

# AVIS DE SOUTENANCE DE THÈSE

DOCTORAT (Arrêté du 25 mai 2016)

## Monsieur Xabi CAZENAVE

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

**le 25/05/2022 à 09h00**

**Faculté des Sciences**

**AMPHI L004**

**2, boulevard Lavoisier**

**49045 ANGERS Cedex 01**

sur le sujet suivant :

### Valorisation des ressources génétiques du pommier dans la population d'amélioration élite grâce à la sélection génomique

Directeur de thèse : **Monsieur Charles-Éric DUREL**

Composition du jury :

Madame Sophie BOUCHET, Chargée de Recherche INRAE Clermont-Ferrand, Examineur

Monsieur Alain CHARCOSSET, Directeur de Recherche INRAE Gif-sur-Yvette, Rapporteur

Monsieur Charles-Éric DUREL, Directeur de Recherche INRAE INRAE Angers, Directeur de thèse

Madame Hélène MURANTY, Chargée de Recherche INRAE Angers, Co-encadrante

Monsieur Andrea PATOCCHI, Docteur Agroscope Wädenswil, Suisse, Examineur

Monsieur Didier PELTIER, Professeur des Universités Université d'Angers, Examineur

Madame Christèle ROBERT-GRANIÉ, Directrice de Recherche INRAE INRAE Castanet-Tolosan, Rapporteur

#### Résumé de la thèse

Les programmes d'amélioration à l'échelle mondiale chez le pommier utilisent de façon récurrente un petit nombre de variétés comme géniteurs. Cette base génétique étroite des populations d'amélioration élite est une préoccupation pour les sélectionneurs. Dans ce contexte, l'utilisation de ressources génétiques présentant des allèles favorables rares pourrait permettre d'enrichir cette base génétique. La sélection génomique pourrait alors représenter une approche intéressante pour valoriser de tels génotypes dans un programme de pré-breeding. L'objectif de cette thèse est d'étudier l'intérêt de la sélection génomique dans de tels programmes chez le pommier. Afin de construire des modèles de prédiction basés sur un grand nombre de marqueurs, nous avons dans un premier temps étudié par simulations la précision d'imputation qu'il était possible d'atteindre dans des familles biparentales et avons montré qu'il était possible d'obtenir des données imputées de haute qualité. Nous avons par la suite évalué l'intérêt de combiner des ressources génétiques et du matériel élite afin de constituer une population d'entraînement à large diversité utilisable dans différents contextes et avons obtenu des précisions de prédiction modérées à élevées selon le trait étudié. Nous avons enfin simulé deux schémas de pré-breeding et avons montré que la sélection génomique pouvait permettre un gain génétique par unité de temps et une augmentation de la fréquence des allèles favorables rares plus importants que la sélection phénotypique. Les résultats de la thèse montrent que la sélection génomique peut permettre d'améliorer l'efficacité des programmes de pré-breeding chez le pommier.