



Réservoir de la diversité du châtaignier européen en Suisse

S. Pereira-Lorenzo¹ • Y. Bischofberger² • M. Conedera³ • P. Piattini⁴ • J. Crovadore⁵ • R. Chablais⁵ • A. Rudow^{6,7} • S. Hatt⁷ • AM Ramos-Cabrer¹ • T. Barreneche⁸ • F. Lefort⁵

Reçu le 5 septembre 2019 / Révisé le 16 mars 2020 / Accepté le 30 mars 2020 / Publié en ligne le 6 avril 2020 © Springer Nature BV 2020

Résumé En

Suisse, les châtaigneraies couvrent environ 27 100 ha, auxquelles s'ajoutent quelque 6 800 ha de peuplements mixtes. Pour des raisons environnementales et historiques, la plupart de ces forêts encore existantes se situent dans les Alpes méridionales suisses, tandis que dans le nord du pays, la culture du châtaignier et les connaissances associées ont fortement régressé depuis le Petit Âge glaciaire. La Suisse abrite néanmoins encore de précieuses ressources génétiques du châtaignier. La présente étude génétique repose sur un inventaire national, l'identification et la localisation précise de vieux châtaigniers et/ou greffés à des fins de conservation. Les principaux objectifs étaient : (1) d'évaluer la diversité et la structure génétiques de *Castanea sativa* en Suisse, et (2) de définir un programme de conservation incluant la proposition d'une collection de base. Nous avons analysé génétiquement une présélection de 962 accessions (sur 14 165 arbres inventoriés dans toute la Suisse), en les profilant à l'aide de 24 microsatellites. Nous avons identifié 675 génotypes différents parmi 962 accessions, présentant une répétitivité de 29,8 % due à la clonalité. Une analyse structurale basée sur une méthode bayésienne a permis d'identifier deux groupes principaux : le premier, majoritairement apparenté au groupe génétique d'Europe du Sud (Population panmixtique reconstituée RPP1), et le second (RPP2), qui s'est révélé indépendant et génétiquement distinct des autres groupes européens de cultivars de châtaignier. Le groupe suisse RPP2 représente un nouveau groupe génétique et, par conséquent, un complément aux ressources génétiques du châtaignier en Europe. L'analyse génétique a permis de définir une collection de base de 46 génotypes, qui devrait être utilisée en priorité dans le cadre du programme suisse de conservation.

Mots-clés : Châtaignier européen, SSR, diversité génétique, structure, collection de base

Matériel supplémentaire électronique La version en ligne de cet article (<https://doi.org/10.1007/s10531-020-01970-2>) contient du matériel supplémentaire, qui est disponible pour les utilisateurs autorisés.

Communiqué par Daniel Sanchez Mata.

Cet article appartient à la collection thématique : Biodiversité des forêts et des plantations.

et S. Pereira-Lorenzo
santiago.pereira.lorenzo@usc.es

Des informations complémentaires sur l'auteur sont disponibles en dernière page de l'article.

Introduction

Les études paléobotaniques sur les données fossiles ont permis d'identifier les principaux refuges du châtaignier (*Castanea sativa*) pendant le dernier maximum glaciaire (il y a environ 20 000 ans) en Tran-caucasie et dans les péninsules italienne et ibérique, avec quelques autres sites mineurs dans les régions de Marmara et du Levant, dans le sud-est des Balkans et en France centrale (Krebs et al.

2019). La dispersion naturelle post-glaciaire survenue lors du réchauffement climatique de la première moitié de l'Holocène (il y a environ 11 500 à 5 700 ans) a été totalement masquée par la diffusion et la culture anthropiques ultérieures de l'espèce (Conedera et al., 2004). En Europe occidentale, ce phénomène s'est produit notamment lors de l'expansion romaine, lorsque le Conquérant a diffusé la culture du châtaignier hors du bassin méditerranéen. De ce fait, la structure génétique actuelle du châtaignier en Europe présente une différenciation entre les populations d'Italie occidentale et de la péninsule Ibérique et celles de Grèce orientale et de Turquie (Mattioni et al., 2013).

Les Romains privilégiaient la culture du châtaignier en taillis pour la production de bois, mais ils connaissaient déjà les techniques de greffage et avaient également décrit les variétés de châtaigniers existantes (Conedera et al., 2004). L'utilisation du châtaignier pour la production de fruits s'est développée après la chute de l'Empire romain, et plus particulièrement durant l'Optimum climatique médiéval (OCM, défini ici comme la période allant de 900 à 1300 apr. J.-C., Bradley et al., 2003), notamment parmi les populations montagnardes d'Europe centrale et méridionale, qui cultivaient également le châtaignier pour l'alimentation de base (Pitte, 1986 ; Squatriti, 2013 ; Buonincontri et al., 2015).

La Suisse a suivi ce courant principal. La culture du châtaignier a d'abord été introduite, cultivée au sud des Alpes, principalement sous forme de taillis, concomitamment à la conquête romaine (Conedera et al. 2004). Au Moyen Âge, cette culture s'est transformée en une civilisation autarcique du châtaignier où le fruit de la châtaigne était la principale source de nourriture (Krebs et al. 2014). Sur le versant nord et dans les vallées alpines intérieures des Alpes suisses, le châtaignier a commencé à se développer pendant la période chaude médiévale et était limité à des endroits dans des sites appropriés en termes de climat doux et de substrat rocheux non calcaire (Fig. 1 ; Tanner 1927 ; Closuit 1958 ; Furrer 1958, 1972 ; Heiniger et Conedera 1994).

Au nord des Alpes, la culture de la châtaigne fut abandonnée dès les premières perturbations climatiques du XVIIe siècle, liées au Petit Âge glaciaire, qui ont probablement fortement compromis la maturation normale des fruits (Engler 1901). À l'inverse, en Suisse méridionale, la culture de la châtaigne a résisté aux bouleversements climatiques et n'a décliné que lentement, en raison de l'introduction d'autres aliments de base (pomme de terre et maïs), de l'apparition d'anciens et de nouveaux pathogènes (*Phytophthora* spp. ; *Cryphonectria parasitica*) et des changements socio-économiques de l'après-Seconde Guerre mondiale, qui ont entraîné l'abandon de la culture traditionnelle de la châtaigne (Krebs et al. 2014). L'arrivée de la guêpe gallicole asiatique (*Dryocosmus kuriphilus*) en 2007 (Forster et al. 2009), les sécheresses estivales répétées (Conedera et al. 2010) et le pathogène fongique récemment apparu *Gnomoniopsis smithogilvyi* (Pasche et al. 2016) représentent des menaces supplémentaires pour la culture suisse du châtaignier et pour les efforts de restauration.

Aujourd'hui, les châtaigneraies couvrent environ 27 100 ha, auxquels s'ajoutent 6 800 ha de peuplements mixtes contenant au moins 50 % de châtaigniers (Brandli 1998). Suite à l'abandon des exploitations (Conedera et al. 2000), la superficie de châtaigneraies conservant une structure de verger a diminué pour atteindre 3 400 ha. La plupart de ces vergers se situent au sud des Alpes, où l'héritage de la culture médiévale du châtaignier est encore présent, tant par la présence d'arbres géants (Krebs et al. 2012) que par la connaissance des variétés de châtaigniers et de leurs noms (Conedera et al. 1994 ; Gobbin et al. 2007). Dans les Alpes du Nord suisses, en revanche, le patrimoine culturel, y compris les noms de cultivars, a presque totalement disparu.

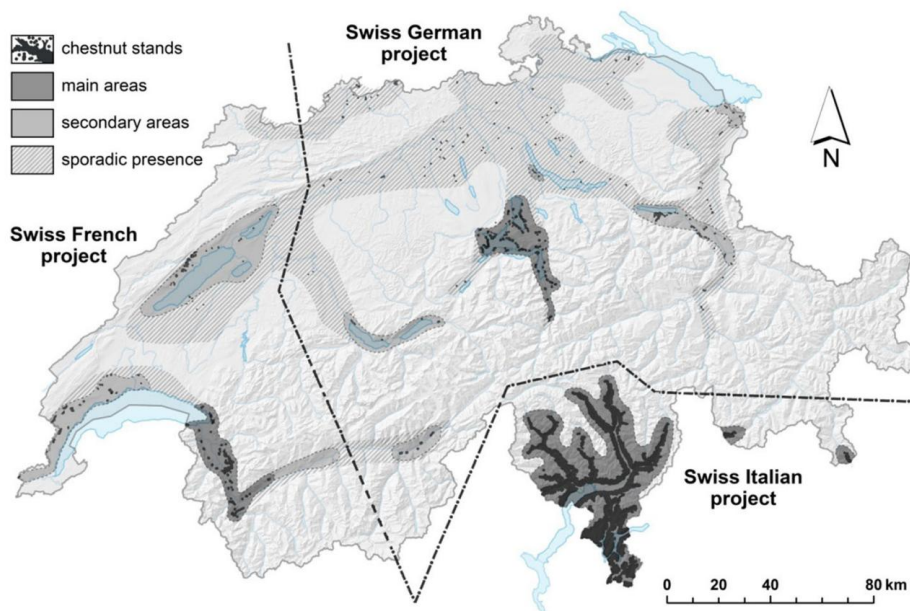


Fig. 1 Projets du PAN visant à recenser les châtaigniers dans toute la Suisse

Complètement disparue. Quelques noms de variétés sont encore utilisés sur la rive sud du lac Léman et au moins l'un d'eux (la variété « Ente ») peut être associé à des accessions situées dans la région suisse du Chablais. Ces observations permettent toutefois de supposer que toute la Suisse conserve le patrimoine botanique historique et les ressources génétiques liées à une culture médiévale du châtaignier.

Afin de préserver ce patrimoine, plusieurs projets ont été menés dans les différentes régions culturelles et linguistiques de Suisse dans le cadre du Programme d'action national (PAN) pour la conservation et l'utilisation des ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, établi en 1999 et coordonné par l'Office fédéral de l'agriculture (OFA).

Le NAP représente la mise en œuvre suisse du Plan mondial pour la conservation et l'utilisation durable des ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, lancé par l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO).

Les principaux objectifs des projets du Plan national d'action pour le châtaignier en Suisse étaient les suivants : (1) localiser et recenser les châtaigniers fruitiers (*Castanea sativa*) en Suisse ; (2) caractériser les accessions recensées par une méthodologie unifiée ; (3) sélectionner les accessions les plus intéressantes en termes de diversité phénotypique, morphologique et génétique ; et (4) définir une collection de base en vue d'un programme de conservation. Cet article présente les résultats de la mise en œuvre des objectifs 3 et 4.

L'objectif de confirmer les observations ethnobotaniques et morphologiques in situ par profilage génétique a été mis en œuvre à partir de 2010, dans le but supplémentaire d'éviter les redondances et les coûts associés lors de la mise en place et de l'entretien des vergers des programmes de conservation.

Dans cet article, nous présentons les analyses génétiques de cette campagne d'inventaire national des accessions de châtaignier, basée sur le même ensemble de marqueurs moléculaires que la base de données européenne sur le châtaignier (Pereira-Lorenzo et al., 2017). Les résultats obtenus en termes de structure génétique sont présentés.

et la diversité sont ensuite abordées dans le cadre du patrimoine culturel de la châtaigne au niveau européen.

Matériel et méthodes

Structure du projet, identification et localisation des arbres, et plan d'échantillonnage

En raison de l'hétérogénéité de l'histoire et des connaissances encore existantes sur les variétés de châtaigniers, les activités ethnobotaniques, descriptives et d'inventaire des arbres préliminaires ont été divisées en différents sous-projets pour chaque grande zone culturelle suisse (c'est-à-dire la partie méridionale italophone, la partie occidentale francophone et la partie centre-orientale germanophone, voir Fig. 1 pour plus de détails).

Les projets NAP dans le sud de la Suisse ont duré de 1999 à 2018, ont fourni une liste de plus d'une centaine de noms de variétés historiques et ont introduit des noms de variétés de châtaignes (Conedera et al. 1994). Pour la plupart des variétés mentionnées, nous avons localisé et décrit des arbres représentatifs in situ (Rudow et Conedera 2001), tandis que pour un sous-ensemble des principales variétés, nous avons fourni une analyse génotypique et un programme de conservation dans une collection de base ex situ (Gobbin et al. 2007).

À partir de 2011, l'élaboration d'un catalogue exhaustif des caractéristiques du châtaignier (Rudow et al., 2012) a permis de mettre en évidence, dans le centre et l'est de la Suisse septentrionale (Fig. 1), un nombre inattendu et une diversité étonnante d'individus morphologiquement différents, susceptibles de représenter d'anciennes variétés issues de la culture locale du châtaignier. Enfin, nous avons appliqué la même approche entre 2011 et 2015 dans l'ouest de la Suisse septentrionale, dans le cadre d'une initiative distincte.

En 2015, nous avons échantillonné un sous-ensemble de 962 accessions (sur les 14 165 arbres inventoriés dans toute la Suisse) pour une analyse génétique.

La sélection des échantillons a suivi différents critères selon les zones de châtaigniers, pour les arbres sauvages et cultivés, et pour ces derniers, elle s'est basée sur les entretiens avec les producteurs. La présence d'arbres greffés est confirmée par la répétitivité des génotypes (Pereira-Lorenzo et al. 2019) et la comparaison avec la base de données de l'UE (Pereira-Lorenzo et al.

En 2017, au nord des Alpes, l'accent a été mis sur les arbres greffés encore existants, identifiés visuellement grâce aux marques de greffage et/ou aux informations fournies par les producteurs, ainsi que sur les vieux spécimens non greffés. En Suisse méridionale, en revanche, de nombreuses accessions portant des noms similaires ou présentant des similitudes morphologiques ont été prises en compte pour l'analyse, afin de détecter les synonymes et les homonymes dans l'inventaire. De ce fait, plusieurs variétés ont été considérées, avec des redondances, dans les échantillons du sud. L'échantillon final était composé de 375 accessions provenant de l'ouest de la Suisse septentrionale (sur 2 255 accessions identifiées et observées, soit environ 13 %), de 385 provenant du centre et de l'est de la Suisse septentrionale (sur 11 390 accessions identifiées et observées, soit environ 2,8 %) et de 202 accessions (sur 520) provenant de la Suisse méridionale.

Analyse génétique

extraction d'ADN

Les acides nucléiques ont été extraits de portions (50 à 70 mg) de feuilles séchées sur gel de silice et apparemment saines, prélevées sur le terrain, à l'aide d'une méthode CTAB modifiée, adaptée de Lefort et Douglas (1999), sans aucun traitement supplémentaire du matériel foliaire. ADN

Le produit a été remis en suspension dans de l'eau ultrapure stérile, et sa qualité et sa concentration ont été évaluées à l'aide d'un spectrophotomètre Nanodrop ND-1000 (WITEC AG, Suisse). Tous les échantillons ont été dilués à une concentration finale de 50 ng/l.

Amplification PCR et analyses SSR

Un ensemble de 24 SSR (Tableau supplémentaire S1) a été utilisé pour la caractérisation génétique. Cet ensemble comprenait dix loci SSR fournis par Marinoni et al. (2003) : CsCAT1, CsCAT2, CsCAT3, CsCAT6, CsCAT8, CsCAT14, CsCAT15, CsCAT16, CsCAT17 et CsCAT41b ; six autres loci décrits par Buck et al. (2003) : EMCs2, EMCs14, EMCs15, EMCs22, EMCs25 et EMCs38 ; quatre loci SSR de Gobbin et al. (2007) : CIO, OAL, OCI et RIC ; deux loci SSR de Kampfer et al. (1998) : QrZAG96 et QrZAG4 ; et enfin deux loci décrits par Steinkellner et al. (1997) : QpZAG36 et QpZAG110. Les loci CsCAT16 et EMCs2 sont dans le même groupe de liaison, mais à une distance génétique de plus de 50 cM, et sont donc considérés comme indépendants.

Les amorces SSR directes étaient marquées avec le fluorochrome NED, VIC, 6-FAM ou PET. et six réactions PCR multiplex différentes ont été conçues (Tableau supplémentaire S1).

Analyse des données

La présence d'allèles nuls a été déterminée à l'aide du logiciel Micro-Checker version 2.2.3 (Van Oosterhout et al., 2004). L'hétérozygotie observée (H_o) et l'hétérozygotie attendue (H_e) (Nei, 1978) ont été estimées à l'aide du logiciel GenAlEx 6 (Peakall et Smouse, 2006). Le coefficient de consanguinité (FIS) (Weir et Cockerham, 1984) a été estimé à l'aide du logiciel Genodive (Meirmans et Van Tienderen, 2004).

Afin d'étudier la structure des populations et d'assigner les individus à des populations en fonction de leurs génotypes SSR à deux allèles, nous avons utilisé une procédure bayésienne basée sur un modèle, implémentée avec le logiciel STRUCTURE (Pritchard et al., 2000). À l'aide du modèle d'admixture avec des loci non liés et des fréquences alléliques corrélées, nous avons calculé K (inconnues) populations panmictiques reconstruites (PPR) pour les individus testés, K variant de 1 à 15, en supposant que les cultivars échantillonnés provenaient d'arbres anonymes d'origine inconnue (nous avons utilisé les options usepopinfo = 0 et popflag = 0). Cette approche de regroupement assigne les individus de manière probabiliste aux populations reconstruites (PPR) en fonction de leur génotype. L'assignation d'un cultivar à une PPR était basée sur une probabilité d'appartenance q_i de 80 %, tandis qu'une probabilité inférieure signifiait que cet accessit pouvait avoir plusieurs PPR parentales. Trente réplifications ont été effectuées pour chaque valeur de K (Porrás-Hurtado et al., 2013), chacune comprenant une période d'initialisation de 200 000 étapes suivie de 200 000 réplifications MCMC (chaîne de Markov Monte Carlo). Le logiciel STRUCTURE estime le nombre de clusters le plus probable (K) en calculant la logarithme de la probabilité des données pour chaque valeur de K. Conformément à Evanno et al. (2005), nous avons calculé la variation du second ordre de la fonction de vraisemblance divisée par l'écart-type de la vraisemblance (DK) afin d'évaluer la meilleure valeur de K compatible avec les données, à l'aide de Structure Harvester (Earl et Vonholdt, 2012).

L'analyse en coordonnées principales (PCoA), également connue sous le nom de mise à l'échelle multidimensionnelle classique, a été utilisée avec une méthode bayésienne (logiciel Structure) pour étudier la structure de la population. La PCoA est un modèle basé sur la distance qui utilise conjointement une matrice de dissimilarité calculée à l'aide d'un indice de correspondance simple et une analyse factorielle. La PCoA a été réalisée avec le logiciel DARwin 6.0.010 (Dissimilarity Analysis and Representation for Windows).

produit des représentations graphiques sur des plans euclidiens, qui préservent au mieux les distances entre les unités (Perrier et al. 2003 ; Perrier et Jacquemoud-Collet 2006).

Une collection de base a été définie à l'aide de PowerCore v. 1.0, qui applique la stratégie M avancée utilisant une recherche heuristique pour établir des ensembles de base ou d'extraction d'allèles dans de grandes bases de données, pouvant représenter tous les allèles (Kim et al. 2007). Trois collections de base ont été calculées : la première sans présélection, la deuxième considérant comme présélections tous les arbres conservés à des fins de conservation, et la troisième incluant le nombre minimal d'arbres parmi ceux présélectionnés pour sa maintenance et la nécessité de préserver toute la diversité allélique.

Résultats

Nous avons identifié 675 génotypes différents parmi les 962 accessions évaluées, avec une répétitivité de 29,8 % due à la clonalité. Nous avons constaté que 54 génotypes se répétaient de deux à 33 fois, représentant un total de 341 accessions (Tableau supplémentaire S2). Tous les génotypes ont été comparés à la base de données européenne du châtaignier (Pereira-Lorenzo et al., 2017) dans le même laboratoire, sans qu'aucune correspondance ne soit trouvée.

Résumé des marqueurs

Cette étude a permis d'identifier 214 allèles répartis sur 24 loci (tableau 1), soit une moyenne de 8,9 allèles par locus. Les loci les plus polymorphes étaient CsCAT3 (27 allèles), CsCAT2 (18 allèles), EMCs38 (16 allèles) et CsCAT6 (14 allèles). Les loci les moins polymorphes étaient QrZAG4 et EMCs25 (2 allèles chacun) et EMCs2 et EMCs14 (3 allèles chacun).

Sur un total de 214 allèles, 117 (54,7 %, tableau 1) présentaient une fréquence allélique inférieure à 0,05. Aucun allèle rare n'a été détecté dans les gènes EMCs25, QrZAG4 et EMCs2, et un seul a été trouvé dans les gènes EMCs15, RIC et CIO. Le locus CsCAT3 présentait le nombre maximal d'allèles rares (22), suivi du locus CsCAT2 avec 11 allèles rares.

L'hétérozygotie observée (H_o) variait de 0,024 pour EMCs25 à 0,902 pour CsCAT17, avec une valeur moyenne de 0,578 (tableau 1). L'hétérozygotie attendue (H_e) la plus faible était de 0,035 pour EMCs14 et la plus élevée de 0,887 pour CsCAT2 (tableau 1), avec une moyenne de 0,648.

La présence d'allèles nuls a été détectée dans les loci CsCAT14, QrZAG4, CsCAT2, CsCAT41b, CIO et EMCs25 (Tableau supplémentaire S1).

Structure génétique et géographique

Une analyse bayésienne avec le logiciel STRUCTURE a été réalisée à partir de 18 SSR afin de déterminer la structure génétique de 675 génotypes uniques. Six loci porteurs d'allèles nuls ont été exclus de cette analyse. Les valeurs de $\ln[Pr(X/K)]$ ont augmenté jusqu'à $K = 2$ (Figure supplémentaire S1), estimé à l'aide de Structure Harvester (Earl & Vonholdt, 2012) sur un groupe de 400 génotypes parmi les 675, avec un q_i de 80 % (59,3 % de l'ensemble des génotypes).

Ceci correspondait à une forte différenciation entre deux groupes principaux de génotypes (RPP, populations panmictiques reconstituées) : un premier groupe de 206 génotypes (RPP1), incluant des cultivars suisses comme 'Terematt' (30,5 % du nombre total de génotypes), et un second groupe de 194 génotypes (RPP2, 28,7 %), incluant le cultivar 'Lu"ina' (Tableau supplémentaire S2). 'Terematt' et 'Lu"ina' ont été sélectionnés comme cultivars représentatifs des groupes RPP1 et RPP2, respectivement, en raison de leur large diffusion régionale en Suisse.

Springer

 bioRxiv

Lieu	tp	Nombre (Alèles)	Rare Alèles (0.05)	Site avérés suspect total dites	Shannon's Information Indice	H ₀ sans hybrides	H ₁ sans hybrides	Fixation Indice	Alèles
DSI	140–		1	20.0	3.349	0.428	0.696	0.388	146,
CsCAT1	225–			54.5	3.628	0.756	0.748		
CsCAT2	286–	11		61.1	8.267	0.508	0.896	0.425	2006, 2118\$, 228, 238\$, 239\$,
CsCAT3	289–	22		81.5	2.468	0.798	0.865	0.078	208\$, 229, 241\$, 249, 261\$, 268\$, 183, 191, 194,
CsCAT6	186–			64.3	5.896	0.782	0.818	0.047	
CsCAT8	219–			28.6	4.510	0.732	0.768	0.046	209, 212
CsCAT14				50.0	3.204	0.699	0.696	0.012	188\$,
CsCAT15				55.6	3.489	0.696	0.682		
CsCAT16				66.7	2.229	0.646	0.680		189,
CsCAT17				36.4	6.028	0.902	0.843		146, 169\$,

Lieu	bp	Nombre (Alleles)	Rare Alleles (0.05)	Site	Shannon's Information Index	Ho	II	Fixation Index	Alleles
				alleles mutant alleles	Index	sans hybrides	sans hybrides		
225EAT41b				66.7	4.855	0.480	0.778	0.396	218, 221,
CEM2	169–			0.0	0.065	0.598	0.598	0.003	169,
CEM14	184–			66.7	0.098	0.028	0.025	0.067	184,
CEM15	82–			25.0	2.768	0.608	0.644	0.057	68, 189,
CEM22	185–			62.5	0.838	0.362	0.380	0.046	189, 161§
CEM25	169–			0.0	0.608	0.028	0.320	0.927	160,
CEM38	208–			56.3	2.225	0.808	0.862	0.063	208, 216, 218,
OAL	202–			55.6	2.889	0.608	0.622	0.026	209§, 320,
OCI	185–			40.0	2.564	0.588	0.690	0.030	189, 221,
225EAG36				33.3	3.640	0.698	0.728	0.045	218, 219,
225EAG110				68.2	4.932	0.662	0.752	0.121	218, 229, 235§
GRZAG4	110–			0.0	0.258	0.188	0.208	0.035	110,
GRZAG6				44.4	3.595	0.688	0.738	0.084	169, 168§
RIC	129–			25.0	2.088	0.638	0.638	0.013	129,
Total		214	117	54.7					
Signifer		8.9			3.299	0.578	0.648	0.117	

Lieu	bp	Number of sites	Number of species	Shannon's Information Index	H ₀	Number of species	H ₁	Fixation Index	Alleles
SE				0,425	0,047		0,044		0,044

L'analyse porte sur la châtaigneraie dans les Alpes du Sud et son rôle emblématique en tant que cultivar précoce typique (« Terematt ») et variété transformée en châtaignes sèches et en fleurs (« Luina »). Elle révèle un premier niveau de structuration dans ces données, correspondant à deux populations principales distinctes. La distribution géographique des génotypes pour chaque RPP (Programme de Production de Châtaignes) montre que les deux groupes sont présents dans la plupart des zones. Dans de nombreuses zones du nord de la Suisse, les deux RPP sont également présents, avec une prédominance du RPP2 dans la zone centrale, tandis que le RPP1 prédomine dans certaines zones de l'ouest et de l'est du nord de la Suisse (Fig. 2). Des génotypes hybrides sont disséminés partout, même dans certaines vallées où aucun RPP1 ni RPP2 n'est présent.

RPP1 présentait 14 génotypes répétés deux fois ou plus (76 accessions), avec un pic de 21 accessions (Fig. 3, Tableau supplémentaire S2) ; d'autres, comme 'Terematt' et 'Fugascera', ont été trouvés 9 fois, 'Marrone dei Pirenei' 6 fois, 'Maron Bregaglia' et 'Temporiva' 3 fois chacun. 'Rosone' s'est avéré être un synonyme génétique de 'Belusciora', de même que 'Rose'ra' est un synonyme génétique de 'Temporiva'. RPP2 présentait 20 génotypes répétés (177 accessions), jusqu'à 33 accessions d'une variété inconnue. « Magreta Gambarogno » (synonyme présumé de « Marrone di Cuneo ») a été trouvé 3 fois, « Luina » 29 fois, « Castagno Grande » 21 fois, « Bune Negro » 9 fois et « Berogna » 2 fois. « Magreta Gambarogno » s'est révélé être un synonyme génétique de la variété importée « Marrone di Cuneo ». Nous avons également trouvé des génotypes répétés parmi les génotypes mixtes, notamment « More'la » 14 fois, « Torcion Negro » et « Magreta Verzasca » 11 fois, « Tenasca » 5 fois et « Negra » 4 fois. « Re-vultana » s'est révélé être un synonyme génétique de « More'la ». Dans un contexte européen, les génotypes suisses RPP1 se regroupent avec la plupart des cultivars compilés dans la base de données européenne (Pereira-Lorenzo et al. 2017), tandis que RPP2 ne correspond à aucun d'entre eux (données non présentées), faisant ainsi de RPP2 un groupe génotypique très particulier et intéressant, spécifique à la Suisse, et peut-être un vestige de la culture médiévale du châtaignier en Suisse.

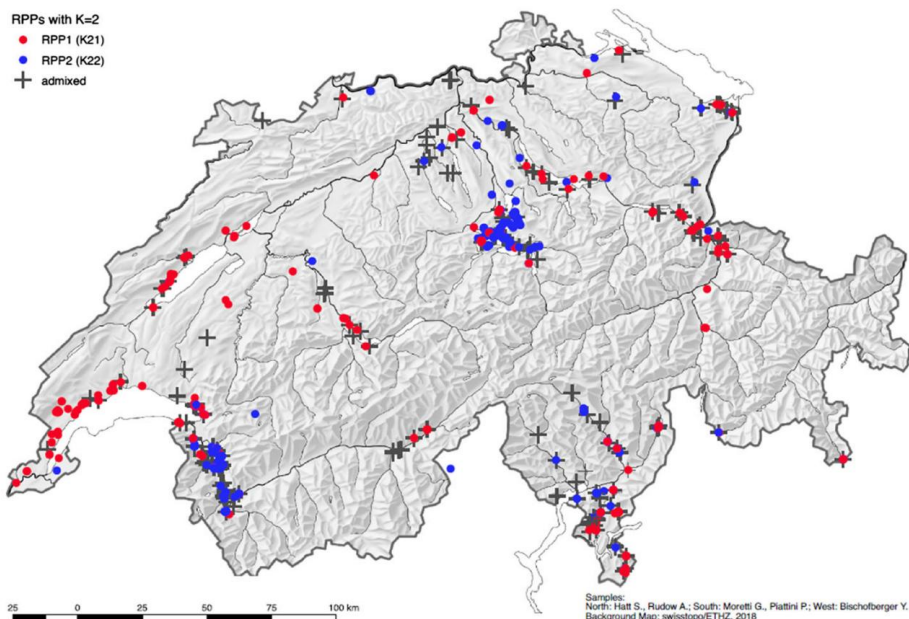


Fig. 2 Distribution de 675 génotypes uniques de châtaignier suisse dans des populations reconstituées (RPP) lorsque $K = 2$, d'après les données de 18 loci SSR

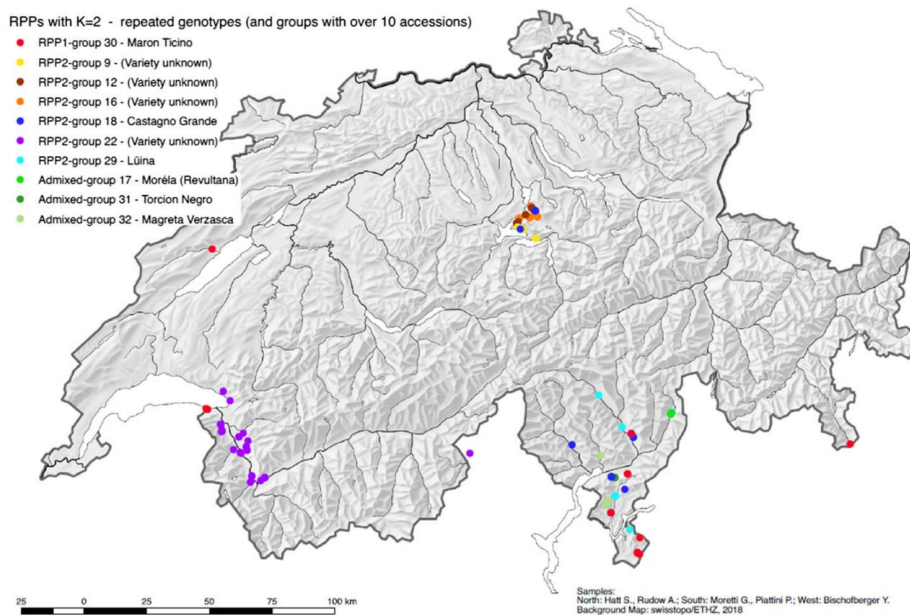


Fig. 3 Localisation des principaux génotypes propagés clonalement par RPP lorsque K = 2

La répartition géographique des génotypes les plus fréquents s'est principalement concentrée dans trois zones. Le génotype le plus fréquent du groupe RPP1 était présent uniquement au sud et à l'ouest, tandis que dans les Alpes du Nord, seuls certains génotypes du groupe RPP2 étaient cultivés (Fig. 3).

L'analyse PCoA réalisée avec le logiciel DARwin 6.0.010 a confirmé les résultats obtenus avec STRUCTURE (Fig. 4). Les cultivars de châtaignier se regroupent en deux clusters principaux, différenciés sur le premier axe, ce qui concorde avec les principaux RPP obtenus avec STRUCTURE, les génotypes mixtes se situant entre les deux. De plus, l'arbre de Neighbor-joining (NJ), basé sur la matrice de distance génétique entre 673 génotypes de châtaignier, les regroupe également en accord avec STRUCTURE pour K = 2 (Fig. 5), bien que sans séparation nette.

La valeur F_{st} par paire entre les deux populations principales reconstruites RPP1 et RPP2 était de 0,096 ($P < 0,001$), tandis qu'elle était de 0,029 ($P < 0,001$) entre RPP1 et les génotypes mélangés et de 0,027 ($P < 0,001$) entre RPP2 et les génotypes mélangés, respectivement (Tableau supplémentaire S3).

Lors de la comparaison de la diversité génétique de chaque RPP (Tableau supplémentaire S1), nous avons identifié 197 allèles dans RPP1 et 163 dans RPP2. RPP1 présentait 91 allèles rares ($p < 0,05$), tandis que RPP2 en comptait 84. Le total des allèles exclusifs, c'est-à-dire les allèles présents dans un seul RPP, s'élevait à 25 (11,7 %). La plupart de ces allèles exclusifs se trouvaient dans le groupe « Terematt » (RPP1) avec 12 allèles, suivi du groupe mixte avec neuf allèles et du groupe « Luina » (RPP2) avec quatre allèles.

Parmi les 24 SSR analysés dans cette étude, 34 allèles (15,9 %) ont été trouvés uniquement en Suisse et n'étaient pas présents dans la base de données de l'UE (Pereira-Lorenzo et al. 2017). De plus, parmi ces 34 allèles, 12 étaient exclusifs à RPP1, quatre à RPP2, neuf aux génotypes mixtes, tandis que les neuf allèles restants ont été retrouvés dans plusieurs génotypes RPP et/ou mixtes. Enfin, 36 allèles identifiés lors d'études antérieures en Europe du Sud avec les mêmes SSR étaient absents des échantillons suisses, leur nombre tombant à 14 si...

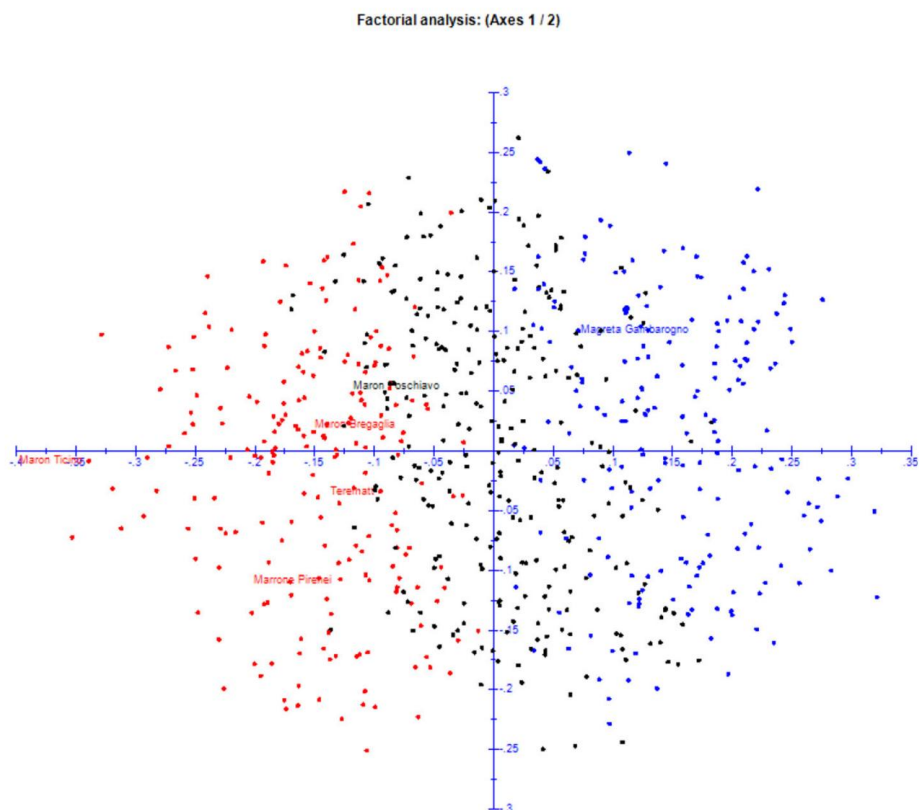


Figure 4. Analyse en coordonnées principales (PCoA). PCoA utilisant 18 SSR dans l'ensemble de 675 génotypes de châtaignier suisse, montrant la structure ($K = 2$) : en rouge, RPP1 avec un q_i de 80 % ; en bleu, RPP2 avec un q_i de 80 % ; en noir, mélange.

Les hybrides ont été exclus. Nous avons comparé les génotypes suisses porteurs d'allèles exclusifs avec des études antérieures réalisées sur 10 SSR communs chez des hybrides interspécifiques (Pereira-Lorenzo et al., 2010, 2019). Cette comparaison a révélé la présence de 20 allèles asiatiques dans 28 génotypes suisses, tandis que 14 allèles étaient présents uniquement dans 31 génotypes suisses (Tableau 1). Afin de vérifier si ces introgressants pouvaient avoir influencé l'analyse de structure, 28 génotypes d'hybrides putatifs ont été retirés : 17 pour RPP1, deux pour RPP2 et neuf pour le groupe mixte. L'analyse de la structure génétique, sans les génotypes porteurs d'allèles exclusifs à la Suisse, a montré des résultats similaires à ceux obtenus avec deux RPP (données non présentées).

La collecte de base comme stratégie de conservation

Au total, 46 génotypes ont été sélectionnés (Tableau supplémentaire S2) dans la première collection de base (sans tenir compte d'aucune présélection) en utilisant une recherche heuristique avec PowerCore (v. 1.0). (Kim et al. 2007). Cette collection de base représentait 7,1 % du nombre total de 647 génotypes et 4,9 % du nombre total d'accessions (dont 28 hybrides putatifs ont été exclus). Parmi cette collection de base, seuls 19 génotypes (11,1 %) correspondaient à des arbres présélectionnés par le Plan d'action national suisse pour la conservation (171 génotypes au total et 12 hybrides putatifs supplémentaires). En considérant l'ensemble des présélections (171), 188 génotypes...

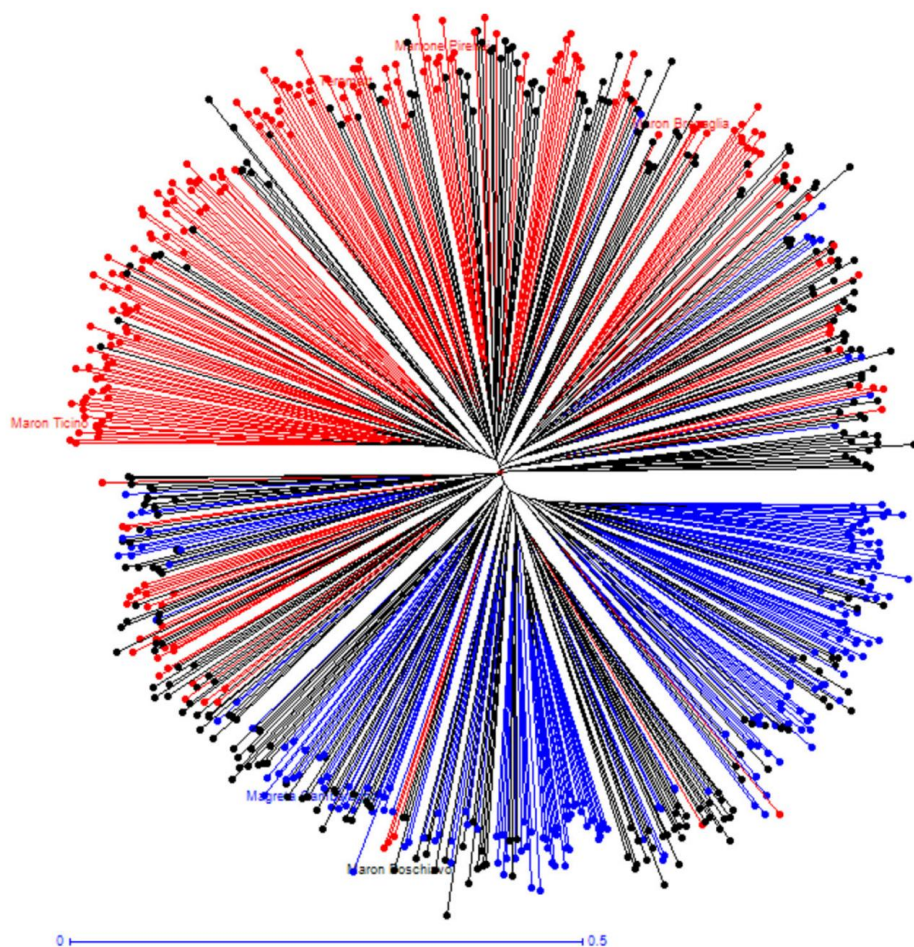


Fig. 5 Arbres de regroupement par voisins (PCoA) utilisant 18 SSR dans l'ensemble de 675 génotypes de châtaignier suisse montrant la structure ($K = 2$) : en rouge, RPP1 avec un qi de 80 % ; en bleu, RPP2 avec un qi de 80 % ; en noir, mélange

Les génotypes sélectionnés pour la collection de base représentaient 29,1 % du nombre total de génotypes (647) et 20,15 % du nombre total d'accessions, sans compter les hybrides potentiels. Une troisième collection de base a été constituée afin de réduire le nombre de génotypes à conserver, tout en préservant la diversité allélique totale et en incluant autant de présélections que possible. Cette sélection a permis de retenir 53 génotypes (8,5 % du total des génotypes considérés et 5,9 % du nombre total d'accessions), dont 43 correspondaient à des arbres présélectionnés (25,14 %, Tableau supplémentaire S2).

Discussion

En comparaison, la clonalité dans la base de données de l'UE était de 56,5 % (Pereira-Lorenzo et al. 2017), soit près du double de celle de la Suisse, car l'étude était principalement axée sur le châtaignier cultivé.

Marqueurs SSR et diversité

Le nombre d'allèles et le nombre moyen d'allèles par locus étaient identiques aux valeurs de référence de la base de données européenne sur le châtaignier, malgré quelques différences observées pour certains loci et un nombre de génotypes analysés nettement supérieur dans la présente étude. L'hétérozygotie totale attendue (H_e) était également similaire dans les deux études, tandis que l'hétérozygotie totale observée (H_o) était plus faible en Suisse, ce qui indique un déficit plus important d'hétérozygotes. La forte proportion d'allèles rares (54,7 % de l'ensemble des allèles) ainsi que la forte proportion d'allèles exclusifs à la Suisse (15,9 %) témoignent d'une diversité particulière des ressources génétiques du châtaignier en Suisse.

Structure génétique et géographique et processus de diversification

La structure génétique révélée par cette étude se rattache à deux groupes principaux. Le premier, appelé « Terematt » (RPP1), appartient au groupe européen de cultivars répertoriés dans la base de données européenne (Pereira-Lorenzo et al., 2017). De façon surprenante, ce groupe génétique suisse ne correspond ni aux groupes italien et français décrits dans la base de données européenne, ni à la génétique des arbres géants d'Europe du Sud (Pereira-Lorenzo et al., 2019).

De plus, le second groupe de cultivars principal, appelé « Luřina » (RPP2), ne correspond à aucun profil génétique de cultivars de châtaignier européens répertorié dans la base de données de l'UE, ce qui indique l'existence d'un groupe nouveau, très différent et indépendant pour l'Europe du Sud. Ces résultats surprenants montrent que les vestiges actuels de la culture suisse du châtaignier, aujourd'hui abandonnée, pourraient offrir un aperçu historique de cette culture à la fin du Moyen Âge en Suisse, une culture qui n'a été que partiellement remplacée par des variétés plus récentes, comme celles du groupe RPP1.

De plus, les deux RPP suisses étaient apparentés à des cultivars greffés et à de nombreux autres génotypes uniques, présumés sauvages, dans la plupart des sites échantillonnés. Comme observé en Espagne et en Italie, les arbres greffés de cette étude se regroupaient avec des arbres sauvages, indiquant des ancêtres communs (Pereira-Lorenzo et al., 2019), et, dans certains cas, avec des génotypes provenant d'autres régions, tels que le cultivar « Marrone di Cuneo » d'Italie, à l'instar du cultivar espagnol « Luguesa » dans le nord-ouest de l'Espagne, issu d'une population ancestrale italienne.

La structure génétique était liée à la répartition géographique des génotypes en Suisse, même si les deux groupes génétiques se chevauchaient en de nombreux endroits, comme ce fut le cas en Europe du Sud avec les génotypes italiens, qui se sont introgressés dans la péninsule Ibérique depuis au moins le XVIIe siècle.

Chez le châtaignier, des événements de sélection multilocaux ont été identifiés comme étant à l'origine des principaux cultivars (Pereira-Lorenzo et al., 2010, 2011), de même que chez l'olivier (Claros et al., 2000 ; Besnard et al., 2001), où une grande diversité de cultivars a été observée dans les mêmes zones que les oliviers sauvages. Comme le montre cette étude, cela semble également être le cas en Suisse, où des génotypes clonaux ont été trouvés dans les deux populations de châtaigniers, dont l'un est génétiquement différent de la base de données européenne des cultivars (Pereira-Lorenzo et al., 2017), notamment du cultivar principal « Luřina ». Ce groupe comprenait également le cultivar « Magreta Gambarogno », qui s'est avéré être synonyme du cultivar présumé « Marrone di Cuneo », un cultivar du nord-ouest de l'Italie échantillonné sous ce nom en Suisse. La différenciation génétique entre les RPP suisses s'est avérée encore plus élevée, F_{st} 0,096 ($P < 0,001$), que celle entre les groupes ibériques et italiens, F_{st} 0,068 ($P < 0,001$).

Le taux de clonalité était de 29,8 %, ce qui est nettement inférieur aux taux de clonalité de 56,5 % rapportés dans la base de données européenne sur le châtaignier (Pereira Lorenzo et al., 2017) et de 51,5 % dans l'étude portant sur les châtaigniers géants européens (Pereira Lorenzo et al., 2019). Ce faible taux de clonalité

Le taux observé serait très probablement lié à la méthode d'échantillonnage, et notamment à la perte de connaissances sur les variétés certifiées et leurs appellations dans le nord du pays. Par ailleurs, le groupe génétique unique présent en Suisse (RPP2) a montré une clonalité plus élevée (44,7 %) que le RPP1 (37,9 %) en raison d'accessions clonales présentes dans le sud du pays. Ceci est probablement dû à une meilleure préservation de la châtaigneraie et des vergers associés dans cette région. Ce fait pourrait également expliquer la plus faible diversité allélique observée au sein de ce groupe suisse RPP2, qui présente 16 % d'allèles en moins que le RPP1.

L'ensemble de marqueurs utilisé dans cette étude s'est également révélé très efficace pour identifier les introgressants asiatiques dans les populations locales, représentant 4,1 % de ces hybrides dans cette étude, contre 2,3 % dans la base de données de l'UE (Pereira-Lorenzo et al., 2017). Des introgressants étaient présents dans les deux populations primaires régionales (RPP), mais plus fréquemment dans la RPP1. Comme démontré précédemment, en l'absence de ces hybrides interspécifiques putatifs, la structure génétique n'était pas affectée, ce qui concorde avec les résultats obtenus dans d'autres régions d'Europe et est lié à l'origine européenne de la plupart des hybrides interspécifiques.

Collection de base pour la conservation

Dans cette étude, le nombre de génotypes conservés pour la collection de base, sans présélection, a été réduit à 92,9 % (91,5 % avec présélection), un résultat proche de la réduction de 89 % obtenue par Kim et al. (2007), et encore plus faible (95,1 %) lorsque l'ensemble des accessions (hybrides putatifs exclus) a été pris en compte. Ces valeurs concordent avec celles de van Hintum et al. (2000), qui estimaient qu'une collection de base ne devrait pas dépasser 10 % des génotypes et représenter entre 5 et 20 % des accessions des collections complètes. Ces valeurs sont inférieures à celles obtenues pour la base de données de l'UE (Pereira-Lorenzo et al., 2017), soit respectivement 30,0 % du total des génotypes (37 cultivars) et 13,9 % des accessions (266 accessions). Ces valeurs plus élevées pourraient s'expliquer en partie par l'évaluation d'une zone beaucoup plus vaste à l'échelle européenne.

Conclusions

Un nouveau groupe génétique, non répertorié auparavant et génétiquement différent du principal groupe européen de cultivars, a été découvert en Suisse et pourrait représenter un vestige de la culture abandonnée du châtaignier à l'époque médiévale.

L'analyse génétique réalisée dans le cadre de cette étude a permis de définir un programme de conservation prioritaire pour les châtaigniers européens suisses, basé sur une collection de base de 53 génotypes. Sans tenir compte des variétés régionales typiques, la collection de base minimale pourrait même être réduite à 46 génotypes, soit 7 % du total des génotypes évalués dans cette étude. Cette collection, fondée sur la diversité allélique, pourrait être complétée par d'autres génotypes présentant des caractères phénotypiques d'intérêt, afin de minimiser le risque de perte de diversité génétique pertinente.

Remerciements : Cette étude a été financée par l'Office fédéral suisse de l'agriculture (OFAG) dans le cadre du Plan d'action national suisse pour les ressources phylogénétiques destinées à l'alimentation et à l'agriculture. Nous remercions le gouvernement espagnol pour le financement accordé au titre du contrat AGL2013-48017-C2-2-R pour la comparaison des gammes alléliques avec des échantillons espagnols.

Contributions des auteurs : Conception de la recherche : SP-L, YB, TB, FL. Réalisation de la recherche : SP-L, YB, MC, PP, JC, RC, AR, SH, AMR-C, TB, FL. Fourniture de nouveaux réactifs ou outils analytiques : SP-L, MC, AMR-C, HC, TB, FL. Analyse des données : SP-L, MC, RC, AMR-C, TB, FL. Rédaction de l'article : SP-L, YB, MC, PP, AR, SH, AMR-C, TB, FL.

Déclaration d'accessibilité des données Une base de données complète d'échantillons d'ADN est stockée à l'Institut Terre Nature Environnement (HES-SO Haute école spécialisée de Suisse occidentale).

Références

- Besnard G, Baradat P, Berville A (2001) Les relations génétiques chez l'olivier (*Olea europaea* L.) reflètent une sélection multilocale des cultivars. *Theor Appl Genet* 102 : 251–258. <https://doi.org/10.1007/s001220051642>
- Bradley RS, Hughes MK, Diaz HF (2003) Le climat au Moyen Âge. *Science* 302 : 404–405. <https://doi.org/10.1126/science.1090372>
- Brañdli UB (1998) Die ha'ufigsten Waldba'ume der Schweiz. Ergebnisse aus dem Landesforstinventar 1983–85 : Verbreitung, Standort und Ha'ufigkeit von 30 Baumarten, 2e éd. Eidgeno'ssische Forschungsanstalt fu'r Wald, Schnee und Landschaft, Birmensdorf
- Buck EJ, Hadonou M, James CJ, Blakesley D, Russell K (2003) Isolement et caractérisation de microsattélites polymorphes chez le châtaignier européen (*Castanea sativa* Mill.). *Notes Mol Ecol* 3 : 239–241. <https://doi.org/10.1046/j.1471-8286.2003.00410.x>
- Buonincontri MP, Saracino A, Di Pasquale G (2015) La transition du châtaignier (*Castanea sativa* Miller) de l'essence à l'arbre fruitier : implications culturelles et économiques dans la péninsule italienne. *Holocene* 25(7) : 1111–1123. <https://doi.org/10.1177/0959683615580198>
- Claros MG, Crespillo R, Aguilar ML, Canovas FM (2000) Empreintes génétiques et classification de génotypes d'olivier (*Olea europaea* L.) géographiquement apparentés. *Euphytica* 116 : 131–142. <https://doi.org/10.1023/A:1004011829274>
- Closuit R (1958) Le châtaignier dans la vallée suisse du Rhône. *Mitt Eidgeno'ss Anst Forstliche Vers* 34(3):183–220
- Conedera M, Barthold F, Torriani D, Pezzatti GB (2010) Sensibilité à la sécheresse de *Castanea sativa* : étude de cas de l'été 2003 dans les Alpes du Sud. *Acta Hort* 866 : 297–302. Conedera M, Krebs P, Tinner W, Pradella M, Torriani D (2004) La culture de *Castanea sativa* (Mill.) en Europe, de son origine à sa diffusion à l'échelle continentale. *Veg Hist Archaeobot* 13 : 161–179. <https://doi.org/10.1007/s00334-004-0038-7>
- Conedera M, Müller-Starck G, Fineschi S (1994) Caractérisation génétique des variétés cultivées de châtaignier européen (*Castanea sativa* Mill.) en Suisse méridionale I Inventaire des variétés de châtaignier : histoire et perspectives. Dans : Actes du Congrès international sur le châtaignier, Spoleto, Italie, 20–23 octobre 1993, p. 299–302.
- Conedera M, Stanga P, Lischer C, Sto'ckli V (2000) Concurrence et dynamique dans les vergers de châtaigniers abandonnés du sud de la Suisse. *Ecol Mediterr* 26(1/2):101–112 Earl DA, Vonholdt BM (2012) STRUCTURE HARVESTER : un site Web et un programme pour visualiser la sortie de STRUCTURE et mettre en œuvre la méthode Evanno. *Conserv Genet Resour* 4 : 359–361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>
- Engler A (1901) U'ber Verbreitung Standortanspru'che und Geschichte der *Castanea vesca* Ga'rtnern mit besonderer Beru'cksichtigung der Schweiz. *Ber Schweiz Bot Ges* 9:23–62
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Détection du nombre de groupes d'individus à l'aide du logiciel STRUCTURE : une étude de simulation. *Mol Ecol* 14:2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- Forster B, Castellazzi T, Colombi L, Fu'rst E, Marazzi C, Meier F et al (2009) Die Edelkastaniengallwespe *Dryocosmus kuriphilus* (Yasumatsu) (Hymenoptera Cynipidae) tritt erstmals in der Su'dschweiz auf. *Mitt Schweiz Entomol Ges* 82 : 271–279. <https://doi.org/10.5169/seals-402995>
- Furrer E (1958) Die Edelkastanie in der Innerschweiz. *Mitt Eidgeno'ss Anstalt Forstl Vers* 34(3):90–182
- Furrer E (1972) Die fru'heste Kastanienkultur in der Innerschweiz und die heutigen Reste. *Ber Suisse Bot Ges* 82(1):5–13
- Gobbin D, Hohl L, Conza L, Jermini M, Gessler C, Conedera M (2007) Caractérisation par microsattélites du patrimoine variétal de *Castanea sativa* en Suisse méridionale. *Genome* 50(12):1089–1103. <https://doi.org/10.1139/G07-086>
- Heiniger U, Conedera M (1994) Forêts de châtaigniers et culture du châtaignier en Suisse. Dans : Actes de la conférence internationale sur le châtaignier, West Virginia University College of Agriculture and Forestry, Morgantown, Virginie-Occidentale, 10–14 juillet 1992, p. 175–178.
- Kampfer S, Lexter C, Glossl J, Steinkellner H (1998) Caractérisation des loci microsattélites (GA)n chez *Quercus robur*. *Hereditas* 129 : 183–186. <https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1998.00183.x>

- Krebs P, Koutsias N, Conedera M (2012) Modélisation de la niche éco-culturelle des châtaigniers géants : nouvelles perspectives sur l'histoire de l'utilisation des terres dans le sud de la Suisse grâce à l'analyse de la distribution d'un patrimoine vivant. *J Hist Geogr* 38(4):372–386. <https://doi.org/10.1016/j.jhg.2012.01.018>
- Krebs P, Pezzatti GB, Beffa G, Tinner W, Conedera M (2019) Révision de l'histoire des refuges de châtaignier (*Castanea sativa* Mill.) de la dernière période glaciaire avec des preuves étendues de pollen et de macrofossiles. *Quat Sci Rev* 206 : 111–128. <https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2019.01.002>
- Krebs P, Tinner W, Conedera M (2014) Del castagno e della castanicoltura nelle contrade insubriche : tentativo di una sintesi éco-storica. *Arch Stor Ticin* 155 : 5–37
- Kim KW, Chung HK, Cho GT, Ma KH, Chandrabalan D, Gwag JG et al. (2007) PowerCore : un programme appliquant la stratégie M avancée avec une recherche heuristique pour l'établissement d'ensembles de base. *Bioinformatics* 23(16) : 2155–2162. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm313>
- Lefort F, Douglas GC (1999) Une microméthode efficace d'isolement d'ADN à partir de feuilles matures de quatre espèces d'arbres feuillus : *Acer*, *Fraxinus*, *Prunus* et *Quercus*. *Ann For Sci* 56(3) : 259–263. <https://doi.org/10.1051/forest:19990308>
- Marinoni D, Akkak A, Bounous G, Edwards KJ, Botta R (2003) Développement et caractérisation de marqueurs microsatellites chez *Castanea sativa* (Mill.). *Mol Breed* 11:127–136. <https://doi.org/10.1023/A:1022456013692>
- Mattioni C, Marti'n MA, Pollegioni P, Cherubini M, Villani F (2013) Les marqueurs microsatellites révèlent une forte structure géographique dans les populations européennes de *Castanea sativa* (Fagaceae) : preuve de plusieurs refuges glaciaires. *Suis J Bot* 100 : 951–961. <https://doi.org/10.3732/ajb.1200194>
- Meirmans PG, Van Tienderen PH (2004) Génotype et géonodiv : deux programmes pour l'analyse de la diversité génétique des organismes asexués. *Notes Mol Ecol* 4 : 792–794. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00770.x>
- Nei M (1978) Estimation de l'hétérozygotie moyenne et de la distance génétique à partir d'un petit nombre d'individus. *Genetics* 89 : 583–590. Pasche S, Calmin G,
- Auderset G, Crovadore J, Pelletterer P, Mauch-Mani B et al. (2016) Prévalence de *Gnomoniopsis smithogilvyi* dans les pousses de *Castanea sativa* en Suisse. *Fungal Genet Biol* 87 : 9–21. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2016.01.002>
- Peakall R, Smouse PE (2006) GENALEX 6 : logiciel d'analyse génétique sous Excel pour la génétique des populations, destiné à l'enseignement et à la recherche. *Mol Ecol Notes* 6 : 288–295. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x>
- Pereira-Lorenzo S, Costa R, Ramos-Cabrer AM, Ribeiro C, Serra da Silva C, Manzano G, Barreneche T (2010) La variation génétique du châtaignier européen greffé et de ses hybrides, étudiée par microsatellites, révèle deux origines principales dans la péninsule Ibérique. *Tree Genet Genomes* 6 : 701–715. <https://doi.org/10.1007/s11295-010-0285-y>
- Pereira-Lorenzo S, Lourenc,o Costa RM, Ramos-Cabrer AM, Ciordia-Ara M, Marques Ribeiro CA, Borges O, Barreneche T (2011) Processus de diversification des cultivars de châtaignier dans la péninsule ibérique des îles Canaries et des Açores. *Génome* 54 : 301–315. <https://doi.org/10.1139/g10-122>
- Pereira-Lorenzo S, Ramos Cabrer AM, Barreneche T, Mattioni C, Villani F, D'áz-Herna'ndez MB et al (2017) Base de données des cultivars de châtaigniers européens et définition d'une collection de base à l'aide de répétitions de séquences simples. *Arbre Genet Génomes* 13:114. <https://doi.org/10.1007/s11295-017-1197-x>
- Pereira-Lorenzo S, Ramos-Cabrer AM, Barreneche T, Mattioni C, Villani F, D'áz-Herna'ndez MB et al (2019) Processus de domestication instantanée des cultivars de châtaigniers européens. *Ann Appl Biol* 174(1):74–85. <https://doi.org/10.1111/aab.12474>
- Perrier X, Flori A, Bonnot F (2003) Méthodes d'analyse des données. Dans : Hamon P, Seguin M, Perrier X, Glaszmann JC (éd.) Diversité génétique des plantes tropicales cultivées. Enfield, Science Publishers, Montpellier, p. 43–76.
- Perrier X, Jacquemoud-Collet JP (2006) Logiciel DARwin. Extrait de <https://darwin.cirad.fr/> Pitte JR (1986) Terre de castanides Hommes et paysages du châtaigniers de l'antique à nos jours. Fayard, Paris
- L. Porras-Hurtado, Y. Ruiz, C. Santos, C. Phillips, A. Carracedo, Lareu MV (2013) Présentation de STRUCTURE : applications, paramètres et logiciels associés. *Front Genet* 4:98. <https://doi.org/10.3389/fgene.2013.00098>
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inférence de la structure des populations à partir de génotypes multilocus données. *Génétique* 155(2):945–959
- Rudow A, Bischofberger Y, Piattini P, Hatt S (2012) Manuel des descripteurs du châtaignier (*Castanea sativa* Mill.). Office fédéral de l'agriculture, Berne
- Rudow A, Conedera M (2001) Blü'te und Sortenerkennung bei der Edelkastanie (*Castanea sativa* Mill.) auf der Alpensü'dseite der Schweiz. *Bot Helv* 111 : 1–23
- Squatriti P (2013) Paysage et changement dans l'Italie du haut Moyen Âge : économie et culture de la châtaigne. Cambridge University Press, Cambridge.

- Steinkellner H, Fluch S, Turetschek E, Lexer C, Streiff R, Kremer A et al (1997) Identification et Caractérisation des loci microsatellites (GA/CT)_n chez *Quercus petraea*. *Plant Mol Biol* 33:1093–1096. <https://doi.org/10.1023/A:1005736722794>
- Tanner H (1927) Die Verbreitung und wirtschaftliche Bedeutung der zahmen Kastanie im Kanton St Gallen. *Jahrbuch St Gallischen Naturwissenschaftlichen Gesellschaft* 63 : 27–48
- van Hintum TJJ, Brown AHD, Spillane C, Hodgkin T (2000) Collections de base de ressources phylogénétiques IPGRI. (Bulletin technique n° 3). Institut international des ressources phylogénétiques, Rome, Italie
- van Oosterhout C, Hutchinson WF, Wills DPM, Shipley P (2004) MICRO-CHECKER : logiciel pour l'identification et correction des erreurs de génotypage dans les données microsatellites. *Mol Ecol Resour* 4:535–538. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00684.x>
- Weir BS, Cockerham CC (1984) Estimation des statistiques F pour l'analyse de la structure des populations. *Evolution* 38:1358–1370. <https://doi.org/10.2307/2408641>

Note de l'éditeur : Springer Nature reste neutre quant aux revendications territoriales figurant sur les cartes publiées et affiliations institutionnelles.

Affiliations

S. Pereira-Lorenzo¹ • Y. Bischofberger² • M. Conedera³ • P. Piattini⁴ • J. Crovadore⁵ • R. Chablais⁵ • A. Rudow^{6,7} • S. Hatt⁷ • AM Ramos-Cabrera¹ • T. Barreneche⁸ • F. Lefort⁵

¹ Département de Production Végétale et Proyectos de Ingeniería, Escola Politécnica Superior, Université de Saint-Jacques-de-Compostelle, Campus de Lugo, 27002 Lugo, Espagne

² In Situ Vivo Sa'rl, Chemin de Gre'sy 6, 1241 Puplinge, Suisse

³ Institut fédéral suisse de recherches sur la forêt, la neige et le paysage (WSL), à Rameil 18, 6593 Cadenazzo, Suisse

⁴ EcoControl SA, Via Rovedo 16, 6600 Locarno, Suisse

⁵ Groupe Plantes et Pathogènes, Institut de Recherche Terre, Nature et Environnement (inTNE), Hepia, Haute École Spécialisée de Suisse occidentale (HES-SO), Route de Presinge 150, Jussy, 1254 Genève, Suisse

⁶ Institut des écosystèmes terrestres, Département des sciences des systèmes environnementaux, ETH Zurich, 8092 Zurich, Suisse

⁷ MOGLI Solutions, 5400 Baden, Suisse

⁸ UMR BFP Biologie du Fruit et Pathologie, INRAE-Université de Bordeaux, F-33882 Villenave d'Ornon, France