

Séquençage du génome entier de la féverole

3 mai 2023

Une équipe de recherche internationale, à laquelle Inrae a participé, est parvenue à séquencer l'intégralité du génome de la féverole. Ce travail constituait un réel défi en raison de la grande complexité de ce génome : 13 milliards de bases nucléiques (soit 4 fois plus que dans le génome humain), réparties sur 6 chromosomes. Ce séquençage rend possible l'identification de gènes d'intérêt et ouvre des perspectives aux sélectionneurs pour trouver de nouvelles variétés de cette légumineuse à haut potentiel agronomique, écosystémique et nutritif.

Source : [Nature](#)