



HAL
open science

Développement d'une core collection pomme de terre

Florence Esnault, Roland Pellé, Marie Bousseau, Marie-Pierre Cann,
Marie-Ange Dantec, Catherine Souchet, Marie-Claire Kerlan, Jean-Eric
Chauvin

► **To cite this version:**

Florence Esnault, Roland Pellé, Marie Bousseau, Marie-Pierre Cann, Marie-Ange Dantec, et al..
Développement d'une core collection pomme de terre. NOV'AE, 2022, Numéro Spécial 02, RARE,
pp.84-89. 10.17180/novae-2022-NS02-art10 . hal-04181808

HAL Id: hal-04181808

<https://hal.inrae.fr/hal-04181808v1>

Submitted on 4 Jul 2024

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - ShareAlike 4.0 International License

Développement d'une core collection pomme de terre

Florence ESNAULT¹
Roland PELLÉ¹
Marie-Pierre CANN¹
Marie BOUSSEAU¹
Marie-Ange DANTEC¹
Catherine SOUCHET¹
Marie-Claire KERLAN¹
Jean-Eric CHAUVIN¹

CORRESPONDANCE

florence.esnault@inrae.fr

RÉSUMÉ

Le développement d'une core collection consiste à sélectionner, au sein d'une collection ayant un effectif plus ou moins important, un petit panel de génotypes qui représente la diversité génétique disponible dans la collection de départ, avec un minimum de redondance. Cette étude présente le développement d'une core collection de 48 génotypes, représentative de la diversité génétique d'un panel de 350 variétés tétraploïdes de pomme de terre (*Solanum tuberosum* L.). Elle a été établie en utilisant des données de génotypage par marqueurs microsatellites (SSR) et la stratégie M qui maximise la diversité allélique. Cette core collection constitue un panel d'un grand intérêt qui a été exploité jusqu'à présent dans le cadre de deux projets de recherche : d'une part, pour évaluer la possibilité d'exploiter la puce SNP SolCAP pour caractériser les ressources génétiques maintenues au sein du CRB BrACySol, et, d'autre part, pour évaluer la variabilité structurale et morphologique des grains d'amidon de pomme de terre.

MOTS-CLÉS

Diversité génétique, *Solanum tuberosum*, marqueur microsatellite.

¹ INRAE, UMR IGEPP, Domaine de Keraïber, 29260 PLOUDANIEL.

Development of a potato core collection

Florence ESNAULT
Roland PELLÉ
Marie-Pierre CANN
Marie BOUSSEAU
Marie-Ange DANTEC
Catherine SOUCHET
Marie-Claire KERLAN
Jean-Eric CHAUVIN

CORRESPONDENCE

florence.esnault@inrae.fr

ABSTRACT

Developing a core collection consists in selecting, in a more or less large collection, a small panel of genotypes representing the genetic diversity available in the initial collection, with minimum redundancy. This study presents the development of a core collection of 48 genotypes representative of the genetic diversity of a panel of 350 tetraploid varieties of potato (*Solanum tuberosum* L.). It was built using microsatellite marker genotyping data (SSR) and M strategy which maximizes allelic diversity. This core collection forms a panel of major interest that has been exploited up till now in the framework of two research projects: on the one hand to assess the possibility of exploiting the SNP SolCAP array to characterize the genetic resources maintained in BRC BrACySol, and on the other hand, to assess the structural and morphological variability of potato starch grains.

KEYWORDS

Genetic diversity, *Solanum tuberosum*, microsatellite marker.

Introduction

Les collections de ressources génétiques ont pour objectif de conserver la diversité génétique des espèces cultivées et apparentées. Elles sont constituées progressivement, au gré des programmes de recherche qui exploitent cette diversité pour des études taxonomiques ou à des fins d'amélioration génétique des plantes cultivées. Elles comprennent des échantillons provenant de missions de collecte, des génotypes créés dans les programmes de recherche, des variétés anciennes ou récentes (Van Treuren et al., 2009). La plupart de ces collections ont des effectifs importants, ce qui rend leur maintien et leur caractérisation coûteux et chronophages.

Ces difficultés peuvent être surmontées en sélectionnant un petit panel de génotypes aussi représentatifs que possible de la diversité génétique disponible avec un minimum de redondance. Ce concept a été proposé par Frankel et Brown (1984) sous le terme de « core collection ». Odong et al. (2013) ont identifié trois types de core collections en fonction de leur finalité : des core collections qui représentent (1) tous les génotypes de la collection initiale, (2) les génotypes extrêmes de cette collection ou (3) la distribution des génotypes dans cette collection. Les deux premiers types ont pour objectif de représenter la diversité génétique de la collection initiale, le troisième type représente le profil de distribution de la variabilité présente dans la collection initiale.

Des core collections ont été développées pour un grand nombre d'espèces sur la base de données passeport, de données agro-morphologiques ou de données moléculaires. Dans la plupart de ces études, l'échantillonnage est réalisé en se basant sur une analyse de structuration génétique de la collection initiale et en déterminant le nombre de génotypes à retenir dans chaque groupe (Franco et al., 2006). Schoen et Brown (1993) ont décrit une autre méthode, appelée stratégie M, dans laquelle les marqueurs moléculaires sont utilisés pour sélectionner les individus à inclure dans la core collection, en maximisant la richesse allélique de chaque marqueur. Franco et al. (2006) ont montré, chez le maïs, que cette méthode permettait d'obtenir les indices de diversité les plus forts.

En ce qui concerne la pomme de terre, différentes core collections ont été définies au sein des cultivars traditionnels andins appartenant à *Solanum tuberosum* groupe *Andigenum* (Huaman et al., 2000 ; Chandra et al., 2002 ; Gopal et al., 2013) ou à *S. phureja* (Ghislain et al., 1999), au sein des espèces sauvages *S. microdontum* (Bamberg et Del Rio, 2014) ou *S. demissum* (Del Rio et Bamberg, 2020). Gopal

et al. (2013) ont montré que la stratégie M permettait d'obtenir une meilleure couverture de la diversité que les méthodes basées sur la classification hiérarchique.

Le travail présenté ici a porté sur le développement d'une core collection représentant la diversité génétique du pool des variétés « modernes » de pomme de terre, cultivées hors d'Amérique du Sud. Cette core collection a été définie en exploitant des données de génotypage obtenues à partir de marqueurs microsatellites et en utilisant la stratégie M (Esnault et al., 2016). Des exemples d'utilisation de cette core collection sont également présentés.

Matériels et méthodes

Matériel végétal

Le Centre de Ressources Biologiques BrACySol (INRAE, UMR IGEP, Ploudaniel) conserve une grande collection de pommes de terre maintenues végétativement sous forme de clones. Cette collection comprend environ 1 200 variétés, anciennes ou récentes, originaires de différentes parties du monde. En utilisant les données phénotypiques disponibles dans la base de données Europotato (<http://www.europotato.org>), 350 variétés ont été sélectionnées de manière à représenter des phénotypes extrêmes pour 21 caractères morphologiques (descripteurs de la plante ou des tubercules), agronomiques ou technologiques. Ce panel de 350 variétés sera appelé collection initiale dans cet article.

Génotypage

Un total de 26 marqueurs microsatellites (SSR), développés par Kawchuk et al. (1996), Milbourne et al. (1998), Ghislain et al. (2004) ou Feingold et al. (2005) ont été sélectionnés pour leur niveau de polymorphisme et leur position sur le génome (Tableau 1). La collection initiale a été génotypée avec ces 26 marqueurs SSR. Le génotypage a été réalisé sur la plateforme Gentyane (INRAE, Clermont-Ferrand). Les allèles ont été identifiés par leur taille.

Définition de la core collection

Le logiciel MSTRAT v4.0 (Gouesnard et al., 2001), qui met en œuvre la stratégie M, a été utilisé. Les données de 15 marqueurs SSR ont été utilisées en tant que variables actives pour définir la core collection, et les données des 11 autres marqueurs SSR ont été utilisées en tant que variables cibles, pour tester l'efficacité de la méthode (Tableau 1). Les marqueurs SSR utilisés en tant que variables actives ont été choisis de manière à représenter chacun des chromosomes, et en tenant compte de leur niveau de polymorphisme et de la facilité de lecture des profils. Les génotypes porteurs

Tableau 1 : Liste des marqueurs SSR utilisés en variables actives ou variables cibles, nombre total d'allèles et nombre d'allèles rares révélés par chacun de ces marqueurs

VARIABLE	NOM DU SSR	CHROMOSOME	NB TOTAL D'ALLÈLES	NB D'ALLÈLES RARES
ACTIVE	STi043	1	7	2
	STi029	2	12	2
	STM3011	2	13	1
	STi050	3	9	1
	STM3016	4	9	1
	STP0Ac58	5	17	0
	STi059	6	12	1
	STM0031	7	18	1
	SSR1	8	13	3
	STM1016	8	10	0
	STi057	9	14	0
	STi023	10	17	2
	STM2005	11	9	4
	STi028	11	12	2
	STM1097	12	15	4
CIBLE	STM2030	1	3	0
	STi024	2	11	2
	STi060	3	4	0
	STi012	4	9	2
	STi006	5	16	0
	STM0028	7	14	2
	STi044	8	7	1
	STM1021	9	19	0
	STM1040	10	8	1
	STi018	11	10	1
	STi051	12	11	0

d'allèles rares (présents chez une seule variété) ont été inclus dans le noyau. Pour la sélection des autres variétés, 100 répétitions de 40 itérations ont été réalisées. La core collection qui présente la plus grande richesse allélique, pour les variables actives et les variables cibles, a été choisie.

Résultats

Au sein de la collection initiale de 350 variétés, chaque marqueur SSR a révélé entre 3 et 19 allèles, avec une moyenne de 11,5 allèles par marqueur (Tableau 1). Au total, 299 allèles différents ont été identifiés, dont 33 présents chez un seul génotype. Les 28 variétés avec ces 33 allèles

rares ont été intégrées dans la core collection. La plus petite core collection, qui inclut tous les allèles des variables actives (187 allèles), comprend 53 génotypes. Cette core comprend 96,6 % des allèles des variables cibles (112 allèles). Pour des raisons pratiques, liées aux formats de génotypage, la taille retenue pour la core collection a été de 48 génotypes. Toutefois, la core de 48 génotypes qui a été définie, appelée core 48, capte la majeure partie de la richesse allélique initiale, puisqu'elle comprend 99,5 % des allèles actifs et 96,9 % des allèles cibles. Son niveau élevé de diversité est confirmé par un taux d'hétérozygotie élevé ($H_0 = 0.75$).

Discussion

La diversité génétique présente au sein de la collection Pomme de terre du CRB BrACySol est très exploitée par la communauté scientifique et par les sélectionneurs (1 400 diffusions en moyenne par an). Cette collection a déjà été évaluée pour un certain nombre de caractères agro-morphologiques, en particulier pour la résistance à différents bioagresseurs ou pour des caractères de qualité du tubercule. Toutefois, les besoins futurs de l'agriculture demanderont d'évaluer la diversité disponible pour de nouveaux caractères, en lien par exemple avec le changement climatique ou de nouvelles utilisations. La caractérisation phénotypique et génotypique de grandes collections n'est pas toujours possible. La core 48 a été développée afin de disposer d'un panel sur lequel il peut être envisagé de faire une première analyse de diversité génotypique ou de variabilité sur des caractères agro-morphologiques nouveaux.

Ainsi cette core collection a été exploitée jusqu'à présent dans le cadre de deux projets de recherche.

Le premier projet avait pour objectif d'évaluer la possibilité d'exploiter la puce SNP SolCAP 8K pour caractériser les ressources génétiques maintenues au sein du CRB BrACySol. En effet, la puce SolCAP a été développée par une équipe américaine (Hamilton et al., 2011) à partir de données de séquençage de variétés américaines. Avant de l'utiliser sur de grands effectifs, il était important de s'assurer que les SNP positionnés sur cette puce étaient aussi

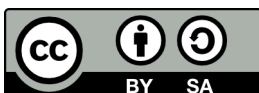
présents et polymorphes dans notre matériel végétal. Ainsi, la core 48 étant représentative de la diversité présente au sein de notre collection de variétés, elle constituait un panel de variétés intéressant pour faire cette analyse. Les résultats ont montré que la puce SolCAP était un outil pertinent pour caractériser nos collections et, depuis, elle a été utilisée sur 260 géniteurs améliorés dans le cadre du projet LDPot, financé par le métaprogramme SelGen et piloté par INRAE UMR IGEPP.

Le deuxième projet, porté par l'Institut Français des Matériaux AgroSourcés (Projet ANR PoStaTic), avait pour objectif d'étudier les caractéristiques de l'amidon de pomme de terre pour la production de bioplastiques. Une analyse de la variabilité structurale et morphologique des grains d'amidon de pomme de terre a ainsi été réalisée en évaluant les génotypes de la core 48 pour différents caractères : taille et forme des grains d'amidon, composition en amylose et amylopectine et structure de la chaîne d'amidon. Les résultats ont montré qu'il existait des différences significatives pour ces caractères au sein de la core 48. La caractérisation des grains d'amidon de pomme de terre a été poursuivie dans le cadre du projet ANR TapStar, piloté par la même équipe.

La core 48 s'est donc révélée être un outil d'un grand intérêt. Afin de conserver cette collection à long terme, elle a été intégrée dans la cryobanque qui est en cours de constitution au sein du CRB BrACySol (Voir article de C. Souchet et al. dans ce numéro). ■

Références

- Bamberg J, del Rio A (2014). Selection and Validation of an AFLP Marker Core Collection for the Wild Potato *Solanum microdontum*. *American Journal of Potato Research* 91: 368-375.
- Chandra S, Huaman Z, Krishna SH, Ortiz R (2002). Optimal sampling strategy and core collection size of Andean tetraploid potato based on isozyme data - a simulation study. *Theoretical and Applied Genetics* 104: 1325-1334.
- Del Rio A., Bamberg J. (2020). A Core Subset of the ex situ Collection of *S. demissum* at the US Potato Genebank. *American Journal of Potato Research* 97: 505-512.
- Esnault F, Pellé R, Dantec JP, Bérard A, Le Paslier MC, Chauvin JE (2016). Development of a potato cultivar (*Solanum tuberosum* L.) core collection, a valuable tool to prospect genetic variation for novel traits. *Potato Research* 59, 4, 329-343. DOI 10.1007/s11540-016-9332-x.
- Feingold S, Lloyd J, Norero N, Bonierbale M, Lorenzen J (2005). Mapping and characterization of new EST-derived microsatellites for potato (*Solanum tuberosum* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 111: 456-466.
- Franco J, Crossa J, Warburton ML, Taba S (2006). Sampling strategies for conserving maize diversity when forming core subsets using genetic markers. *Crop Science* 46: 854-864.
- Frankel OH, Brown AHD (1984). Plant genetic resources today: a critical appraisal. In: Holden JHW and Williams JT (ed.) *Crop Genetic Resources: conservation and evaluation*. London: Georges Allen & Unwin Ltd, pp. 249-257.
- Ghislain M, Spooner DM, Rodriguez F, Villamon F, Nunez J, Vasquez C, Waugh R, Bonierbale M (2004). Selection of highly informative and user-friendly microsatellites (SSRs) for genotyping of cultivated potato. *Theoretical and Applied Genetics* 108: 881-890.
- Ghislain M, Zhang D, Fajardo D, Huaman Z, Hijmans RJ (1999). Marker-assisted sampling of the cultivated Andean potato *Solanum phureja* collection using RAPD markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 46: 547-555.
- Gopal J, Kumar V, Kumar R, Mathur P (2013). Comparison of Different Approaches to Establish a Core Collection of Andigena (*Solanum tuberosum* Group Andigena) Potatoes. *Potato Research* 56: 85-98.
- Gouesnard B, Bataillon TM, Decoux G, Rozale C, Schoen DJ, David JL (2001). MSTRAT: An algorithm for building germ plasm core collections by maximizing allelic or phenotypic richness. *Journal of Heredity* 92: 93-94.
- Hamilton JP, Hansey CN, Whitty BR, Stoffel K, Massa AN, Van Deynze A, De Jong WS, Douches DS and Buell CR (2011). Single nucleotide polymorphism discovery in elite north american potato germplasm. *Bmc Genomics* 12.
- Huaman Z, Ortiz R, Gomez R (2000). Selecting a *Solanum tuberosum* subsp andigena core collection using morphological, geographical disease and pest descriptors. *American Journal of Potato Research* 77: 183-190.
- Kawchuk LM, Lynch DR, Thomas J, Penner B, Sillito D, Kulcsar F (1996). Characterization of *Solanum tuberosum* simple sequence repeats and application to potato cultivar identification. *American Potato Journal* 73: 325-335.
- Milbourne D, Meyer RC, Collins AJ, Ramsay LD, Gebhardt C, Waugh R (1998). Isolation, characterisation and mapping of simple sequence repeat loci in potato. *Molecular and General Genetics* 259: 233-245.
- Odong TL, Jansen J, van Eeuwijk FA, van Hintum TJL (2013). Quality of core collections for effective utilisation of genetic resources review, discussion and interpretation. *Theoretical and Applied Genetics* 126: 289-305.
- Schoen DJ, Brown AHD (1993) Conservation of allelic richness in wild crop relatives is aided by assessment of genetic markers. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 90: 10623-10627.
- Van Treuren R, Engels JMM, Hoekstra R, Van Hintum TJL (2009). Optimization of the composition of crop collections for ex situ conservation. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization* 7: 185-193.



Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY-SA). <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>

Pour la citation et la reproduction de cet article, mentionner obligatoirement le titre de l'article, le nom de tous les auteurs, la mention de sa publication dans la revue « NOV'AE », la date de sa publication et son URL.