



PROJET ROSALOUBERT2022

En partenariat avec la
roseraie Loubert

soutenue par le fonds
de soutien aux
collections du ministère
chargé de l'agriculture

Date : 1^{er} mars 2023

Coordination : Alix Pernet



LES RESSOURCES GENETIQUES DE LA ROSERAIE LOUBERT, VERS
UNE CARACTERISATION AUGMENTEE : CARACTERISATION
GENETIQUE D'ACCESSIONS BOTANQUES ET CULTIVEES
ANCIENNES ET INFORMATISATION DE DONNEES RELATIVES A
L'INTRODUCTION EN COLLECTION

RESUME DE L'ENSEMBLE DES ACTIONS SOUTENUES

La roseraie Loubert conserve depuis plusieurs dizaines d'années de nombreuses accessions de rosiers botaniques et de variétés anciennes de rosiers. Grande collection européenne, elle a à cœur de caractériser ses ressources génétiques et d'assurer leur traçabilité afin de mettre à disposition de tous une collection porteuse d'informations. Afin d'améliorer l'efficacité de la gestion de la collection, trois actions ont été soutenues par le fonds de soutien aux collections : (1) une meilleure identification des plantes sur le terrain grâce à des étiquettes gravées, (2) une caractérisation génétique d'une partie de la collection, (3) une informatisation des données liées aux accessions.

Les étiquettes mises en place sur le terrain en remplacement d'anciennes étiquettes manuscrites facilitent grandement la lecture et donc l'identification de chaque plante et permettent de libérer du temps pour l'entretien de la collection puisqu'il n'est plus nécessaire de les réécrire annuellement.

La caractérisation génétique a été réalisée sur 487 accessions dont 327 de la roseraie Loubert. Les accessions choisies parmi les accessions de rosiers botaniques et les accessions des plus anciennes variétés européennes conservées, ont été génotypées à l'aide de 36 marqueurs moléculaires obtenus par la méthodologie « SSR-seq ». Cette méthodologie consiste à séquencer des régions du génome où de petits motifs di ou trinuécléotidiques sont répétés, le nombre de répétitions de ces motifs étant hautement variable d'une accession à une autre. Cette méthodologie permet également de séquencer les régions flanquantes de ces motifs répétés et ainsi de détecter des polymorphismes de la taille d'un nucléotide (SNP pour single nucleotide polymorphism) ou de plusieurs nucléotides insérés ou délétés (« InDel »).

Le génotype de 459 de ces accessions (304 de la roseraie Loubert et 155 d'autres roseraies) a ainsi pu être déterminé. Ces résultats permettent, après vérification phénotypique, de confirmer les éventuels doublons, d'identifier formellement les synonymes suspectés, ainsi que de détecter les faux-synonymes, trois paramètres importants pour optimiser la gestion d'une collection. La structuration génétique révélée génère une meilleure connaissance de la variabilité des rosiers botaniques et anciens européens, des relations entre les différents groupes horticoles et de leurs origines, notamment pour le groupe Alba.

L'informatisation des données, en particulier des données d'introduction, liées aux accessions de la roseraie Loubert est en bonne voie. Cette informatisation contribuera à faciliter la gestion de la roseraie en particulier pour les échanges de ressources génétiques dans le respect des accords de Nagoya.

Alix Pernet, INRAE, 24 mars 2023



© Pernet INRAE 2022



INRAE centre Pays de la Loire

IRHS UMR 1345

42 rue Georges Morel – CS60057

49071 BEAUCOUZE cedex 01

<https://www6.angers-nantes.inrae.fr/irhs>

INRAE
la science pour la vie, l'humain, la terre