

EAPR SECTION BREEDING & EUCARPIA POTATO

LA SÉLECTION VARIÉTALE À L'ÈRE DE LA PANGÉNOMIQUE

Les différents spécialistes européens et mondiaux de la génétique et de la sélection variétale se sont réunis à Saint-Andrews, en Écosse, du 15 au 18 juin. Le pangénome de la pomme de terre était au cœur des discussions.



105 participants provenant de 53 organisations différentes se sont réunis à Saint-Andrews (Écosse) pour la 20^e édition de la conférence jointe de l'EAPR section "Sélection et évaluation variétale" et de la section "Potato" d'Eucarpia, l'association européenne de la recherche sur la sélection végétale.

Tous les trois ans, la section "Sélection et évaluation variétale" de l'EAPR (Association européenne pour la recherche sur la pomme de terre), en collaboration avec la section "Potato" d'Eucarpia (Association européenne pour l'amélioration des plantes), réunit sélectionneurs et généticiens pour faire le point sur les avancées en sélection variétale.

PANGÉNOME ET DIVERSITÉ, OUTILS ESSENTIELS DES SÉLECTIONNEURS

Le pangénome, qui regroupe l'ensemble des gènes dans une espèce, et les ressources biologiques, sources de découverte et d'utilisation de nouveaux gènes, ont été largement abordés durant la conférence. Ces

dernières années, les études pangénomiques se multiplient grâce à la diminution des coûts et aux progrès du séquençage.

Une équipe écossaise s'est intéressée au NL Rome au sein de ses ressources génétiques (voir encadré). Les NLR sont des récepteurs protéiques codés par des gènes impliqués dans la résistance à de nombreux pathogènes. Cette équipe a ainsi démontré que le réservoir potentiel en gènes de résistance dans les espèces sauvages est important. En étudiant des accessions* de *Solanum bulbocastanum*, une espèce sauvage de pomme de terre, elle a découvert de nouveaux variants et gènes de résistance au mildiou. Elle s'intéresse désormais à *S. stenotomum* pour sa tolérance à la sécher-

esse et sa forte teneur en nutriments. Les études pangénomiques permettent aussi d'accélérer le développement de marqueurs moléculaires liés à des caractères d'intérêt. D'autres recherches ont exploré le rôle des éléments transposables dans l'adaptation de la pomme de terre à différents environnements, ainsi que l'effet de la domestication sur l'accumulation de mutations délétères.

RÉSISTER AUX MALADIES ET AUX INSECTES

Levier clé de la transition agroécologique, la résistance variétale était au cœur de nombreuses présentations. À ce titre, la résistance au mildiou occupait une place centrale, avec notamment l'identification d'un nouveau gène de résistance dans la variété néerlandaise **Athlete** par le James Hutton Institute, et le développement au Pays de Galles de nouvelles variétés de type **Sarpo**, en référence à la célèbre variété résistante **Sarpo Mira**.

La résistance aux insectes était également sous les projecteurs : des génotypes de pomme de terre produisant des lactones (composés organiques) efficaces contre les doryphores ont été identifiés au Canada, tandis que l'université de Wageningen (Pays-Bas) explore le rôle des trichomes (poils microscopiques présents sur les feuilles et les tiges) qui apportent

→ ZOOM

LE JAMES HUTTON INSTITUTE

une protection vis-à-vis des doryphores, pucerons et aleurodes. D'autres travaux prometteurs ciblent des maladies complexes : une thèse menée entre l'Irlande et les Pays-Bas propose d'intégrer la résistance à la gale commune dans les programmes de sélection génomique afin d'améliorer la résistance variétale aux différentes espèces de *Streptomyces* provoquant cette maladie. Deux thèses menées à Wageningen ont permis d'identifier des régions du génome de la pomme de terre impliquées dans la résistance et la sensibilité à la pourriture molle bactérienne. Fait marquant : ces résistances varient selon les compartiments de la plante (tiges, tubercules, racines), une découverte importante pour la sélection variétale.

OPTIMISATION DES STRATÉGIES DE SÉLECTION

Des équipes américaines et allemandes ont développé des outils informatiques capables de simuler virtuellement des descendance à partir des données ADN et de modèles statistiques. Ces outils aident le sélectionneur à choisir les meilleurs parents et croisements, tout en préservant un équilibre entre diversité et progrès génétique.

Toujours grâce à l'ADN et aux modèles statistiques, des chercheurs allemands et écossais ont également montré qu'il est possible de prédire des caractères agronomiques clés, comme le rendement ou la matière sèche, avant même l'évaluation au champ. Ces outils sont prometteurs pour aider le sélectionneur à effectuer un tri rapide sur de jeunes clones.

Une tout autre approche consiste à simplifier la génétique de la pomme de terre en travaillant sur des plantes diploïdes (deux copies de chromosome) plutôt que tétraploïdes (quatre copies). L'université

de Wageningen propose de fixer les caractères d'intérêt au niveau diploïde, puis de transférer cette génétique vers des variétés tétraploïdes à haute valeur agronomique. Cette simplification contribue aux avancées vers la création d'hybrides F1, comme en maïs ou en tomate. Des programmes sont en cours aux États-Unis.

Enfin, des équipes suédoises et écossaises explorent la modification ciblée du génome grâce à la technologie Crispr-Cas9, sans ajout d'ADN étranger, pour améliorer les qualités post-récolte et de la féculé.

D'AUTRES SOLUTIONS POUR LA SÉLECTION VARIÉTALE

Le phénotypage haut débit propose de nombreuses solutions pour la sélection variétale : gain de temps, production de données objectives et en temps réel, détection de signaux précoces...

La détection de plants de pomme de terre malades à l'échelle de la parcelle grâce à des vols de drones, c'est la technologie prometteuse du projet PhenoTub, présenté par la société B-Hive Innovations. PhenoTub combine technologie de vision par ordinateur et imagerie hyperspectrale. Le principe est de mesurer la différence entre des images de la parcelle, obtenues par vol de drone ou via une caméra embarquée sur un tracteur, à des images reconstituées par ordinateur, qui ne peut générer que des plantes saines.

Cette différence révèle alors maladies, repousses ou stress abiotiques. Ce système permettrait d'identifier des parcelles problématiques de manière rapide et non subjective. En entraînant le modèle à identifier des différences interplantes, cet outil pourrait également servir à repérer la présence de hors types ou pieds étrangers dans les variétés.

Du côté de l'exploration du système racinaire, la plate-forme RadiMax, de l'université de Copenhague, initialement développée sur graminées fourragères, permet d'observer les racines, à l'aide de caméras multispectrales à différentes profondeurs. Un logiciel préalablement entraîné reconnaît les racines. Il est en cours d'adaptation pour la pomme de terre, qui a des racines plus difficiles à identifier que celles des graminées.

La prochaine conférence jointe sera organisée en 2028 à Bilbao (Espagne) par Neiker, l'institut public basque de recherche agricole. Cette réunion sera une nouvelle occasion de partager les avancées brûlantes réalisées durant les trois prochaines années sur la génétique et sélection de la pomme de terre. /

CLÉMENT MABIRE (SIPRE), ARNAUD BARBARY (BRETAGNE PLANTS INNOVATION), HONG-ANH NGUYEN (GROCEP), JEANNE SIMON, AMANDINE MÉAR ET CHARLOTTE PRODHOMME (INOV3PT)

* Une accession est un ensemble de matériel végétal apparenté à une espèce, collecté en une seule fois en un endroit précis, dans le but de capter et de conserver la diversité génétique de cette espèce.



Arnaud Barbary



Les études de pangénomique permettent d'accélérer le développement de marqueurs moléculaires."