

PROJET IDEVOL

FACILITER LE TRAVAIL DES LABORATOIRES

Le projet IdEvol, Identification moléculaire des variétés, a pour objectifs de réduire les temps d'analyse, l'exposition du personnel de laboratoire aux produits nocifs et le coût des traitements des déchets. Une nouvelle technologie a été identifiée. Explications.



Les débuts du projet IdEvol ont permis d'acquérir des compétences techniques approfondies et de les répercuter dans le réseau.

Pour identifier une variété, les techniques de laboratoire sont particulièrement efficaces. À partir de l'ADN contenu dans les tubercules ou les feuilles, un profil moléculaire spécifique peut être mis en évidence qui, s'il correspond exactement à celui d'un échantillon de référence, permet de déterminer sans ambiguïté la variété. En France, un réseau de laboratoires, coordonné par Inov3PT, réalise ces analyses pour différents usages.

UN RÉSEAU DE LABORATOIRES

Les trois laboratoires des producteurs de plants (Bretagne-Plant, Comité Centre et Sud et Comité Nord) uti-

lisent les profils moléculaires dans le cadre des analyses officielles de certification pour sécuriser le schéma de production de plants (caractérisation et vérification du matériel de départ, contrôles en complément des inspections visuelles et du champ de conformité des souches). Le SCL (service commun des laboratoires) contrôle les lots de pomme de terre de consommation et Inrae peut vérifier ses collections variétales.

Ainsi, 3 000 échantillons environ sont analysés chaque année dont 80 % correspondent aux analyses sur le plant. Une page web décrit de façon plus détaillée l'organisation (<http://www.plantdepomme.net/index/identification-varietale-ideale-et-projet-idevol>).

LES TECHNIQUES ÉVOLUENT

Il y a une dizaine d'années, le réseau de laboratoires avait fait évoluer ses pratiques en construisant une base de données multi-utilisateurs (IdeAle) pour faciliter la transmission des informations sur les profils. Depuis janvier 2019, un travail est mené dans le cadre du projet IdEvol pour faire évoluer la technique analytique. Il s'agit de réduire les temps d'analyse, l'exposition du personnel de laboratoire aux produits nocifs et le coût des traitements des déchets.

Une nouvelle technologie de type séquenceur a été identifiée permet-



À quelle variété correspond chacun de ces échantillons ? Telle est la question à laquelle l'identification variétale par profils moléculaires permet de répondre.

tant de robotiser partiellement la révélation des profils moléculaires. Les caractéristiques techniques de cette méthode n'étant cependant pas exactement les mêmes que celles de la méthode de référence, le projet IdEvol vise à s'assurer que cette nouvelle technologie permette d'utiliser au maximum la base de données IdeAle.

ACQUISITION DE COMPÉTENCES ET D'ÉQUIPEMENTS

Le projet IdEvol a été retenu pour un financement dans le cadre de l'appui méthodologique à la section pomme de terre du CTPS. D'une durée initiale de trois ans, il a été prolongé de six mois compte tenu du contexte sanitaire lié à la pandémie due à la Covid-19.

Durant les deux premières années du projet les scientifiques ont acquis des compétences et les équipe-

ments pour utiliser cette nouvelle technique. Les facteurs influençant le plus l'obtention des profils ont aussi été analysés en prenant d'emblée en compte la dimension multilocale du réseau. Ces analyses ont été réalisées dans trois laboratoires simultanément (Comité Nord, SCL et Inrae Ploudaniel). Il est apparu que les conditions d'amplification des marqueurs du kit n'étaient pas complètement optimales pour le nouveau système de révélation. Ainsi, de meilleures conditions ont été déterminées pour chaque marqueur.

EN PHASE DE DÉPLOIEMENT

Les chercheurs sont désormais dans une phase de déploiement de ces nouvelles conditions à tous les laboratoires du réseau. En 2021, la collection nationale variétale et sanitaire FN3PT va être entièrement génotypée ainsi qu'un panel spécifique de variétés choisi par Inrae.

Le projet IdEvol a également pour objectif d'étendre le kit de marqueurs utilisé en routine et qui comprend actuellement huit marqueurs. Il s'agit de pallier d'éventuelles difficultés de transfert de certains marqueurs vers la nouvelle technique, compte tenu des différences techniques, mais aussi d'anticiper les limites descriptives du kit actuel en développant des marqueurs directement adaptés à la nouvelle méthode.

Durant les deux premières années du

→ BASE DE DONNÉES COMMUNE

IDEALE, STRUCTURE DU RÉSEAU

La base de données IdeAle contient 3 800 profils ce qui représente 2 367 génotypes et environ 1 300 variétés (ces statistiques évoluent en temps réel). IdeAle a été construite avec le support du ministère de l'Agriculture dans le cadre d'un projet financé entre 2008 et 2012 (Casdar Semences et Sélection) et coordonné par la FN3PT. Il s'agit d'une plateforme internet dont l'accès est sécurisé par authentification. Elle est gérée depuis la fin du projet par le service informatique de la FN3PT.

Le partenaire suisse d'Agroscope a intégré 310 profils variétaux. Cette intégration a permis de confirmer les profils d'une cinquantaine de variétés qui n'avaient pas trouvé de redondance dans la base jusque-là. En 2019, tous les laboratoires du réseau ont participé au 9^e essai interlaboratoire organisé conjointement entre la FN3PT et le Soc. Chaque laboratoire doit identifier huit échantillons anonymisés. Tous les participants ont identifié correctement chaque échantillon confirmant leur expertise, l'utilité de la base de données commune et la puissance du kit de marqueurs.

projet, quinze nouveaux marqueurs potentiels ont été testés par Inov3PT. Neuf d'entre eux correspondent aux marqueurs utilisés par la SASA (Science and Advice for Scottish Agriculture, Écosse) et le Nak (Service général de contrôle des semences agricoles et des plants de pomme de terre, Pays-Bas). Cinq marqueurs ont été formellement écartés pour des raisons techniques ou de pouvoir descriptif insuffisant du point de vue des scientifiques français. Quatre marqueurs ont été directement retenus pour les phases suivantes de tests qui se dérouleront dans plusieurs laboratoires du réseau.

Malgré les difficultés rencontrées en 2020, le projet avance. Une particularité de l'organisation tient à sa dimension de réseau. Concernant l'identification variétale, quelles que soient les espèces en jeu, les analyses, hors de nos frontières, sont

la plupart du temps centralisées dans un seul laboratoire pour un pays donné. La contrainte liée à la reproductibilité des analyses dans plusieurs laboratoires n'est donc pas de mise chez eux. En France, la dimension réseau rend les choses plus compliquées à mettre au point, mais elle renforce aussi la robustesse de la méthode (des marqueurs), fiabilise l'ensemble du dispositif et permet de garantir l'autonomie et la réactivité des laboratoires. / SYLVIE MARHADOUR, FN3PT/Inov3PT

Exemple de profils obtenus pour un des huit marqueurs de la procédure avec la nouvelle méthode. Les trois couleurs correspondent à des variétés différentes.

