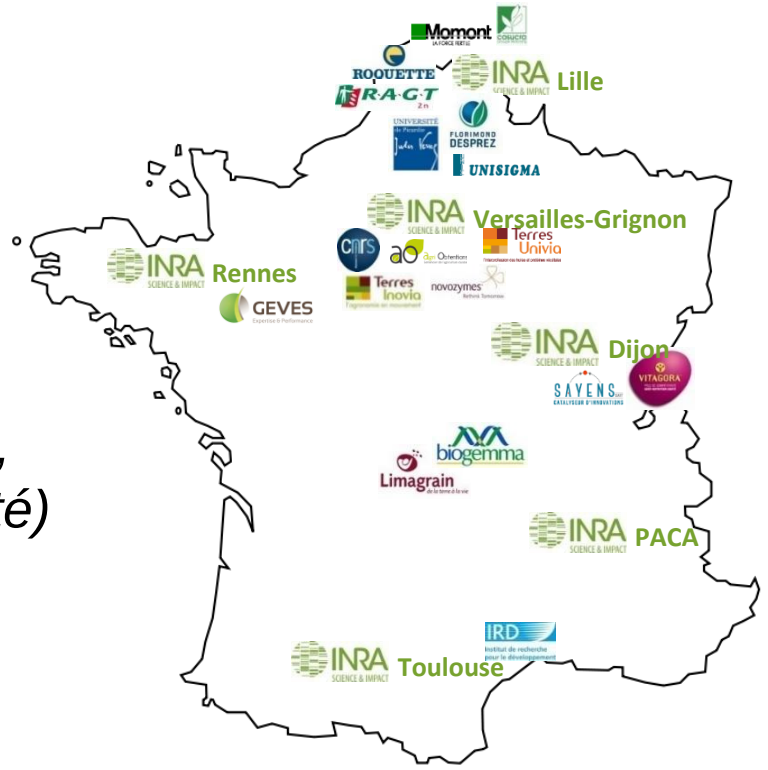
PeaMUST

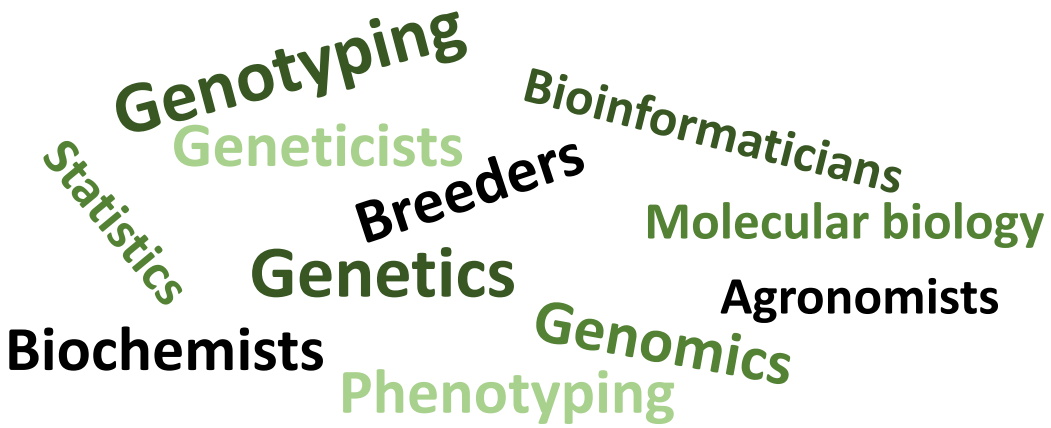
Adaptation MUlti-STress et régulations biologiques pour l'amélioration du rendement et de sa stabilité chez le pois

J. Burstin (coord), M.-L. Pilet-Nayel, C. Rameau, R. Thompson, F. Labalette, M. Leveugle, X. Pinochet, A. Remy

Un projet national de 8 ans (2012-2020) financé dans le cadre de l'appel «Biotechnologie et Bioressources» de l'Agence Nationale de la Recherche

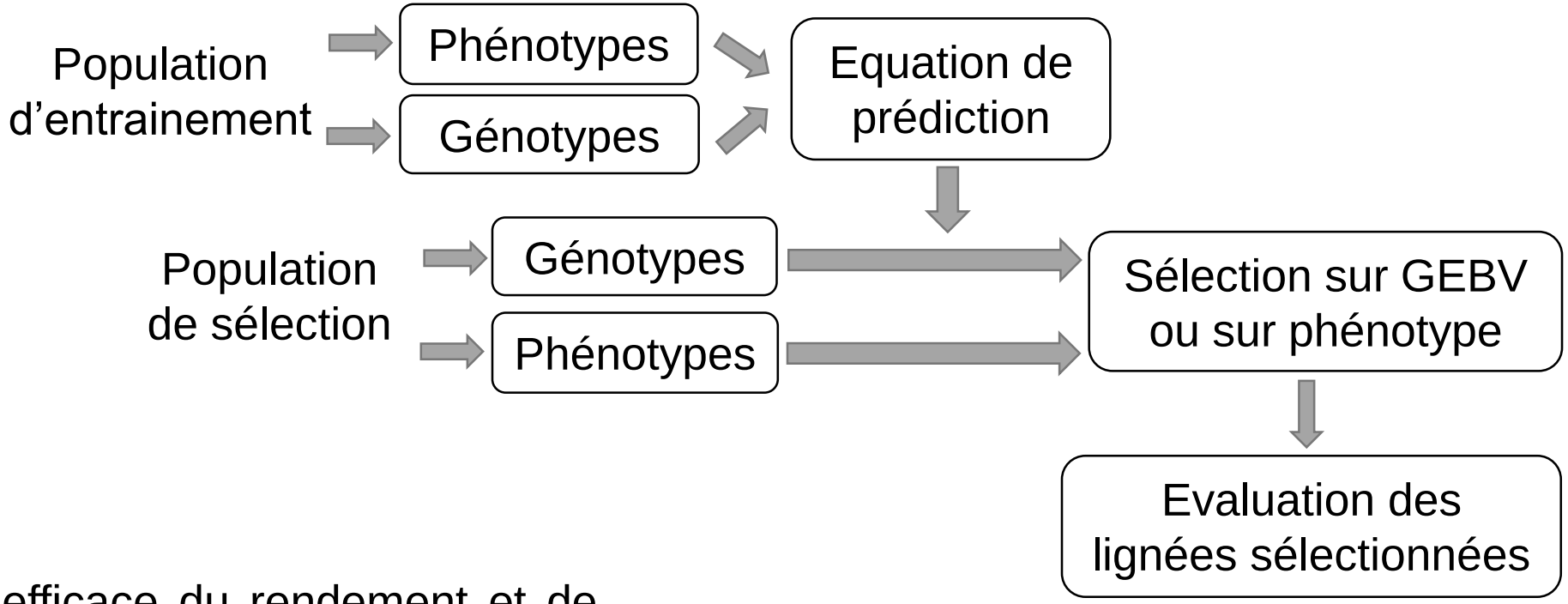


Un partenariat de 28 organisations publiques et privées (*académiques, entreprises de sélection, de biotechnologie, de transformation, instituts techniques, pôle de compétitivité)* regroupant des compétences diverses



L'objectif : développer des variétés de pois et optimiser les interactions plantes-symbiotes pour un rendement et une qualité de graines stabilisés dans le contexte du changement climatique

1. Implémenter la sélection génomique chez le pois



- Prédiction génomique efficace du rendement et de caractéristiques de réponse aux stress obtenue pour les pois de printemps et d'hiver
- Évaluation agronomique de 20 lignées de pois de printemps sélectionnées sur la base des valeurs GEBV* par rapport à 6 lignées phénotypiquement sélectionnées

*GEBV = Genomic Estimated Breeding Value

2. Avancées génétiques pour la résistance à *A. euteiches, au gel, et aux bruches*

- ✓ Effet de combinaisons d'allèles de résistance validé pour la résistance à A. euteiches et le gel dans différentes conditions environnementales
- ✓ Identification de marqueurs performants pour la sélection, par cartographie fine et séquençage de QTL majeurs de résistance
- ✓ Identification de nouvelles régions génomiques impliquées dans les résistances par liaison et/ou GWAS
- ✓ Recherche des gènes de résistance (test de gènes candidats, distinction de signatures moléculaire et chimique de génotypes résistants/sensibles par RNAseq, protéomique et COV)

2. Avancées génétiques pour la résistance à *A. euteiches, au gel, et aux bruches*

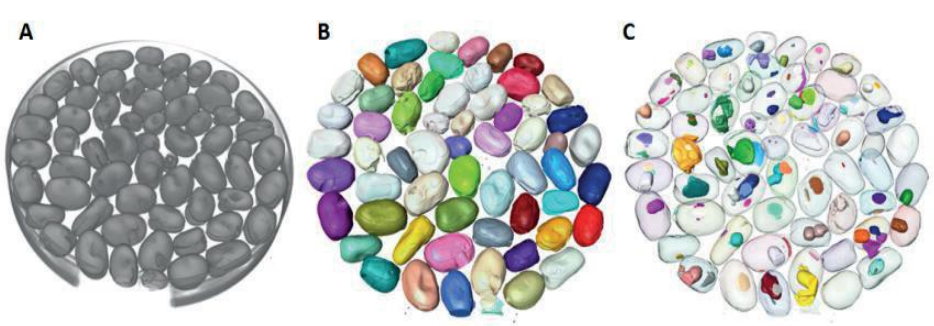
- ✓ Effet de combinaisons d'allèles de résistance validé pour la résistance à A. euteiches et le gel dans différentes conditions environnementales
- ✓ Identification de marqueurs performants pour la sélection, par cartographie fine et séquençage de QTL majeurs de résistance
- ✓ Identification de nouvelles régions génomiques impliquées dans les résistances par liaison et/ou GWAS
- ✓ Recherche des gènes de résistance (test de gènes candidats, distinction de signatures moléculaire et chimique de génotypes résistants/sensibles par RNAseq, protéomique et COV)

Génomique translationnelle des gènes de résistance entre pois et féverole

2. Avancées génétiques pour la résistance à *A. euteiches, au gel, et aux bruches*

- ✓ Effet de combinaisons d'allèles de résistance validé pour la résistance à A. euteiches et le gel dans différentes conditions environnementales
- ✓ Identification de marqueurs performants pour la sélection, par cartographie fine et séquençage de QTL majeurs de résistance
- ✓ Identification de nouvelles régions génomiques impliquées dans les résistances par liaison et/ou GWAS
- ✓ Recherche des gènes de résistance (test de gènes candidats, distinction de signatures moléculaire et chimique de génotypes résistants/sensibles par RNAseq, protéomique et COV)

Mise au point méthodologique pour la mesure des dégats de bruche par tomographie des graines



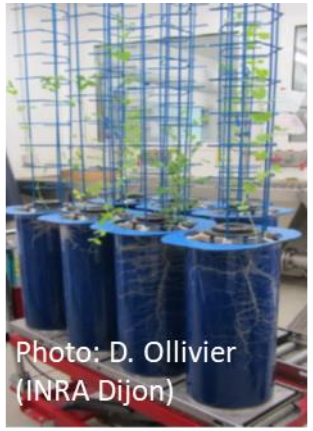
3. Explorer l'architecture et les interactions entre la plante et la microflore du sol pour un meilleur contrôle des stress biotiques et abiotiques

le-1le-1 *le-3le-3*

- Caractérisation de ressources génétiques contrastées pour leur architecture, pour la tolérance aux stress (stress hydrique, gel, A. euteiches, ascochytose). Parmi les résultats, lien entre architecture racinaire et résistance à Aphanomyces.

- Impact des LCO **** et / ou des souches de Rhizobium sur l'architecture racinaire et la tolérance au stress hydrique pour 3 génotypes

****LCOs = Lipochitooligosaccharids



4PMI **Root Phenotyping** plat-form (INRA Dijon)

4. Méthodes et données disponibles pour aller plus loin

Méthodes de validation fonctionnelle

- Adaptation de la méthode VIGS (Virus-Induced Gene Silencing) pour le pois
- Une population de mutants TILLING dans un fond génétiques de pois d'hiver

Accès aux données et analyses bio-informatiques

- Accès sécurisé aux données et Intégration des données dans un système de stockage (GnpIS) permettant leur utilisation et leur visualisation
- Des données de génotypage à haut-débit de populations élite et anciennes de pois ; des ressources génomiques pour la féverole pour permettre le transfert d'informations entre ces deux espèces proches

Evaluation socio-economique des prototypes

- Evaluation de variétés actuelles et de lignées issues de PeaMUST sous différentes conditions (stressées ou protégées -irrigation, traitements) et pour différents critères agronomiques et technologiques
- Amélioration de méthodes pour évaluer de nouveaux génotypes de pois (DiagVar; Azodyn; FlorSys)

Une communauté d'acteurs investie et structurée

Des acteurs publics et privés issus de 28 établissements ont mis en œuvre ensemble des approches de grande envergure

La communauté s'est réuni régulièrement pendant 8 ans (~80 pers réunion annuelle, réunions par lots de travaux, réunions trimestrielles du comité exécutif)

Le partenariat public-privé du projet a permis une réelle proximité entre activités de recherche et résultats appliqués dans les entreprises de sélection.

La participation de l'interprofession, de l'institut technique et d'industriels de l'aval dans le consortium, a permis de discuter des objectifs de sélection.

Les résultats ont été partagés au travers de :
Sessions de formation vers différents publics (~100 étudiants, ~50 partenaires)

Production d'articles scientifiques et organisation d'évènements scientifiques internationaux (notamment la conférence ICLGG2019)

Communication grand public (4 newsletters présentant les avancées du projet, une série de livrets thématiques, afin de renforcer la communication sur les thèmes de recherche, un compte Twitter, des articles dans les revues spécialisées)

Chiffres clés

Plus de 7 000 lignées de pois et près de 600 lignées de féverole utilisées et/ou générées dans le projet

Plus de 3 500 lignées mutantes de pois d'hiver disponibles et criblées pour 20 gènes candidats

Près de 2,3 millions de SNPs découverts chez le pois et 1,7 millions de SNPs chez la féverole

Environ 16000 parcelles d'expérimentation et 30000 lignes/double lignes de pépinières évaluées

Environ 1,2 milliard de données de génotypage produites chez le pois

De nouveaux géniteurs de résistance, méthodes, lignées de sélection

Merci à tous les partenaires du projet

Laboratoires publics : UMR AgroEcologie (INRA, AgroSup Dijon) ; BIOPI (UPJV Université de Picardie Jules Verne) ; UMR SADV (INRA Estrées Mons, USTL Lille 1) ; URGI (INRA) ; UMR PISC (INRA, UPMC) ; URGV (INRA, UEVE, CNRS) ; IJPB (INRA, AgroParisTech) ; UMR Agronomie (INRA, AgroParisTech) ; UMR IBP (CNRS, Université Paris Sud) ; UMR IGEPP (INRA, AgroCampus Ouest, Université Rennes 1) ; UMR GAEL (INRA, UPMF Grenoble) ; UMR LSTM (IRD, INRA, Montpellier SupAgro) ; UMR LIPM (INRA, CNRS)

Entreprises : Agri-Obtentions ; Biogemma ; Cosucra ; Florimond-Desprez ; KWS-Momont ; Limagrain Europe ; Novozymes Biologicals ; RAGT 2n ; Roquette frères ; SATT Grand-Est ; Unisigma

Groupement d'intérêt ; GEVES (Groupe d'Etude et de contrôle des Variétés et des Semences)
Institut technique : Terres Inovia
Interprofession : Terres Univia
Pôle de compétitivité : Vitagora

Plateformes expérimentales associées : Unités Expérimentales de l'INRA à Bretenière, Clermont-Ferrand, Le Rheu, Lusignan, Mons et Auzeville, de la FNAS à St Michel de Volangis et St Pouange, du GEVES à L'Anjouère

Remerciements spéciaux à Amandine Rémy pour la gestion du projet !