

The background of the slide features a collection of pea pods and seeds. At the top, three small, round, light-green seeds are arranged in a horizontal line. Below them, several pea pods of various sizes and stages of maturity are scattered across the frame. Some pods are long and slender, while others are shorter and wider. The pods are a pale green color, and some show the characteristic ribbing. The overall composition is a close-up, top-down view of the pea plant's reproductive parts.

PEA4EVER – WP2

Exploitation de la diversité du genre *Pisum* afin de préparer le gain génétique à moyen/long terme

Ellen DUGUE-GOUEMAND

Florimond Desprez

Organisation du WP2

Tâche 2.1 – Structuration d’une large collection de diversité

- Etat des lieux des banques de gènes et des accessions disponibles
- Maximisation de la diversité taxonomique et géographique et définition d’une collection « aveugle » de ressources
- Etat des lieux des ressources déjà ciblées pour certains traits = CORE PANEL
- Génotypage de ces 2 collections
- Sélection d’une core collection maximisant la diversité génétique et combinant ressources aveugles et ciblées
- Multiplication

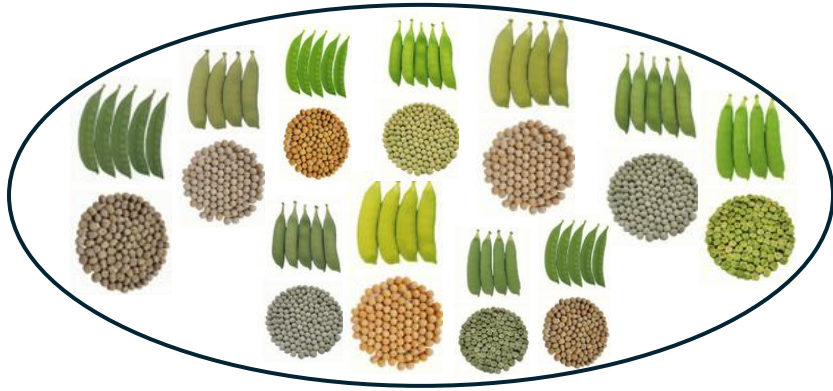
Tâche 2.3 – Evaluation phénotypique des populations de pre-breeding

- Phénotypage des populations BC2S3/BC2S4 pour divers caractères d’intérêt (WP3)
 - Identification rapide des régions génétiques d’intérêt issues des RG
- Phénotypage de certaines ressources génétiques brutes (WP3) = CORE PANEL

Tâche 2.2 – Création de populations de pre-breeding

- Chaque obtenteur réalisera au maximum 10-15 populations de BC, avec un même fond génétique élite receveur
- Fragmentation du génome des ressources génétiques dans les fonds élites, sans perte de diversité → suivi des introgression par marquage
- 2 générations de BC, puis plusieurs générations d’autofécondation

Banques de gènes
mondiales



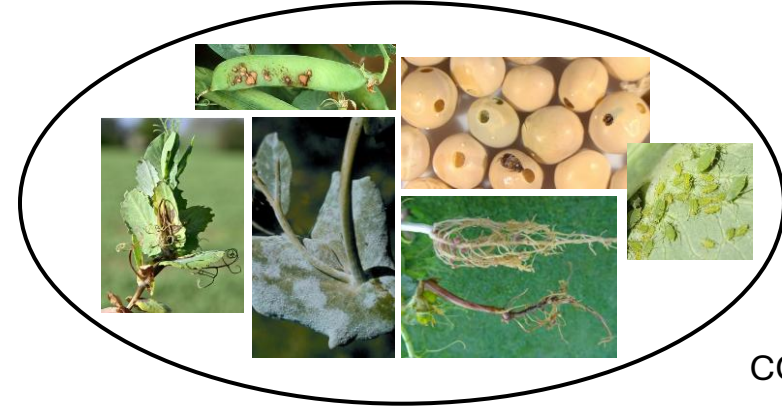
POP TOTALE (5000)

-
Maximisation
géographique et
taxonomique



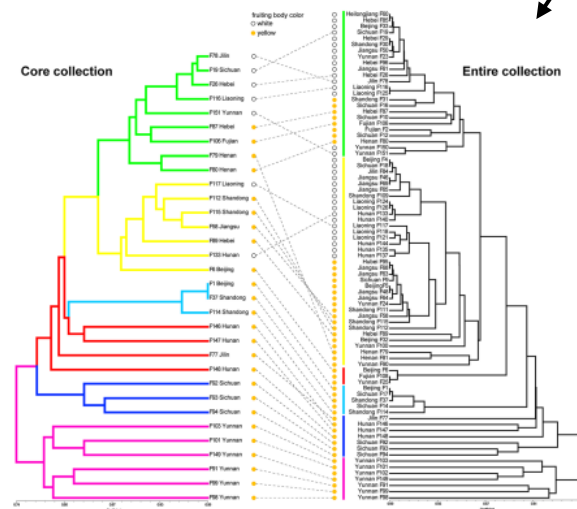
Core Collection Pea4EVER

-
Maximisation de la diversité
génétique



CORE PANEL

-
Accessions connues
comme ayant un intérêt
pour certains caractères



Organisation du WP2

Tâche 2.1 – Structuration d’une large collection de diversité

- Etat des lieux des banques de gènes et des accessions disponibles
- Maximisation de la diversité taxonomique et géographique et définition d’une collection « aveugle » de ressources
- Etat des lieux des ressources déjà ciblées pour certains traits = CORE PANEL
- Génotypage de ces 2 collections
- Sélection d’une core collection maximisant la diversité génétique et combinant ressources aveugles et ciblées
- Multiplication

Tâche 2.3 – Evaluation phénotypique des populations de pre-breeding

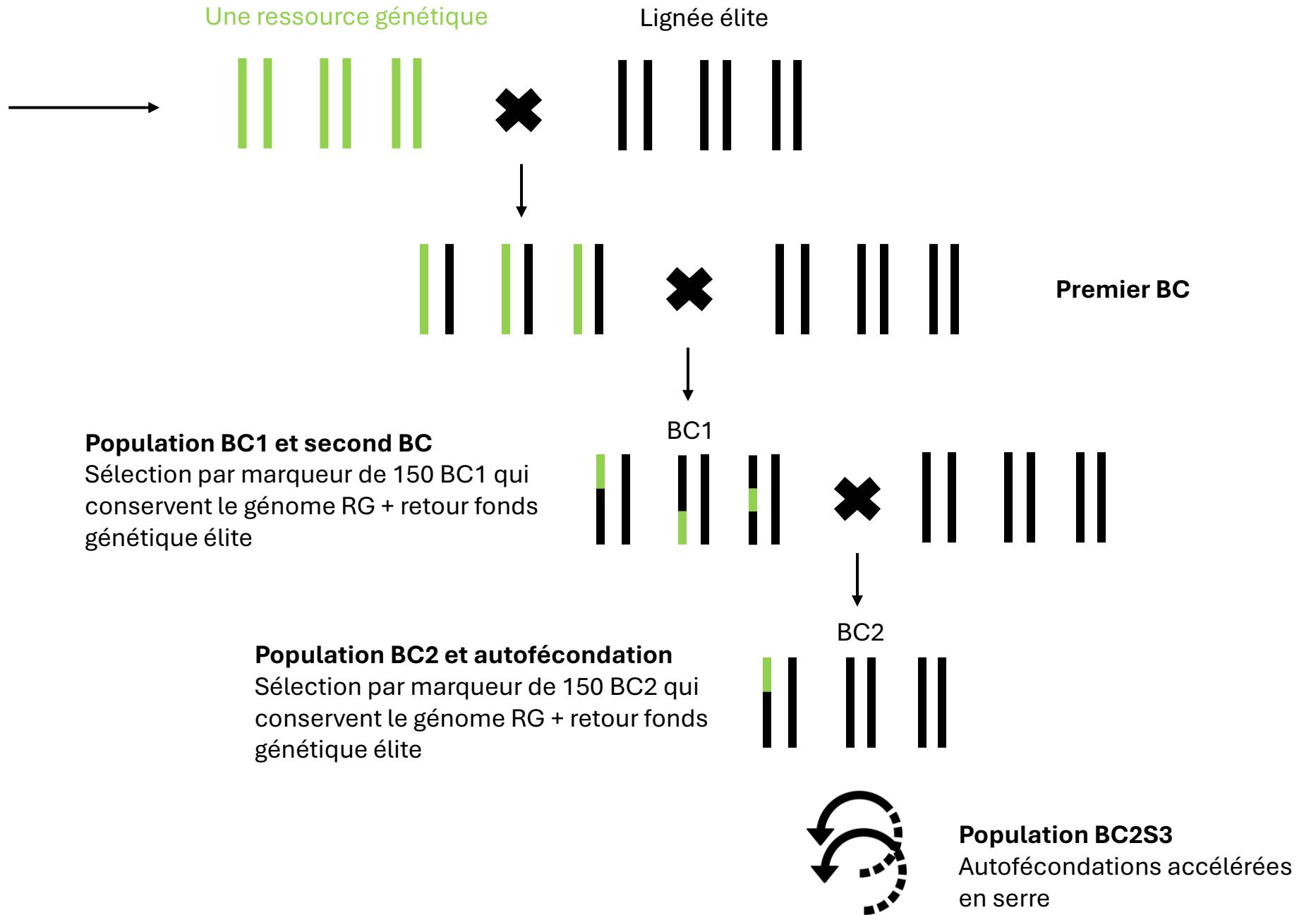
- Phénotypage des populations BC2S3/BC2S4 pour divers caractères d’intérêt (WP3)
 - Identification rapide des régions génétiques d’intérêt issues des RG
- Phénotypage de certaines ressources génétiques brutes (WP3) = CORE PANEL

Tâche 2.2 – Création de populations de pre-breeding

- Chaque obtenteur réalisera au maximum 10-15 populations de BC, avec un même fond génétique élite receveur
- Fragmentation du génome des ressources génétiques dans les fonds élites, sans perte de diversité → suivi des introgression par marquage
- 2 générations de BC, puis plusieurs générations d’autofécondation



Core Collection Pea4EVER
(30 à 45 acc.)



Organisation du WP2

Tâche 2.1 – Structuration d’une large collection de diversité

- Etat des lieux des banques de gènes et des accessions disponibles
- Maximisation de la diversité taxonomique et géographique et définition d’une collection « aveugle » de ressources
- Etat des lieux des ressources déjà ciblées pour certains traits = CORE PANEL
- Génotypage de ces 2 collections
- Sélection d’une core collection maximisant la diversité génétique et combinant ressources aveugles et ciblées
- Multiplication

Tâche 2.2 – Création de populations de pre-breeding

- Chaque obtenteur réalisera au maximum 10-15 populations de BC, avec un même fond génétique élite receveur
- Fragmentation du génome des ressources génétiques dans les fonds élites, sans perte de diversité → suivi des introgression par marquage
- 2 générations de BC, puis plusieurs générations d’autofécondation

Tâche 2.3 – Evaluation phénotypique des populations de pre-breeding

- Phénotypage des populations BC2S3/BC2S4 pour divers caractères d’intérêt (WP3)
 - Identification rapide des régions génétiques d’intérêt issues des RG
- Phénotypage de certaines ressources génétiques brutes (WP3) = CORE PANEL

Tâche 2.1 :
Structuration
d'une large
collection de
diversité



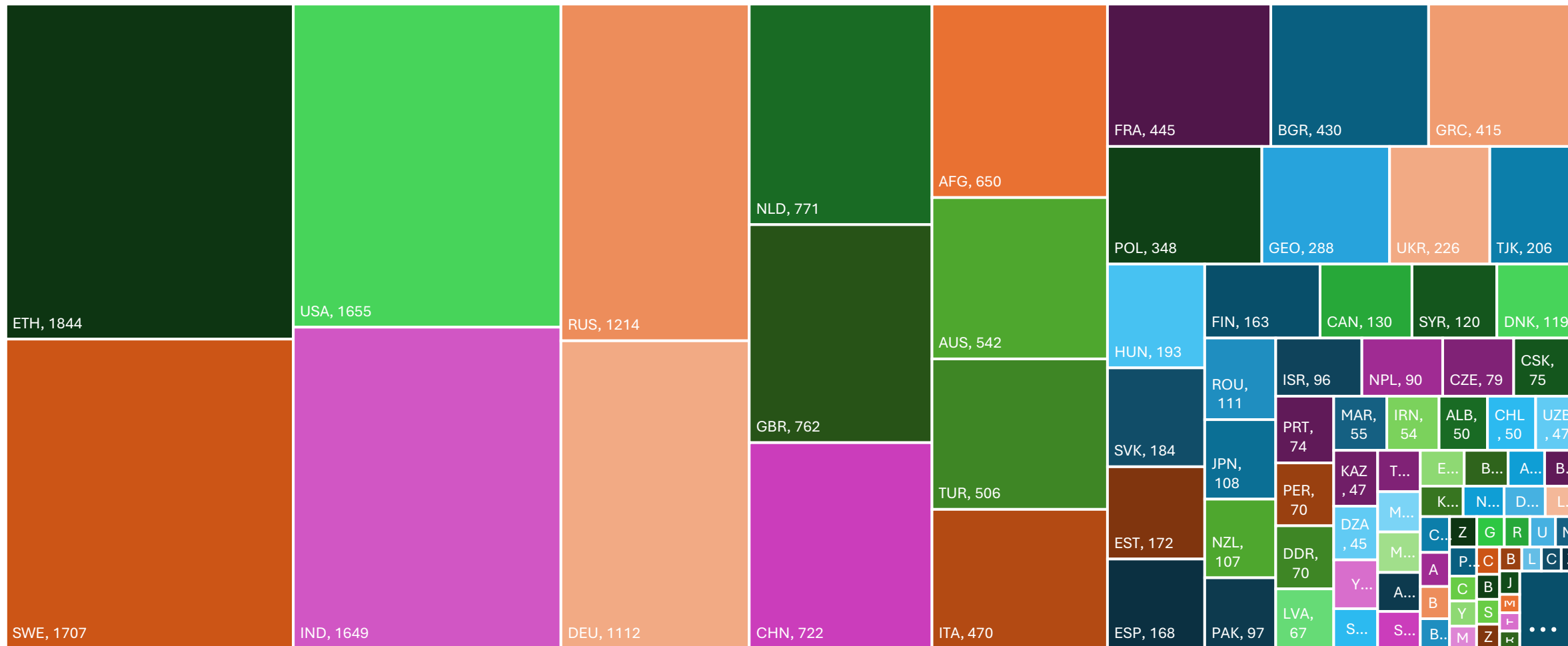
Recensement des banques de gènes mondiales

- Recensement des *Pisum* au sein des principales banques de gènes mondiales, avec comme critère impératif la **disponibilité** des accessions ainsi que l'accès aux **données passeports** (pays d'origine)
 - Australian Grains Genebank - Agriculture Victoria : **5804 acc.**
 - International Centre for Agricultural Research in Dry Areas - Lebanon : **3530 acc.**
 - International Livestock Research Institute – Ethiopia : **83 acc.**
 - Germplasm Resources Unit - John Innes Centre, Norwich Research Park : **3007 acc.**
 - IBBR - Istituto di Bioscienze e Biorisorse, Consiglio Nazionale delle Ricerche : **2240 acc.**
 - Centre for Genetic Resources -The Netherlands : **904 acc.**
 - NORDGEN - Nordic Genetic Resource Center – Sweden : **1910 acc.**
 - Pea Genetic Stock Collection (GSPI) - Washington State University : **5952 acc.**
 - IPK - Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung - Gatersleben : **3903 acc.**
 - NARO - National Agriculture and Food Research Organization - Japan : **225 acc.**

TOTAL = 27 558 accessions

Après le recensement des 27 558 accessions, a débuté une étape de nettoyage (redondance, fautes d'orthographe...) de la bande de données pour aboutir à une liste de **19 468 accessions issues de 118 pays**

Répartition géographique – 19 468 accessions



Maximisation de la diversité taxonomique et géographique

- Le genre *Pisum* inclut 3 espèces: *P. sativum*, *P. fulvum* et *P. abyssinicum*.

Ces espèces sont croissables entre-elles, bien que parfois les croisements entre espèces sauvages et cultivées peuvent aboutir dans une certaine proportion à des hybrides non-fertiles

- L'espèce *P. sativum* est divisée principalement en 2 sous espèces:
 - Ssp. sativum*, contenant les pois cultivés
 - Ssp. elatius*, contenant les pois sauvages
- D'autres sous-espèces sauvages mineures ont été décrites: *ssp. jomardii*, *ssp. thebaicum*, *ssp. trancaucasicum*, *ssp. asiaticum*, *ssp. tibetanicum* et *ssp. cinereum*

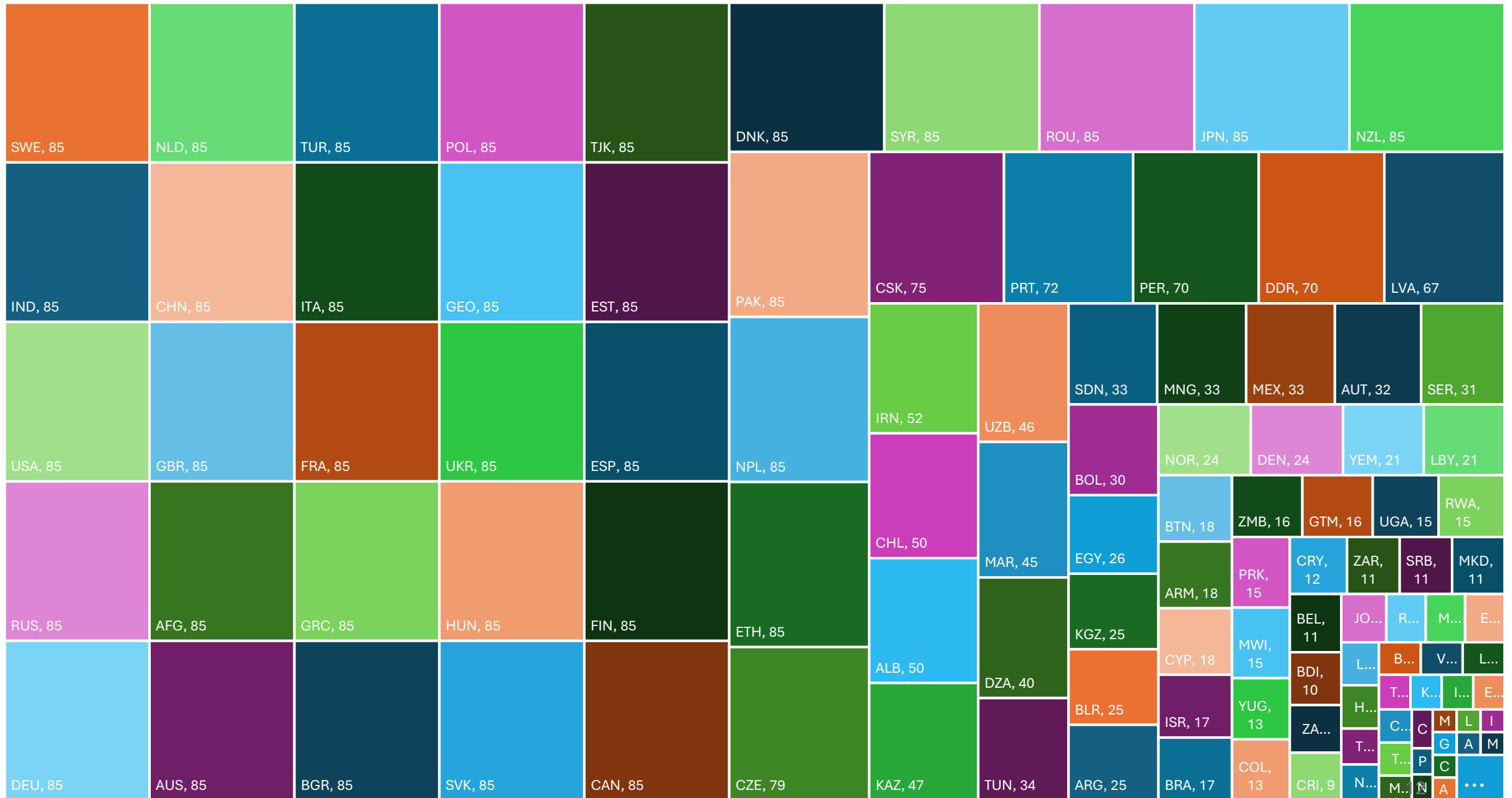
SPECIES	Nombre de ACCECODE
+ abyssinicum	114
+ fulvum	138
+ sativum	19131
+ (vide)	85
Total général	19468

SPECIES	Nombre de ACCECODE
+ abyssinicum	114
+ fulvum	138
- sativum	19131
+ ssp. asiaticum	94
+ ssp. cinerium	2
+ ssp. elatius	183
+ ssp. humile	5
+ ssp. jomardii	4
+ ssp. sativum	5657
+ ssp. syriacum	3
+ ssp. tibetanicum	6
+ ssp. trancaucasicum	37
+ (vide)	13140
+ (vide)	85
Total général	10 19468

Stratégie de sélection (5000 accessions) pour une répartition homogène entre les taxons et les pays

- Sélection de tous les *P. fulvum* et *P. abyssinicum* (= **252 accessions**)
- Sélection de toutes les accessions appartenant aux sous-espèces autres que *P. sativum* ssp. *sativum* ou *P. sativum* ssp. indéterminée (= **334 accessions**)
- Le reste : 4414 places restantes à répartir sur 118 pays

Répartition géographique des accessions sélectionnées (Pisum sativum ssp. sativum ou ssp. NA)



3517 accessions reçues sur les 5000

Multiplication (serre / champ)

SPECIES	Nombre de ACC
⊕ abyssinicum	101
⊕ fulvum	66
☐ sativum	3307
ssp. asiaticum	85
ssp. cinerium	2
ssp. elatius	82
ssp. humile	3
ssp. jomardii	4
ssp. sativum	1307
ssp. syriacum	3
ssp. tibeticum	6
ssp. transcaasicum	36
(vide)	1779
⊕ (vide)	43
Total général	3517



Une diversité de couleur et de taille de grains



Quelques difficultés de germination pour les espèces sauvages

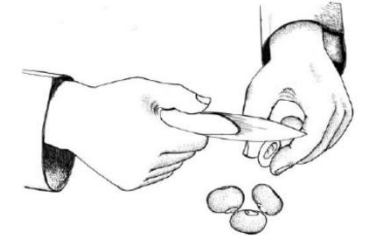


Figure 5.8. Manual scarification of seed coat.



Une diversité de couleur de fleurs



Une diversité de port et de feuillage

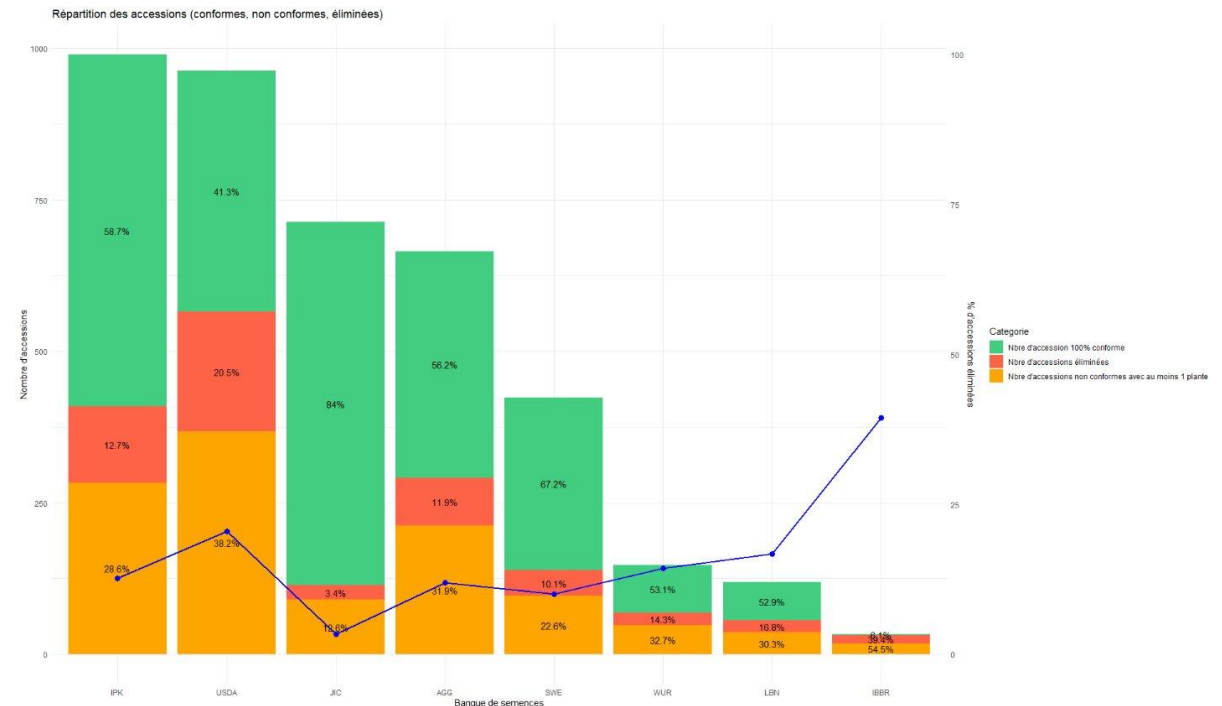


Génotypage et décisions

- 3 plantes génotypées individuellement par accession
- Génotypage avec la puce Trait Genetics (10K SNP)
- Accessions génétiquement redondantes entre-elles → 1305 accessions concernées et donc 2212 accessions uniques

- Décisions

- Fusion des 3 plantes et du bulk si les 3 plantes sont génétiquement ($\text{HomDiff} < 2\%$ & $\text{HetDiff} < 8\%$) et phénotypiquement homogènes → 2349 accessions
- Fusion de 2 plantes si seulement 2 plantes sur les 3 sont génétiquement homogènes → 631 accessions
- Suppression des autres plantes et accessions pour des raisons de quantité de semences → 496 accessions



Construction de la core collection

RESEARCH ARTICLE Open Access

Core Hunter 3: flexible core subset selection



Herman De Beukelaer^{1*}, Guy F Davenport² and Veerle Fack¹

- Choix de 3 génotypes élites qui seront utilisés comme parents récurrents pour introgresser la diversité (RGT ICONIC, RUCK, LG CORVET). 2 PP et 1 PH.
- Objectif de la Core Collection Pea4EVER: maximisation de la couverture allélique (CV) complémentaire de ces 3 élites, et optimisation du nombre d'accessions apportant un caractère d'intérêt déjà identifié

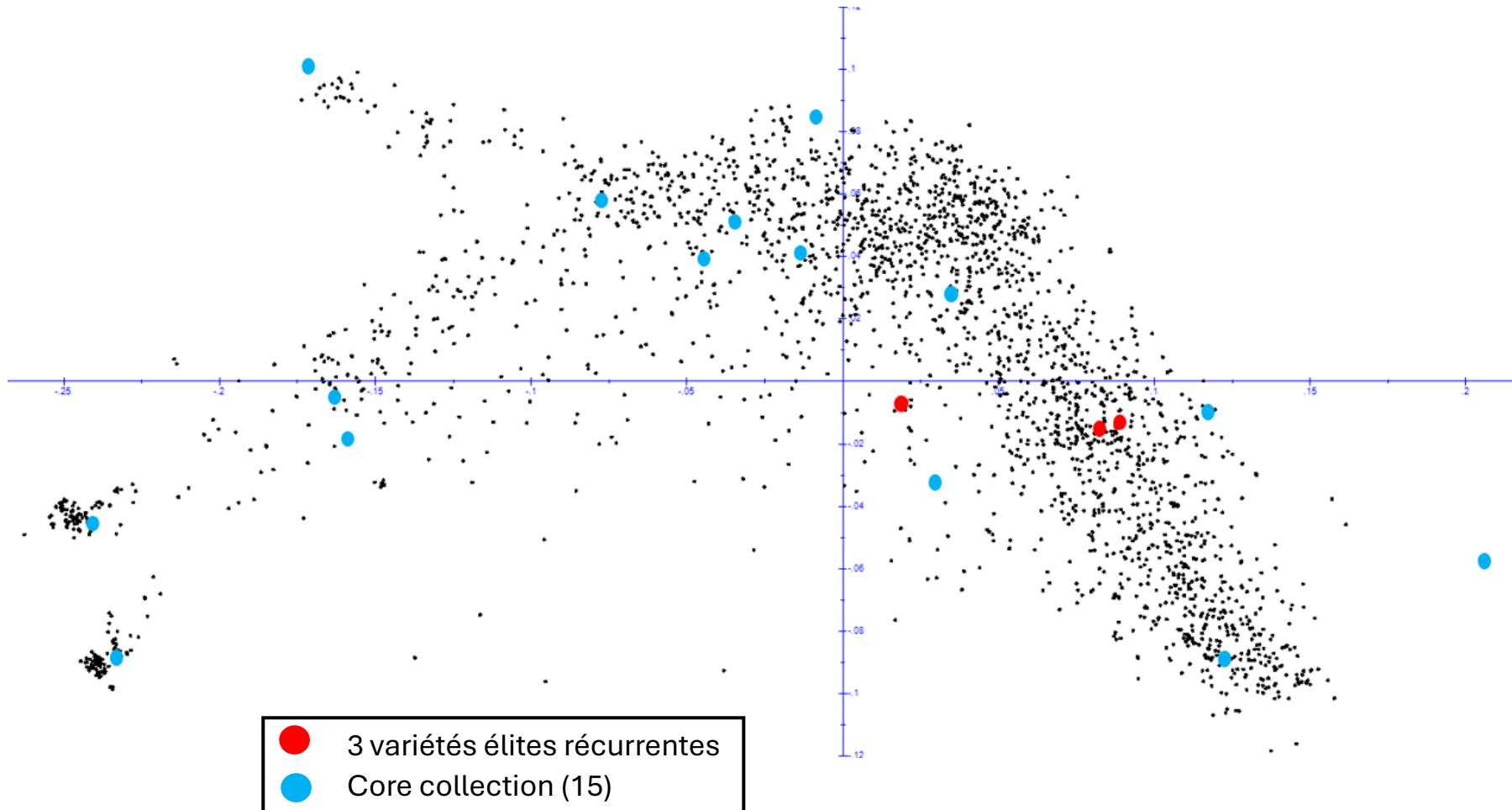
Toutes les accessions	Taille	45	39	30	24	15
	AN	0.465	0.473	0.480	0.486	0.51
	CV	0.993	0.993	0.992	0.991	0.989

Accessions avec trait intérêt déjà identifié	Taille	45	39	30	24	15
	AN	0.484	0.487	0.5	0.51	0.52
	CV	0.991	0.991	0.991	0.989	0.986

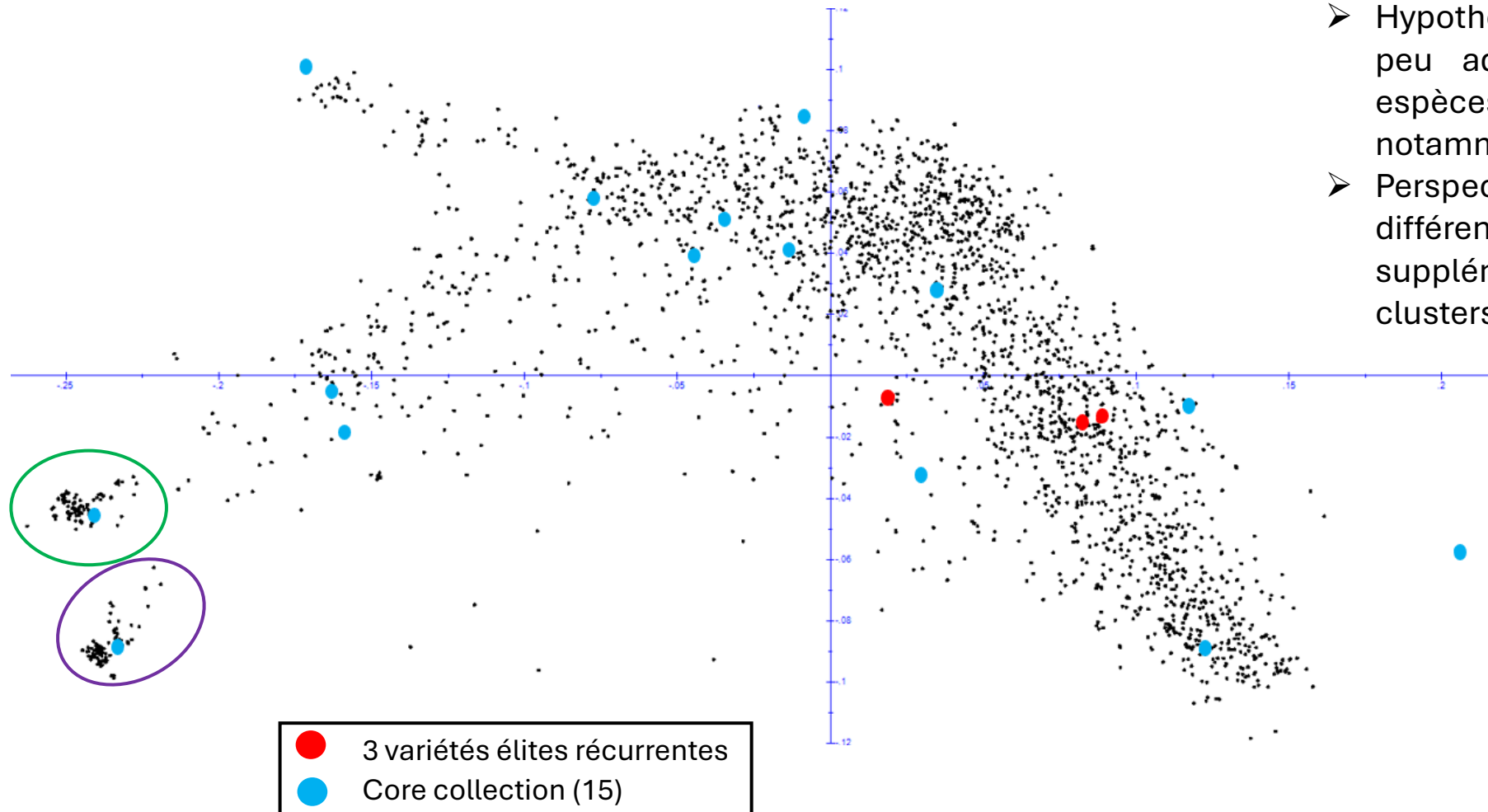
CV = couverture allélique de la CC comparée à la collection totale. Plus c'est proche de 1, mieux c'est.

AN = représentativité de la CC (distance moyenne entre chaque individu de la collection totale et l'individu le plus proche de la CC). Plus cette distance moyenne est faible, mieux c'est.

La core collection (CC15) en graphique



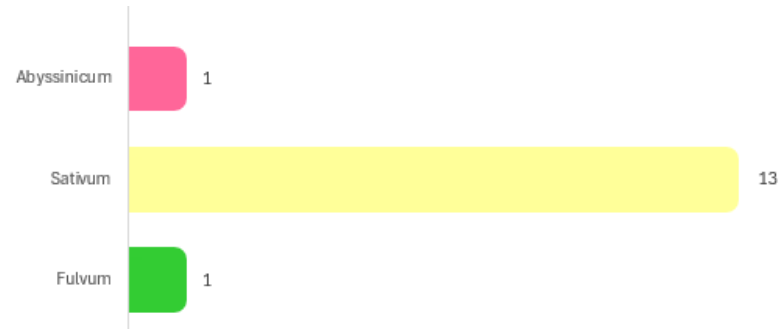
La core collection (CC15) en graphique



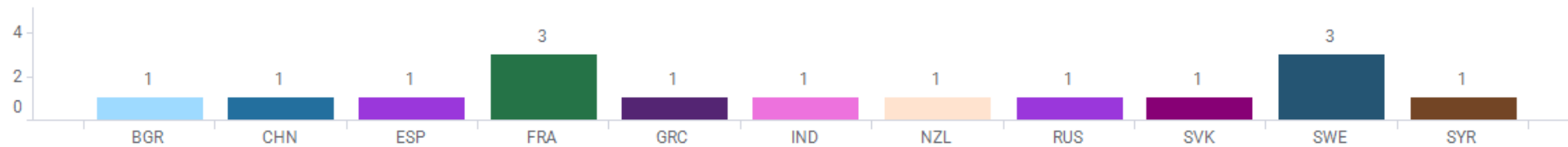
- 2 clusters au sein desquels les accessions sont peu différenciables
- Hypothèse: la puce SNP utilisée serait peu adaptée pour différencier les espèces exotiques apparentées, notamment les *P. fulvum*
- Perspective: séquençage pour les différencier et sélection d'accessions supplémentaires appartenant à ces 2 clusters, à intégrer dans la CC

La core collection (CC15) en quelques chiffres

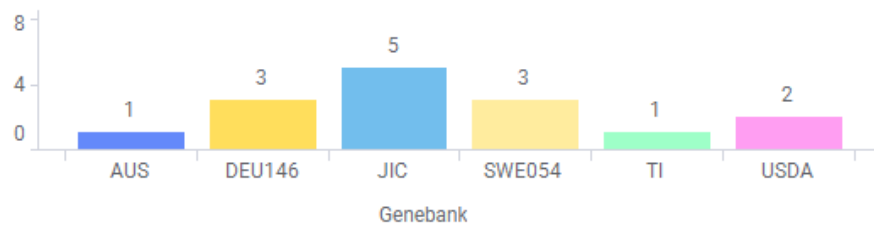
Accessions par ESPÈCE



Accessions par PAYS D'ORIGINE

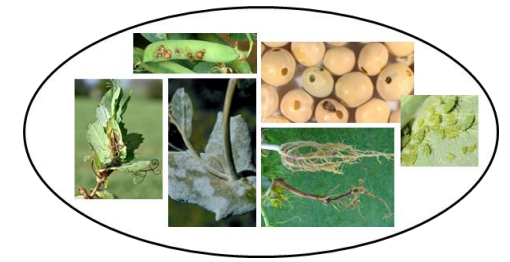


Accessions par BANQUE DE GÈNES



La core collection (CC15) en photos





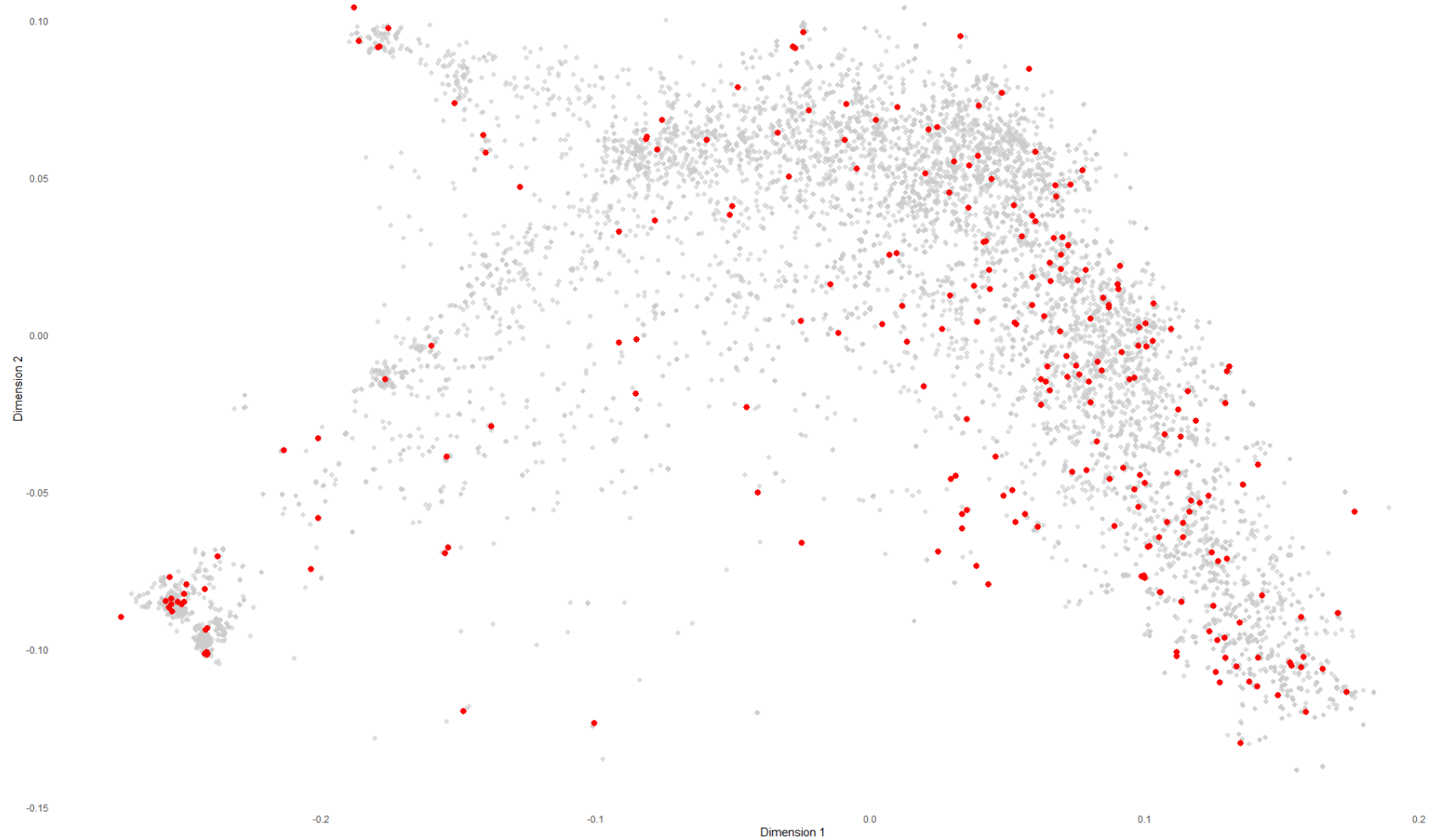
ZOOM sur le CORE PANEL

Accessions	Core Panel	Core Panel HIVER
<i>Sativum ssp. sativum</i>	273	149
Dont variétés	78	43
Dont élites	44	23
Autres <i>P. Sativum</i>	10	0
<i>P. Abyssinicum</i>	9	4
<i>P. Fulvum</i>	2	1
TOTAL	294	154

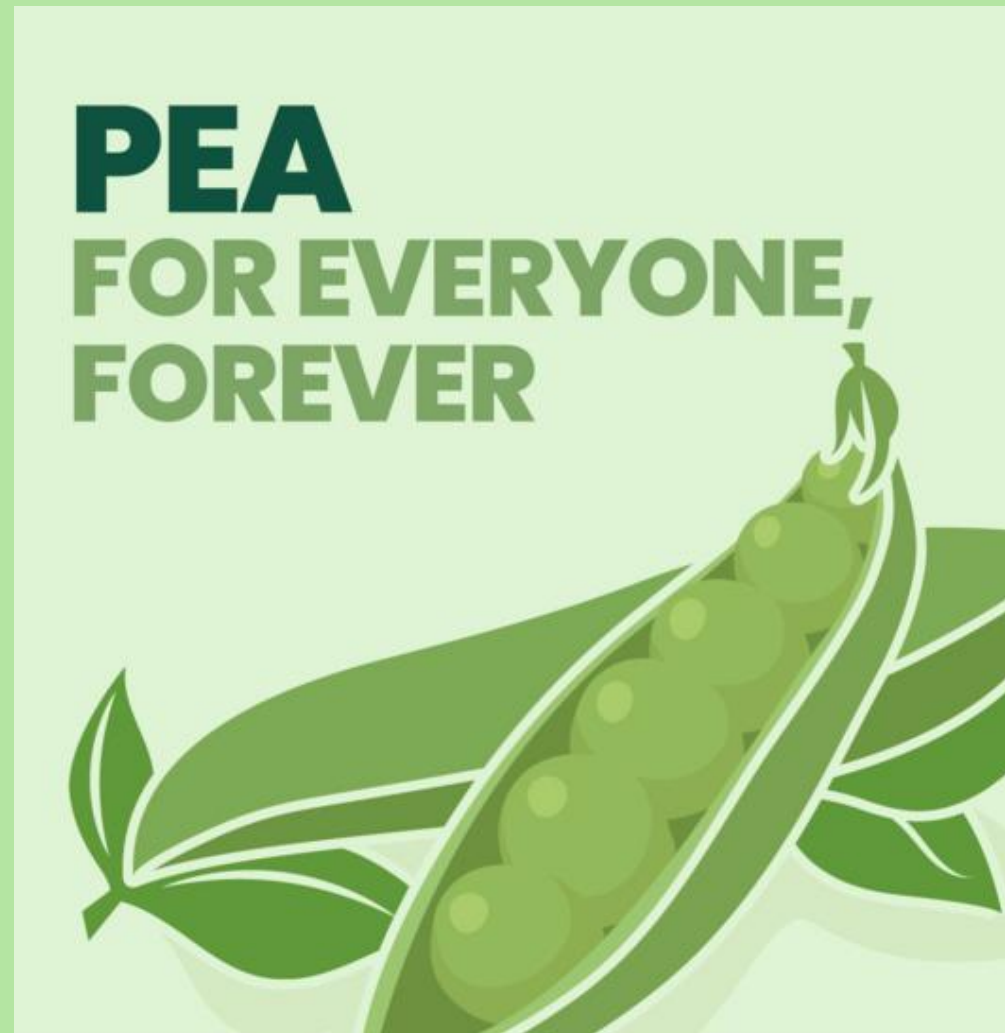
- Contient la CC15
- Multiplication systématique tous les ans pour disposer des semences nécessaires à l'ensemble des screenings

Caractères	Core panel	Core Panel HIVER
Aphanomyces	36	0
Fusarium	56	1
PEMV	9	0
PSbMV	11	2
Pucerons	22	1
Mildiou	16	1
Froid	11	85
Bruche	15	2
Sècheresse	6	1
Ascochyteuse	47	47
Colletotrichum	13	13
Bactériose	30	30
Architecture	58	14
Fragilité des semences	6	1
Protéines	4	2

La Core Panel (294)



Tâche 2.2 :
Création de
populations de
pre-breeding





Core Collection Pea4EVER
(CC15)

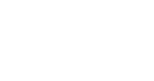
Une ressource génétique



Lignée élite



Chaque sélectionneur croise 5
accessions de la CC avec son élite
(Novembre – Décembre 2025)



Premier BC
Mai-Juin 2026 : croisements



BC1



Population BC1 et second BC

Octobre 2026 : génotypage et sélection des BC1
Novembre – Décembre 2026 : croisements BC2



BC2



Population BC2 et autofécondation

Avril 2027 : génotypage et sélection
Mai-Juin 2027 : 1^{ère} autofécondation



Population BC2S3

Autofécondations accélérées
en serre

Prochaines étapes