



Projet BrasExplor : élargir les ressources génétiques du CRB BrACySol pour Brassica oleracea et Brassica rapa

Cyril Falentin, Vincent Richer, Pascal Glory, Gwenaëlle Deniot, Julie Ferreira de Carvalho, Claudia Bartoli-Kautsky, Anne-Yvonne Guillerm-Erckelboudt, Sylvain Thénéré, Stéphane Doré, Marie-Madeleine Gilet, et al.

► To cite this version:

Cyril Falentin, Vincent Richer, Pascal Glory, Gwenaëlle Deniot, Julie Ferreira de Carvalho, et al..
Projet BrasExplor : élargir les ressources génétiques du CRB BrACySol pour Brassica oleracea et Brassica rapa. NOV'AE, 2022, Numéro Spécial #2 RARe, pp.21-27. 10.17180/novae-2022-NS02-art03 . hal-03790700

HAL Id: hal-03790700

<https://hal.inrae.fr/hal-03790700>

Submitted on 4 Jul 2024

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - ShareAlike 4.0 International License

Projet BrasExplor : élargir les ressources génétiques du CRB BrACySol pour *Brassica oleracea* et *Brassica rapa*

Cyril FALENTIN^{*1}

Vincent RICHER^{*2}

Pascal GLORY¹

Gwenaëlle DENIOT¹

Julie FERREIRA DE CARVALHO¹

Claudia BARTOLI-KAUTSKY¹

Anne-Yvonne GUILLERM-ERCKELBOUDT¹

Sylvain THÉRÉNÉ²

Stéphane DORÉ²

Marie GILET¹

Mathieu ROUSSEAU-GUEUTIN¹

Laurène GAY³

Anne-Marie CHÈVRE¹

CORRESPONDANCE

anne-marie.chevre@inrae.fr

RÉSUMÉ

Plusieurs espèces de *Brassica* sont conservées au sein du Centre de Ressources Biologique BrACySol à Ploudaniel (<https://www6.rennes.inrae.fr/igepp/L-IGEPP/Plateformes/BrACySol>). Pour le chou (*Brassica oleracea*, CC, 2n=18) et le navet (*Brassica rapa*, AA, 2n=20), les ressources comprennent essentiellement des populations fermières collectées dans les années 1980. Ces deux espèces existent cependant sous forme de populations sauvages ou férales sur l'ensemble du territoire français, et leurs collectes s'avèrent indispensables pour élargir les ressources disponibles. Dans le cadre du projet H2020 Prima BrasExplor comprenant 11 partenaires de six pays, nous proposons de collecter environ 100 populations sauvages et fermières de chacune de ces deux espèces, sur un gradient nord de la France jusqu'à la zone subsaharienne d'Afrique du Nord. Ce matériel offre une opportunité très originale (i) d'identifier les déterminants génétiques responsables de l'adaptation aux contraintes climatiques, et (ii) de valoriser des populations fermières. Nous présentons ici la méthodologie suivie, les collectes en cours sur le territoire français et les travaux qui seront engagés dans le cadre du projet BrasExplor. Ces travaux ouvrent des perspectives d'amélioration vis-à-vis des contraintes abiotiques et biotiques chez le chou, le navet, ou encore le colza (*Brassica napus*, AACC, 2n=38) issu de l'hybridation naturelle entre ces deux espèces diploïdes.

MOTS-CLÉS

Choux, navets, navettes, diversité, contraintes climatiques, contrôle génétique.

* Premiers auteurs

¹ IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ Rennes, 35653, Le Rheu, France.

² IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ Rennes, 29260, Ploudaniel, France.

³ AGAP, CIRAD, INRAE, SupAgro, Univ. Montpellier, 34060 Montpellier, France.

BrasExplor project: widening the *Brassica oleracea* and *Brassica rapa* genetic resources available in the Biological Resource Center BrACySol

Cyril FALENTIN^{*1}

Vincent RICHER^{*2}

Pascal GLORY¹

Gwenaëlle DENIOT¹

Julie FERREIRA DE CARVALHO¹

Claudia BARTOLI-KAUTSKY¹

Anne-Yvonne GUILLERM-ERCKELBOUDT¹

Sylvain THÉRÉNÉ²

Stéphane DORÉ²

Marie GILET¹

Mathieu ROUSSEAU-GUEUTIN¹

Laurène GAY³

Anne-Marie CHÈVRE¹

CORRESPONDENCE

anne-marie.chevre@inrae.fr

ABSTRACT

Several *Brassica* species are conserved in the Biological Resource Center BrACySol at Ploudaniel (<https://www6.rennes.inrae.fr/igepp/L-IGEPP/Plate-formes/BrACySol>). For *Brassica oleracea* (CC, 2n=18) with different cultigroups (cabbage, cauliflower, Brussel sprout, kale) and *Brassica rapa* (AA, 2n=20; turnip and forage), available biological resources are derived from landraces collected in small farms during the 1980s. However, both species are present in France as wild or feral populations and their conservation is essential to widen the available resources. Within the framework of the H2020 Prima BrasExplor project, which includes 11 partners from six countries, we are currently collecting 100 wild populations and landraces for each species over a large climatic gradient, ranging from the north of France to sub-Saharan regions of North Africa. This plant material offers a unique opportunity to (i) identify the genetic determinants of adaptation to climatic constraints, and (ii) promote local landraces. In this article, we present the methodology used, the sampling efforts in progress in France, and the research questions that will be investigated in the BrasExplor project. This study will open new avenues in plant breeding programs, especially for the creation of new varieties adapted to abiotic and biotic stresses in both *B. oleracea* and *B. rapa*, as well as in their derived allotetraploid species, oilseed rape (*Brassica napus*, AACC, 2n=38).

KEYWORDS

Cabbages, cauliflower, Brussels sprouts, kales, turnip, forage, genetic determinants of climatic constraints.

* First co-authors

1 IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ Rennes, 35653, Le Rheu, France.

2 IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ Rennes, 29260, Ploudaniel, France.

3 AGAP, CIRAD, INRAE, SupAgro, Univ. Montpellier, 34060 Montpellier, France.

Introduction

Le genre *Brassica* présente un exemple remarquable pour illustrer la polyploïdie (génomés nucléaires dupliqués au sein de la même cellule) aussi bien dans son histoire ancienne que récente. En effet, les trois espèces diploïdes, le chou (*Brassica oleracea*, CC, $2n=18$), la navette-le navet (*Brassica rapa*, $2n=20$) et la moutarde noire (*Brassica nigra*, BB, $2n=16$) sont issues d'un ancêtre commun qui a connu une triplication de son génome (~ 20 Ma). Depuis cet événement, les génomes de *Brassica* se sont diploïdisés et ont perdu certaines copies dupliquées par un processus dit de fractionnement. Néanmoins, il est toujours possible de retrouver au sein de chaque génome (A, B et C) des traces de ces blocs tripliqués (Murat *et al.*, 2015). Plus récemment (~ 7500 ans), ces espèces diploïdes se sont à leur tour hybridées pour donner naissance à trois espèces allopolyploïdes, le colza (*B. napus*, AACC, $2n=38$) issu de l'hybridation de la navette et du chou, la moutarde brune ou condimentaire (*B. juncea*, AABB, $2n=36$) issue de l'hybridation de la navette et de la moutarde noire, et la moutarde d'Abyssinie (*B. carinata*, BBCC, $2n=34$) issue de l'hybridation de la moutarde noire et du chou. Les relations entre ces espèces ont été illustrées sous forme d'un triangle par Nagaharu (1935). Il est encore possible à partir des espèces diploïdes contemporaines de reproduire, par croisements, les espèces allopolyploïdes.

Ces espèces sont très consommées dans le monde entier et présentent un intérêt économique majeur comme légumes racines, feuilles ou fleurs pour les choux et les navets, comme condiment pour la moutarde brune, comme fourrages pour les choux, les navettes ou le colza, ou comme espèces oléagineuses pour la navette ou le colza. Ce dernier est la seconde espèce oléagineuse dans le monde.

Le chou et la navette ayant une origine eurasienne et étant présents actuellement dans le pourtour du Bassin Méditerranéen, il apparaît crucial de répertorier et de conserver les formes sauvages et fermières dans ces régions. L'histoire de la domestication de chacune de ces espèces n'est pas complètement établie, et leur très grande diversité morphologique entraîne de très nombreux débats sur la nomenclature botanique à adopter. Le chou cultivé présente une diversité au niveau soit du bouton floral (choux-fleurs, brocolis), soit des feuilles (choux pommés, choux de Bruxelles, choux fourragers) soit du collet (choux raves). Plusieurs espèces apparentées ont été décrites (Figure 1 ; Snogerup, 1980). Il aurait pu être domestiqué il y a ~ 2500 av. J.-C., à partir d'une origine unique : *B. cretica* (Mabry *et al.*, 2021), ou d'une espèce apparentée

différente par type morphologique : une pour les choux pommés, une autre pour les choux raves, encore une autre pour les choux-fleurs et les brocolis (Snogerup, 1980). La diversification plus récente (~ 400 av. J.-C.) aurait conduit aux deux grands types morphologiques, les types floraux (choux-fleurs, brocolis) et les formes feuillues (choux pommés, de Bruxelles ou fourrager) (Cheng *et al.*, 2016). Les formes sauvages présentes en Europe (Angleterre, France et Espagne) pourraient être des formes cultivées retournées à l'état sauvage ou des populations férales (Mittell *et al.*, 2020). La navette-le navet sont cultivés soit pour leur racine (le navet), soit pour leurs feuilles principalement en Asie, soit pour leurs graines oléagineuses. La domestication du type navet ou oléagineux serait la plus ancienne (~ 3500 av. J.-C.). *B. rapa* aurait été introduite vers ~ 2000 av. J.-C. en Asie et sélectionnée pour former un groupe à part entière, composé de certaines formes oléagineuses (yellow sarson), le Pak-Choi et le chou chinois (Qi *et al.*, 2017 ; Cheng *et al.*, 2016). De nombreuses formes sauvages existent du nord de l'Europe au nord de l'Afrique. En revanche, il est difficile de distinguer les formes sauvages des populations férales ou des plantes formées par flux de gènes entre les deux (McAlvay *et al.*, 2021).

La place particulière de la France, où co-existent les formes sauvages et cultivées de *B. oleracea* et de *B. rapa*, rend particulièrement importante la préservation des ressources génétiques de ces deux espèces. Au cours des années 1980, Yves Hervé et ses collaborateurs ont collecté, auprès des agriculteurs, les variétés fermières de ces deux espèces (968 pour le chou et 36 pour le navet) sur l'ensemble du territoire français. Celles-ci sont actuellement conservées, en maintenant leur diversité, au sein du CRB BrACySol (<https://www6.rennes.inrae.fr/igepp/L-IGEPP/Plateformes/BrACySol>). Pour les formes sauvages, seules

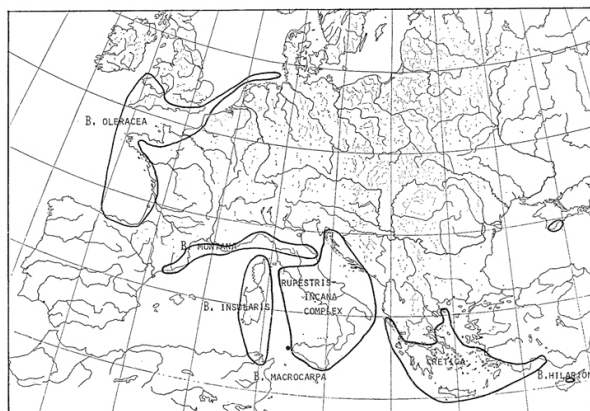


Figure 1. Origine des formes sauvages du chou (*B. oleracea*) et de ses espèces apparentées (*B. montana*, *B. insularis*, *B. macrocarpa*, *B. rupestris*, *B. villosa*, *B. incana*, *B. cretica* et *B. hilarionis*) (d'après Snogerup, 1980)

quelques populations de *B. oleracea* ont été collectées en Normandie par Grégoire Thomas et ses collaborateurs entre 1985-1986. Ce matériel a été testé vis-à-vis de la hernie des Crucifères (*Plasmodiophora brassicae*) et est conservé au CRB (liste BOS). Toutefois, ce matériel est de type bianuel et donc très compliqué à multiplier en accord avec les contraintes culturales du CRB. L'étalement des floraisons sur deux années ne permet pas un croisement entre chaque plant, et la longueur du cycle expose la culture à de fortes contraintes biotiques, en particulier pour la culture

sous serre. Aucune population sauvage ou férale de *B. rapa* n'est actuellement conservée au CRB.

Face aux défis actuels pour élargir la diversité génétique des variétés cultivées et pour faire face aux contraintes biotiques et abiotiques, notamment les changements climatiques, il nous a paru particulièrement important de reprendre les collectes. Ce travail a été initié dans le cadre d'un projet H2020 Prima « BrasExplor » (<https://www6.inrae.fr/brasexplor>), débuté en 2020, et qui réunit 11 partenaires de six pays (France, Espagne, Algérie, Tunisie, Slo-

Tableau 1 : Fiche de description des populations sauvages

Prospecting site sheet	
Date / /	N° Site
NAME OF THE POPULATION (see nomenclature):	
Collector's name :	
Country :	
Region :	
Province :	
Locality :	
The closest town:	
GPS Latitude :	Longitude:
Altitude : m.	Road map N°
1. Estimated site area:m ²	
2. Plant density of the collected species/m ² :	
3. Organization of the population: patches or continuous population	
4. Number of plants collected for seeds:	
(collect plant by plant with 15 mini to 30 plants max per population with 10 to 20 pods/plant)	
5. Number of pictures localized on the drawing map (enclosed):	
Whole plant:	
Population:	
6. Type of land use:	
Not determined 0 Wasteland or fallow 1 Pasture 2	
Reaping 3 Pasture / reaping 4 Annual crops 5	
Perennial crops 6 Field border 7 Undergrowth 8	
Others 9	
7. Land use intensity:	
Not determined 0 Not cultivated 1 Cultivated 2	
8. Animals:	
No 0 Pasture (1 low to 9 high)	
9. Soil work:	
Not determined 0 No soil work 1	
Cultivated field with plowing 2	
10. Irrigation: No 1 Yes 2	
If yes, season with irrigation:	
11. Weeding: No 1 Chemical 2 Mechanical 3	
12. Degree of artificiality of the site:	
Natural vegetation 1 to Strong artificialisation 7	
Comments:	
13. Station:	
sheltered 1 Protected 2 Open 3	
14. Exposure:	
No defined exposure 1 N 2 NE 3 E 4	
SE 5 S 6 SW 7 W 8 NW 9	
15. Macro-topography:	
Closed depression 1 Open depression 2 Plain 3	
Plateau 4 Lower slope 5 Mid slope 6	
Top of slope 7 Summit / Escarpment 8 Dunes 9	
16. Slope:	
Zero 1 from 1 to 10% 2 from 11 to 30% 3 >31% 4	
17. Microrelief:	
Difficult to assess 1 Plan 2 Bumpy 3 Logs 4	
Channel 5 Ditch 6 Bank 7	
18. Drainage:	
Zero 1 Low 2 Mid 3 Good 4	
19. Apparent site humidity:	
Not determinable 0 Very dry 1 Dry 2 Average 3	
Wet 4 Very wet 5 Open water 6	
20. Type of source rock:	
Skeletal 1 Normal 2 Deep 3	
21. Soil depth:	
Skeletal 1 Normal 2 Deep 3	
22. State of the soil surface:	
Not determinable 0 With a smooth crust 1	
With lumpy structure 2 With a gravelly structure 3	
23. Soil compaction:	
Loose 1 to very compact 5	
24. Surface covered by the source rock %	
25. Surface covered by pierraille %	
26. Surface covered by fine earth or sand %	
27. Surface covered by vegetation or litter %	
28. Color: Black 1 Red/Brown 2	
Brown 3 clear 4	
29. Sampling of the soil: yes 1	
Please find enclosed the sampling method	
30. Remarks:	
31. Type of plant formation Name :	
Remarks:	
32. Recovery rate: %	
33. Major species assessed with quadra method:	
Botanical name : Frequency %	
Botanical name : Frequency %	
Botanical name : Frequency %	
Botanical name : Frequency %	
Botanical name : Frequency %	
Botanical name : Frequency %	
Botanical name : Frequency %	
Botanical name : Frequency %	
Remarks :	
34. General remarks :	
Draw the population on the back of the sheet	

vénie, Italie). L'objectif est de tirer parti du fait que ces deux espèces, le chou et le navette-navet, existent sous formes sauvage ou fermière du nord de la France à la zone subsaharienne d'Afrique du Nord, ce qui permettrait d'identifier les déterminants génétiques de l'adaptation aux contraintes climatiques. Ce projet permettra également de valoriser les populations fermières. Dans cet article, nous décrivons le matériel en cours de récolte en France.

Description du matériel

Afin de pouvoir comparer les données récoltées par population, nous avons établi une fiche de collecte pour chaque type de populations (Tableaux 1 et 2). L'ensemble de ces informations permettra de disposer des données passeport détaillées. Sur chaque site, dans la mesure du possible, les graines de 30 plantes bien réparties dans la population ont été collectées. De façon similaire, nous avons défini la méthode d'échantillonnage des sols afin

d'établir la structure du microbiote (bar-coding) et la nature physico-chimique du sol : 3 points de récolte de sols sur une profondeur d'environ 10 cm, bien répartis sur la surface de la population, sont mélangés pour réaliser l'ensemble des analyses. Par ailleurs, les données climatiques de chaque site sont disponibles à partir de la base de données (<https://www.worldclim.org/>).

Tableau 2 : Fiche de description des populations fermières

Prospecting sheet: cultivated forms

Name of the population (Cf nomenclature).....

Species: *Brassica rapa*..... *Brassica oleracea*..... Country..... Region.....
Town..... Place:..... GPS Coord. Latitude:.....
Longitude..... Altitude.....
Name of collector:.....
Vernacular name of the cultivar:.....
Local synonyms:.....
Meaning of name:.....

1. Place of seed collection: 1 Family garden; 2 market; 3 field; 4 private collection; 5 other
2. Presumed origin of the cultivar:.....
3. Source of seeds: produced on site: 1 Friends; 2 neighbors; 3 parents; 4 exchange; 5 purchase; 6 market; 7 seed merchant; 8 other
4. Are seeds purchased: 1 Never; 2 Regularly; 3 Occasionally; where?.....
5. Are seeds exchanged: 1 Never; 2 Regularly; 3 Occasionally; with whom?.....
6. If the seed is produced locally, how are individuals chosen for propagation? Is there a specific way to do this?.....
7. Are there similar crops nearby? 1 No/ 2 Yes. Are special precautions taken to isolate the crop?.....
8. Seed conservation: duration..... storage conditions.....
9. Importance in the locality: 1 rare; 2 infrequent; 3 frequent; 4 abundant
10. Sowing date:.....
11. Harvest date:.....
12. Irrigation: 1 No/ 2 Yes If yes, specify frequency.....
13. Informant farmer:..... other (specify):.....
14. Use: Human food 1 No/ 2 Yes; Forage: 1 No/ 2 Yes
15. Part used: 1 Root; 2 Leaves; 3 Roots + leaves; 4 other.....
16. Recorded cooking recipe: 1 No/ 2 Yes; Number of the recipe.....
17. Destination of the harvest product: 1 Consumed in the family; 2 marketed locally; 3 marketed elsewhere; If 3 where?..... How?.....
18. Taste qualities: (flavor, texture or any other particularity).....
19. Why is this cultivar kept in cultivation?.....
20. If it has disappeared, when was its culture abandoned.....and why.....
21. How long has it been grown in this place?.....
22. Is it very cultivated in the region? (delimit the area).....

Additional comments:.....



Figure 2. Sites des collectes des populations sauvages de choux situées en région Normandie

Collectes de *B. oleracea*

Sur la base des références anciennes et de la publication récente de Mittell et al. (2020), nous avons collecté 11 populations de choux sauvages bien réparties le long de la côte normande (Figure 2). Ces collectes ont été complétées par une population près de St Brieuc, signalée par le conservatoire botanique de Brest (<http://www.cbnbrest.fr/>), et par deux populations décrites dans la littérature à Mortagne sur Gironde (33). La principale difficulté a été de localiser des plantes qui se développent à mi-falaise ainsi que de réaliser les prélèvements de sol sur les sites. Autant que possible, les graines ont été récoltées sur 30 plantes par population. Par ailleurs, Laurène Gay a pris en charge la collecte de 4 populations de *B. montana* dans le sud-est de la France, avec le soutien du conservatoire de Porquerolles (<http://www.cbnmed.fr>). Cette espèce très apparentée au chou (Figure 1) est la seule présente sur la côte méditerranéenne française. L'ensemble de ces populations ont été introduites dans le CRB BrACysol, dans lequel elles seront conservées et maintenues.

Pour les populations fermières françaises de choux, nous avons choisi 28 populations conservées au CRB BrACysol. Elles appartiennent aux différents culti-groupes et ont été sélectionnées dans différentes régions du territoire français, afin de disposer d'environnements climatiques très contrastés lors de leur sélection par les agriculteurs (Figure 3).

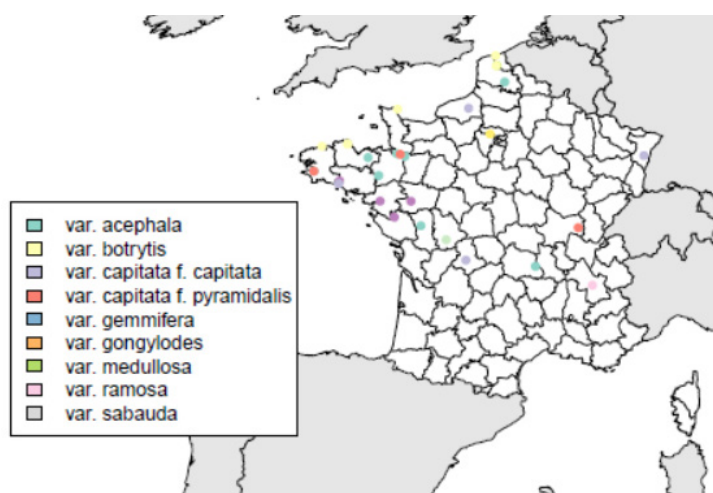


Figure 3. Sites des collectes des populations fermières de choux bien réparties sur le territoire français et appartenant à différents culti-groupes.

Collectes de *B. rapa*

Comme mentionné en introduction, il est particulièrement difficile chez cette espèce de distinguer les formes réellement sauvages des populations férales dans lesquelles le flux de gènes entre formes cultivées et sauvages a pu jouer un rôle. Elle se développe, notamment, en bordure de champ, dans les fossés, en bordure de route ou dans les vignobles du sud-ouest. Cependant, ces populations se maintiennent dans des environnements climatiques très contrastés, ce qui devrait nous permettre d'identifier les déterminants génétiques de l'adaptation aux contraintes climatiques dans le cadre du projet BrasExplor. Nous avons prospecté dans la région Bretagne-Normandie et nous avons pu identifier et collecter 7 populations ainsi que le sol associé (Figure 4). Grâce aux informations fournies par le Conservatoire Botanique National Sud-Aquitaine (<http://www.cbnsa.fr>), nous avons pu collecter 9 populations, principalement dans les zones viticoles, et une en moyenne montagne (Figure 4). Ces collectes restent à poursuivre, notamment dans les régions centre et méditerranéenne françaises. L'ensemble de ces populations ont été introduites dans le CRB BrACysol dans lequel elles seront conservées et maintenues.

Comme pour les choux, 29 populations fermières de navets maintenues au CRB BrACysol ont été choisies, car elles ont été sélectionnées par les agriculteurs dans des environnements climatiques très contrastés (Figure 4).

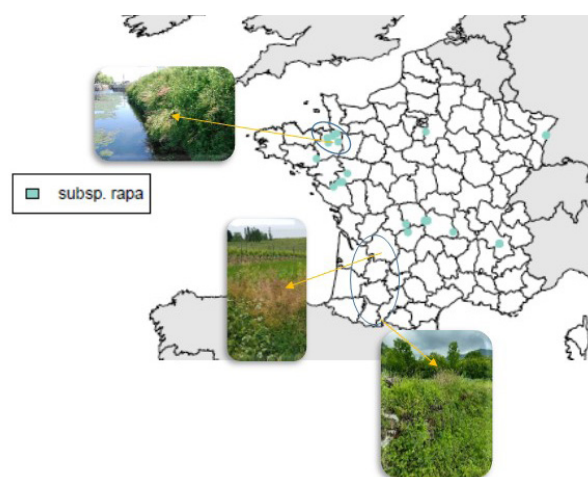


Figure 4. Sites des collectes des populations sauvages de *B. rapa* dans les régions entourées d'un cercle bleu et choix des populations fermières de navets (point bleu clair).

Déroulement prévu du projet BrasExplor

Pour éviter un effet lié à la qualité de la graine, la multiplication de l'ensemble des populations de choux et de navette-navet est réalisée par l'UMR IGEPP sur le domaine de la Motte au Vicomte (Le Rheu). Il est prévu d'étudier environ 100 populations, dont celles précédemment décrites et celles fournies par les différents partenaires (Algérie, Tunisie, Slovaquie, Italie, Espagne) pour chacune des deux espèces. Trente plantes par population, issues des différentes plantes mères, sont obtenues en serre. Elles sont contrôlées par cytométrie en flux, pour s'assurer du nombre de chromosomes, et à l'aide du séquençage d'une région du génome chloroplastique afin de s'assurer de l'identité de l'espèce. La même quantité de feuilles par plante est prélevée pour extraction d'ADN, et le séquençage Illumina (profondeur 50x) est réalisé en collaboration avec le Génomuscope. Dix plantes retenues par population subissent des conditions de vernalisation adaptées à chaque espèce (un mois à 4 °C sans eau et sans lumière pour les choux, et 1 mois à 6 °C, 8 h jour/16 h nuit avec arrosage pour les navets-navettes), puis repiquées sous mini-cages pour la production de graines. Il a été prévu de prélever et de multiplier cent populations par espèce de 2020 à 2022 (2020-2021 : 62 populations de choux et 28 de navets-navettes / 2021-2022 : 18 populations de choux et 89 de navets-navettes).

Les lectures Illumina obtenues pour chaque population seront mappées sur les génomes de référence de chaque espèce (Belser et al., 2018) afin d'identifier l'ensemble des SNPs (UMR IGEPP). Sur cette base, la structure des populations sera précisée et une core collection par espèce

sera identifiée (UMR AGAP). Les données climatiques et celles physico-chimiques du sol seront utilisées, au regard des données de séquençage par des approches de Genomic-Environmental-Association (GEA), pour identifier les gènes ou régions génomiques candidates associées à l'adaptation des plantes à chaque environnement, ce type d'étude ayant été réalisé sur *Medicago* (Burgarella et al., 2016) (UMR AGAP, UMR IGEPP). Une attention particulière sera portée aux données de microbiote pour tenter d'élucider comment la diversité des plantes est corrélée à l'environnement, comme cela a été réalisé sur *Arabidopsis* (Frachon et al., 2018 ; 2019).

Sur l'ensemble des populations (~100 de choux et ~100 de navets-navettes), des analyses de vigueur germinative en conditions de stress (GEVES), de réponses au froid au cours du développement (CREA-GB, Italie) et de comportement au champ seront réalisées. Ces dernières seront effectuées sur les domaines de l'UE la Motte pour les navets-navettes et de l'UE RGCO à Ploudaniel pour les choux, avec un suivi du microbiote (UMR IGEPP). Les core collections serviront de support pour explorer les réponses aux

températures chaudes, en lien avec l'architecture racinaire et la précocité de floraison (INIA, Espagne) et avec l'auto-incompatibilité pollinique (USTHB, Algérie). Les core collections de chaque espèce seront implantées chez l'ensemble des partenaires (ITCMI, INRAA Algérie, INRAT Tunisie, KIS Slovénie, UNIPA, Italie) pour appréhender, sur la base de descripteurs morphologiques communs, l'adaptation aux contraintes climatiques.

Sur la base de ces données, il est prévu de concevoir des populations de pre-breeding adaptées à chaque pays ainsi que la promotion des populations fermières dans chaque pays.

Ce matériel végétal, caractérisé de façon précise dans le cadre du projet BrasExplor, permettra d'enrichir les ressources génétiques disponibles au sein du CRB pour le chou et les navettes-navets. Ce matériel sera une nouvelle source de diversité génétique pertinente pour les programmes d'amélioration de ces deux espèces, mais pourra également être exploité pour l'amélioration du colza face aux changements climatiques et aux divers stress biotiques. ■

Références

- Belser C., Istace B., Denis E., Dubarry M., Baurens F.C., Falentin C., Genete M., Berrabah W., Chèvre A.-M., Delourme R. et al., 2018. Chromosome-scale assemblies of plant genomes using nanopore long reads and optical maps. *Nature Plants* **4** (11): 879-887.
- Burgarella C., Chantret N., Gay L., Prosperi J.M., Bonhomme M., Tiffin P., Young N. D. and Ronfort J., 2016. Adaptation to climate through flowering phenology: a case study in *Medicago truncatula*. *Molecular Ecology* **25**: 3397-3415.
- Cheng F., Sun R., Hou X., Zheng H., Zhang F., Zhang Y., Liu B., Liang J., Zhuang M., Yunxia Liu Y. et al., 2016. Subgenome parallel selection is associated with morphotype diversification and convergent crop domestication in *Brassica rapa* and *Brassica oleracea*. *Nature Genetics* **48**: 1218-1224.
- Frachon L., Bartoli C., Carrere S., Bouchez O., Chaubet A., Gautier M., Roby D. and Roux F., 2018. A Genomic Map of Climate Adaptation in *Arabidopsis thaliana* at a Micro-Geographic Scale. *Frontiers in Plant Sciences*. **9**: 967.
- Frachon L., Mayjonade B., Bartoli C., Hautkèete N.C. and Roux F., 2019. Adaptation to plant communities across the genome of *Arabidopsis thaliana*. *Molecular Biology and Evolution* **7**: 1442-1456.
- Mabry M.E., Turner-Hissong S.D., Gallagher E.Y., McAlvay A.C., Hong An H., Edger P.P., Moore J.D., Pink D.A.C., Teakle G.R., Stevens C.J. et al., 2021. The Evolutionary History of Wild, Domesticated, and Feral *Brassica oleracea* (*Brassicaceae*). *Molecular Biology and Evolution*. **38**(10): 4419-4434.
- McAlvay A.C., Ragsdale A.P., Mabry M.E., Qi X., Bird K.A., Velasco P., An H., Pires J.C. and Emshwiller E., 2021. *Brassica rapa* Domestication: Untangling Wild and Feral Forms and Convergence of Crop Morphotypes. *Molecular Biology and Evolution* **38**(8): 3358-3372.
- Mittell E.A., Cobbold C., Zeeshan Ijaz U., Kilbride A., Moore K.A. and Mable B.K., 2020. Feral populations of *Brassica oleracea* along Atlantic coasts in western Europe. *Ecology and Evolution* **10**: 11810-11825.
- Murat F., Louis A., Maumus F., Armero A., Cooke R., Quesneville H., Roest Crollius H. and Salse J., 2015. Understanding *Brassicaceae* evolution through ancestral genome reconstruction. *Genome Biology* **16**: 262.
- Qi X., An H., Ragsdale A.P., Hall T.E., Gutenkunst R.N., Pires J.C. and Barker M.S., 2017. Genomic inferences of domestication events are corroborated by written records in *Brassica rapa*. *Molecular Ecology* **100**: 1-16.
- Snogerup S., 1980. The wild forms of *Brassica oleracea* Group (2n=18) and their possible relations to the cultivated ones. Dans *Brassica crops and wild allies*. Edition Japan Scientific Societies Press, Tokyo.
- Nagaharu U., 1935. Genome analysis in *Brassica* with special reference to the experimental formation of *B. napus* and peculiar mode of fertilization. *Japanese Journal of Botany*. **7**: 389-452.



Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY-SA). <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>

Pour la citation et la reproduction de cet article, mentionner obligatoirement le titre de l'article, le nom de tous les auteurs, la mention de sa publication dans la revue « NOV'AE », la date de sa publication et son URL.