumefaciens</i>	<i>Ace-AMP1</i>	Embryogenic callus	0,09
Kim <i>et al.</i> 2004	'Tineke'	4X	Marker Gene	<i>A. tumefaciens</i>	<i>GFP</i>	Embryogenic callus	6,6%
Chen <i>et al.</i> 2006	<i>Rosa chinensis</i> Jacq.	?	Marker Gene	<i>A. tumefaciens</i>	β -glucuronidase (intron)	organogenic callus	ND
Vergne <i>et al.</i> , 2010	<i>R. chinensis</i> 'Old Blush'	2X	Marker Gene	<i>A. tumefaciens</i>	β -glucuronidase (intron)	Embryogenic callus	3-9%
Zvi <i>et al.</i> , 2012	'Pariser charme'	4X	Transcription factor	<i>A. tumefaciens</i>	<i>PAP1</i>	Embryogenic callus	ND
Zakizadeh <i>et al.</i> , 2013	<i>Rosa hybrida</i> 'Linda'	4X	Marker Gene	<i>A. tumefaciens</i>	<i>PSAG12-ipt</i>	Embryogenic callus	0,1
Xing <i>et al.</i> , 2014 a, b	<i>R. rugose</i>	2x	Flowering	<i>A. tumefaciens</i>	β -glucuronidase <i>FT Prunus mume</i>	Embryogenic callus	0,00114
Randoux <i>et al.</i> , 2014	<i>Rosa hybrida</i> 'RI'	2x	Flowering	<i>A. tumefaciens</i>	<i>RoKSN</i>	Embryogenic callus	0.17-12%
Qui <i>et al.</i> , 2015	<i>Rosa multiflora</i>	2X	Disease resistance	<i>A. tumefaciens</i>	<i>MLO genes</i>	Embryogenic callus	ND

Tableau 5 : Résumé de l'efficacité, des cibles et des processus de transformation génétique du Rosier (Supplementary Table 1_SMULDERS *et al.* 2019).

D - Description de l'expérience de l'encadrement et/ou l'animation d'une recherche (simplifiée avant 2010 – détaillée après 2010)

1 - ACTIVITES ENCADREMENT :

Dans le domaine de la recherche, je considère la notion d'encadrement plutôt comme un accompagnement qui vise à former, développer le sens de l'organisation et le sens critique, fédérer autour d'un projet, donner confiance/rassurer. La figure 13 reprend l'ensemble des mots-clé qui pour moi, expliquent la notion d'encadrement.

Entre 2001 et 2019, j'ai encadré ou co-encadré 3 BTS, 3 licences, 7 Masters, 8 doctorants/post-doctorants, 4 CDD et un apprenti. Le tableau 4 présente la répartition des encadrements selon mes deux principales activités de recherche (étude du déterminisme génétique de caractères d'intérêt [fond bleu] et mise en place d'un protocole de transformation génétique [fond rose]). La liste ci-dessous récapitule l'ensemble de ces non-permanents, les titres de leurs travaux et ce qu'ils sont devenus.

Sur les 30 étudiants que j'ai encadrés sur la période 2002-2019 (soit en moyenne 1.7 étudiants/an), plus de la moitié (53%) a trouvé un CDI dans la recherche publique ou privée. Les 6 étudiants qui sont en CDD ou en formation, sont les trois thésards en cours, le CDD que j'ai eu en 2018 (A. Petiteau actuellement en CDD à l'IRHS dans une autre équipe), l'apprenti que j'ai eu en 2016-2018 (actuellement en CDD à l'IRHS dans une autre équipe) et la stagiaire de L3 actuellement en stage dans l'équipe GDO (Violette Martinelli). Parmi les deux étudiants en recherche d'emploi, une étudiante qui a terminé sa thèse en 2015 et qui pour des raisons personnelles, a décidé de voyager après avoir exercé un emploi d'ingénieur au sein de l'institut technique Astredhor (2015-2017). Enfin, je n'ai pas d'informations pour 6 étudiants (catégorie « ne sais pas »).

En 2015, j'ai initié avec le directeur de la SFR (Philippe Simoneau) une summer school : cette école d'été ouverte aux étudiants étrangers était aussi accessible aux étudiants français, ainsi sur les deux années pour lesquelles j'ai organisé cette école d'été, nous avons eu respectivement 15 et 7 étudiants. En 2017, de fait de mes activités d'encadrement, j'ai souhaité me désengager de cette organisation qui a été reprise par

deux collègues de l'IRHS (M. Le Saux et P. Poupard) ; j'ai néanmoins participé à la rédaction d'un dossier de financement pour des étudiants chinois et ce avec la participation active de N. Dueso (RFI Objectif végétal) ; ce dossier a été retenu, permettant à 7 étudiants chinois d'être financés pour un séjour et une formation de trois semaines à Angers. Depuis deux ans, je gère une demi-journée de travaux pratiques autour de la recherche de QTL et une journée de visite de l'institut technique interprofessionnel des plantes à parfum, médicinales, aromatiques et industrielles (Iteipmai) suivi d'une visite de la roseraie de Mme Loubert aux rosiers-sur-Loire.

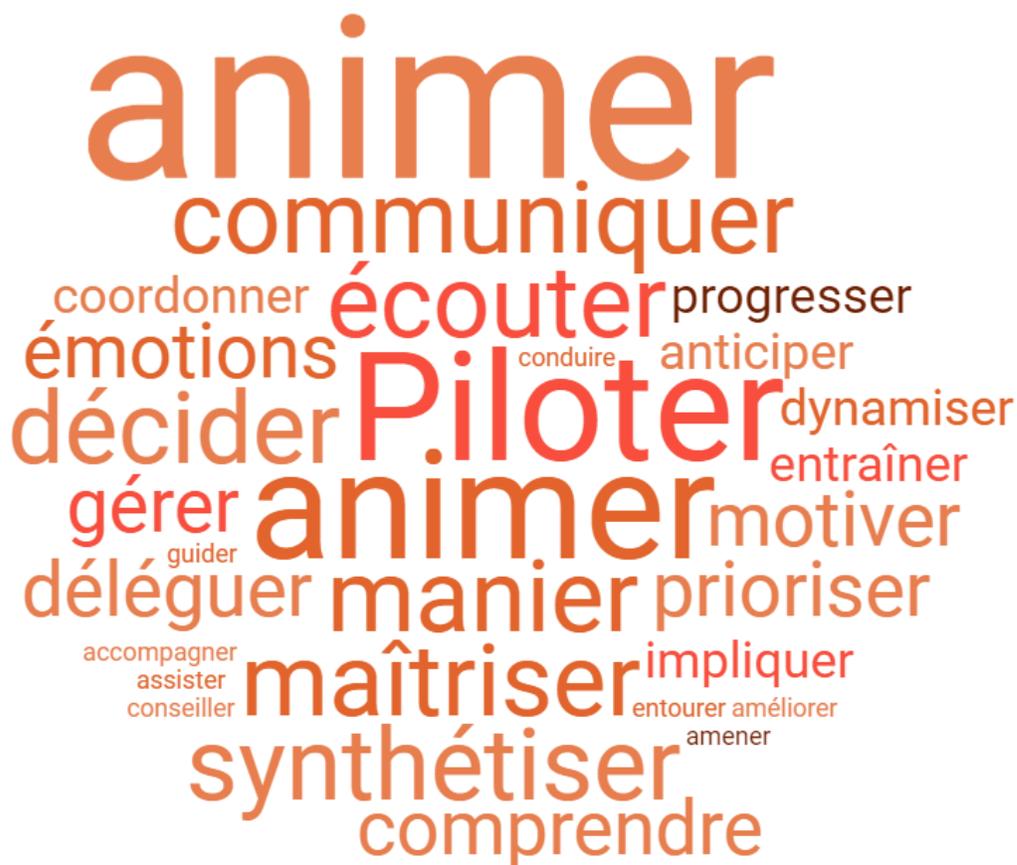


Figure 13 : Représentation schématique des mots-clés (Nuage de mots) qui caractérisent, pour moi, l'encadrement des stagiaires, étudiants, CDD et permanents.

Sur le projet Rosier (2001-2010)

position actuelle

- BTS
 - 2007 : Sébastien Pineau - Etude et analyse du caractère « organes floraux » dans deux populations issues de croisement de rosier. **Recherche (Privé)**
- Licence / Licences Pro
 - 2002 : Blandine Piffard - Etude bibliographique des gènes gouvernant le développement floral. **?**
 - 2002 : Sandrine Fabre - Recherche de marqueurs moléculaires associés à la remontée de floraison. **?**
 - 2004 : Marie-Eve Ploteau - Etablissement d'une carte génétique du rosier avec des marqueurs microsatellites. **Recherche (Privé)**
 - 2005 : Marie Pays - Distribution génomique et fonction putative des microsatellites chez les plantes. Etude bibliographique **?**
 - 2006 : Pierre-Emmanuel Marchand - Analyse de marqueurs moléculaires microsatellites dans une population F1 de rosier **?**
 - 2009 : Rémy Boussicut - Etude du phénotype et du génotype de deux populations hybrides de rosiers sur le caractère de la remontée de floraison. **Ingénieur (Privé)**
 - 2009 : Sébastien Pineau - Cartographie de gènes candidats dans une population de rosier par méthode SSCP, CAPS, dCAPS et HRM (co-encadrement avec Koji Kawamura Post-doctorant). **Recherche (Privé)**

Master

- 2003 : Eric Jourdren, DAA Statistique appliquée ENSAR Rennes - Mise en place d'outils d'étude pour une étude moléculaire chez le rosier : Caractérisation de marqueurs moléculaires et essais de régénération directe. **?**
- 2005 : Jérôme Nassibou - Cartographie de nouveaux marqueurs moléculaires. **Start up (Privé)**

- 2007 : Alexandra Haouy 2007 - Amélioration d'un protocole de transformation génétique chez le rosier : Validation fonctionnelle du gène *RGA*. Master Professionnel. **Recherche (Privé)**
- 2009 : Justine Perrotte - Contribution à l'étude du gène de la remontée de floraison chez le rosier. **Recherche (Privé)**
- Doctorat/Post Doctorat
 - 2007-2009 Post Doctorat : Ruxandra Gala - Postdoctorat (Bourse AUF : agence française de la francophonie-EMBO-CADRES-IFR-MRI INRA) **Recherche**
 - 2009-2011 Post Doctorat : Koji Kawamura - Cartographie génétique de composantes architecturales du rosier. **Recherche**
 - 2007-2009 Doctorat : Arnaud Remay (Dir. F. Foucher) – Participation - étude des bases moléculaires de la floraison chez le rosier. **Recherche**

Sur le projet Rosier (2010-)

- Licence
 - 2014 : C. Calmels - Mise au point d'outils moléculaires pour analyser la diversité du champignon *Diplocarpon rosae* agent de la tache noire du rosier. **Qualité**
 - 2019 : V. Martinelli - Participation à l'étude des données de RNAseq sur Yucca 'Golden Sword' (formation CMI). **En Cours de formation**
- Master
 - 2010 : Mélanie Rapicault - Analyse des données phénotypiques obtenues dans des populations issues de croisement de rosier Master professionnel ingénierie mathématique (co-encadrement S. Loustau). **?**
 - 2012 : Hanaé Roman - Cartographie génétique d'une population de rosier en vue de l'étude du déterminisme génétique de caractères d'intérêt (floraison et résistance aux maladies). **Recherche (Privé)**
 - 2013 : Amandine Leclere - Analyse de la résistance à la maladie de la tache noire du rosier. **Ingénieur (Privé)**
- Doctorat/Post Doctorat

- 2010 – 2012 : Marie Randoux, Doctorat - Participation - Contrôle de la remontée de floraison chez le rosier. **Recherche CDD**
- 2012-2015 : Camille Li Marchetti Doctorat, - Co-encadrement équipe ArchE-IRHS (Dir. Thèse : S. Sakr ArchE-IRHS; co-encadrant L. Crespel ArchE-IRHS) - Déterminismes génétiques et environnementaux des composantes architecturales à l'origine de l'élaboration de la forme du rosier buisson. **Ingénieur → arrêt**
- 2017-- : Diana Lopez Arias Doctorat - Co-encadrement avec F. Foucher (Dir. Thèse) et V. Soufflet-Freslon (co-encadrante) - Identification de facteurs de résistance à la maladie de la tâche noire chez le rosier de jardin **En Cours de formation**
- 2017--: NingNing Zhou Doctorat - Co-encadrement avec F. Foucher (Dir. Thèse) Genetic and genomics of prickly density in rose. **En Cours de formation**
- 2017-- : Alexandre Rouinsard Doctorat CIFRE - Co-encadrement avec A. Grapin (Dir. Thèse) - Feuillage panaché : étude du déterminisme des phénotypes et de leur stabilité lors de la multiplication végétative. **En Cours de formation**
- CDD
 - 2011-2012 : Anne Sophie Miclot CDD - Projet ROSA FORTISSIMA **Recherche**
 - 2012-2013 : Magali Larenaudie CDD - Projet ROSA FORTISSIMA **sans activité**
 - 2012-2013 : Magali Larenaudie CDD - Projet DODO
 - 2015 : Brice Marolleau - Projet BELAROSA **Ingénieur INRA**
 - 2018 : Aurélien Petiteau CDD - Projet Rozen'Form **Recherche CDD**
- Apprenti Ingénieur
 - 2016-2018 : Julien Bosselut - Comparaison de deux techniques de transgénèse et contribution à l'étude du gène *RoFT* chez le rosier. **Recherche CDD**

J'ai de plus participé à deux jurys de thèse :

Virginie Portemer : 2009 - Impacts de la contrainte hydrique sur l'architecture du rosier miniature : études de gènes impliqués et développement de protocoles de transformation génétique en vue de leur validation, Université de Poitiers

Jana Machenaud : 2010 - Biosynthèse du 2-phényléthanol et sécrétion du parfum chez le rosier, Académie de Lyon.

J'encadre, j'accompagne, je collabore avec plusieurs permanents de l'équipe, notamment les techniciens Annie Chastellier, Julien Jeauffre, Sandrine Pierre et Tatiana Thouroude. J'ai de plus, collaboré avec Muriel Bahut, AI sur le PTM ANAN de la SFR entre 2012 et 2018. Pour certains de ces permanents, je suis la responsable directe (A. Chastellier et S. Pierre) et j'organise avec ces permanents des réunions/discussions tous les 15j.

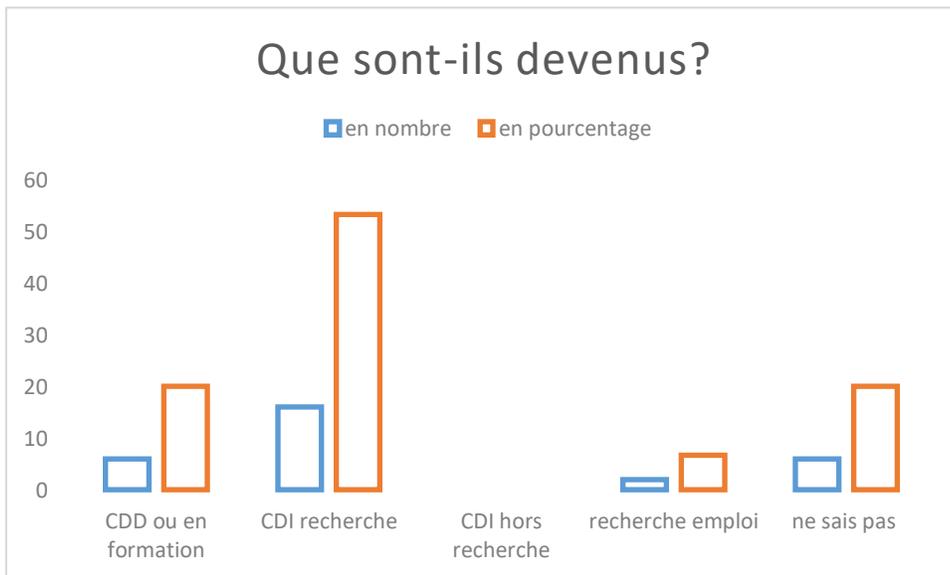


Figure 14 : Histogramme des positions actuelles des étudiants que j'ai encadrés sur la période 2002-2019 (30), en nombre ou en pourcentage. Cinq catégories sont représentées : en CDD ou en formation, en CDI dans le monde de la recherche publique ou privés, en CDI hors recherche (aucun étudiant dans cette catégorie), en recherche d'emploi ou ne sais pas.

Tableau 6 : répartition des encadrements selon mes principales activités de recherche (**étude du déterminisme génétique de caractères d'intérêt** [fond bleu], **mise en place d'un protocole de transformation génétique** [fond rose] **études de la maladie des taches noires du rosier** [fond vert]) (Les initiales des étudiants sont indiquées dans les cases).

	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	
BTS					PEM	SP		SP											
Licence	BF		MEP	MP (EB)				RB					CC (DIRO)						
	SF																		
Master		EJ		JN		AH		JP	MR		HR	AL							
Doctorat						RG							CLM			DAL			
/Post- doctorat							KK									AR			
						AR										NZ			
									MR										
CDD										ASM (RF)	ASM/ML (RF)	ML (DODO)		BM (BELAROSA)					AP (RozenForm)
																			JMM (Rst)

EB : études bibliographiques

RF : projet ROSA FORTISSIMA, rst : rosascent,

2 - EXPERTISE

Le tableau 7 présente les différentes instances dans lesquelles j'ai été impliquée en tant que membre, responsable ou présidente.

2.1 Responsable d'un plateau technique au sein de la SFR Quasav.

A la création de la SFR (structure fédérative de recherche) QUASAV (Qualité de Santé du Végétal) en 2008, j'ai pris la responsabilité du PTM ANAN (Analyses des acides nucléiques) qui met à disposition des membres de la SFR des appareils dédiés aux acides nucléiques (extraction, dosage, analyses). En Décembre 2012, une assistante ingénieur de l'Université d'Angers a pris la responsabilité technique de ce PTM ; je suis restée responsable scientifique de ce PTM jusqu'en Septembre 2017, responsabilité qui a été reprise par Sandrine Balzergue.

Au cours de ce mandat, j'ai pu participer à l'acquisition de différents matériels (robot pipetteur Zephir (Octobre 2012), qPCR 384 (Octobre 2013), Miseq (Décembre 2013) et un sonicateur Covaris (Mars 2014). Ce plateau accueille une quinzaine de projets par an et permet de passer plus de 15 000 échantillons. Pour certaines analyses, il se positionne en amont des plateformes notamment INRA, en permettant une vérification des échantillons voire une mise au point des protocoles et peut permettre de compléter des données manquantes.

Le PTM ANAN a obtenu plusieurs projets financés par un appel d'offre annuel proposé par la SFR : TranscritsNoeuds, ANANdb, PotdeFaire, Minella, DIRO, NOEMIS, KASPORO en cours.

2.2 Représentation et participation à des instances

Entre 2011 et 2016, j'ai été représentante dans différentes instances sous l'étiquette de la CGT (tableau 7). Depuis 2014, je suis présidente de la section POPAM (Plantes ornementales, à parfum, aromatiques et médicinales) du CTPS. Le CTPS est un comité technique pour la sélection sur lequel s'appuie le ministère de l'agriculture pour i) gérer les inscriptions au catalogue, ii) élaborer, proposer et mettre en application des

règlements techniques d'inscription au catalogue et iii) contrôler et certifier les variétés et l'aspect sanitaire des semences et des plants.

Les sections du CTPS (14 sections existantes) réunissent les acteurs d'une filière pour, d'une part, faire remonter les besoins et travailler sur des avancées telles que des règlements de certification et, d'autre part, informer les acteurs de la filière des réglementations en cours émanant du ministère. A titre d'exemple, la section POPAM a établi un règlement de certification sanitaire sur la lavande pour certifier des plants indemnes de Stolbur. Le tableau ci-dessous indique l'intérêt et l'apport de ces représentations et sollicitations dans mon parcours professionnel.

2.3 Referees et expertise projets

Depuis 2010, j'ai accepté de « reviewer » 26 publications (soit environ 3 publications/an) et suis sollicitée tous les ans pour expertiser les projets FranceAgriMer (7 projets).

3 - GESTION ET PARTICIPATION A DIFFERENTS PROJETS

CASDAR 2007-2010 : **Transformation génétique du rosier**. J'ai été porteur et responsable scientifique d'un projet CTPS-CASDAR de 2007 à 2010 sur la mise en place de la transformation génétique du Rosier. Ce projet regroupait une équipe de l'ENS de Lyon, les établissements Delbard, une équipe de l'université de Poitiers et une entreprise de production de Rosier (GENIFLORE). Pour gérer ce projet, j'ai organisé une à deux réunions par an, établi des CR et rédigé le rapport final. Ce projet a fédéré les partenaires autour du développement d'outils de biotechnologies du rosier et a donné lieu aux publications N°4 et 5

CASDAR 2011-2013 **ROSA FORTISSIMA**. J'ai été responsable scientifique d'un projet dont le porteur était le pôle de compétitivité Vegepolys innovation. Ce projet a initié le programme sur l'étude des résistances aux maladies foliaires du rosier, établi les relations entre notre équipe de recherche et les partenaires privés et donné lieu aux publications N°20 et 25.

IA 2012-2018 **GENIUS**. Je suis partenaire de ce projet qui fédère 15 partenaires privés

et publics autour de l'amélioration des techniques de transformation génétique et a donné lieu aux publications N°16, 19, 34 et 36.

CASDAR 2015-2016 **BELAROSA**. J'ai été porteur et responsable scientifique d'un projet. Ce projet fait suite au projet ROSA FORTISSIMA et a permis de développer un test en conditions contrôlées pour l'étude d'une collection de champignons et a donné lieu à la publication N°35.

ANR 2012-2016 **DODO**. J'ai été partenaire de ce projet. Identification et caractérisation des mutations DOMINANT DOUBLE (DODO) and DOUBLE FLOWER (DF) chez le pétunia et la rose. Ce projet et a donné lieu à la publication N°9.

Projet Région (CLES : Co-construction Ligérienne pour l'Emergence des Savoirs) **ROZ'ENFORM**. Ce projet participatif fédérait deux équipes de l'IRHS (GDO et ArchE), l'unité SAVE (Santé et Agroécologie du VignObIE) INRA Bordeaux, la SNHF (Société Nationale d'Horticulture de France), Terre des Sciences et l'Association de Sauvegarde des Parcs Et Jardins d'Anjou (ASPEJA). Ce projet est géré par ma collègue V. Soufflet-Freslon de l'équipe GDO.

Projet Objectif Végétal **ROGER** (Génétique et génomique de la résistance du rosier à la maladie des taches noires) (2018-2019). Ce projet permet essentiellement le financement du projet de la thèse de Diana Lopez-Arias.

ANR 2017-2020 **Rosascient**. Je suis partenaire de ce projet Biosynthèse des terpènes du parfum chez la rose qui est porté par le LBVpam de l'université de Saint-Etienne.

J'ai été porteur ou partenaire de différents projets financés par la SFR (financement entre 5.000 et 9.500€) :

- **POTDEFAIRE** - Potentialisation des défenses du pommier par développement méthodologique du FAIRE-seq au sein du PTM ANAN (3.000€ - 2013) - partenaire
- **ANANdb** - PTM ANAN database (7.000€ - 2014/2015) - partenaire
- **DIRO** - Etude de la diversité de *Diplocarpon rosae* agent de la maladie des tâches noires du rosier. (7.250€ - 2013/2014) - porteur
- **TranscritsNoeuds** - Analyse du transcriptome des nœuds de rosier en lien avec

la capacité de débourrement des bourgeons. (6.100€ - 2014) - partenaire

- **MinELLA** - Etude du procédé de séquençage par la technologie MinION™ sur l'ADN de la bactérie phytopathogène *Xylella fastidiosa*. (4.500€ - 2016/2017) - partenaire
- **KASPoRo** - Développement de techniques de détection de marqueurs SNP par la technique KASPTM (Kompetitive Allele Specific PCR) chez le Pommier et le Rosier. (5.000€-2018/2019) - porteur

Tableau 7 : Présentation des instances dans lesquelles j'ai été ou je suis représentante

Instances	Représentante de	Depuis ou année	réunion/an	Intérêt/Vision
Conseil scientifique de centre	CGT personnel Non renouvelé	Depuis 2011 Arrêt en 2016	2	Organisation/structuration
Conseil de gestion du département BAP	CGT personnel Non renouvelé	Depuis 2011 Arrêt en 2016	2	Projets/budget/restructuration - permet de faire remonter les questions des personnels
Membre du Comité de direction de la SFR Quasav	PTM ANAN	2008-2017	1/mois	Vie collective des acteurs sur le végétal - partage transparent des choix - discussion des perspectives
Membre de la section CTPS POPAM (plantes ornementales à parfum, aromatiques et médicinales) Commission certification Commission scientifique Présidente de la section CTPS POPAM	Dtp BAP	2012 2014	2	Ouverture sur des projets POPAM à soumettre au CTPS - lieu de rencontre avec la filière
Présidente de jury de sélection professionnelle Membre de Jury CIPP Présidente du CIPP TR		2009 et 2011 2012 2016		Vision globale de l'Institut - travail de concertation et de sélection
Membre du conseil de service de l'IRHS	Elue Elue (remplacement)	2014-2017 Fin 2018	1 2	
Membre du COSAI Vegepolys Innovation (Axe 1 Innovation Variétale)	Sollicitation	2016-	2	Vision des projets du pôle de compétitivité et aide à la décision

E - Réflexion sur la prospective précisant vos projets notamment en matière de recherche et de perspective de carrière

Depuis une vingtaine d'année, il y a eu de nombreuses avancées sur le rosier ; depuis la 1ère carte génétique du rosier en 1999 (Debener and Mattiesch), une vingtaine de cartes génétiques ont été publiés sur des populations diploïdes et tétraploïdes et ont permis de localiser des gènes majeurs et QTLs gouvernant les caractères de floraison, morphologie de la fleur, parfum, résistance aux maladie, vigueur, composants architecturaux, épines. Ces cartes sont maintenant des cartes haute densité construites à l'aide de marqueurs SNP. Récemment, deux séquences complètes du génome ont été publiées (Hibrand Saint-Oyant et al. 2018; Raymond et al. 2018) et nous permettent d'envisager des stratégies pour trouver les gènes sous-jacents.

En parallèle, des études sur la diversité du genre *Rosa* ont été menés et notamment par l'équipe GDO (projets FlorHiGe et Rosemondes), mais aussi des études de GWAS (Hibrand Saint-Oyant et al. 2018).

Au regard de ces besoins et outils disponibles, les perspectives peuvent se diviser en trois parties :

- Finalisation des études de déterminisme génétique en s'appuyant sur la disponibilité de la séquence du génome du rosier
- Poursuite du projet sur l'étude de la résistance/sensibilité à la maladie des tâches noires
- Transfert de mes compétences sur d'autres plantes ornementales

1 - FINALISATION DES ETUDES DE DETERMINISME GENETIQUE

Les objectifs sont d'affiner au mieux les localisations (en densifiant les zones génétiques en marqueurs moléculaires et/ou en élargissant les populations étudiées), d'identifier les gènes sous-jacents, de définir les allèles responsables et comprendre les mécanismes physiologiques mis en jeu et à terme d'accompagner la création variétale. Nous disposons de nombreux marqueurs moléculaires et nous avons créé une population de 1000 descendants (qui permettra un affinage des zones génétiques de l'ordre de 0.1 cM si les

zones d'intérêt sont recombinantes). Un des points bloquants reste le phénotypage et nous devons travailler au développement d'un phénotypage plus automatisé pour caractériser cette population – cet aspect est en discussion avec l'équipe Phenotic de l'IRHS notamment sur la résistance aux maladies. De plus, des nombreuses études de transcriptomiques sont menées sur le rosier et des études de gènes différentiellement exprimés permettront de cibler les gènes sous-jacents. Cette stratégie est actuellement menée dans le cadre de deux thèses que je co-encadre :

- Thèse Diana Lopez-Arias (2017-2020) sur l'étude de la Résistance à la maladie de la tâche noire du rosier
- Thèse NingNing Zhou (2017-2020) sur l'étude génétique et génomique de la densité des épines de rosier

Dans ces deux thèses, j'ai développé en lien avec l'INRA du Moulon, l'utilisation du logiciel Biomercator (<https://urgi.versailles.inra.fr/Tools/BioMercator-V4>) qui permet de positionner un QTL commun sur des analyses menées sur différentes populations et années de notation. Ce logiciel permet aussi d'intégrer les données de GWAS et de projeter le QTL commun sur la carte physique permettant ainsi de lister les gènes sous-jacents dans l'intervalle du QTL commun défini.

Grâce à ce travail et en lien avec les études transcriptomiques, les travaux permettront de lister les gènes candidats pour ces caractères.

La fonction et la régulation de l'expression de ces gènes pourront ensuite être étudiées par validation fonctionnelle. Selon les cas, des études métabolomiques ou épigénétiques pourraient être envisagés.

2 - POURSUITE DU PROJET SUR L'ÉTUDE DE LA RESISTANCE/SENSIBILITE AUX MALADIES

La poursuite de ce projet doit s'orienter vers le développement de résistances durables aux maladies et l'accompagnement de la conduite des plantes ornementales en respect avec l'environnement – la problématique des pesticides de synthèse est résolu pour les collectivités et particuliers depuis l'interdiction totale d'utilisation début 2019

mais le problème reste présent dans la production et les particuliers sont très demandeurs de solutions alternatives.

Pour contribuer à une résistance durable aux maladies, il existe plusieurs voies et c'est probablement la combinaison de ces voies qui permettra d'aller vers cet objectif. La première voie consiste à **changer notre regard** et à accepter que nous ayons dans notre jardin quelques taches et herbes folles : pour cela il faut diffuser le message auprès de particuliers ou collectivités et poursuivre les interventions dans les écoles, à la fête de la science, faire des films etc...

Une autre voie consiste à **créer des variétés résistantes**. En ce qui concerne la maladie de la tache noire, les obtenteurs ont fait un effort important qui permet aujourd'hui d'avoir de nouvelles variétés de rosier très résistantes à cette maladie. Le test que nous avons mis au point permet de caractériser cette résistance et est maintenant proposé par Vegepolys Innovation pour toute demande extérieure. Est-ce que ces résistances seront durables ? Est-ce que les souches de champignon vont contourner ces résistances ? A ce stade, il est difficile de répondre à ces questions mais nous continuons à travailler sur la diversité du champignon et cherchons à identifier les effecteurs dans le cadre de l'ANR bilatérale « BlackRoses » entre l'Université de Hannovre et l'IRHS (coordinateurs F. Foucher/T. Debener) (en attente de réponse).

D'autres maladies sont problématiques telle que l'oidium (*Podosphaera pannosa*) ou émergentes telle que le mildiou (*Peronospora sparsa*) et nous avons démarré cette année une notation terrain sur cette maladie qui est très difficile à noter car les taches provoquées par le champignon ressemblent fortement à celle provoquées par la maladie de la tache noire et la défoliation de la plante est très rapide.

Une autre voie très utilisée pour induire des résistances durables dans les cultures céréalières mais aussi arboricoles est **le mélange variétal** qui consiste à associer des variétés différents pour leur résistance aux maladies au sein d'une même parcelle (Pope De Vallavieille et al. 2016). Cette voie n'a pas été explorée pour la production et l'installation de rosier (par exemple dans les collectivités) mais des collègues de l'équipe ArchE s'intéressent à cet aspect et nous pourrons interagir avec eux pour choisir les niveaux et types de résistance à cumuler.

Dans le cadre du projet Roz'enForm, nous avons essayé d'aborder l'étude du **lien entre architecture et résistance** avec nos collègues de l'équipe ArchE ; cela n'a pas pu être mené de façon satisfaisante car la diversité des composants architecturaux n'était pas suffisante dans la population d'étude. Néanmoins, les liens entre caractères devront être explorés à l'avenir (autres liens : Couleur/parfum, Nombre de pétales/forme de la fleur, caractéristiques de la feuille/résistance aux maladies foliaires, date de floraison/résistance, date de floraison/architecture de la plante etc..).

Une voie complémentaire dans la gestion des maladies est l'**utilisation de produits de Biocontrôle ou Biostimulants** pour protéger ou stimuler les résistances naturelles des plantes. Il serait intéressant de tester l'efficacité de produits dans le test que nous avons mis en place – ce projet intéresse à la fois des producteurs, des obtenteurs mais aussi des fournisseurs de produits. Nous discutons actuellement avec l'institut technique Astredhor et Vegepolys Innovation sur ce projet ainsi qu'avec l'institut ITEIPMAI qui dispose d'un test Mildiou/Basilic ; l'idée étant de mener les essais sur ces deux pathosystèmes (Rosier/*Diplocarpon* et Basilic/Mildiou). Sur rosier, nous envisageons de développer une puce qPFD qui permet de tester l'activation de gènes de défense à l'application de produits de Biocontrôle. Ce concept de puce a été développé par l'équipe Respom de l'IRHS sur Pommier (de Bernonville et al. 2014), Vigne, Tomate et récemment Carottes. Comme nous disposons de plusieurs séquences de différentes espèces de rosier (projet GenoRose conduit par J. Clotault et F. Foucher en lien avec l'université d'Hanovre), nous pouvons utiliser ces séquences pour développer une puce fonctionnelle sur différents génotypes de rosier (voire sur l'ensemble du genre).

3 - TRANSFERT DE MES COMPETENCES SUR D'AUTRES ORNEMENTALES

Du fait de mes compétences en culture *in vitro* et en génétique, j'ai été sollicitée pour travailler sur d'autres modèles ornementaux. Il me semble primordial d'élargir nos modèles d'études et/ou de transférer nos connaissances sur d'autres espèces dites orphelines car peu étudiées en recherche fondamentale et qui apportent néanmoins des questions de recherche originales.

Ainsi depuis 2017, je co-encadre la thèse CIFRE d'Alexandre Rouinsard (avec A. Grapin-Dir. Thèse) sur l'étude du déterminisme de plantes à feuillage panaché et de leur stabilité

lors de la multiplication végétative. Dans le cadre de cette thèse, nous avons prévu des études de RNA-seq et d'expression différentielle entre un génotype à feuillage panaché et une copie de ce même génotype non-conforme (perte de la panachure après multiplication *in vitro*). La figure 10 présente le schéma des échantillons RNAseq qui seront comparés. Je serai impliquée directement dans cet aspect de la thèse d'Alexandre, toute la difficulté résidant dans le fait que nous n'avons pas de génome de référence et très peu de séquences codantes sur ce genre.

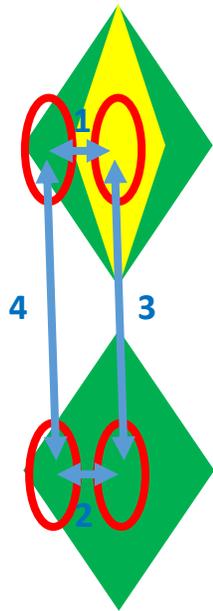


Figure 15 : Schéma d'analyse de gènes différentiellement exprimés entre les tissus de plants de Yucca panachés (plante conforme [C] : losange jaune et vert) et plante non-conforme (uniforme [U] : losange vert).

Les bordures [B] et les tissus du centre [C] de la feuille seront ciblés et les comparaisons seront effectuées entre

PC/UC (3) : permettra de lister les gènes sur- ou sous-exprimés dans les tissus panachés

PB/PC (1) et UB/UC (2) : permettra de lister les gènes spécifiques de la zone de la feuille

PB/UB (4) : permettra de définir des gènes spécifiques à la bordure de la feuille – il devrait y avoir peu de gènes différentiellement exprimés entre ces deux tissus

Dans le cadre du labcom MATCH (2019-2022) qui a pour objectif de développer des Méthodes Alternatives aux Traitements Chimiques sur Hortensia, trois axes d'amélioration ont été ciblés :

- Axe 1 : Développement de méthodes alternatives aux fongicides :
- Axe 2 : Développement de méthodes alternatives aux nanifiants :
- Axe 3 : Ajustement des apports de fertilisants et de sulfate d'alumine (agent bleuisant)

Je suis impliquée dans le développement de marqueurs SNP liés aux caractères de résistance au botrytis, à l'architecture et à la couleur de la fleur et je suis responsable de l'axe 2 de ce labcom. Ce travail sera mené avec la société LGC qui développe des techniques de RADseq et avec plusieurs étudiants qui sont prévus sur ce projet.

F – Publications

Publications depuis 2010 DANS des revues sans comité de lecture (ACL)

1. Foucher F, Hibrand-Saint Oyant L, Hamama L, Sakr S, Nybom H, Baudino S, Caissard JP, Byrne DM, Smulder JMS, Desnoyé B, Debener T, Bruneau A, De Riek J, Matsumoto S, Torres A, Millan T, Amaya I, Yamada K, Wincker P, Zamir D, Gouzy J, Sargent D, Bendahmane M, Raymond O, Vergne P, Dubois A, Just J (2015) towards the rose genome sequence and its use in research and breeding. *Acta Horticulturae* 2064: 167-175
2. Hamama L, Cesbron D, Voisine L, Lecerf M, Jareno C, Dorion N, Foucher F, Sakr S, **Hibrand-Saint Oyant L** (2015) Effects of carbohydrate sources and BAP concentrations on in vitro morphogenesis of four rose genotypes. In *Acta Horticulturae*, Canhoto JM, Correia SI (eds), pp 75-83.
3. **Hibrand-Saint Oyant L**, Randoux, M., Jeauffre, J., Thouroude, T., Pierre, S., Jammes, M.J., Reynoird, J.P. and Foucher, F. (2015) The continuous flowering gene in rose is a floral inhibitor. *Acta Horticulturae* 1064: 107-113.
4. Foucher F., Soufflet-Freslon V. & **Hibrand-Saint Oyant L.** (2015). Construction de végétaux pour répondre aux attentes des urbains. L'amélioration des espèces ornementales, ex : rosiers « 0 phyto ». CIAG : Ville à haute intensité écologique : la place du végétal. *Innovations Agronomiques* 45, 61-71.
5. Miclot, A. S.; Larenaudie, M.; Roman, H.; Chastellier, A.; Thouroude, T.; Foucher, F.; Robert, F.; DelaCour, J. M.; Tragin, M.; Gros, O.; Gironde, S.; Bersihand, S.; Massot, M.; Bryone, F.; Félix, F.; Hibrand-Saint Oyant, L., 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, 179-188.
6. Soufflet-Freslon, V.; Clotault, J.; Araoux, E.; Pernet, A.; Thouroude, T.; Michel, G.; Jeauffre, J.; Kawamura, K.; Oghina-Pavie, C.; Hibrand-Saint Oyant, L.; Foucher, F. In Selection of blooming seasonality in rose, International Society for Horticultural Science (ISHS), Leuven, Belgium: 2019; pp 19-24; (b)
7. Soufflet-Freslon, V.; Marolleau, B.; Thouroude, T.; Chastellier, A.; Pierre, S.; Bellanger, M. N.; Le Cam, B.; Bonneau, C.; Porcher, L.; Leclere, A.; Robert, F.; Felix, F.; Foucher, F.; **Hibrand-Saint Oyant, L.** In *Development of tools to study rose resistance to black spot*, International Society for Horticultural Science (ISHS), Leuven, Belgium: 2019; pp 213-220.
8. Baudino, S.; Sun, P.; Caissard, J. C.; Nairaud, B.; Moja, S.; Magnard, J. L.; Bony, A.; Jullien, F.; Schuurink, R. C.; Vergne, P.; Dubois, A.; Raymond, O.; Bendahmane, M.; **Hibrand-Saint Oyant, L.**; Jeauffre, J.; Clotault, J.; Thouroude, T.; Foucher, F.; Blerot, B. In *Rose floral scent*, International Society for Horticultural Science (ISHS), Leuven, Belgium: 2019; pp 69-80.

Posters (P) / Communications (**communicant**) depuis 2010

1. **Hibrand-Saint Oyant L.** Utilisations contemporaines des rosiers Tendances de chercheur. 7 octobre 2010. Orangerie du parc de Bagatelle. Ecole Du Breuil
2. Baudino S., Roccia A., Caissard J.C., Magnard J.L., Machenaud J., Dubois A., Raymond O., Huguency P., Scalliet G., Vergne P., Bendahmane M., **Hibrand-Saint Oyant L.**, Foucher F. & Thouroude T., 2010, Biosynthesis of rose scent compounds - 11th World Petunia Days, Lyon, France, sep 26-28th.
3. Miclot A.S., Roman H., Gironde S., Porcher L., Thouroude T., Chastellier A., Massot M., Foucher F. and **Hibrand-Saint Oyant L.** (2012) Development of a rose genetic map into the "ROSA FORTISSIMA" project: a Rose project to control the diseases. Symposium on horticulture in Europe - July 1-5, 2012 - Angers, FRANCE. (P)
4. Boumaza Rachid, Nathalie Leduc, Hervé Autret, François Barbier, Jessica Bertheloot, Nathalie Brouard, Mathieu Caradeuc, Laurent Crespel, Sabine Demotes-Mainard, Odile Douillet, Bénédicte Dubuc, Fabrice Foucher, Pierre-Maxime Furet, Gilles Galopin, Morgan Garbez, **Laurence Hibrand Saint-Oyant**, Lydie Huché-Théliér, Anita Lebec, José Le Gourrierc, Marion Lecerf, Camille Li-Marchetti, Jérémy Lothier, Philippe Morel, Maria-Dolores Perez-Garcia, Alix Pernet, Thomas Peron, Daniel Relion, Hanaé Roman, Pierre Santagostini, Monique Sigogne, Gérard Sintès, Sandrine Pelleschi-Travier, Alain Vian, Vincent Guérin, Soulaïman Sakr. (2013) Assessment of the rose floribundity and architecture.

Symposium on horticulture in Europe - July 1-5, 2012 - Angers, FRANCE (P)

5. **Hibrand-Saint Oyant L.**, Randoux M., Jeauffre J., Thouroude T., Pierre S., Jammes M.J., Reynoird J.P. and Foucher F. (2013) The Continuous Flowering Gene in Rose Is A Floral Inhibitor. VI International Symposium on Rose Research and Cultivation. Hanover (Germany) 25-30 august 2013.
6. **Baudino S.**, Caissard J.-C., Sun P., Roccia A., Magnard J.-L., Dubois A., Raymond O., Vergne P., **Hibrand-Saint Oyant L.**, Thouroude T., Foucher F., Huguene y P. & Bendahmane M., 2014, Biosynthesis of rose scent compounds. First Belgium-France Rose Meeting, Melle, Belgium, apr 24-25th.
7. **Baudino S.**, Caissard J.-C., Magnard J.-L., Sun P., Jullien F., Roccia A., Vergne P., Dubois A., Raymond O., Bony A., Nicole F., Moja S., Foucher F., **Hibrand-Saint Oyant L.**, Thouroude T., Huguene y P. & Bendahmane M., 2015, Rose Floral scent (Fragrance, from the scientific point of view). 17th World Rose Convention, Lyon, France, may 25th-june 5th.
8. **Baudino S.**, Caissard J.-C., Magnard J.-L., Sun P., Jullien F., Roccia A., Vergne P., Dubois A., Raymond O., Bony A., Nicolè F., Moja S., Foucher F., **Hibrand L.**, Thouroude T., Huguene y P. & Bendahmane M., 2015, Oral communication, Rose scent. Colloque de la Société Nationale d'Horticulture de France, Lyon, France, 29 mai.
9. **Baudino S.**, Caissard J.-C., Magnard J.-L., Sun P., Jullien F., Roccia A., Vergne P., Dubois A., Raymond O., Bony A., Nicolè F., Moja S., Foucher F., **Hibrand-Saint Oyant L.**, Jeauffre J., Thouroude T., Bendahmane M., Huguene y P. & Rohmer M., **2015**, Oral Communication, "I did it my way" : comment les roses fabriquent leurs parfums ? **2èmes Journées du GDR MediatEC**, Banyuls, France, 28-30 oct.
10. **Liorzou M.**, Mandô B, **Hibrand Saint-Oyant L**, Jeauffre J, Thouroude T, Chastellier A, Soufflet-Freslon V, Foucher F, Pernet A, Clotault J, Grapin A, Loustau S, Bris Ch, Oghina-Pavie C, Briée C, Fréger Y, Cézard N, Tarbouriech A. The Noisette rose project in France. 17th world rose convention, Lyon 2015.
11. J-C Caissard, P Sun, S Moja, A Bony, F Jullien, J-L Magnard, S Baudino, **L Hibrand-Saint Oyant**, T Thouroude, F Foucher, R Baltenweck, P Huguene y, S Réty, C Tisné, S Fiorucci, S Antonczak, R C Schuurink. 2016, Poster, Using biodiversity of wild roses to gain insights on NUDX1 hydrolase "GES-like function": preliminary results. Gordon Research Conferences on Plant Volatiles, Ventura, USA, 31st jan-4th feb. (P)
12. **Baudino S.**, Caissard J.-C., Sun P., Magnard J.-L., Jullien F., Roccia A., Vergne P., Dubois A., Raymond O., Bony A., Nicole F., Moja S., Foucher F., **Hibrand-Saint Oyant L.**, Thouroude T., Huguene y P. & Bendahmane M., **2016**, Le parfum des roses. **Colloque SNHF, « Rose, Reine des jardins »**, Rouen, France, 11 fév.
13. **Bendahmane M.**, Just J., Raymond O., Vergne P., Dubois A., Szecsi J., Yang S.-H., Fu X., Foucher F., Hamama L., **Hibrand L.**, Sakr S., Choisne N., Quesneville H., Baudino S., Maja S., Caissard J.C., De Riek J., Debener T., Smulders R., Byrne D., Gouzy J., Carrere S., Legrand L., Wincker P., Lemainque A., Couloux A., Aury J.-M., Lebris M., Govetto B., Zamir D., Sargent D., Bruneau A., Torres A., Amaya I. & Hokanson S., 2016, A journey towards Rose genome sequencing: challenge and benefits. International Plant and Animal Genome XXIV Conferences. San Diego, USA, jan 9-13th.
14. **Baudino S.**, Sun P., Caissard J.-C., Magnard J.-L., Roccia A., Vergne P., Dubois A., **Hibrand-Saint Oyant L.**, Jullien F., Nicole F., Raymond O., Rohmer M., Foucher F., Huguene y P., Bendahmane M. & Schuurink R.C., 2016, A novel pathway towards monoterpene scent compounds in roses. Gordon Research Conferences, « Plant Volatiles », Ventura, USA, jan 31st-feb 5th.
15. **Baudino S.**, Sun P., Caissard J.-C., Magnard J.-L., Roccia A., Vergne P., Dubois A., **Hibrand-Saint Oyant L.**, Jullien F., Nicole F., Raymond O., Rohmer M., Foucher F., Huguene y P., Bendahmane M. & Schuurink R.C., 2016, Rose floral scent. International Conference on Ecological Sciences, S.F. écologie 2016, Marseille, France, oct 24-28th.
16. **Foucher F.**, **Hibrand Saint-Oyant L.**, Hamama L., Thouroude T., Chastellier A., Sakr S., Baudino S., Moja S., Caissard J.-C., Smulders M.J.M., Borm T.J.A., Arens A., Bourke P., Voorrips R., Maliepaard C., Debener T., De Riek J., Torres A., Amaya I., Cabrera A., Zamir D., Nybom H., Attanasov A., Hokanson S., Bradeen J., Zlesak D., Byrne D., Main D., Bruneau A., Matsumoto S., Yamada K., Yan H., Tang K., Fu X., Lebris M., Goveto B., Wincker P., Lemainque A., Aury J.-M., Couloux A., Choisne N., Quesneville H., Gouzy J., Carrere S., Legrand L., Just J., Vergne P., Raymond O., Dubois A., Szecsi J. & Bendahmane M., 2016, Poster, Rose genome sequence initiative: project and recent advances. 8th International Rosaceae Genomics Conference, Angers, France, 21st-24th june.

17. Just J., Lemainque A., Aury J.-M., Couloux A., Carrere S., Legrand L., Choisine N., Raymond O., Vergne P., Hamama L., Moja S., Caissard J.-C., Sakr S., **Hibrand Saint-Oyant L.**, Goveto B., Dubois A., Szecsi J., Van Laere K., De Riek J., Debener T., Smulders M.J.M., Zamir D., Yan H., Tang K., Yang S.-H., Fu X.-P., Byrne D., Hokanson S., Le Bris M., Baudino S., Salse J., Quesneville H., Benhamed M., Foucher F., Wincker P., Gouzy J. & Bendahmane M., 2016, Poster, Rose genome sequencing initiative: challenges and benefits. 8th International Rosaceae Genomics Conference, Angers, France, 21st-24th June. (P)
18. Sun P., Caissard J.-C., Bony A., Magnard J.-L., Moja S., **Hibrand L.**, Thouroude T., Foucher F., Baltenweck R., Hugueney P., Fiorucci S., Antonczak S., Haring M.A., Schuurink R.C. & Baudino S., 2016, Nudix hydrolase functions in biosynthesis of Rose scent. Plant Biology Europe EPSO/FESPB Congress, Prague, Czech Republic, 26th-30th June. (P)
19. Baudino S., Caissard J.-C., Sun P., Magnard J.-L., Jullien F., Rocchia A., Vergne P., Dubois A., Raymond O., Bony A., Nicole F., Moja S., Foucher F., **Hibrand-Saint Oyant L.**, Thouroude T., Hugueney P., Bendahmane M. & Schuurink R.C., 2016, Rose scent. 11th National Meeting of the SFBV. Angers, France, 6-8 July.
20. Hamama L., Foucrier S., Voisine L., Pierre S., Jeauffre J., Foucher F., **Hibrand-Saint Oyant L.** Plant regeneration from tissue culture and advances in *Agrobacterium tumefaciens*-mediated genetic transformation of Rose cultivars. SFBV 2016 Angers.
21. Marolleau B., Soufflet-Freslon V., Thouroude T., Chastellier A., Bryone F., Robert F., Felix F., Foucher F., Leclere A., Bonduelle D., Hibrand-Saint Oyant L. Identification of new genomic regions for rose resistance to black spot. 8th International Rosaceae Genomics Conference (RGC8) 21-23 June Angers - France 2016. (P)
22. S. Baudino, P. Sun, J.-C. Caissard, B. Nairaud, S. Moja, J.-L. Magnard, A. Bony, F. Jullien, R. C. Schuurink, P. Vergne, A. Dubois, O. Raymond, M. Bendahmane, **L. Hibrand-Saint Oyant**, J. Jeauffre, J. Clotault, T. Thouroude, F. Foucher, P. Hugueney, B. Blerot. Rose floral scent. ISHS Angers 2017.
23. Baudino S., Caissard J.-C., Sun P., Magnard J.-L., Jullien F., Rocchia A., Vergne P., Dubois A., Raymond O., Bony A., Nicole F., Moja S., Foucher F., **Hibrand-Saint Oyant L.**, Thouroude T., Hugueney P., Bendahmane M. & Schuurink R.C., 2017, Oral Communication, A novel pathway towards monoterpene scent compounds in rose, SémIDEEV, Le Moulon, France, 24 April.
24. Hamama L., Foucrier S., Voisine L., Pierre S., Cesbron D., Jeauffre J., Bosselut J., Foucher F., **Hibrand-Saint Oyant L.** Development of a complete process of in vitro culture and *Agrobacterium tumefaciens*-mediated genetic transformation of Rose cultivars. ISHS Angers 2017. (P)
25. V. Soufflet-Freslon, B. Marolleau, T. Thouroude, A. Chastellier, S. Pierre, M.N. Bellanger, B. Le Cam, C. Bonneau, L. Porcher, A. Leclere, F. Robert, F. Felix, F. Foucher, **L. Hibrand-Saint Oyant**. Development of tools to study rose resistance to black spot. ISHS Angers 2017.
26. Bosselut J., Hamama L., Foucrier S., Voisine L., Pierre S., Thouroude T., Jeauffre J., Foucher F. and **Hibrand-Saint Oyant L.** Development of a complete process of in vitro culture and *Agrobacterium tumefaciens*-mediated genetic transformation of Rose cultivars. RGC9 June 26-30, 2018 Nanjing, China
27. Foucher F., Lopez-Arias D., Zhou N., Soufflet-Freslon V., Chastellier A., Baudino S., Caissard J.-C., Jeauffre J., Thouroude T. and **Hibrand-Saint Oyant L.** Several tools to study genetic determinism of Rose: a dense SNP genetic map and a large population F1 installed in the field and available to the community. RGC9 June 26-30, 2018 Nanjing, China. (P)

Références bibliographiques

- Allum JF, Bringle DH, Roberts AV. 2010. Interactions of four pathotypes of *Diplocarpon rosae* with species and hybrids of *Rosa*. *Plant Pathology* **59**: 516-522.
- Brault V, Hibrand L, Candresse T, Le Gall O, Dunez J. 1989. NUCLEOTIDE-SEQUENCE AND GENETIC ORGANIZATION OF HUNGARIAN GRAPEVINE CHROME MOSAIC NEPOVIRUS RNA2. *Nucleic Acids Research* **17**: 7809-7819.
- Crespel L, Chirrollet M, Durel CE, Zhang D, Meynet J, Gudín S. 2002. Mapping of qualitative and quantitative phenotypic traits in *Rosa* using AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics* **105**: 1207-1214.
- Crespel L, Pernet A, Le Bris M, Gudín S, Hibrand-Saint Oyant L. 2009. Application of ISSRs for cultivar identification and assessment of genetic relationships in rose. *Plant Breeding* **128**: 501-506.
- de Bernonville TD, Marolleau B, Staub J, Gaucher M, Brisset MN. 2014. Using Molecular Tools To Decipher the Complex World of Plant Resistance Inducers: An Apple Case Study. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* **62**: 11403-11411.
- Debener T. 1999. Genetic analysis of horticulturally important morphological and physiological characters in diploid roses. *Gartenbauwissenschaft* **64**: 14-20.
- Debener T, Drewes-Alvarez R, Rockstroh K. 1998. Identification of five physiological races of blackspot, *Diplocarpon rosae* Wolf, on roses. *Plant Breeding* **117**: 267-270.
- Debener T, Mattiesch L. 1999. Construction of a genetic linkage map for roses using RAPD and AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics* **99**: 891-899.
- Dong QN, Wang XW, Byrne DH, Ong K. 2017. Characterization of Partial Resistance to Black Spot Disease of *Rosa* sp. *Hortscience* **52**: 49-53.
- Dubois A, Raymond O, Maene M, Baudino S, Langlade NB, Boltz V, Vergne P, Bendahmane M. 2010. Tinkering with the C-Function: A Molecular Frame for the Selection of Double Flowers in Cultivated Roses *PLOS One* **5**: 1-12.
- Dugo ML, Satovic Z, Millan T, Cubero JI, Rubiales D, Cabrera A, Torres AM. 2005. Genetic mapping of QTLs controlling horticultural traits in diploid roses. *TAG Theoretical and Applied Genetics* **111**: 511-520.
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology* **14**: 2611-2620.
- Foucher F, Chevalier M, Corre C, Soufflet-Freslon V, Legeai F, Oyant LHS. 2008. New resources for studying the rose flowering process. *Genome* **51**: 827-837.
- Francois L, Verdenaud M, Fu XP, Ruleman D, Dubois A, Vandebussche M, Bendahmane A, Raymond O, Just J, Bendahmane M. 2018. A miR172 target-deficient AP2-like gene correlates with the double flower phenotype in roses. *Scientific Reports* **8**.
- Gattolin S, Cirilli M, Pacheco I, Ciacciulli A, Linge CD, Mauroux JB, Lambert P, Cammarata E, Bassi D, Pascal T et al. 2018. Deletion of the miR172 target site in a TOE-type gene is a strong candidate variant for dominant double-flower trait in Rosaceae. *Plant Journal* **96**: 358-371.
- Hamama L, Naouar A, Gala R, Voisine L, Pierre S, Jeauffre J, Cesbron D, Leplat F, Foucher F, Dorion N et al. 2012. Overexpression of RoDELLA impacts the height, branching, and flowering behaviour of *Pelargonium x domesticum* transgenic plants. *Plant Cell Reports* **31**: 2015-2029.
- Hamama L, Voisine L, Pierre S, Cesbron D, Ogé L, Lecerf M, Cailleux S, Bosselut J, Foucrier S, Foucher F et al. 2019. Improvement of in vitro donor plant competence to increase de novo shoot organogenesis in rose genotypes. *Scientia Horticulturæ* **252**: 85-95.
- Hattendorf A, Linde M, Mattiesch L, Debener T, Kaufmann H. 2004. Genetic analysis of rose resistance genes and their localisation in the rose genome. in *Proceedings of the 21st International Symposium on Classical Versus Molecular Breeding of Ornamentals, Pt 2* (eds. G Forkmann, S Michaelis), pp. 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.
- Hibrand-Saint Oyant L, Rocca A, Cavel E, Caissard J-C, Machenaud J, Thouroude T, Jeauffre J, Bony A, Dubois A, Vergne P et al. 2019. Biosynthesis of 2-Phenylethanol in Rose Petals Is Linked to the Expression of One Allele of *RhPAAS*. *Plant Physiology* **179**: 1064-1079.
- Hibrand-Saint Oyant L, Rogel-Gaillard C, Renard C, Jullien R, Yerle M. 1997. Chromosome mapping of pig

- β -galactoside α 2,6sialyltransferase gene. *Mammalian Genome* **8**: 298-299.
- Hibrand L, Gall OI, Candresse T, Dunez J. 1992. Immunodetection of the proteins encoded by grapevine chrome mosaic nepovirus RNA2. *Journal of General Virology* **73**: 2093-2098.
- Hibrand Saint-Oyant L, Ruttink T, Hamama L, Kirov I, Lakhwani D, Zhou NN, Bourke PM, Daccord N, Leus L, Schulz D et al. 2018. A high-quality genome sequence of *Rosa chinensis* to elucidate ornamental traits. *Nature Plants* **4**: 473-484.
- Iwata H, Gaston A, Remay A, Thouroude T, Jeauffre J, Kawamura K, Hibrand-Saint Oyant L, Araki T, Denoyes B, Foucher F. 2012. The TFL1 homologue KSN is a regulator of continuous flowering in rose and strawberry. *Plant Journal* **69**: 116-125.
- Kaufmann H, Mattiesch L, Lorz H, Debener T. 2003. Construction of a BAC library of *Rosa rugosa* Thunb. and assembly of a contig spanning Rdr1, a gene that confers resistance to blackspot. *Molecular Genetics and Genomics* **268**: 666-674.
- Kawamura K, Hibrand-Saint Oyant L, Crespel L, Thouroude T, Lalanne D, Foucher F. 2011. Quantitative trait loci for flowering time and inflorescence architecture in rose. *TAG Theoretical and Applied Genetics* **122**: 661-675.
- Kawamura K, Hibrand-Saint Oyant L, Foucher F, Thouroude T, Loustau S. 2014. Kernel methods for phenotyping complex plant architecture. *Journal of Theoretical Biology* **342**: 83-92.
- Kawamura K, Hibrand-Saint Oyant L, Thouroude T, Jeauffre J, Foucher F. 2015. Inheritance of garden rose architecture and its association with flowering behaviour. *Tree Genetics & Genomes* **11**: 22.
- Khaskheli AJ, Ahmed W, Ma C, Zhang S, Liu YY, Li YQ, Zhou XF, Gao JP. 2018. RhERF113 Functions in Ethylene-Induced Petal Senescence by Modulating Cytokinin Content in Rose. *Plant and Cell Physiology* **59**: 2442-2451.
- Koning-Boucoiran CFS, Esselink GD, Vukosavljev M, van 't Westende WPC, Gitonga VW, Krens FA, Voorrips RE, van de Weg WE, Schulz D, Debener T et al. 2015. Using RNA-Seq to assemble a rose transcriptome with more than 13,000 full-length expressed genes and to develop the WagRhSNP 68k Axiom SNP array for rose (*Rosa* L.). *Frontiers in Plant Science* **6**.
- Le Gall O, Candresse T, Brault V, Bretout C, Hibrand L, Dunez J. 1988. CLONING FULL-LENGTH CDNA OF GRAPEVINE CHROME MOSAIC NEPOVIRUS. *Gene* **73**: 67-75.
- Leus L. 2005. Resistance breeding for powdery mildew (*Podosphaera pannosa*) and black spot (*Diplocarpon rosae*) in roses. in *Faculty of Bioscience Engineering*. Ghent University.
- Li-Marchetti C, Le Bras C, Chastellier A, Relion D, Morel P, Sakr S, Crespel L, Hibrand-Saint Oyant L. 2017. 3D phenotyping and QTL analysis of a complex character: rose bush architecture. *Tree Genetics & Genomes* **13**: 112.
- Linde M, Hattendorf A, Kaufmann H, Debener T. 2006. Powdery mildew resistance in roses: QTL mapping in different environments using selective genotyping. *TAG Theoretical and Applied Genetics* **113**: 1081-1092.
- Liorzou M, Pernet A, Li SB, Chastellier A, Thouroude T, Michel G, Malecot V, Gaillard S, Briece C, Foucher F et al. 2016. Nineteenth century French rose (*Rosa* sp.) germplasm shows a shift over time from a European to an Asian genetic background. *Journal of Experimental Botany* **67**: 4711-4725.
- Ma N, Chen W, Fan TG, Tian YR, Zhang S, Zeng DX, Li YH. 2015. Low temperature-induced DNA hypermethylation attenuates expression of RhAG, an AGAMOUS homolog, and increases petal number in rose (*Rosa hybrida*). *Bmc Plant Biology* **15**.
- Magnard JL, Rocchia A, Caissard JC, Vergne P, Sun PL, Hecquet R, Dubois A, Hibrand-Saint Oyant L, Jullien F, Nicole F et al. 2015. Biosynthesis of monoterpene scent compounds in roses. *Science* **349**: 81-83.
- Menz I, Straube J, Linde M, Debener T. 2018. The TNL gene Rdr1 confers broad-spectrum resistance to *Diplocarpon rosae*. *Molecular Plant Pathology* **19**: 1104-1113.
- Neu E, Featherston J, Rees J, Debener T. 2017. A draft genome sequence of the rose black spot fungus *Diplocarpon rosae* reveals a high degree of genome duplication. *Plos One* **12**.
- Pope De Vallavieille C, C., Saint-Jean S, Gigot C, Huber L, Leconte M, Maumené C, Du Cheyron P, Couleaud G, Kerhornou B. 2016. Concevoir des associations variétales de blé pour réduire la progression épidémique de la septoriose : approche théorique et expérimentations au champ. *Innovations Agronomiques* **50**: 157-170.
- Randoux M, Daviere JM, Jeauffre J, Thouroude T, Pierre S, Toualbia Y, Perrotte J, Reynoird JP, Jammes MJ, Hibrand-Saint Oyant L et al. 2014. RoKSN, a floral repressor, forms protein complexes with RoFD and RoFT to regulate vegetative and reproductive development in rose. *New Phytologist* **202**: 161-

173.

- Raymond O, Gouzy J, Just J, Badouin H, Verdenaud M, Lemainque A, Vergne P, Moja S, Choisine N, Pont C et al. 2018. The Rosa genome provides new insights into the domestication of modern roses. *Nature Genetics* **50**: 772-+.
- 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. *TAG Theoretical and Applied Genetics* **119**: 767-781.
- Roman H, Rapicault M, Miclot AS, Larenaudie M, Kawamura K, Thouroude T, Chastellier A, Lemarquand A, Dupuis F, Foucher F et al. 2015. Genetic analysis of the flowering date and number of petals in rose. *Tree Genetics & Genomes* **11**.
- Rusanov K, Kovacheva N, Rusanova M, Linde M, Debener T, Atanassov I. 2019. Genetic control of flower petal number in Rosa x Damascena Mill f. trigintipetala. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*.
- Smulders MJM, Arens P, Bourke P, Debener T, Linde M, Riek JD, Leus L, Ruttink T, Baudino S, Saint-Oyant LH et al. In the name of the rose: a roadmap for rose research in the genome era. in *Horticulture Research*. Springer Nature [academic journals on nature.com].
- Smulders MJM, Arens P, Bourke PM, Debener T, Linde M, Riek JD, Leus L, Ruttink T, Baudino S, Hibrand Saint-Oyant L et al. 2019. In the name of the rose: a roadmap for rose research in the genome era. *Horticulture Research* **6**: 65.
- Smulders MJM, Voorrips RE, Esselink GD, Leonardo TMS, van't Westende WPC, Vukosavljev M, Koning-Boucoiran CFS, van de Weg WE, Arens P, Schulz D et al. 2015. Development of the WagRhSNP AXIOM SNP Array Based on Sequences from Tetraploid Cut Roses and Garden Roses. in *Vi International Symposium on Rose Research and Cultivation* (eds. T Debener, M Linde), pp. 177-184.
- Soufflet-Freslon V, Marolleau B, Thouroude T, Chastellier A, Pierre S, Bellanger MN, Le Cam B, Bonneau C, Porcher L, Leclere A et al. 2019. Development of tools to study rose resistance to black spot. pp. 213-220. International Society for Horticultural Science (ISHS), Leuven, Belgium.
- Spiller M, Linde M, Hibrand-Saint Oyant L, Tsai CJ, Byrne DH, Smulders MJM, Foucher F, Debener T. 2011. Towards a unified genetic map for diploid roses. *TAG Theoretical and Applied Genetics* **122**: 489-500.
- Sui XM, Zhao MY, Han X, Zhao LY, Xu ZD. 2019. RrGT1, a key gene associated with anthocyanin biosynthesis, was isolated from Rosa rugosa and identified via overexpression and VIGS. *Plant Physiology and Biochemistry* **135**: 19-29.
- Sui XM, Zhao MY, Xu ZD, Zhao LY, Han X. 2018. RrGT2, A Key Gene Associated with Anthocyanin Biosynthesis in Rosa rugosa, Was Identified Via Virus-Induced Gene Silencing and Overexpression. *International Journal of Molecular Sciences* **19**.
- Sun Y, Fan Z, Li X, Li J, Yin H. 2013. The APETALA1 and FRUITFUL homologs in Camellia japonica and their roles in double flower domestication. *Molecular Breeding* **33**: 821-834.
- Tanaka Y, Oshima Y, Yamamura T, Sugiyama M, Mitsuda N, Ohtsubo N, Ohme-Takagi M, Terakawa T. 2013. Multi-petal cyclamen flowers produced by AGAMOUS chimeric repressor expression. *Scientific Reports* **3**: srep02641.
- Tanneau GM, Hibrand-Saint Oyant L, Chevaleyre CC, Salmon HP. 1999. Differential recruitment of T- and IgA B-lymphocytes in the developing mammary gland in relation to homing receptors and vascular addressins. *Journal of Histochemistry & Cytochemistry* **47**: 1581-1592.
- Terefe-Ayana D, Yasmin A, Le TL, Kaufmann H, Biber A, Kuhr A, Linde M, Debener T. 2011. Mining disease-resistance genes in roses: functional and molecular characterization of the Rdr1 locus. *Frontiers in Plant Science* **2**.
- von Malek B, Debener T. 1998. Genetic analysis of resistance to blackspot (Diplocarpon rosae) in tetraploid roses. *Theoretical and Applied Genetics* **96**: 228-231.
- von Malek B, Weber WE, Debener T. 2000. Identification of molecular markers linked to Rdr1, a gene conferring resistance to blackspot in roses. *Theoretical and Applied Genetics* **101**: 977-983.
- Waliczek TM, Byrne DH, Holeman DJ. 2015. Growers' and Consumers' Knowledge, Attitudes and Opinions Regarding Roses Available for Purchase. in *Vi International Symposium on Rose Research and Cultivation* (eds. T Debener, M Linde), pp. 235-239.
- Whitaker VM, Bradeen JM, Debener T, Biber A, Hokanson SC. 2010a. 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 VM, Debener T, Roberts AV, Hokanson SC. 2010b. A standard set of host differentials and unified

- nomenclature for an international collection of *Diplocarpon rosae* races. *Plant Pathology* **59**: 745-752.
- Whitaker VM, Hokanson SC. 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.
- Whitaker VM, Hokanson SC, Bradeen J. 2007a. Distribution of rose black spot (*Diplocarpon rosae*) genetic diversity in eastern north America using amplified fragment length polymorphism and implications for resistance screening. *Journal of the American Society for Horticultural Science* **132**: 534-540.
- Whitaker VM, Zuzek K, Hokanson SC. 2007b. Resistance of 12 rose genotypes to 14 isolates of *Diplocarpon rosae* Wolf (rose blackspot) collected from eastern North America. *Plant Breeding* **126**: 83-88.
- Xue AG, Davidson CG. 1998. Components of partial resistance to black spot disease (*Diplocarpon rosae* Wolf) in garden roses. *Hortscience* **33**: 96-99.
- Yokoya K, Kandasamy KI, Walker S, Mandegaran Z, Roberts AV. 2000. Resistance of roses to pathotypes of *Diplocarpon rosae*. *Annals of Applied Biology* **136**: 15-20.
- Zurn JD, Zlesak DC, Holen M, Bradeen JM, Hokanson SC, Bassil NV. 2018. Mapping a Novel Black Spot Resistance Locus in the Climbing Rose Brite Eyes (TM) ('RADbrite'). *Frontiers in Plant Science* **9**.