

# Des progrès majeurs dans le séquençage du génome de plusieurs plantes commerciales (blé tendre, colza, agrumes)

5 septembre 2014

Plusieurs plantes commerciales ont récemment vu leur génome séquencé, ce qui ouvre la voie à d'importantes avancées en amélioration génétique. Les travaux concernent le blé tendre et le colza, aux génomes quatre à cinq fois plus grands que celui de l'Homme, ainsi qu'une dizaine d'agrumes.

Tout d'abord, l'Inra de Clermont-Ferrand, *leader* au sein du Consortium International de Séquençage du Génome du Blé (IWGSC), vient de déchiffrer la première séquence de référence du chromosome 3B du blé tendre. Une première ébauche du génome complet de cette céréale est donc désormais disponible. Ce résultat a nécessité « la mise au point d'une stratégie originale de séquençage, le développement d'outils bioinformatiques et l'identification de plusieurs dizaines de milliers de marqueurs moléculaires ». Publié dans la revue [Science](#), ce travail devrait permettre d'identifier des caractères d'intérêt (résistance aux bio-agresseurs, à la sécheresse, amélioration des rendements, etc.). Le Consortium souhaite maintenant terminer le séquençage des 20 autres chromosomes dans les trois ans qui viennent.

Le même type de travaux a été mené sur le colza, par un consortium international d'une trentaine d'instituts de recherche, piloté par l'Inra et le CEA (Genoscope) : ils ont permis de déterminer la séquence de référence du génome complet du colza, ainsi que celle d'une collection de variétés représentant la diversité de cette espèce. La grande majorité des gènes du colza étant dupliqués, les chercheurs ont également pu étudier le « dialogue » entre ces gènes : ils suggèrent que ces derniers peuvent servir de « réservoir important de diversification, d'adaptation et d'amélioration ». Comme précédemment, ces travaux, publiés dans [Science](#), pourraient déboucher sur d'importantes améliorations génétiques (teneur et composition en huile, résistance à des pathogènes, tolérance au froid, etc.).

Enfin, une équipe internationale a séquencé le génome d'une dizaine d'agrumes (oranges, mandarines, pamplemousses, etc.). Ces travaux ont révélé l'histoire de la domestication des agrumes et les liens entre les différentes espèces. Ils ont également démontré leur faible diversité génétique, ce qui pourrait menacer leur survie face aux maladies (ex : maladie du Dragon jaune). Ce travail souligne ainsi la nécessité de créer de nouveaux types d'agrumes permettant de mieux résister aux stress et aux bio-agresseurs.

Noémie Schaller, Centre d'études et de prospective

Sources :

Blé tendre : [Inra](#)

Colza : [Inra](#)

Agumes : [Nature biotechnology](#)