

## Le bagage génétique de la pomme de terre passé aux rayons X

François Belzile et Maxime Bastien

No de projet : 311045

Durée : 03/2012 – 10/2015

### FAITS SAILLANTS

Ce projet nous a permis de réaliser deux avancées majeures en génomique de la pomme de terre. Tout d'abord, nous avons mis au point une **nouvelle méthode de génotypage** à grand débit chez la pomme de terre qui s'avère moins coûteuse que les alternatives disponibles en ce moment. Le génotypage par séquençage, ou GBS (de l'anglais « genotyping by sequencing »), permet d'effectuer le séquençage d'un échantillon du génome, c.-à-d. le bagage génétique, d'une espèce. Grâce à ce séquençage, on peut mettre en évidence des différences entre les génomes de diverses variétés ou clones de pomme de terre. Ces différences peuvent servir à identifier, différencier, caractériser et améliorer des variétés de pomme de terre. Cette technique de génotypage nous a permis de caractériser un panel de huit clones de la pomme de terre à plus de 40 000 marqueurs et pour un montant d'environ 25-30 \$/clone. Cela se compare avantageusement avec la puce d'ADN SolCAP qui a été développée aux États-Unis et qui ne permet d'interroger qu'entre 5 000 et 6 000 marqueurs pour environ 100 \$/clone. Ensuite, nous avons utilisé le GBS pour réaliser une **caractérisation en profondeur d'une collection de 374 clones de pomme de terre** qui se voulaient représentatifs de la collection de clones utilisés par le Centre de Recherche Les Buissons (CRLB) dans le cadre de ses efforts de développement de nouvelles variétés de pommes de terre adaptées au Québec. Encore une fois, nous avons pu déterminer le bagage génétique de ces clones à plus de 40 000 marqueurs. Ces données nous ont permis de classer ces clones en fonction de leur degré de parenté génétique et les clones se sont groupés conformément à leurs principaux attributs (de table vs à croustilles, blanche vs de couleur, cultivée vs sauvage). Finalement, nous avons comparé nos résultats avec ceux obtenus avec la puce SolCAP pour une cinquantaine de clones analysés avec les deux technologies. Les résultats se sont avérés identiques à plus de 91 %.

### OBJECTIF(S) ET MÉTHODOLOGIE

- 1) Production et séquençage de bibliothèques GBS. L'ADN a été extrait sur chacun des clones de pomme de terre à l'aide d'une trousse commerciale (Qiagen). Les ADN ont été digérés soit avec l'enzyme *ApeKI* (100 ng) ou avec les enzymes *PstI/MspI* (200 ng) pour produire des bibliothèques GBS [protocoles de Elshire et al. (2011) et Poland et al. (2012)]. Ces bibliothèques ont été séquencées pour livrer en moyenne plus de 2 millions de séquences par clone.
- 2) Analyse des données et production d'un catalogue de marqueurs. Nous avons analysé ces données selon Sonah et al. (2013) pour produire un catalogue de marqueurs avec les données de séquençage.
- 3) Analyses génétiques sur la collection de clones du CRLB. Des arbres phylogénétiques ont été produits à l'aide du logiciel Phylip pour décrire les relations de parenté entre les clones. Les résultats obtenus avec le GBS ont été comparés à ceux obtenus avec la puce SolCAP (Hirsch et al. 2013).

## RÉSULTATS SIGNIFICATIFS POUR L'INDUSTRIE

- 1) Disponibilité d'une méthode d'analyse génétique (génotypage) offrant une caractérisation exhaustive du bagage génétique à un coût modeste.

Il devient possible pour les acteurs de l'industrie de la pomme de terre de sonder le bagage génétique de cette espèce de manière rapide (quelques semaines) et à coût modeste. Ces services de génotypage sont disponibles auprès de la Plateforme d'Analyses Génomiques à l'Université Laval. Selon les services requis, le client peut fournir un échantillon de feuille et pourra recevoir une analyse détaillée dont le coût variera en fonction du nombre et du type d'analyses à effectuer.

- 2) Connaissance génétique approfondie d'une collection de 374 clones de pomme de terre du CRLB

Bien que la collection de clones du CRLB compte plus de 1 000 clones, cet échantillon de 374 clones se voulait représentatif de l'étendue de la diversité génétique présente au sein de la collection dans son ensemble. Le choix de ces clones avait été effectué par le sélectionneur du CRLB (feu Dr Pierre Turcotte) au début de ce projet de recherche.

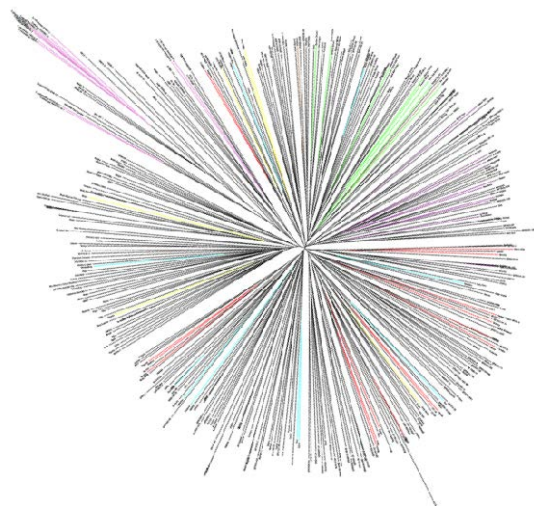


Figure 1. Arbre phylogénétique de 374 clones de pomme de terre. Ces clones de la collection du CRLB sont groupés en fonction de leur proximité génétique. Les différentes branches regroupent ensemble des clones de pomme de terre dont le bagage génétique est plus semblable.

## APPLICATIONS POSSIBLES POUR L'INDUSTRIE ET/OU SUIVI À DONNER

- 1) Identification variétale

Il arrive qu'il soit impossible de déterminer visuellement si deux clones sont identiques ou distincts. Une analyse génétique détaillée à l'aide de plusieurs milliers de marqueurs permet de fournir une réponse claire à cette question.

- 2) Analyse de la diversité génétique et choix des parents à croiser

Des programmes d'amélioration génétique (tel celui du CRLB) ont besoin d'évaluer la diversité génétique dont ils disposent et d'outils pour aider à choisir les meilleurs parents à croiser ensemble.

- 3) Développement de marqueurs génétiques pour la sélection

En combinant les données génétiques avec les données agronomiques (de terrain), il est possible de développer des marqueurs génétiques utiles en sélection.

## **POINT DE CONTACT POUR INFORMATION**

Nom du responsable du projet : François Belzile  
Téléphone : 418 656-2131, poste 5763  
Télécopieur : 418 656-7176  
Courriel : [francois.belzile@fsaa.ulaval.ca](mailto:francois.belzile@fsaa.ulaval.ca)

## **REMERCIEMENTS AUX PARTENAIRES FINANCIERS**

Ces travaux ont été réalisés grâce à une aide financière de la Fédération des producteurs de pomme de terre du Québec (FPPTQ) et du Programme de soutien à l'innovation en agroalimentaire, un programme issu de l'accord du cadre Cultivons l'avenir conclu entre le ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation et Agriculture et Agroalimentaire Canada.