

À CHACUN SON REGARD... LE CHERCHEUR

GÉNÉTIQUE ET GÉNOMIQUE DU POIS: WHAT ELSE?

J. BURSTIN

Inra, Centre de Dijon, UMR 1347 Agroécologie, 21000 Dijon

N. TAYEH, A. KLEIN, V. BOURION, J. KREPLAK, F. JACQUIN, S. ALVES-CARVALHO, C. ALUOME, S. CARRÈRE, J. GOUZY, C. CRUAUD, G. DUC, P. GAMAS, D. BRUNEL, M. FALQUE, M-C. LE PASLIER, P. WINCKER, G. AUBERT

Le pois a longtemps été une espèce modèle pour la génétique. Mais malgré son rôle historique significatif dans la découverte des lois de l'hérédité, cette espèce était jusqu'à récemment une espèce orpheline de la génomique. Les clés pour déchiffrer l'impressionnante diversité phénotypique présente dans cette espèce ont longtemps manqué. Sous l'impulsion des projets nationaux et internationaux ambitieux et grâce aux innovations technologiques et informatiques récentes, ces clés sont aujourd'hui disponibles. L'explosion des ressources génomiques chez le pois a donné accès à une cartographie de très haute précision de son génome ainsi qu'à un atlas de l'expression de ses gènes dans de nombreux tissus. Ces outils sont précieux pour disséquer le déterminisme génétique de nombreux caractères d'intérêt chez le pois, pour identifier les gènes qui contrôlent ces caractères, et *in fine* pour aider à sélectionner plus efficacement de nouvelles variétés pour ces caractères. Ces outils ont aussi confirmé la très grande conservation de la synténie, c'est-à-dire l'ordre des gènes sur le génome, entre le pois et les autres espèces légumineuses dont les génomes ont été séquencés. Les connaissances acquises sur le pois seront donc utiles pour accélérer les progrès dans les espèces légumineuses proches, comme la féverole.

LE POIS, UNE LÉGUMINEUSE MODÈLE

Le pois, comme la plupart des plantes légumineuses, est capable d'établir au niveau de ses racines une symbiose avec des bactéries présentes dans les sols qui fixent l'azote atmosphérique. En échange de composés carbonés synthétisés par la plante grâce à l'énergie lumineuse, les bactéries symbiotiques fournissent à la plante de l'azote sous forme assimilable. La culture du pois permet ainsi de réduire l'utilisation d'engrais azotés, un intrant consommateur d'énergie fossile et associé à d'importantes émissions de gaz à effet de serre. Et comme la plupart des plantes légumineuses, le pois produit des graines riches en protéines, qui sont utilisées en alimentation humaine et animale en association avec les graines de céréales et de plantes oléagineuses. Mais pour les généticiens, le pois n'est pas une légumineuse comme les autres. Ce n'est pas seulement une plante d'intérêt pour l'alimentation ou une légumineuse capable de former une symbiose originale avec des bactéries du sol fixatrices d'azote, mais c'est aussi la plante qui a permis à Gregor Mendel, un moine autrichien, de découvrir au milieu du XIX^e siècle les lois de la génétique (Mendel, 1866).

Gregor Mendel réalisa à partir de 1856 des expériences d'hybridation de variétés de pois. Pourquoi Mendel a-t-il choisi le pois pour ses expériences? Ses prédécesseurs avaient croisé des variétés de pois aux phénotypes contrastés dans le but de trouver des variants intéressants pour leurs qualités gustatives, nutritionnelles, ou ornementales. Mais, à la suite des observations d'autres grands « hybrideurs » du siècle, Mendel souhaitait élucider les lois gouvernant la formation des hybrides et l'évolution de leurs descendances en fonction des générations. Or, les plantes de pois possédaient plusieurs atouts pour ses découvertes : (i) des caractéristiques phénotypiques bien différenciées entre variétés, (ii) des caractères stables grâce à un système de reproduction majoritairement autogame et (iii) des fleurs de grandes tailles permettant des croisements aisés et contrôlés. Mendel étudia principalement la ségrégation de 7 caractères phénotypiques (Ellis *et al.*, 2013). Aujourd'hui, les gènes responsables de la variation de 4 de ces caractères ont été identifiés (la taille de la tige contrôlée par le gène *Le*, la couleur du tégument des graines par *A*, la couleur des cotylédons par *I*, et la forme des graines par *R*) ; 3 caractères restent à élucider (les caractères fascié-*Fa* et *Fas*, gousse sans parchemin-*V* et *P*, et gousse jaune-*Gp*).



UNE IMPORTANTE DIVERSITÉ PHÉNOTYPIQUE À DÉCRYPTER

Il existe au sein de l'espèce *Pisum sativum* une impressionnante diversité phénotypique. Depuis Mendel, de nombreuses autres mutations affectant le développement des plantes ont été décrites et cartographiées (Blixt *et al.*, 1972). De même, l'analyse des variations de caractères complexes dans des populations en ségrégation a permis d'identifier de nombreuses régions chromosomiques impliquées dans ces variations, comme celles contrôlant les composantes du rendement (Burstin *et al.*, 2007, Timmerman-Vaughan *et al.*, 2005, Tar'an *et al.*, 2004), les caractéristiques qualitatives des graines (Bourgeois *et al.*, 2011, Ubayasena *et al.*, 2011), la tolérance à des stress biotiques (Aphanomyces : Hamon *et al.*, 2013, Aschochytose : Timmerman-Vaughan *et al.*, 2004, Prioul *et al.*, 2004, Carrillo *et al.*, 2012), et abiotiques (gel : Lejeune-Hénaut *et al.*, 2008, Klein *et al.*, 2014, salinité : Leonforte *et al.*, 2013) ou la capacité d'acquisition de l'azote (Bourion *et al.*, 2010). L'identification des gènes contrôlant ces variations pourrait permettre d'accélérer l'amélioration de ces caractères par sélection assistée par marqueurs. Ce type de sélection est fondé sur le croisement de variétés parentales complémentaires et sur le repérage à l'aide de marqueurs du gène d'intérêt et de marqueurs répartis sur le génome, des descendants portant les combinaisons de caractères le plus favorables. Mais jusqu'à récemment, les outils pour identifier les gènes sous-jacents à ces variations phénotypiques manquaient.

En effet, avec un génome d'environ 4,5 Gb, le pois reste une espèce sans séquence de référence de son génome. Pendant ces vingt dernières années, beaucoup d'efforts et de ressources dans le domaine de la biologie végétale ont été consacrés à l'élaboration d'outils génomiques génériques pour un certain nombre d'espèces modèles choisies notamment pour leurs génomes de petite taille. Parmi les légumineuses, deux espèces se sont imposées comme espèces modèles : *Medicago truncatula* et *Lotus japonicus*, toutes deux avec une taille de génome de $1C = 0.48$ pg (Bennett et Leitch, 2012). Aujourd'hui, les technologies de séquençage à haut débit offrent l'occasion de combler l'écart entre les espèces modèles et les espèces cultivées. À la suite des publications des séquences des génomes de *M. truncatula* (Young *et al.*, 2011) et de *L. japonicus* (Sato *et al.*, 2008), plusieurs génomes de légumineuses ont été publiés ces dernières années : *Glycine max* (Schmutz *et al.*, 2010), *Cajanus cajan* (Varshney *et al.*, 2012), *Cicer arietinum* (Varshney *et al.*, 2013), *Phaseolus vulgaris* (2014). Mais toutes ces espèces ont des génomes de taille bien inférieure à celle de *Pisum sativum* ($1C = 4.45$ à 4.88 , Bennett et Leitch 2012), *Lens culinaris* ($1C = 4.2$), et *Vicia faba* ($1C = 13.3 - 27.4$). Des consortiums internationaux ont été lancés dans le but de générer la séquence complète du génome de pois (Madoui *et al.*, 2015, 2016) et de la lentille (Bett *et al.*, 2016).

L'ATLAS D'EXPRESSION DES GÈNES DE POIS : UN OUTIL POUR L'ÉTUDE DES BASES MOLÉCULAIRES DE LA SYMBIOSE RHIZOBIENNE

Une première étape vers le génome exprimé du pois a consisté à identifier l'ensemble des transcrits de cette espèce. Les technologies de séquençage à haut débit de nouvelle génération permettent une analyse quasi exhaustive des transcriptomes même chez les espèces dont la séquence du génome n'est pas disponible. Le séquençage haut débit de banques d'ADNc produites à partir de 20 tissus provenant de différents organes de la plante de pois, prélevés à différents stades de développement et dans différentes conditions de nutrition, nous a permis d'assembler le premier catalogue de séquences géniques chez cette espèce (Alves-Carvalho *et al.*, 2015). Plus d'un milliard de séquences courtes de haute qualité correspondant à environ 100 Gb ont été produites par séquençage Illumina et ont été assemblées. Après plusieurs étapes de réduction de redondance, 46 099 séquences d'une longueur moyenne de 1 200 nt ont été identifiées. Ces séquences ainsi que leurs niveaux d'expression dans les différents tissus analysés constituent le premier atlas d'expression du pois, disponible à l'adresse suivante : <http://bios.dijon.inra.fr/FATAL/cgi/pscam.cgi>. Cette ressource permet de rechercher, chez le pois, la séquence homologue de tout gène d'intérêt identifié chez une autre espèce et de connaître son profil d'expression dans la plante.

Parmi les caractères auxquels nous nous intéressons figure le développement racinaire des plantes de pois. Les racines fixent la plante au sol et lui permettent d'acquérir l'eau et les nutriments nécessaires à son développement. Les racines sont aussi le lieu de l'interaction avec les microorganismes du sol, et en particulier chez les légumineuses, avec les bactéries du genre *Rhizobium*. Un organe spécifique, la nodosité, se forme sur les racines suite à un dialogue spécifique entre la plante et la bactérie. Cet organe accueille les bactéries symbiotiques et fournit un environnement cellulaire approprié pour la fixation d'azote. Une large variabilité de développement racinaire et nodulaire existe dans les populations de pois (Bourion *et al.*, 2010). Une part de cette variabilité pourrait être due au choix par la plante de son partenaire symbiotique rhizobien. En effet, la souche de *Rhizobium* a un impact sur le développement des nodosités, l'organe qui se développe sur la racine de la plante hôte pour héberger la symbiose, mais aussi le développement racinaire et aérien des plantes (Laguerre *et al.*, 2007). Dans l'objectif de décrypter les déterminants moléculaires de ces interactions, nous avons analysé les profils d'expression des gènes exprimés préférentiellement dans les racines et/ou les nodosités de pois.

De nombreux gènes jouant un rôle important dans le dialogue plante-*Rhizobium*, l'infection par *Rhizobium* et la mise en place des nodosités ont été identifiées chez *M. truncatula* ou *L. japonicus* (Den Herder et Parniske, 2009; Oldroyd *et al.*, 2011; Popp et Ott, 2011; Udvardi et Poole, 2013; Limpens *et*

al., 2013; Roux *et al.*, 2014). Nous avons identifié dans l'Unigène de pois les orthologues de la plupart de ces régulateurs importants de nodulation : la plupart d'entre eux étaient exprimés de façon très similaire aux gènes correspondants chez *M. truncatula*, suggérant un déterminisme de la nodulation largement conservé entre les deux espèces. Cependant, une différence intéressante entre les transcriptomes nodulaires de pois et de *M. truncatula* concernait une famille de gènes codant pour des peptides riches en cystéine (NCR) fortement surexprimés dans les nodosités indéterminées et jouant un rôle clé dans la différenciation des bactéroïdes (Fedorova *et al.*, 2002; Mergaert *et al.*, 2003; Kondorosi *et al.*, 2013). Seuls une centaine de transcrits codant pour des NCR ont été trouvés dans le transcriptome de pois, alors que plus de 600 NCR ont été identifiés chez *M. truncatula*. Reste à vérifier si cette différence entre les deux espèces de légumineuses influe sur l'efficacité symbiotique fixatrice d'azote.

Une autre observation a attiré notre attention. Par comparaison de l'Unigène avec des séquences génomiques de pois, les séquences ont été séparées en deux catégories : 40 204 séquences étaient présentes en faible nombre de copies dans le génome et 5 704 séquences étaient présentes en grand nombre de copies dans le génome. Alors que tous les processus cellulaires et les classes de fonctions moléculaires étaient représentés dans les séquences en faible nombre de copies, seuls quelques-uns étaient mis en évidence dans l'ensemble des séquences en grand nombre de copies, notamment les processus du métabolisme de l'acide nucléique liés à l'activité de transposons et rétro-transposons. Le niveau d'expression des séquences en grand nombre de copies, bien que très inférieur à celui des séquences en faible nombre de copies, était détectable, indiquant que ces éléments transposables intégrés dans le génome de pois sont exprimés à des niveaux faibles dans la plupart des tissus végétaux. Plus intéressant encore était leur profil d'expression : de faibles niveaux d'expression étaient détectés dans les tissus embryogènes (gousses, fleurs, nœuds apicaux, jeunes graines), des niveaux intermédiaires dans les pédoncules et des niveaux plus élevés dans les nodosités. Ce résultat indique une régulation moins efficace de l'expression de gènes étrangers dans les nodules, sans doute en lien avec la nécessité de permettre l'infection bactérienne dans ces organes.

EN CONCLUSION

De la découverte de Mendel des lois de la génétique jusqu'à l'avènement de la biologie moléculaire, le pois a été un modèle précieux pour la génétique et la physiologie végétale. Avec l'inventaire (quasi) complet des gènes exprimés de pois dans un format facilement consultable, le pois retrouve son statut d'espèce modèle pour l'étude du développement végétal. La publication prochaine de la séquence de son génome permettra de renforcer ce rôle de modèle.

Bibliographie

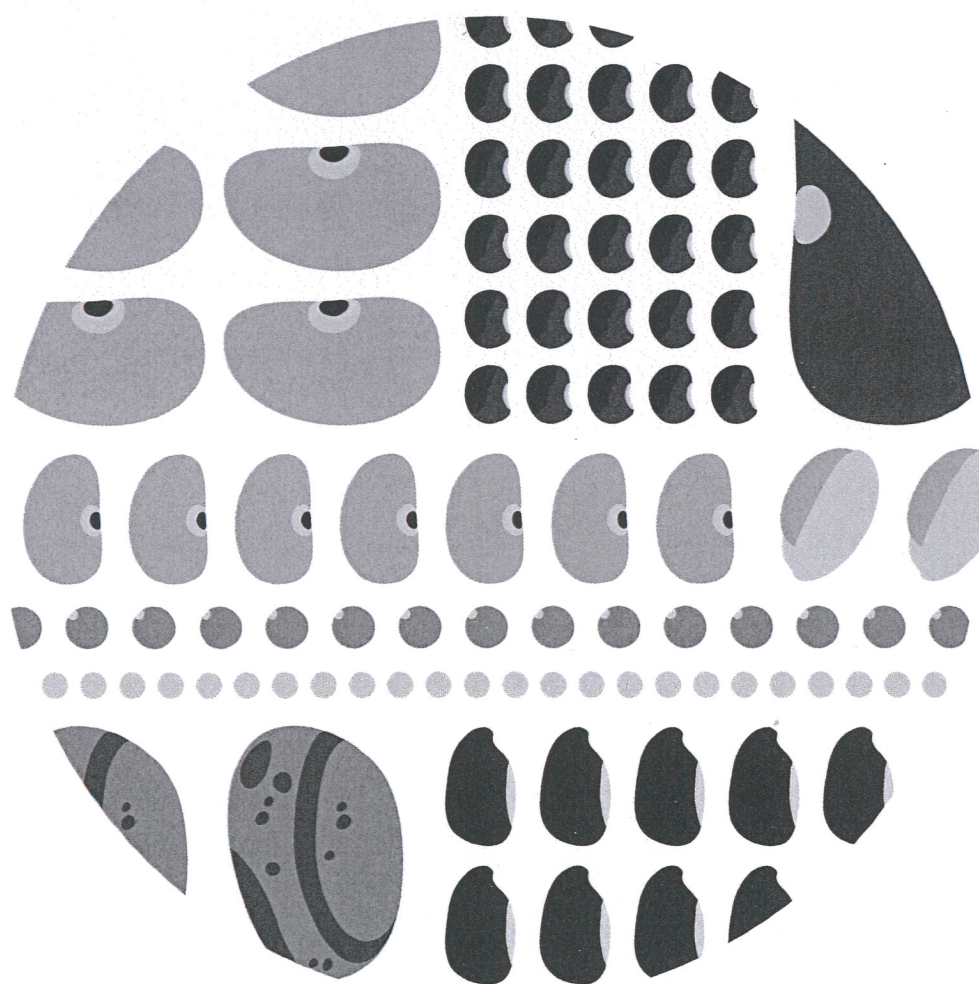
- Bennett MD, Leitch IJ. 2012. Angiosperm DNA C-values database (release 8.0, Dec. 2012) <http://www.kew.org/cvalues/>
- Bett K, Ramsay L, Chan C, Sharpe AG, Cook DR, Penmetsa RV, Chang P, Coyne C, McGee R, Main D, Edwards D, Kaur S, Vandenberg A (2016) Lentil 1.0 and Beyond. Plant & Animal Genome Conference XXIV, San Diego, CA.
- Bourgeois, M., Jacquin, F., Cassecuelle, F., Savoie, V., Belghazi, M., Aubert, G., Quillien, L., Huart, M., Marget, P., Burstin, J. (2011) A PQL (protein quantity loci) analysis of mature pea seed proteins identifies loci determining seed protein composition. *Proteomics*, 11 (9), 1581-1594. DOI:10.1002/pmic.201000687
- Blixt, S. (1972). Mutation genetics in *Pisum*. *Agri Hort Genetica*, 30, 1-293.
- Burstin, J., Marget, P., Huart, M., Moessner, A., Mangin, B., Duchene, C., Desprez, B., Munier-Jolain, N., and Duc, G. (2007). Developmental genes have pleiotropic effects on plant morphology and source capacity, eventually impacting on seed protein content and productivity in pea. *Plant Physiology* 144, 768-781.
- Carrillo, E., Rubiales, D., Pérez-De-Luque, A., and Fondevilla, S. (2012). Characterization of mechanisms of resistance against *Didymella pinodes* in *Pisum* spp. *European Journal of Plant Pathology* 135, 761-769.
- Den Herder, G. and Parniske, M. (2009) The unbearable naivety of legumes in symbiosis. *Current Opinion in Plant Biology* 12, 491-499.
- D'Erfurth, I., Le Signor, C., Aubert, G., Sanchez, M., Vernoud, V., Darchy, B., Lherminier, J., Bourion, V., Bouteiller, N., Bendahmane, A., Buitink, J., Prosperi, J.-M., Thompson, R., Burstin, J., Gallardo, K. (2012). A role for an endosperm-localized subtilase in the control of seed size in legumes. *New Phytologist*, 196 (3), 738-751. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2012.04296.x
- Ellis THN, Hofer JMI, Timmerman-Vaughan GM, Coyne CJ, Hellens RP (2013) Mendel, 150 years on. *Trends In Plant Sciences*: 590-596
- Fedorova, M., van de Mortel, J., Matsumoto, P.A., Cho, J., Town C.D., Van den Bosch, K.A., Gantt, J.S. and Vance, C.P. (2002) Genome-wide identification of nodule-specific transcripts in the model legume *Medicago truncatula*. *Plant Physiol.* 130, 519-527
- Fondevilla, S., Almeida, N.F., Satovic, Z., Rubiales, D., Vaz Patto, M.C., Cubero, J.I., and Torres, A.M. (2011). Identification of common genomic regions controlling resistance to *Mycosphaerella pinodes*, earliness and architectural traits in different pea genetic backgrounds. *Euphytica* 182, 43-52.
- Hamon, C., Coyne, C.J., McGee, R.J., Lesné, A., Esnault, R., Mangin, P., Hervé, M., Le Goff, I., Deniot, G., Roux-Duparque, M., Morin, G., McPhee, K.E., Delourme, R., Baranger, A., and Pilet-Nayel, M.-L. (2013). QTL meta-analysis provides a comprehensive view of loci controlling partial resistance to *Aphanomyces euteiches* in four sources of resistance in pea. *BMC plant biology* 13, 45.
- Klein, A., Houtin, H., Rond, C., Marget, P., Jacquin, F., Boucherot, K., Huart, M., Rivière, N., Boutet, G., Lejeune-Hénaut, I., Burstin, J. (2014). . QTL analysis of frost damage in pea suggests different mechanisms involved in frost tolerance. *Theoretical and Applied Genetics*, 127 (6), 1319-1330. DOI: 10.1007/s00122-014-2299-6
- Laguerre G, Depret G, Bourion V, Duc G. (2007) *Rhizobium leguminosarum* bv. *viciae* genotypes interact with pea plants in developmental responses of nodules, roots and shoots. *New Phytol.* 2007;176(3):680-90.
- Lejeune-Henaut, I., Hanocq, E., Bethencourt, L., Fontaine, V., Delbreil, B., Morin, J., Petit, A., Devaux, R., Boilleau, M., Stempniak, J.J., Thomas, M., Laine, A.L., Foucher, F., Baranger, A., Burstin, J., Rameau, C., and Giauffret, C. (2008). The flowering locus *Hr* colocalizes with a major QTL affecting winter frost tolerance in *Pisum sativum* L. *Theoretical and Applied Genetics* 116, 1105-1116.
- Leonforte, A., Sudheesh, S., Cogan, N.O.I., Salisbury, P.A., Nicolas, M.E., Materne, M., Forster, J.W., and Kaur, S. (2013b). SNP marker discovery, linkage map construction and identification of QTLs for enhanced salinity tolerance in field pea (*Pisum sativum* L.). *Bmc Plant Biology* 13.
- Madoui, M.A., Labadie, K., Aury, J.M., Coyne, C.J., Warkentin, T., Kreplak, J., Lichtenzeig, J., Dolezel, J., Aubert, G., Bergès, H., Wincker, P., Burstin, J. (2015). The International Pea Genome Sequencing Project: Sequencing and Assembly Progresses. *Plant & Animal Genome Conference XXIII*, San Diego, CA.
- Mohammed-Amin Madoui, Karine Labadie, Léo d'Agata, Jean-Marc Aury, Jonathan Kreplak, Krishna Kishore Gali, Bunyamin Taran, Petr Capal, Jan Vrana, Caroline Belser, Marie-Christine Le Paslier, Rebecca McGee, David Edwards, Jacqueline Batley, Abdelhafid Bendahmane, Hélène Bergès, Grégoire Aubert, Valerie Barbe, Judith Lichtenzeig, Clarice

J Coyne, Tom Warkentin, Jaroslav Dolezel, Patrick Wincker and Judith Burstin (2016) The assembly of the pea genome: Integration of high throughput sequencing, physical, optical and genetic data. Plant & Animal Genome Conference XXIV, San Diego, CA.

- Mendel, Gregor. 1866. Versuche über Pflanzen-hybriden. In: Verhandlungen des naturforschenden Ver-eines in Brünn, Bd. IV für das Jahr 1865, Abhand-lungen, 3–47.
- Kondorosi, E., Mergaert, P. and Kereszt, A. (2013) A paradigm for endosymbiotic life: Cell differentiation of Rhizobium bacteria provoked by host plant factors. Annual Review of Microbiology 67, 611-628.
- Limpens, E., Moling, S., Hooiveld, G., Pereira, P.A., Bisseling, T., Becker, J.D. and Küster, H. (2013) Cell- and tissue-specific transcriptome analyses of Medicago truncatula root nodules. PLoS One 8, e64377
- Mergaert, P., Nikovics, K., Kelemen, Z., Maunoury, N., Vaubert, D., Kondorosi, A. and Kondorosi, E. (2003) A novel family in Medicago truncatula consisting of more than 300 nodule-specific genes coding for small, secreted polypeptides with conserved cysteine motifs. Plant Physiol. 132, 161-73.
- Moreau, D., Burstin, J., Aubert, G., Huguet, T., Ben, C., Prosperi, J.-M., Salon, C., Munier-Jolain, N. (2012). Using a physiological framework for improving the detection of quantitative trait loci related to nitrogen nutrition in Medicago truncatula. Theoretical and Applied Genetics, 124 (4), 755-768. DOI : 10.1007/s00122-011-1744-z
- Oldroyd G.E.D., Murray, J.D., Poole, P.S. and Downie J.A. (2011) The rules of engagement in the legume-rhizobial symbiosis. Annu Rev Genet 45, 119-144.
- Popp C. and Ott T. (2011) Regulation of signal transduction and bacterial infection during root nodule symbiosis. Current Opinion in Plant Biology 14, 458-467.
- Prioul, S., Frankewitz, A., Deniot, G., Morin, G., and Baranger, A. (2004). Mapping of quantitative trait loci for partial resistance to Mycosphaerella pinodes in pea (Pisum sativum L.), at the seedling and adult plant stages. TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik 108, 1322-1334.
- Roux B., Rodde N., Jardinaud M.F., Timmers T., Sauviac L., Cottret L., Carrère S., *et al.* (2014) An integrated analysis of plant and bacterial gene expression in symbiotic root nodules using laser-capture microdissection coupled to RNA sequencing. Plant J 77:817-837.
- Sato S, Nakamura Y, Kaneko T, Asamizu E, Kato T *et al.* (2008) Genome Structure of the Legume, Lotus japonicus. DNA Res 15: 227-239. doi: 10.1093/dnares/dsn008
- Schmutz J., Cannon SB, Schlueter J, Ma J, Mitros T, *et al.* (2010) Genome sequence of the palaeopolyploid soybean. Nature 463, 178-183 | doi:10.1038/nature08670
- Schmutz J, McClean PE, Mamidi S, Wu GA, Cannon SB *et al.* (2014) A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications Nature Genetics 46, 707–713 | doi:10.1038/ng.3008
- Tar'an, B., Warkentin, T., Somers, D.J., Miranda, D., Vandenberg, A., Blade, S., and Bing, D. (2004). Identification of quantitative trait loci for grain yield, seed protein concentration and maturity in field pea (Pisum sativum L.). Euphytica 136, 297-306.
- Timmerman-Vaughan, G.M., Frew, T.J., Butler, R., Murray, S., Gilpin, M., Falloon, K., Johnston, P., Lakeman, M.B., Russell, A., and Khan, T. (2004). Validation of quantitative trait loci for Ascochyta blight resistance in pea (Pisum sativum L.), using populations from two crosses. Theor Appl Genet 109, 1620-1631.
- Timmerman-Vaughan, G.M., Mills, A., Whitfield, C., Frew, T., Butler, R., Murray, S., Lakeman, M., McCallum, J., Russell, A., and Wilson, D. (2005). Linkage mapping of QTL for seed yield, yield components, and developmental traits in pea. Crop Science 45, 1336-1344.
- Ubayasena, L., Bett, K., Tar, B., and Warkentin, T. (2011). Genetic control and identification of QTLs associated with visual quality traits of field pea (Pisum sativum L.). Genome 272, 261-272.
- Udvardi, M. and Poole P.S. (2013) Transport and metabolism in legume-rhizobia symbioses. Annual Review of Plant Biology 64, 781-805.
- Varshney RK, Song C, Saxena RK, Azam S, Yu S *et al* (2013) Draft genome sequence of chickpea (Cicer arietinum) provides a resource for trait improvement. Nature Biotechnology 31,240–246 | doi:10.1038/nbt.2491
- Varshney RK, Chen W, Li Y, Bharti AK, Saxena RK *et al.* (2012) Draft genome sequence of pigeonpea (Cajanus cajan), an orphan legume crop of resource-poor farmers. Nature Biotechnology 30, 83–89 | doi:10.1038/nbt.2022
- Young ND, Debellé F, Oldroyd GED, Geurts R, Cannon SB *et al.* The Medicago genome provides insight into the evolution of rhizobial symbioses. Nature 480, 520–524 | doi:10.1038/nature10625

TRÉSOR DES FÈVES & FLEUR DES POIS

Le génie des légumineuses



ACTES

• Colloque scientifique 2016 •

Société Nationale d'Horticulture de France

Actes du colloque scientifique - Édition 2016

Publication de la Société Nationale d'Horticulture de France

84, rue de Grenelle 75007 Paris • 01 44 39 78 78

info@snhf.org • www.snhf.org

ISBN : 978-2-913793-16-3

Conception graphique : Marie Delangue - Sophie Royné

Impression : Imprimerie Centrale de Lens



Les légumineuses, quelle famille !

Depuis la nuit des temps, c'est la compagne idéale de l'être humain. Depuis la naissance de l'agriculture, elle a fourni, associée aux céréales, une alimentation suffisante à toutes les civilisations. Elle a donné de quoi tanner des cuirs, fabriquer des colles, soigner les fièvres... Elle est présente dans tous les jardins potagers par ses haricots, ses pois et ses lentilles, et dans tous les jardins d'agrément par ses lupins et ses glycines...

La graine de caroube est le carat des bijoutiers, le chicot du Canada donne le café du Kentucky, le févier d'Amérique a été baptisé « pain de Saint-Jean ». Les bienfaits des légumineuses, ou plutôt des fabacées, leur nom moderne, sont immenses... La famille des pois a inspiré Gregor Mendel pour expliquer les premières lois de l'hérédité. Ses fruits sont étonnants de variété, des plus grands, ceux des Entada africains, aux élégantes toupies des luzernes ou aux gousses souterraines des arachides. Du pois chiche au mimosa, de la réglisse au bois de rose, du robinier au pois de senteur, leur diversité est infinie.

Amies des bactéries fixatrices d'azotes, amies des chefs cuisiniers, amies des jardiniers, vivent les trésors des fèves et les fleurs des pois !

.....

ÉDITION 2016

ISBN 978-2-913793-16-3

Réf. publi 127

SOMMAIRE

5 Introduction

Y. DATTÉE ET LES MEMBRES DU CONSEIL SCIENTIFIQUE DE LA SNHF

8 L'humanité peut-elle se passer de légumineuses? Les multiples interactions des légumineuses

M.-A. SELOSSE

16 Les multiples facettes d'une famille nombreuse De la diversité morphologique à la complexité biologique

V. MALÉCOT

22 Les multiples facettes d'une famille nombreuse Des espèces incontournables pour des systèmes de culture écologiquement intensifs

C. HUYGHE

28 Les multiples facettes d'une famille nombreuse Des plantes richement dotées en composés biochimiques

V. VERNOUD, J. MARAIS, C. LESIGNOR, M. SANCHEZ, D. AIMÉ,
N. ROSSIN, K. GALLARDO, J. BURSTIN, G. DUC, R. THOMPSON,
M.-A. LACAILLE-DUBOIS

33 À chacun son regard... le chercheur Génétique et génomique du pois: *what else?*

J. BURSTIN, N. TAYEH, A. KLEIN, V. BOURION, J. KREPLAK, F. JACQUIN,
S. ALVES-CARVALHO, C. ALUOME, S. CARRÈRE, J. GOUZY, C. CRUAUD,
G. DUC, P. GAMAS, D. BRUNEL, M. FALQUE, M.-C. LE PASLIER,
P. WINCKER, G. AUBERT

- 38** À chacun son regard... la jeune diplômée
Résistance aux maladies chez le haricot commun
Originalités d'un haricot finalement pas si commun !
M. RICHARD
- 42** À chacun son regard... l'ethnobotaniste
À la recherche des sources
M. CAMBORNAC
- 46** À chacun son regard... le forestier
Les légumineuses arborées tropicales, plantes miracles... ou presque
Expérience d'une équipe d'agro-sylvo-pastoralistes de terrain
R. PELTIER, V. FREYCON, A. GALIANA, J.-M. HARMAND, H. GUERIN, J. TASSIN
- 54** À chacun son regard... le maraîcher
La faim des haricots
D. BLETON
- 56** À chacun son regard... l'horticulteur
Mimosa? Acacia? Glycine? Vous avez dit genêt? Comme c'est bizarre!
A. LE GLOANIC, V. MALÉCOT, A. CADIC
- 62** À chacun son regard... le nutritionniste
Le génie des légumineuses
Dr J.-M. LECERF
- 67** À chacun son regard... le pharmacien
L'apport des *Fabaceae* à la pharmacopée
S. MICHEL

TRÉSOR DES FÈVES & FLEUR DES POIS

Le génie des légumineuses

20 MAI 2016 COLLOQUE

Amphithéâtre de la SNHF
84, rue de Grenelle

Paris 7^e

- 8^{h30} Accueil
- 8^{h45} Ouverture, Dominique Douard (président de la SNHF) et Yvette Dattée (présidente du conseil scientifique)
- 9^h Conférence introductive : l'humanité peut-elle se passer des légumineuses ?
Marc-André Selosse (professeur au Muséum national d'Histoire naturelle, Paris)
- 9^{h40} **Session 1 : les multiples facettes d'une famille nombreuse**
De la diversité morphologique à la complexité biologique, Valéry Malécot (maître de conférences IRHS, Agrocampus Ouest, Angers)
Des espèces incontournables pour des systèmes de culture écologiquement intensifs, Christian Huyghe (directeur scientifique adjoint Agriculture, Inra, Paris)
Des plantes richement dotées en composés biochimiques, Richard Thompson (directeur de recherche, Inra UMR 1347 Agroécologie, Dijon)
- 10^{h55} Pause
- 11^{h15} **Session 2 : à chacun son regard**
Le chercheur : Judith Burstin (directrice de recherche, Inra UMR 1347 Agroécologie, Dijon)
Exposé de Manon Richard, lauréate du prix de thèse
Discussion
Exposé de Glynis Bentoumi-Loaëc, lauréate du prix de projet
- 12^{h40} Déjeuner
- 14^h **À chacun son regard, suite**
L'ethnobotaniste : Michel Cambornac (SNHF)
Le forestier : Régis Peltier (CIRAD)
Discussion
Le maraîcher : Dominique Bleton (sélectionneur)
L'horticultrice : Agathe le Gloanic (GIE Eurogeni)
Le nutritionniste : Dr Jean-Michel Lecerf (chef du service de nutrition à l'Institut Pasteur de Lille)
Le pharmacien : Sylvie Michel (professeur de pharmacognosie, chimie des substances naturelles, UMR CNRS 8638, Université Paris-Descartes)
Discussion
- 16^{h45} Synthèse, Marc-André Selosse et Christian Huyghe
- 17^h Fin du colloque