

QUEL IMPACT DE LA GÉNOMIQUE VÉGÉTALE SUR L'INNOVATION VARIÉTALE : L'EXEMPLE DU PROJET PeaMUST

par Judith **BURSTIN**¹

L'avancée des technologies « nouvelle génération » de séquençage de l'ADN permettent une connaissance de plus en plus poussée des génomes et de leur expression. Ces connaissances permettent d'approcher plus finement les déterminants moléculaires des traits phénotypiques et ouvrent des perspectives d'augmentation du progrès génétique dans le cadre de la sélection variétale. Le pois est une espèce modèle depuis les travaux de G. Mendel conduisant à la découverte des lois de l'hérédité. La séquence du génome de cette espèce longtemps délaissée des approches de génomique a récemment été obtenue par un consortium international piloté par l'INRAE (1,2). Dans le cadre du projet de recherche français PeaMUST regroupant un large partenariat entre secteurs public et privé, différentes stratégies tirant partie de ces connaissances ont été mises en œuvre pour améliorer le pois (3). Ces stratégies varient en fonction des caractères ciblés : pour améliorer la régularité du rendement, un trait hautement multifactoriel qui résulte de la capacité des plantes à s'adapter et à répondre à l'environnement, une approche de sélection à l'échelle du génome entier a été testée ; pour la résistance durable aux pathogènes, une stratégie prometteuse est de pyramider plusieurs gènes de résistance correspondant à des mécanismes divers ; enfin, des mutations à effet majeur contrôlant l'architecture aérienne et racinaire des plantes ont été testées pour leur effet sur la tolérance aux stress. L'amélioration des cultures doit en effet plusieurs réussites remarquables à la manipulation de l'architecture végétale, comme l'utilisation des caractères afila et de nanisme chez le pois.

RÉFÉRENCES :

BURSTIN J., KREPLAK J., MACAS J. ET LICHTENZVEIG J., 2020. – Genome of the Month. *Pisum sativum* (Pea). Trends in Genetics. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tig.2019.12.009>

KREPLAK J. *et al.*, 2019. – A reference genome for pea provides insight into legume genome evolution. Nat Genet. 51:1411-1422. doi: 10.1038/s41588-019-0480-1.

BURSTIN J., RAMEAU C., BOURION V. et TAYEH N., 2018. The PeaMUST project: defining ideotypes for the pea crop development. OCL, 25(6), D604.

¹ Responsable de l'équipe Espèces Cibles Protéagineuses de l'UMR Agroécologie de Dijon, coordinatrice du projet d'investissement d'avenir PeaMUST.

THE PEAMUST PROJECT : FROM SCIENCE TO INNOVATION

J. BURSTIN, INRAE, Dijon

PeaMust is an international program on pea breeding goals and techniques and pea genomics. Two convergent achievements testify to its pertinence. It associates the complete sequencing and deciphering of the DNA on one hand with efficient genetic approaches to phenotype analysis and methods dealing with quantitative and adaptative traits on the other. Examples of PeaMust successbear on regularity of production, on the confrontation with pathogens or environmental stress, on the architecture of the plant. In each case PeaMust offers innovative opportunities.

BURSTIN J., KREPLAK J., MACAS J. LICHTENZVEIG J., 2020. – Genome of the month. *Pisum sativum* (Pea). Trends in Genetics. DOI:<https://doi.org/10.1016/j.2019.12.009>.

KREPLAK J. *et al.*, 2019. – A reference genome for pea provides insight into legume genome evolution. Nat. Genet., **51**, 1411-1422. Doi: 10.1038/s41588-019-0480-1.

BURSTIN J., RAMEAU C., BOURION V., TAYEH N., 2018. – The PeaMust project: defining ideotypes for pea crop development. OCL, **25** (6), D604.