

L'avant dernière réunion du WPC (Wageningen Potato Centre) a eu lieu à Wageningen en novembre 2019.

WUR, création variétale, travaux de Ronald Hutten

Le premier exposé a été présenté par **Ronald Hutten (WUR, Création variétale)**. Ronald a présenté 2 sujets. D'une part, ses travaux dans le cadre de Bioimpuls afin, notamment, de créer des variétés de pommes

de terre plus robustes. D'abord, vis-à-vis du mildiou, d'autre part, sur la création variétale avec l'utilisation de diploïdes en tant que géniteurs.

Variétés robustes et empilement des gènes de résistances

La création de variétés robustes, pour le secteur bio, et par extension pour toute la filière, nécessite une attention par rapport aux résistances mildiou (feuillage et tubercule !). Mais nécessite aussi une attention à une dormance plus longue (cfr la fin du CIPC pour la production conventionnelle), à la résistance au virus Y (PVY), à la possibilité de stocker au froid sans influence négative sur les indices de friture ou encore à des besoins moindres en azote (meilleure utilisation de l'azote disponible)... Il y a 6 gènes de résistance (les « gènes R ») au mildiou du feuillage (dont le gène R8 couramment utilisé dans plusieurs variétés robustes). Il est

fondamental de ne pas « gaspiller ses cartouches » ! Pour ce faire, l'empilement de 2 ou plus de gènes de résistance est une nécessité. Pour le moment, il y a 15 variétés avec un gène de résistance majeur : le R8 présent dans 8 variétés, le Rpi-BER dans 3 variétés, le Rpi-BLB2 dans 3 également et le Rpi-vnt1 dans une variété. Pour les variétés avec un seul gène de résistance, le risque d'apparition de souches de mildiou qui pourraient contourner cette résistance est élevée. Particulièrement s'il n'y a pas de mesure (destruction des premiers foyers par exemple) prise par les producteurs afin de gérer ces résistances...

Utilisation de diploïdes en tant que géniteurs

L'utilisation de clones ou variétés diploïdes en tant que géniteurs – ayant eu lieu pour la première fois aux Pays-Bas dès 1962 – présente plusieurs avantages : moins de combinaison d'allèles (1 allèle est une version

variable d'un même gène), une meilleure transmission des gènes, une variation plus grande et une aisance à croiser avec des variétés sauvages (intéressantes car souvent porteuses de résistances (« gènes R »)).

Schéma 1 (source : R. Hutten / WUR) : schéma explicatif à propos de l'empilement de gènes sur le chromosome 11

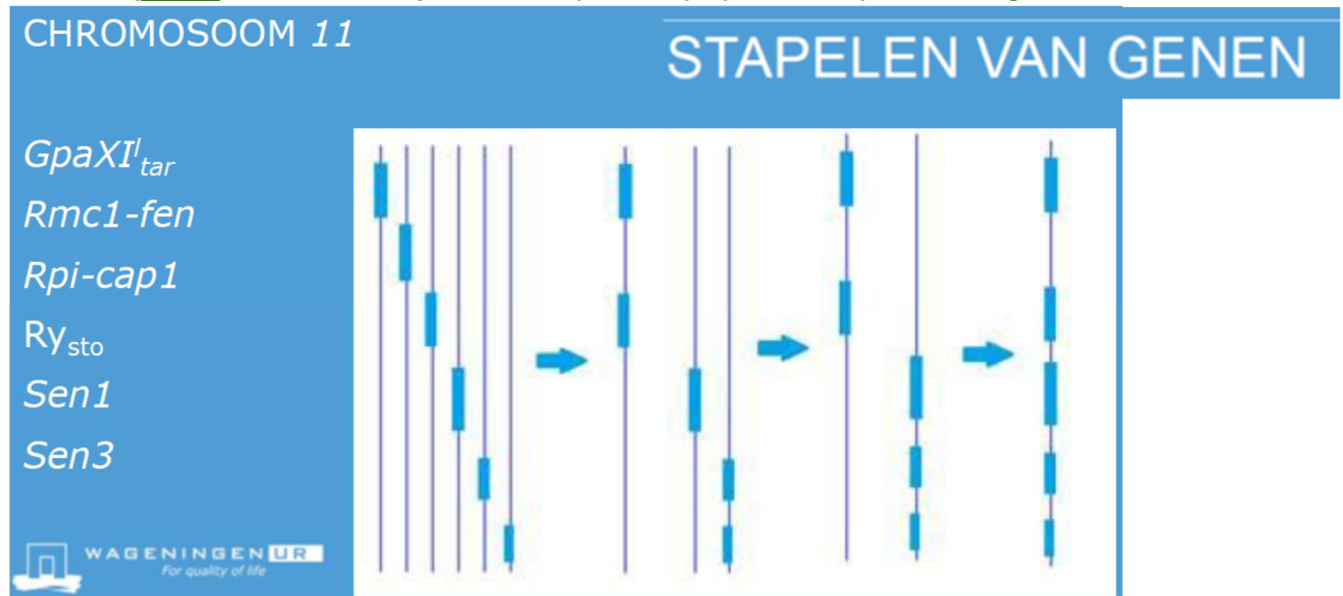
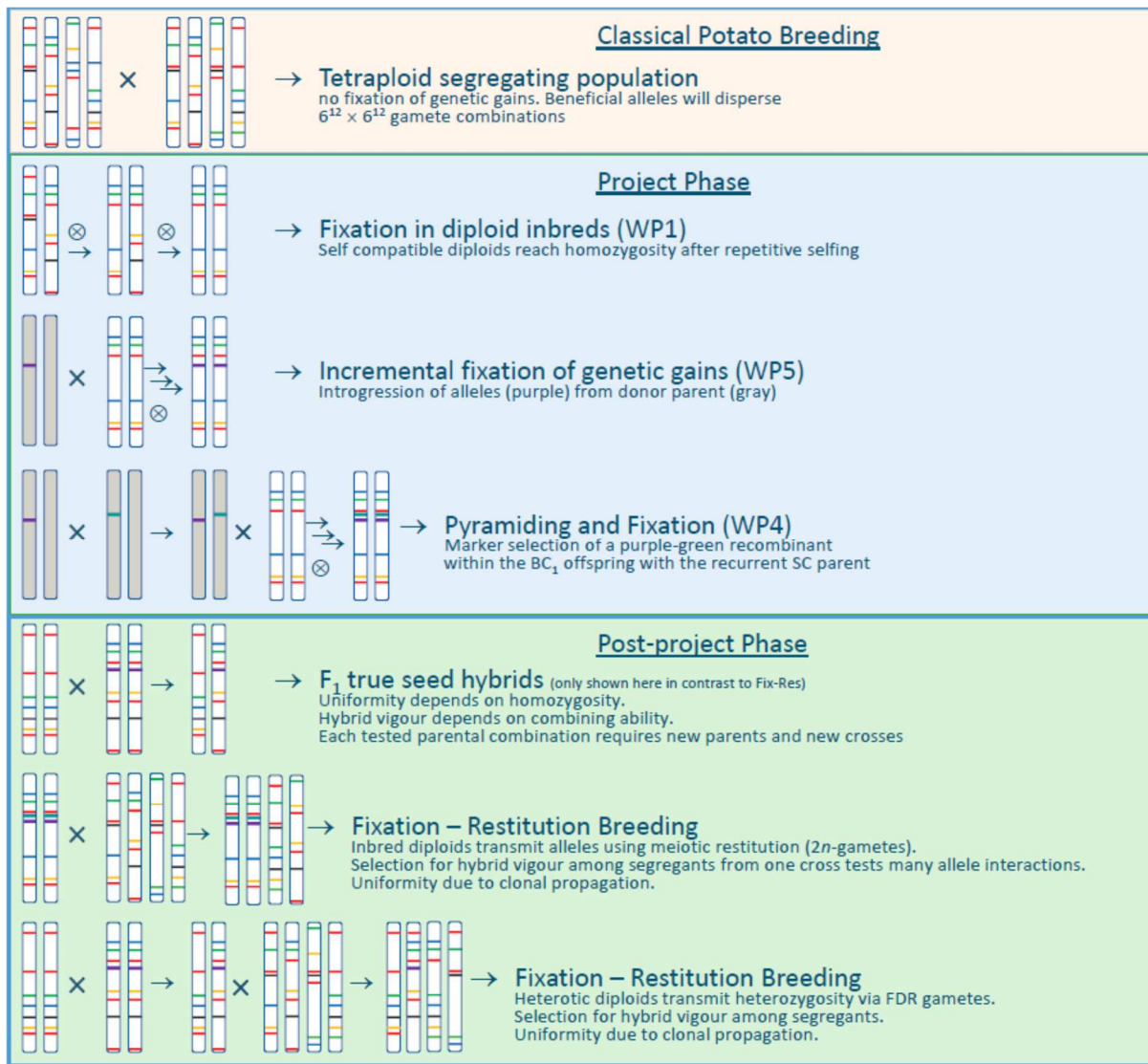


Schéma 2 (source : R. Hutten / WUR) : schéma explicatif à propos de l'évolution dans les méthodes de création variétale : des croisements classiques avec des tétraploïdes aux différentes étapes de l'utilisation de diploïdes permettant de fixer et restituer les gènes considérés comme intéressants.



WUR, Création variétale, travaux de Richard Visser

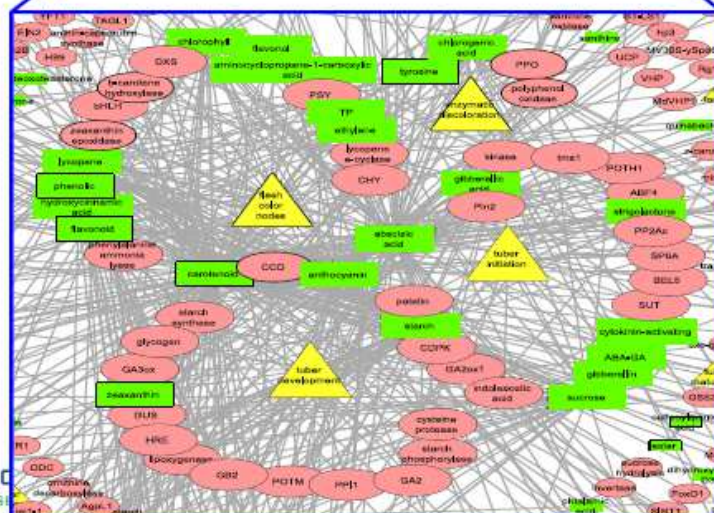
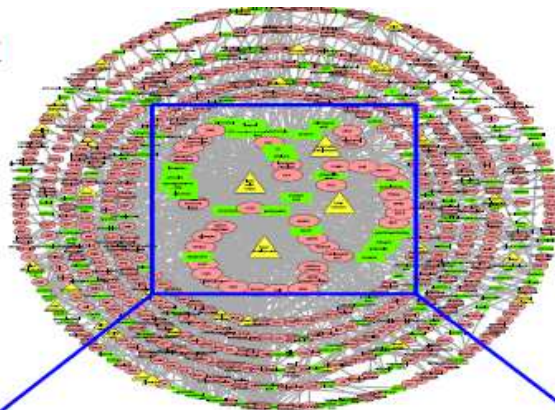
Le deuxième exposé a été fait par **Richard Visser (WUR, Création variétale)**. Richard travaille également sur la création variétale et le génome de la pomme de terre. La découverte il y a 10 ans d'une pomme de terre homozygote diploïde a permis un pas très important en création variétale. Ce diploïde homozygote est le Solyntus créé par la firme Solynta (dont on a déjà parlé dans cette rubrique !). La vaste majorité des variétés de pommes de terre avec lesquelles on travaille sont des tétraploïdes qui proviennent de 4 génomes. Il est donc difficile de déterminer la position des gènes. Avec une variété diploïde, c'est plus facile de suivre et de voir où les gènes sont placés.

En sélection et création variétale classiques, on obtient en général 1 nouvelle variété à partir de 100 ou 200.000 clones. A l'avenir, la

sélection variétale devra trouver de nouvelles méthodes afin de créer plus rapidement et efficacement de nouvelles variétés. On parle de « création variétale précise » basée sur les parents dont on connaît mieux les qualités et attributs, y compris au niveau génétique. Dorénavant, on pourra travailler avec et transmettre 10 à 20 traits ou caractéristiques principales connues (rendement, résistance aux maladies et au stress, qualités culinaires et nutritives, conservabilité, etc...) sur base de la connaissance des allèles sur les gènes. L'utilisation de la bio-informatique et des statistiques, combinée à l'emploi du séquençage du génome et aux marqueurs va permettre d'aller plus vite, d'empiler des gènes de résistance (et autres) et, *in fine*, d'obtenir de meilleures variétés.

Schéma 3 (source : R. Visser / WUR). L'utilisation intensive des stats, de la bio-informatique et de l'analyse « automatisée » de données a permis d'analyser des milliers de publications scientifiques et d'en extraire (dans l'exemple ci-dessous) des centaines d'infos sur l'origine de la couleur de la chair des variétés. Des travaux similaires sont en cours pour toute une série d'autres caractéristiques, dont la résistance au *Phytophthora infestans*.

PubMed 4k network
(2000-2016)



La collaboration entre institutions publiques et firmes privées (principalement les obtenteurs), la collaboration de chercheurs de

différents pays et horizons et l'emploi des stats, d'algorithmes et de l'informatique est déjà en train de permettre de travailler plus vite et plus efficacement sur de nouvelles variétés. Pratiquement, Richard Visser a montré qu'avec 100 semences obtenues par croisements précis ou dirigés, on peut parvenir à 10 variétés avec les caractéristiques que l'on souhaitait avoir, plus d'éventuelles qualités ou traits inconnus.