

**N° du projet** : FdS 2018/3-044 INRA Collection LACTUCA

**Titre du projet** : Mise à jour de données, passeports et phénotypages, disponibles à l'INRA pour alimenter une base de données dans le cadre du montage du réseau *Lactuca*.

**5.2 – Résumé des actions réalisées** (diffusable sur le site internet du GEVES)

L'INRA-GAFL dispose d'une collection de laitues (env 700 variétés) et d'accessions d'espèces sauvages apparentées (env 250 accessions), réservoir potentiel de gènes pour l'amélioration de la laitue. Cette collection a été largement utilisée par l'INRA dans plusieurs programmes de recherches, seule ou en partenariats avec des sociétés et/ou des instituts. A la suite de l'arrêt des recherches sur laitue dans le département de Biologie et Amélioration des Plantes (BAP) de l'INRA, cette collection doit être maintenue par un réseau de RPG associant des sociétés de sélection, des instituts, le GEVES et l'INRA. Il est intéressant que ce réseau dispose d'un maximum de données fiables sur cette collection de RPG, sous un format clair et utilisable.

Ainsi, le FdS-RPG a débloqué une enveloppe pour le recrutement d'une personne secondant le chercheur INRA ayant été chargé de 1984 à juillet 2019, en outre, de la collection de *Lactuca* ; la fonction de ce CDD était de contrôler et structurer les données disponibles à l'INRA, les compléter par des informations à rechercher sur divers sites (SOC, UPOV, GEVES, catalogues, ...). Le CDD recruté a mis à jour les données passeport de la collection d'accessions sauvages et de la collection de variétés de laitue sur ses 2 mois de travail (15/04 au 14/06).

Les données passeport de la collection de 248 accessions sauvages, dont 234 *Lactuca*, ont été contrôlées et harmonisées selon les normes du Multi-Crop Passport Data (MCPD). Pour aboutir à un fichier Excel facile à utiliser dans une base de données compatible avec les structures françaises et européennes, les données sur l'origine des 157 accessions récoltées depuis 1977 par l'INRA ont été reformatées et les données GPS correspondantes ont été établies au plus près possible. Pour les 66 accessions venant d'autres collections ou de chercheurs étrangers, les données sur l'origine ont été complétées par les données disponibles sur les bases des autres collections (CGN, USDA...) ou sur les listes d'envoi du matériel. Pour les 25 autres accessions, reçues de jardins botaniques ou de particuliers, aucune information disponible n'a permis de compléter les sites de collectes (descripteurs COLLSITE). La disponibilité en photos dans les tunnels de multiplication de l'INRA des plantes de chacune des accessions a été vérifiée. Ainsi, le réseau disposera pour la collection de *Lactuca* sauvages d'un fichier Excel d'informations fiables correspondant aux descripteurs MCPD et des photos à divers stades des plantes (rosette/feuilles, plante en floraison, graines).

Pour plus de 80% des 700 variétés de laitue, les données passeport sur les origines (donneur des graines et date d'arrivée à l'INRA) et les obtenteurs ont été contrôlées et complétées. Quelques descripteurs ont aussi été contrôlés. Il faut souligner qu'un quart du matériel est entretenu à l'INRA depuis plus de 25 ans, et, en conséquence, des références ont été difficiles à trouver pour contrôler les données. Ce travail continue actuellement afin de fournir au réseau un fichier Excel le plus fiable et complet possible. Diverses archives (fiches GEVES, listes GNIS, catalogues commerciaux) sur les anciennes variétés ont été classées ; ces documents, faciles à utiliser suite à ces classements, seront un outil précieux pour le réseau lors des contrôles de stabilité des graines multipliées (photo, description). Il est en effet apparu au cours de ce travail qu'il y avait des inexactitudes dans certaines données publiées et ces archives pourront être utilisées en cas de doute ou d'absence de données en ligne. Ces documents seront aussi mis à disposition des membres du réseau, en particulier du GEVES pour des contrôles de la stabilité des génotypes. Par ailleurs, l'INRA dispose de fichiers de descripteurs produits au cours des multiplications et contrôles des graines ainsi que des photos numériques de 90% de la collection. Ces données, bien que non reformatées en 2019, seront utilisables par le réseau, et en particulier par le GEVES, pour les contrôles des phénotypes lors des multiplications et lors des cultures de contrôle des graines récoltées.