قطب الدراسات في الدكتوراه
ⴰⵙⵍⵎⴻⵢ ⵏ ⵜⵎⵓⵙⵏⵉ ⵜⵉⵎⴰⴷⵓⴽⵜⵓⵔⵉⵏ
PÔLE DES ETUDES DOCTORALES

المملكة المغربية
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي والابتكار

AVIS DE SOUTENANCE D'UNE THESE DE DOCTORAT

Le Doyen de la Faculté des Sciences a le plaisir d'informer le public qu'une soutenance de thèse de Doctorat en

« Sciences de la vie et de l'environnement»

aura lieu le 21/09/2023 à la Faculté des Sciences Kénitra

La Thèse sera présentée par Mme **AMOUZOUNE MARIAM**

Sous le thème :

Recherche de sources de résistance à la rouille brune (Puccinia hordei) et des régions chromosomiques associées dans divers sous-ensembles de ressources génétiques d'orge

Devant le jury composé de :

Nom et Prénom	Titre	Etablissement
OUAZZANI TOUHAMI AMINA	Président / Rapporteur	**Faculté des Sciences, Kénitra**
HASSIKOU RACHIDA	Rapporteur	**Faculté des Sciences, Rabat**
BOUGHRIBIL SAID	Rapporteur	**Faculté des Sciences et Techniques, Mohammadia**
EL ALAOUI MY ABDELAZIZ	Examinateur	**EST, Kénitra**
REHMAN SAJID	Invité	**Centre de développement des cultures de plein champ, The OldsCollege, Lacombe, Canada**
AMRI AHMED	Co-Directeur de thèse	**Centre International de recherche agricole dans les zones arides (ICARDA)**
BENKIRANE RACHID	Directeur de thèse	**Faculté des Sciences, Kénitra**

Nom et Prénom : AMOUZOUNE MARIAM
Date de soutenance : 21/09/2023
Directeur de Thèse : ABDELHALEM MESFIOUI

Sujet de thèse:

Recherche de sources de résistance à la rouille brune (Puccinia hordei) et des régions chromosomiques associées dans divers sous-ensembles de ressources génétiques d'orge

Résumé:

L'orge est une culture importante à l'échelle mondiale avec des utilisations multiples. Cependant, sa production est affectée par plusieurs maladies, dont la rouille brune (Puccinia hordei) qui cause des pertes de rendement significatives. Le développement et l'utilisation des variétés résistantes reste le moyen de lutte le plus approprie, mais exige la recherche continue de nouvelles sources de résistance pour faire face aux changements de virulence du pathogène. Dans ce travail, plusieurs sous-ensembles de ressources génétiques ont été évalués pour la résistance à la rouille brune au stade plantule en conditions contrôlées utilisant deux isolats (ISO-SAT et ISO-MRC) et au stade adulte dans le champ, et ont été génotypes utilisant 50k SNP iSelect pour une analyse d'association-pangénomique (GWAS). Les résultats ont montré que les sous-ensembles FIGS-LR et GCP renferment plus de 50 % accessions résistantes à moyennement résistantes au stade plantule, cependant, au stade adulte FIGS-LR a montré un pourcentage plus élevé de sources de résistance dans certains environnements testés, comparativement au GCP. L'analyse GWAS a identifié 150 associations marqueur-caractère, dont sept liés à la résistance aux deux stades de croissance. L'évaluation d'un panel développé par les améliorateurs (AM2017) a révélé quatorze génotypes résistants au stade plantule, et douze génotypes résistants et modérément résistants au stade de la plante adulte. L'analyse GWAS a identifié 58 associations marqueur-caractère, dont deux liés à la résistance aux deux stades de croissance. L'évaluation de 103 accessions d'orge sauvage (Hordeum spontaneum) a identifié trois génotypes avec une réponse immune/résistante à tous les stades de croissance, avec 90 marqueurs hautement significatifs associés à la résistance, dont cinq loci liés à la résistance aux deux stades de croissance. Les gènes de résistance identifiés peuvent être utilisés dans les programmes d'amélioration génétique, dont l'efficacité peut être améliorée par la sélection assistée par les marqueurs moléculaires identifiés et la sélection génomique.

Mots-clés : Orge, Hordeum spp., ressources génétiques, rouille brune, Puccinia hordei, résistance, GWAS, étude d'association pangénomique, gènes candidats.

Abstract:

Barley is a major cereal worldwide with multiple uses. However, its production is affected by several diseases including leaf rust (Puccinia hordei) which can cause significant yield losses. The development and use of resistant varieties remains the most appropriate control measure, but it requires continuous search for new sources of resistance to overcome the emerging virulence of the pathogen. In this study, different subsets of barley genetic resources were evaluated for leaf rust resistance at seedling stage under controlled conditions using two isolates (ISO-SAT et ISO-MRC) and at adult stage in the field, and were genotyped using 50k SNP iSelect for Genome-wide association Study (GWAS). The results showed that both subsets FIGS-LR and GCP showed more than 50% of resistant and moderately resistant accessions at seedling stage, while at adult stage FIGS-LR has higher percent of resistant accessions in some environments than GCP. GWAS identified 150 marker-trait associations (MTAs), of which seven loci associated to leaf rust resistance at both growth stages. Evaluation of the barley panel developed by breeders (AM2017) revealed fourteen resistant genotypes to both isolates at the seedling stage and twelve resistant/moderately resistant genotypes at the adult plant stage. Its respective GWAS revealed 58 MTAs, with two loci conferring resistance at both growth stages. Evaluation of 103 wild barley (Hordeum spontaneum) accessions identified three with immune/resistant responses at all growth stages, and the its GWAS identified 90 highly significant markers associated with leaf rust resistance, out of which five MTAs were associated with resistance at both growth stages. The identified sources of resistance and the MTAs can be utilized in increasing the efficiency of barley breeding programs through marker assisted selection and genomic selection.

Keywords: Barley, Hordeum spp., leaf rust, Puccinia hordei, resistance, GWAS, genome-wide association study, candidate genes.