

EN LABORATOIRE.

Sélectionner et prédire les résistances

La sélection assistée par marqueurs (Sam) et la sélection génomique (GS) sont des atouts pour la création de variétés résistantes au mildiou. Pour que ces atouts persistent, ce levier doit impérativement être combiné aux autres disponibles.

L'utilisation de variétés résistantes au mildiou est l'un des leviers utilisables par les producteurs pour réduire l'usage des produits phytosanitaires, en combinaison avec les autres leviers disponibles (voir **pages précédentes**). Quoique certainement sous-utilisé, il est particulièrement puissant. En sélection, la résistance au mildiou peut être facilitée au laboratoire et des développements méthodologiques récents ouvrent la porte à des résistances potentiellement plus durables.

UTILISER LA SÉLECTION ASSISTÉE PAR MARQUEURS

C'est une chance ! Des gènes de résistance capables de protéger la plante du mildiou sont présents dans le matériel végétal utilisé par les sélectionneurs, ainsi que dans les centres qui conservent les ressources

génétiques. Les efforts pour développer des variétés résistantes au mildiou ont en effet débuté il y a plus d'un siècle à la suite de la grande famine en Irlande (1845-1852) causée par une épidémie de mildiou.

Les gènes de résistance agissent de différentes manières. Certains empêchent complètement la maladie de se développer sur la plante. D'autres conduisent à son ralentissement en réduisant la vitesse de progression des symptômes. Ces différents types de résistance peuvent être combinés, mais ils ne fonctionnent pas de la même façon selon les souches de *Phytophthora infestans* présentes dans l'environnement. Sélectionner des variétés résistantes passe par l'expérimentation au champ. Le matériel doit être confronté à l'agent pathogène pendant plusieurs années en conditions réelles d'infection. Un grand nombre de notations est réalisé afin de décrire



S. Marhadour

Le génotypage du matériel, ici dans le cadre de la Sam, peut se faire à différentes étapes du schéma de sélection.

correctement le développement de la maladie et d'établir le type de résistance ainsi que sa stabilité dans le temps. Ce processus est complété par l'utilisation d'outils de laboratoire destinés à identifier les gènes de résistance présents dans les clones en sélection à partir de leur ADN. C'est la sélection assistée par marqueurs (Sam).

Depuis 2003, un programme de recherche est mené par Inov3PT en

“En sélection, la Sam et la GS sont des atouts pour la création de variétés résistantes au mildiou.”

ZOOM / Le phénotypage de précision

La sélection génomique (GS) nécessite d'utiliser des données précises et nombreuses. Utilisée sur d'autres cultures que la pomme de terre, la GS peut embarquer l'utilisation de méthodes de phénotypage, c'est-à-dire de caractérisation des couverts végétaux, utilisant des outils numériques tels que de l'imagerie, des capteurs ou encore des spectres NIRS (on parle alors de phénotypage). Ces moyens peuvent être déployés sur des drones ou du matériel agricole. Une fois calibrés, ils permettent un plus grand nombre de passages sur les microparcelles et donnent ainsi accès à des données quantitatives qui nécessitent toutefois des traitements statistiques adaptés. En combinaison avec une excellente caractérisation de l'environnement des essais (envirotypage), ceci présage d'une meilleure précision dans les descripteurs nécessaires à la sélection.

- collaboration avec Inrae pour la mise au point de ces outils. Des projets de recherche comme le projet Potstar (voir *LPTF n° 636, p. 49*), ainsi que plus récemment une thèse cofinancée par l'Association des créateurs de variétés nouvelles de pommes de terre (ACVNPT), ont également conduit à l'identification de gènes de résistance dans les ressources génétiques préservées par Inrae. Plusieurs outils moléculaires sont désormais disponibles et utilisés en Sam. La promesse n'est pas d'aller plus vite, mais de cibler du matériel à forte valeur ajoutée à mettre au champ d'expérimentation. Ces outils moléculaires permettent aussi de caractériser les gènes de résistance présents dans le matériel afin d'éviter de les réutiliser et de pouvoir les diversifier. Enfin, ils permettent leurs combinaisons dans les variétés, ce qui pourrait présager d'une plus

grande durabilité. En effet, le mildiou est un champion pour contourner les gènes de résistance, mais lorsque ceux-ci sont combinés dans une même variété, leur contournement est théoriquement rendu plus difficile. Ceci augmenterait leur durabilité, c'est-à-dire le maintien de leur efficacité dans le temps et l'espace vis-à-vis des populations de mildiou auxquels ils sont exposés.

En pratique, l'ADN des hybrides en sélection est extrait en laboratoire à partir de tubercules ou de feuilles. Une région spécifique de cet ADN, associée à un gène de résistance au mildiou, est ensuite amplifiée par PCR (réaction en chaîne par polymérase) : on parle alors de marqueur moléculaire. Différents types de marqueurs existent, les plus couramment utilisés pour la Sam étant aujourd'hui de type Kasp. Avec ces derniers, le résultat de la PCR va permettre de regrouper les hybrides en différents clusters grâce à un rapport de fluorescence (voir **figure**). Les différents clusters sont représentatifs de la présence ou non du gène de résistance suivi par le marqueur. Le génotypage du matériel peut se faire à différentes étapes du schéma de sélection, répondant ainsi à différents objectifs : choisir les parents avant les croisements, faire du tri dans la descendance pour n'évaluer au champ que le matériel le plus prometteur, ou encore caractériser le matériel de sélection pour connaître son contenu en gènes de résistance.

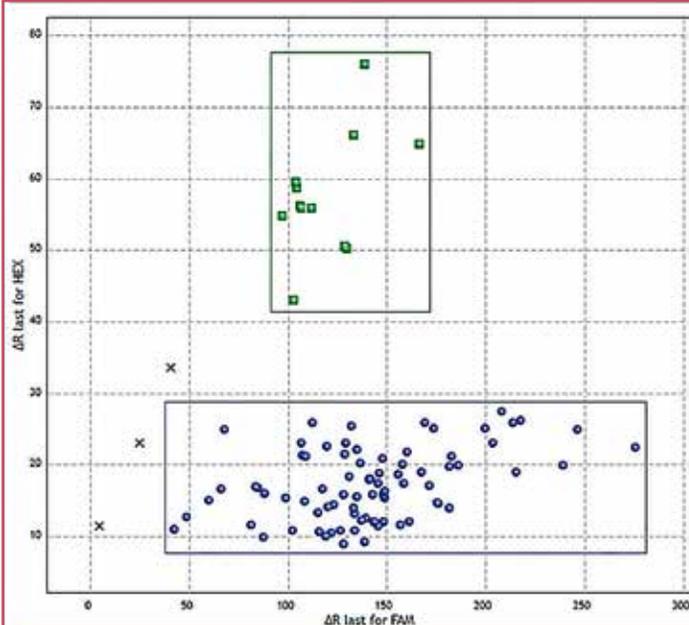
UTILISER LA SÉLECTION GÉNOMIQUE

Depuis une dizaine d'années, nous observons un essor important des méthodes de génotypage, une augmentation de leur débit et la diminution de leur coût. Ces développements techniques sont accompagnés d'avancées importantes du côté de la génétique et des outils statistiques d'analyse des données de génotypage et de phénotypage.

De nouveaux horizons sont ouverts pour la sélection de la pomme de terre. La sélection génomique (GS, pour *Genomic Selection*), issue de travaux venant de la génétique animale, est un nouvel outil qui a rejoint ces dernières années la boîte à outils moléculaires à la disposition des sélectionneurs. Le principe de la GS repose sur la calibration de modèles de prédiction génomique sur un ensemble d'hybrides et de variétés triés sur le volet pour représenter la diversité génétique du programme de sélection. Cette population, dite "d'entraînement", est génotypée avec plusieurs milliers de marqueurs moléculaires et caractérisée phénotypiquement sur plusieurs années dans un réseau multilocal. Cet ensemble de données va permettre de calibrer des modèles de prédiction génomique sur la population d'entraînement qui pourront par la suite être utilisés par les sélectionneurs pour prédire la performance phénotypique d'autres hybrides. Ainsi, ces hybrides seront seulement passés par la case "labo", sans passer par la case "champ". En d'autres termes, ces modèles permettront alors, sur la base des marqueurs moléculaires, de prédire ce que le sélectionneur observerait en mettant l'hybride au champ.

La GS est un outil particulièrement adapté pour aider les sélectionneurs à améliorer la précision de leur sélection sur des caractères quantitatifs tels que le rendement, ou sur des caractères difficiles à phénotyper. Elle pourrait également être un atout pour la sélection de nouvelles variétés résistantes au mildiou. En effet, des travaux internes menés par Inov3PT ont montré qu'il était possible de prédire avec une précision satisfaisante, sur un même lieu, la résistance d'hybrides pour l'année n en utilisant les données de résistance au mildiou des années n-1 et n-2 dans les modèles de prédiction. La GS pourrait

Génotypage d'un marqueur SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) associé à un gène de résistance au mildiou dans le cadre de la Sam



Les différents clusters sont représentatifs de la présence ou non du gène de résistance suivi par le marqueur. Chaque point correspond à un individu. L'encadré autour des points bleu correspond au cluster de ceux ne portant pas le gène, contrairement à celui autour des points verts.

Essai visant à expérimenter un panel d'entraînement vis-à-vis du mildiou.



1. Chaque microparcelle correspond à un génotype qui est noté 8 à 10 fois sur la campagne (essai localisé sans traitement fongicide à Ploudaniel, dans le Finistère).

2. Un mois plus tard, les génotypes résistants se portent bien alors que les plus sensibles ont été détruits.

donc devenir un outil stratégique pour améliorer la résistance des variétés, en combinant des gènes de résistance avec des modes d'action différents dans un même hybride. Les gènes de résistance sont connus pour avoir des effets sur le mildiou

qui peuvent varier en fonction du patrimoine génétique de la variété. La GS utilisant un grand nombre de marqueurs couvrant une grande partie du génome de la pomme de terre, celle-ci pourrait aussi aider les sélectionneurs à sélectionner

les bons gènes dans les bons fonds génétiques.

LA RÉSISTANCE VARIÉTALE : OUI MAIS PAS TOUTE SEULE !

La résistance variétale, facilitée par le développement des outils moléculaires, est un maillon-clé de la lutte contre le mildiou. Ce levier pourrait être utilisé plus largement, mais il doit impérativement être combiné avec d'autres leviers afin de limiter au maximum les risques de contournement des gènes de résistance par les souches de mildiou (voir **pages précédentes**). Les résistances variétales au mildiou sont également au cœur du projet européen IPMorama, qui vise, pour la pomme de terre, à développer la protection intégrée vis-à-vis du mildiou (voir **LPTF n° 658, p. 46**). /

**SYLVIE MARHADOUR ET
CHARLOTTE PRODHOMME, INOV3PT**

“Le mildiou est un champion pour contourner les gènes de résistance.”