



# Intérêts et limites de la sélection assistée par marqueurs chez la pomme de terre

Contrat de branche 05-03-Pdterre  
Période (2005-2008)

Coordination scientifique : **MC Kerlan**

S. Marhadour, B. Caromel, E. Bonnel, K. Charlet, C Kerlan, S. Danan, V. Lefebvre, J.E. Chauvin



## • Partenaires

– Des partenaires publiques :



- ex-UMR APBV
  - ex-UMR BiO3P
  - UGAFL
- } UMR IGEPP

– Des partenaires privés :

- La FN3PT,
- Germicopa,
- L'ACVNPT



- Le soutien financier du Ministère de l'Agriculture (CB 05-03-Pdeterre)





## Objectifs



1. Rechercher des marqueurs moléculaires liés à des caractères d'intérêt à partir de populations diploïdes en ségrégation, et tester leurs transférabilités au niveau tétraploïde
2. Tester des marqueurs moléculaires déjà publiés dans des fonds tétraploïdes différents

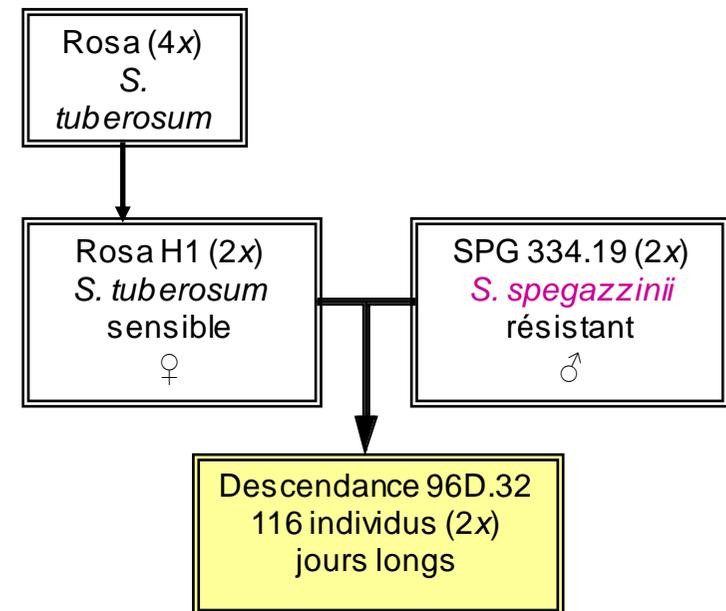
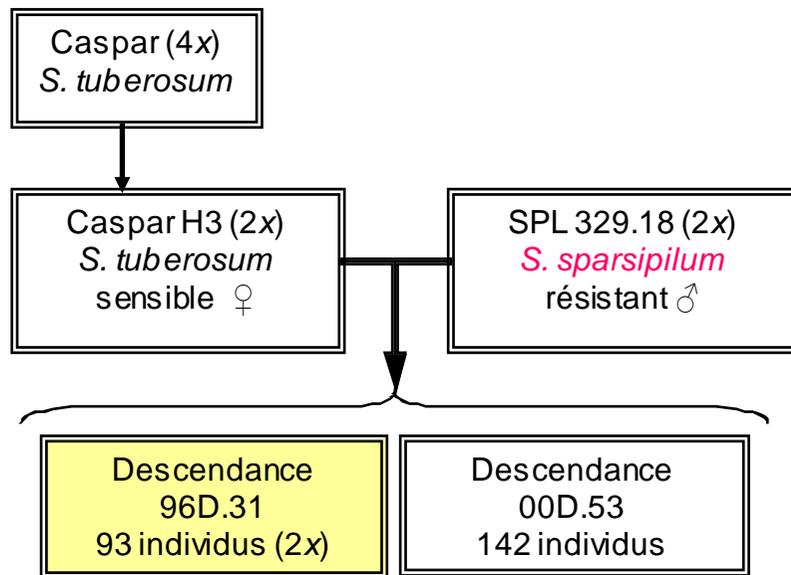
## Modèles

1. Des caractères de résistance aux bio-agresseurs (contexte : réduction des intrants, alternative à l'interdiction de molécules...)
  1. Mildiou du feuillage,
  2. Nématodes à kyste *Glododera pallida* et *G. rostochiensis*,
  3. Nématode à galles *Meloidogyne incognita*
  4. Le virus Y (PVY)
2. Des caractères de « qualité »



1. La teneur en glycoalcaloïdes

# Présentation des cartes génétiques INRA



## Qq rappels:

- Parents hétérozygotes
- Cartes de chaque parent

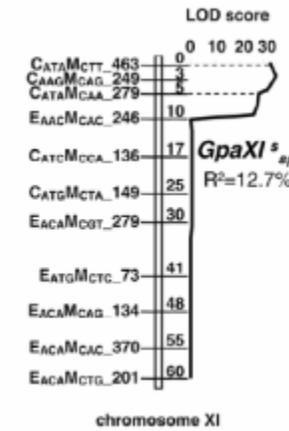
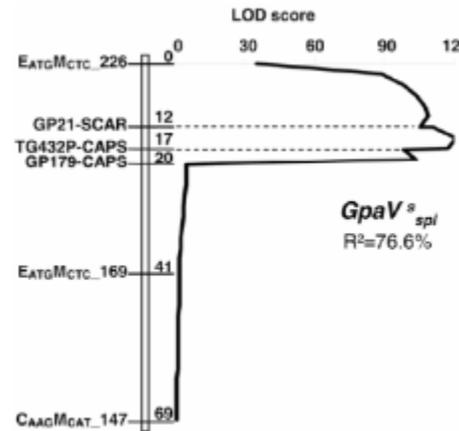


# la résistance au nématode à kyste *G. pallida*

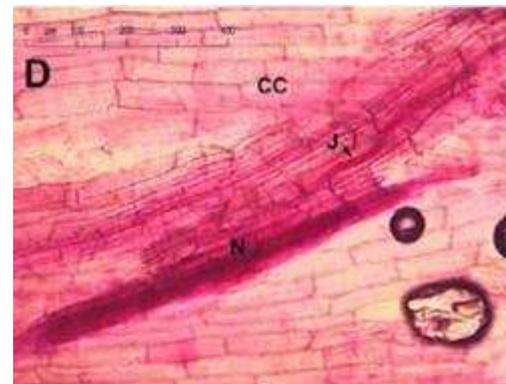
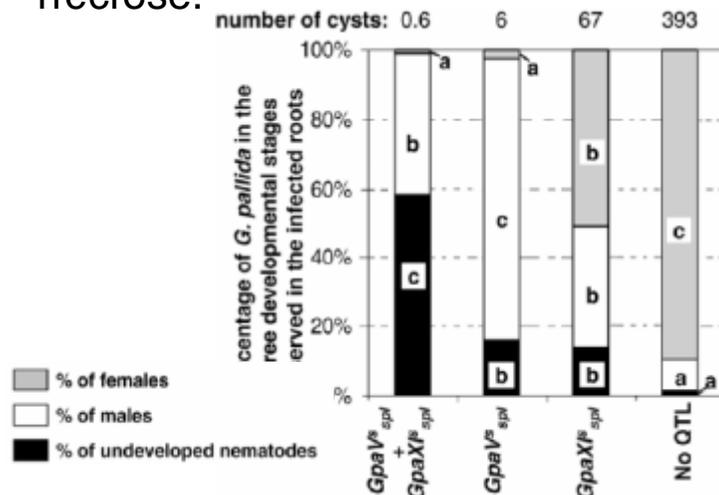
## Acquis au démarrage du projet

Pour la source *S. sparsipilum*, la résistance est sous contrôle oligogénique : 2 QTL contrôlent la résistance

Le QTL  $GpaV_{spl}$  : dans un intervalle de +/- 7 cM (Gp21-Scar et Gp179-Caps)



La présence des 2 QTL  $GpaV_{spl}$  et  $GpaXI_{spl}$  est nécessaire pour induire une réaction de nécrose.



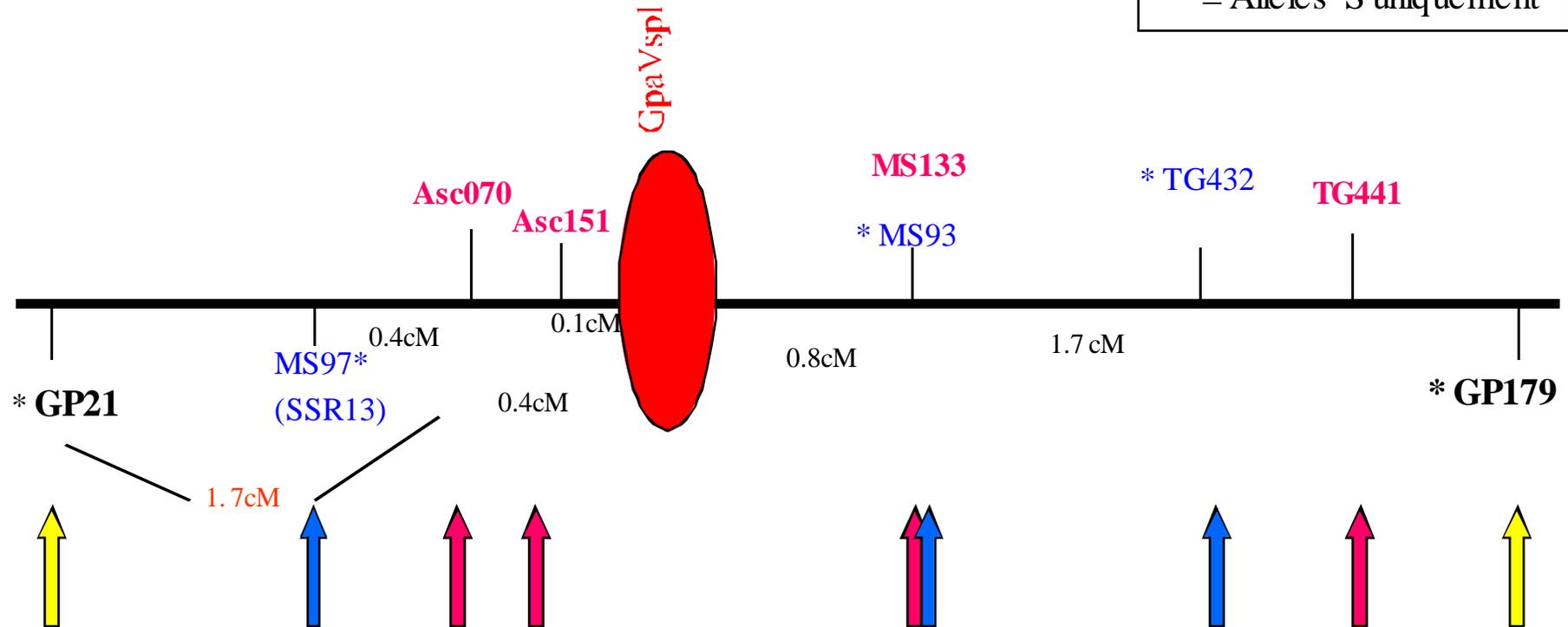
Clone  $GpaV_{spl} + GpaXI_{spl}$

Caromel *et al*, 2005

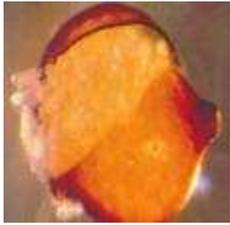


7 marqueurs supplémentaires ont été cartographiés dans l'intervalle GP21-G179. Ils permettent de suivre soit l'allèle de résistance, soit l'allèle de sensibilité.

\* = Allèles S uniquement



Le QTL *GpaV<sub>spl</sub>* a été cartographié précisément, dans un intervalle de 0.9 cM.



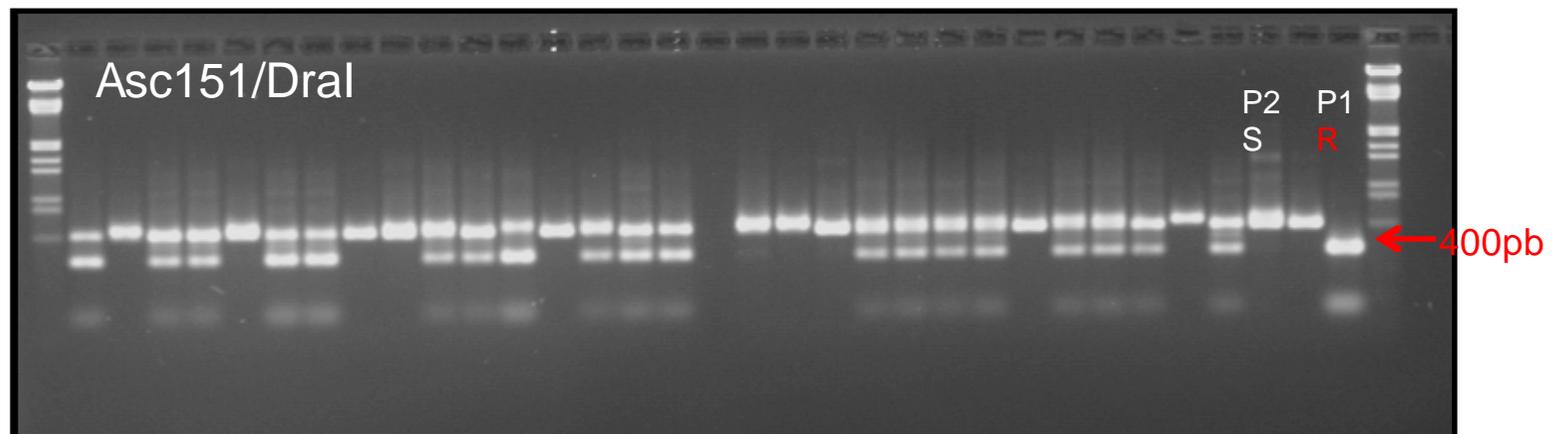
La pertinence des marqueurs liés à l'allèle de résistance a été testée dans différents fonds génétiques diploïdes et tétraploïdes.

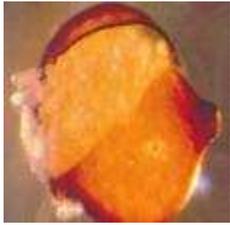
### 3 étapes

1. Vérifier s'il existe du polymorphisme entre les parents
2. Génotyper la descendance
3. Confronter les données de génotypage avec les données de phénotypage

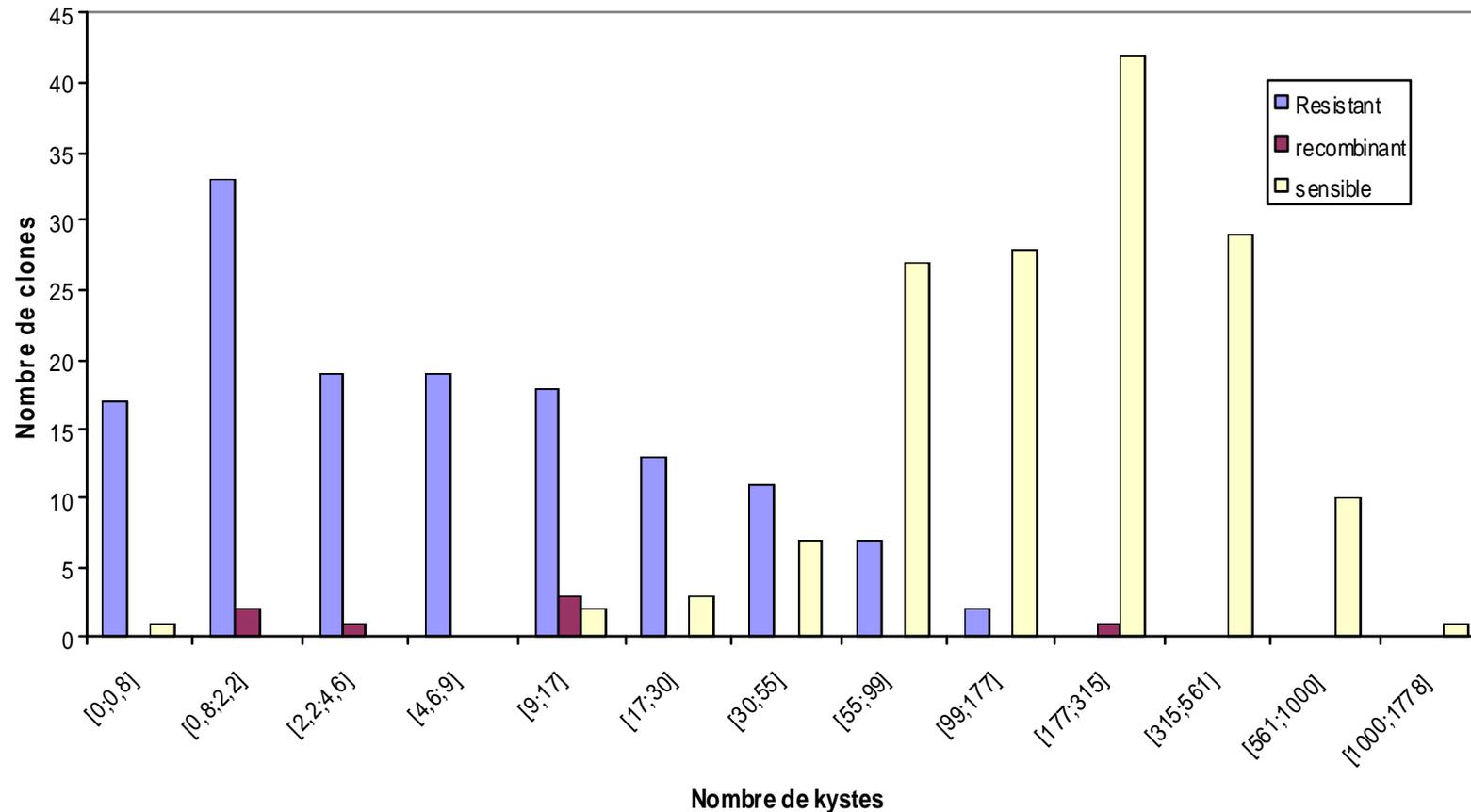
Rubis X dbl 96.31.51

↓  
08T.2





Les données de génotypage ont été confrontées aux données de phénotypage.



**Distribution des clones en fonction du nombre de kystes dans 6 familles diploïdes phénotypées**



Les marqueurs liés à *GpaV<sub>spl</sub>* coségrégent avec la résistance dans plus de 90% des cas.



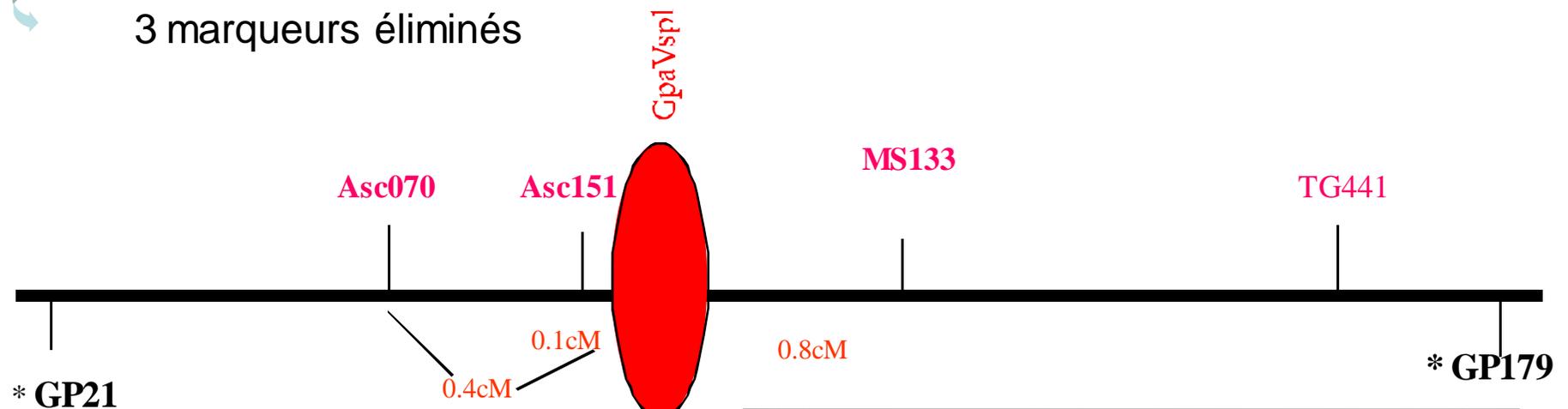
La SAM dans le cas de *G. pallida* peut avoir des limites.



Les marqueurs liés à l'allèle de sensibilité ne sont exploitables que pour des hybrides de 1<sup>ère</sup> génération, donc pas exploitables en générations « avancées ».



3 marqueurs éliminés



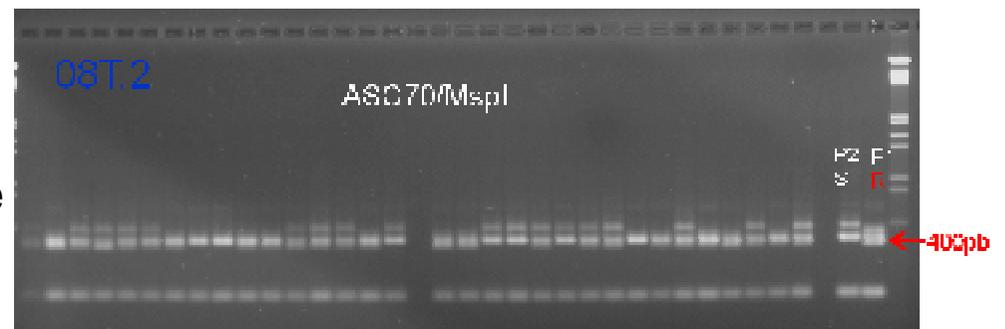
Marqueurs liés à l'allèle de résistance



- Asc151 : allèle spécifique
- TG441 : allèle spécifique



- Asc070 et MS133 : l'allèle de résistance co-migre avec l'allèle de sensibilité présent chez le parent tétraploïde sensible.

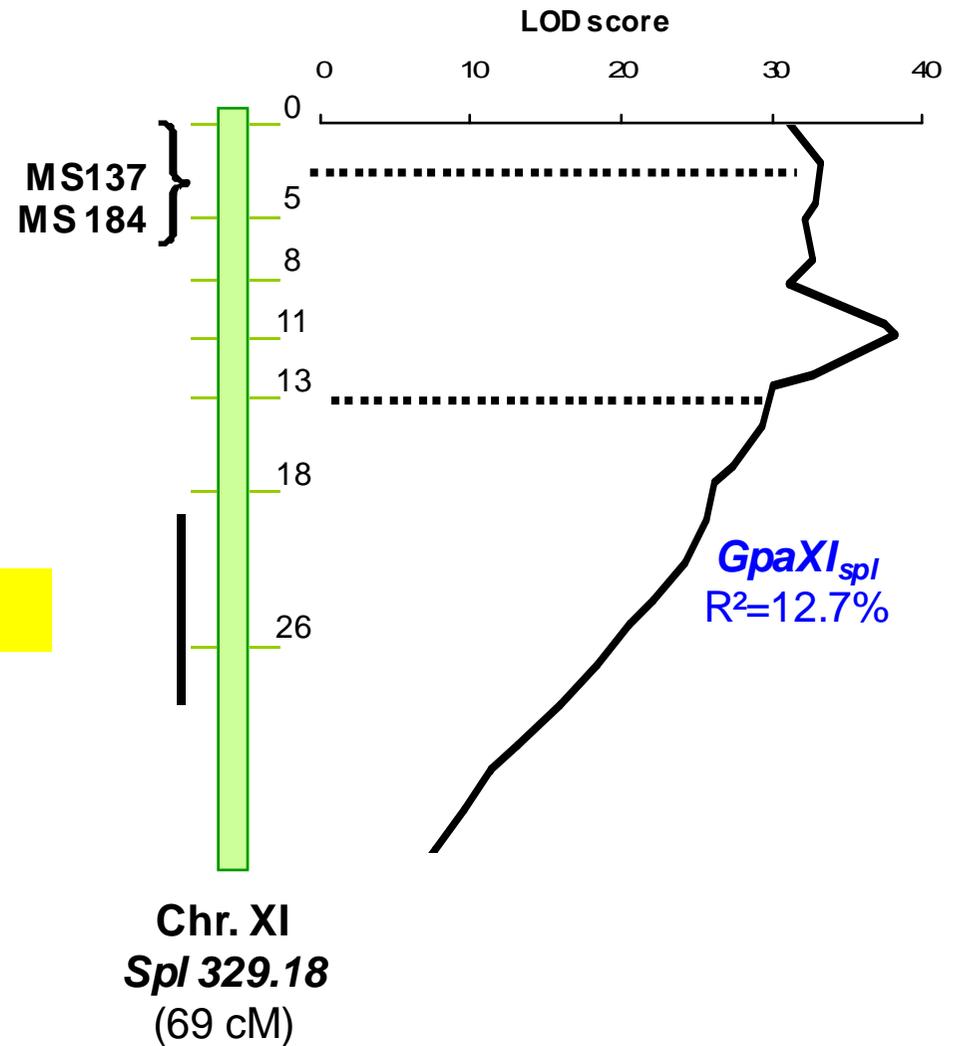


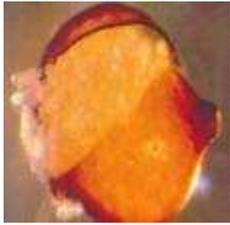


La position du QTL *GpaXI<sub>spl</sub>* reste encore peu précise.

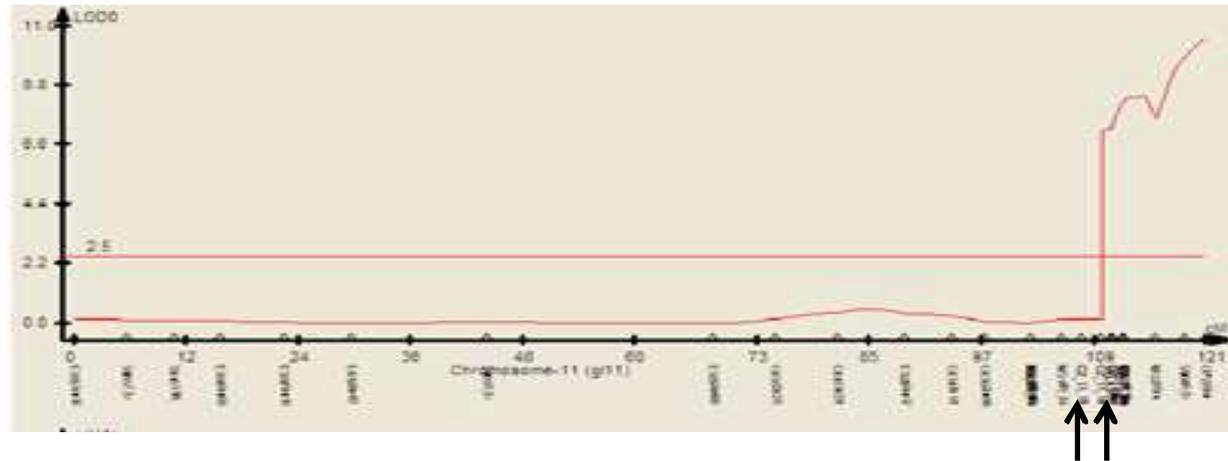
MS 184 et MS137 proches de la borne supérieure de l'intervalle de confiance.

Borne inférieure ?



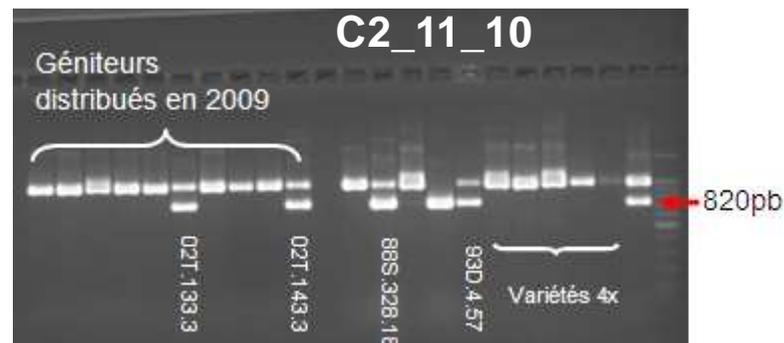


Après 2008, la position du QTL a été précisée, il est situé en région télomérique du bras court du chromosome XI .



2 marqueurs positionnés du même côté du QTL /14 cartographiés dans la zone d'intérêt ont validés pour la SAM .

Exemple de marqueur permettant de suivre le locus *GpaXI<sub>spI</sub>*





# Point sur la résistance au mildiou du feuillage

## 1- Exploitation des cartes INRA

Les 2 populations de cartographie ont été phénotypées.

### Test sur tige en conditions contrôlées



**3 composantes :**

- réceptivité,
- inductibilité de la réaction de défense,
- stabilité de la réponse

9 variables

### Test en conditions naturelles de contamination



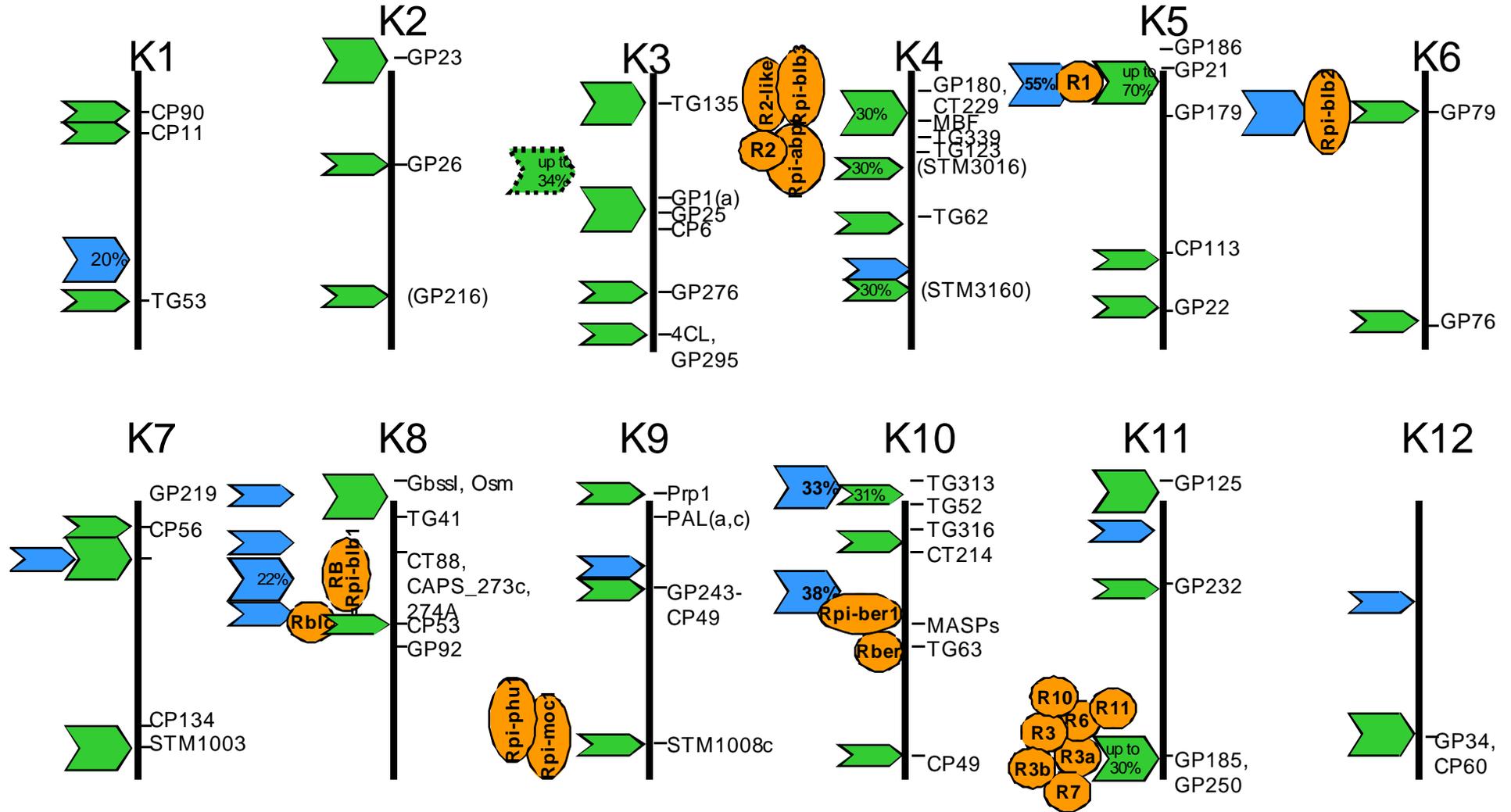
rAUDPC

Deltat

Deltaa



14 QTL ont été cartographiés sur 10 des 12 chromosomes



 littérature QTL
  96D QTL

 littérature R gene



## 2- Exploitation des marqueurs publiés permettant de suivre les gènes *R* dans différents fonds génétiques tétraploïdes

- Les gènes *R* issus de *S. demissum* : Liste des marqueurs dans le gène et/ou proche du gène.
- Liste de 40 génotypes porteurs de gènes *R* seuls ou en combinaison (+ hôtes différentiels)

Gène	Chr.	Nature du marqueur	Référence
<b>R1</b>	5	Marqueur du gène	(Ballvora et al., 2002)
<b>R2</b>	4	TG123, marqueur RFLP lié au gène	(Li et al., 1998)
<b>R3, R6, R7</b>	11	R3: Marqueur du gène ou marqueur lié  R6,R7: GP250, GP185 et TG105(a) marqueurs liés aux gènes	(Huang et al., 2004; Huang et al., 2005) (El-Kharbotly et al., 1996; El-Kharbotly et al., 1994)
<b>R10, R11</b>	11	2 marqueurs AFLP : PAC/MATC_264.1 et PAG/MAAG_172.3	(Bradshaw et al., 2005)



5 marqueurs  
testés  
(*R1*, *R2* et *R3*)



## Bilan/ marqueurs publiés permettant de suivre les gènes *R* issus de *S. demissum*

- *R1*



- Le marqueur du gène permet de détecter la présence du gène dans les génotypes testés,
- ainsi que dans les différentiels 5,6 et 7 où il n'était pas attendu *a priori* (Trognitz *et al*, 2007).

- *R2*

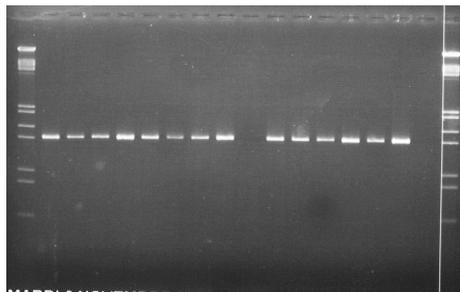


- Marqueurs liés au gène amplifiés mais non directement polymorphes

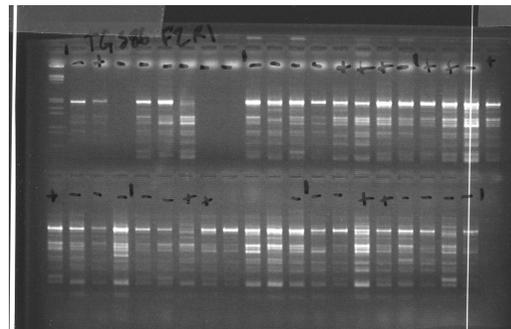
- *R3*



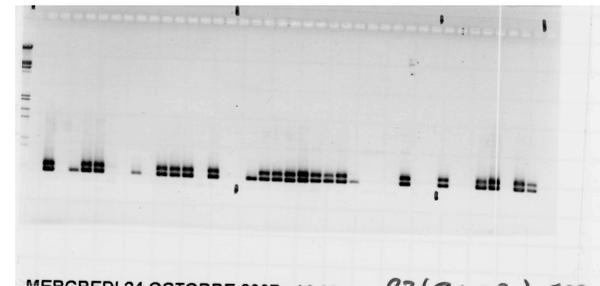
- Marqueur défini dans le gène est polymorphe mais le polymorphisme n'est pas lié à la présence du gène.



Marqueur de R1



Marqueur de R2



Marqueur de R3



## Exploitation des marqueurs publiés permettant de suivre la résistance au virus Y

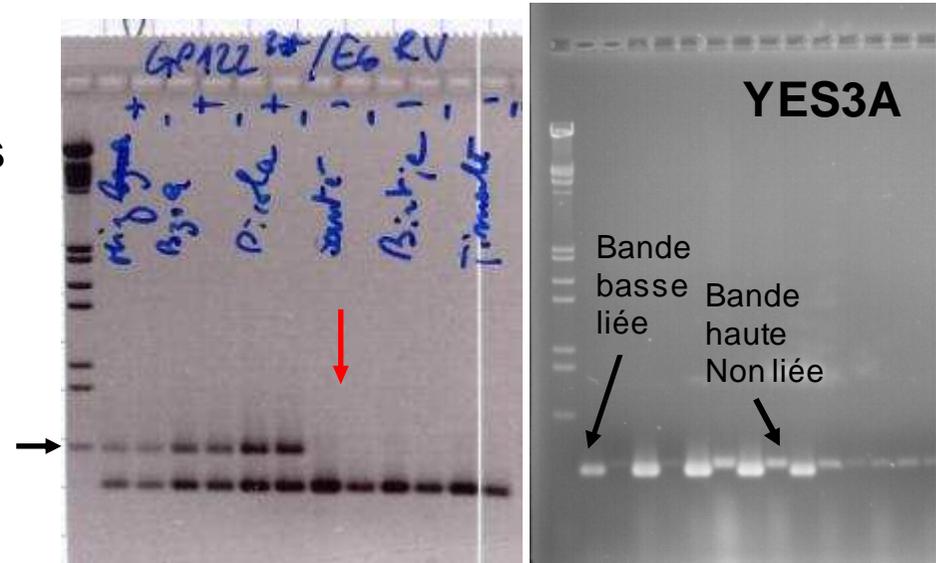
Suivre le gène *Ry* venant de *S. stoloniferum* qui confère une résistance extrême.

- Données bibliographiques (Song et al 2005, Witek et al 2006, Song, Y.S., et A. Schwarzfischer. 2008, Valkonen, J.P.T. et al. 2008 Cernak et al., 2008)

9 marqueurs testés / effectif restreint

3 marqueurs testés / sur ~100 variétés

- GP122<sub>564</sub>/*EcoRV*
- YES3A
- GP122<sub>406</sub>



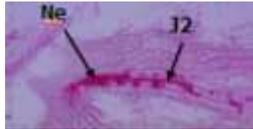
Même comportement pour les 3 marqueurs : **liaison avec la résistance**



sauf pour Corine et Santé



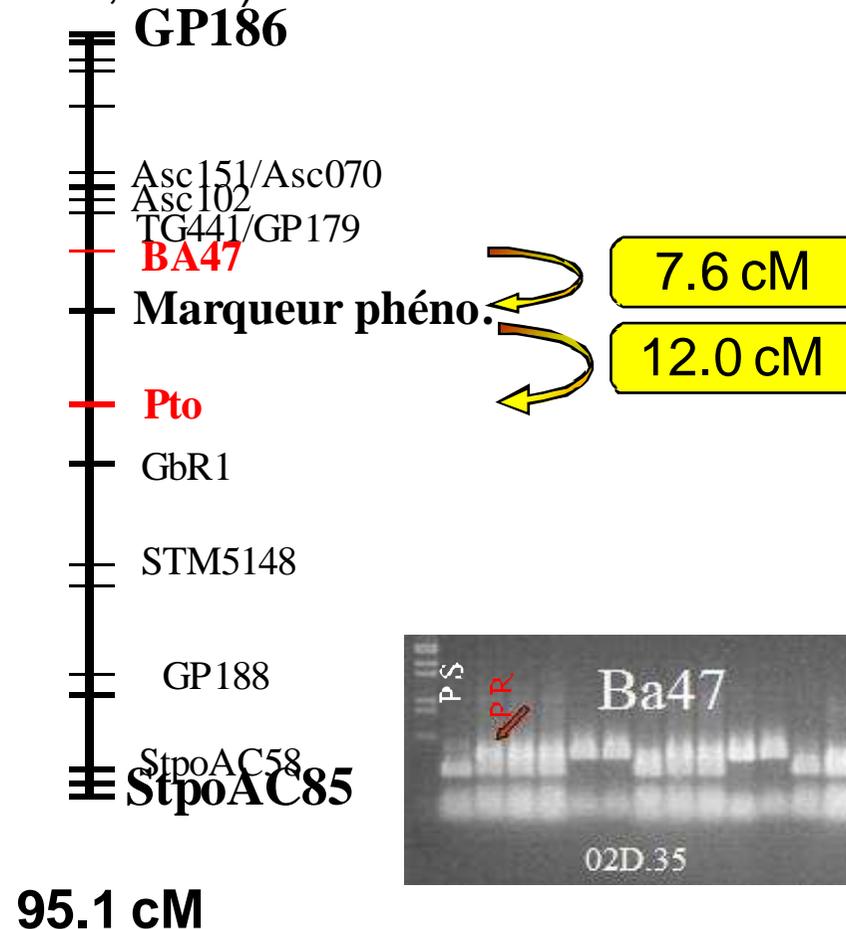
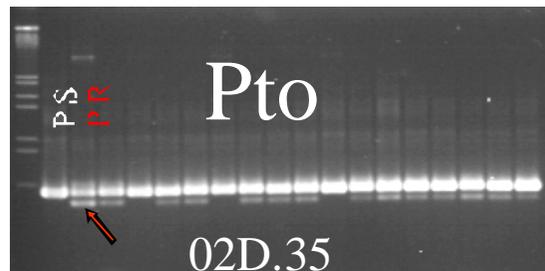
# La résistance au nématode à galles *M. incognita*



**Acquis avant projet** : la résistance est contrôlée par un gène majeur (*Mh*) (Kouassi *et al*, 2005)

## Résultats

1. En utilisant une approche BSA: gène *Mh* sur chromosome V
2. puis densification de la zone d'intérêt à partir de marqueurs extraits de la biblio, de bases de données (SGN, Gabi) : 100aine de marqueurs

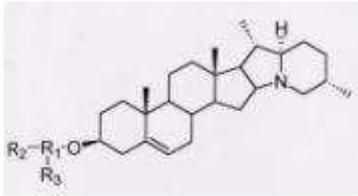


Portabilité des marqueurs au niveau 4x



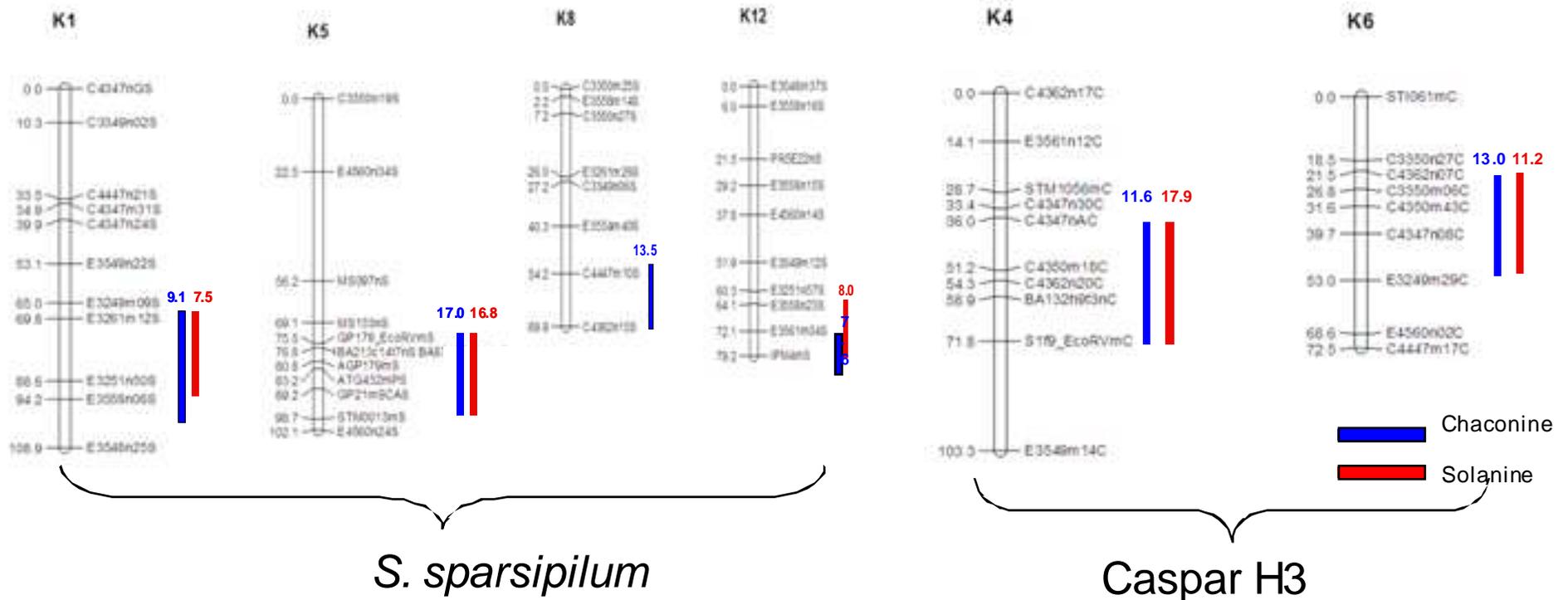
**Pto** :-

**Ba47** : + ?



# Point sur la teneur en glycoalcaloïdes Exploitation des cartes INRA

Exploitation de la descendance Caspar H3 X Spl 88S.329.18



11 QTL ont été cartographiés sur 6 chromosomes

R<sup>2</sup> de 7.5 à 17.9 %

# Conclusion-perspectives

## 1. Caractère à déterminisme simple

	Gène R	Validation /SAM	Utilisation / professionnel	Perspectives
	/ Mld			Développer des marqueurs supplémentaires et suivre d'autres gènes R ?? - Caractériser le matériel végétal - Pour suivre de construction génétique
	<i>R1</i>	++	-	
	<i>R2</i>	+/-	-	
	/ PVY			Développer des marqueurs supplémentaires pour -éviter la perte de liaison entre le mq et le gène - travailler avec d'autres fonds génétiques
	<i>Ry</i>	++	+++	
	/ <i>M. incognita</i>			Utilisation d'un mq publié après la fin du contrat
	<i>Mh</i>	+	-	
	/ <i>G. rostochiensis</i>			
	<i>H1</i>	(-)	(+)	



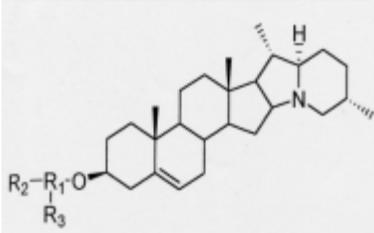
## 2. Caractère à déterminisme oligogénique cas de la résistance à *G. pallida*

- **Bon cas d'école / plante hétérozygote**
- pop de cartographie : Mq allèle de résistance + allèle de sensibilité
- Mq / allèle de sensibilité exploitable qu'en **1<sup>ère</sup> génération**
- Mq/ allèle de résistance : tjs s'assurer du polymorphisme / *S. tuberosum* utilisé en croisement
- Nécessité de dvper des mq supplémentaires / dans la séquence du gène sous jacent le QTL
- **Bilan / fin de contrat**
- Matériel 4x et Marqueurs permettant de suivre  $GpaV_{spl}$  distribués aux membres de l'ACVNPT en 2009 (convention INRA-ACVNPT)
- puis en 2012 des marqueurs pour suivre  $GpaXI_{spl}$
- La SAM est intégrée dans le schéma de création de variétés, par tous les obtenteurs français à des échelles différentes.



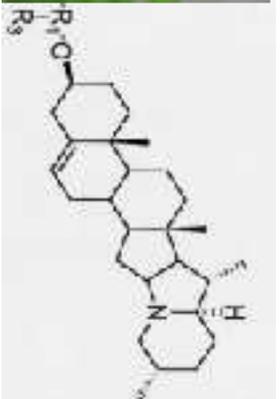
### 3. Caractère à déterminisme polygénique

cas du mildiou du feuillage et de la teneur en glycoalcaloïdes

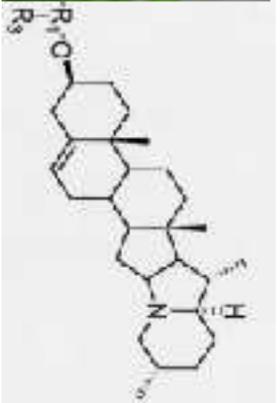


- Le matériel végétal à l'origine de cartes génétiques n'est pas intéressant pour un programme SAM
  - Complexité du caractère, nb QTL avec des  $R^2$  faibles
- **Toutefois**, travaux de carto fine QTL  $PiX_{spg}$  sont initiés à des fins cognitives à l'INRA ( $R^2$  relativement important et stabilité du QTL face à différentes souches de mildiou)
- **Ne pas exclure** la SAM pour la résistance au mildiou : il existe d'autres sources de résistance plus intéressantes (origine CIP)(travaux INRA- FN3PT, S. Marhadour)

## Perspectives / technologies



- Exploitation de la séquence du génome de la pomme de terre  
<http://www.potatogenome.net/>
- Dériver des marqueurs dans la séquence des gènes
- Développement de nouveaux types de marqueurs (SNP)



Merci de votre attention