

Les grandes avancées scientifiques liées au séquençage massif des génomes végétaux.

S. Hamon

UMR DIADE, Centre IRD de Montpellier, 911 Avenue Agropolis, F34394, Montpellier, France.

Les nouvelles techniques de biologie moléculaire, apparues au cours des années 1980, ont généré une véritable révolution dans la manière d'appréhender la diversité des espèces végétales. En effet, il sera désormais possible, via le séquençage, de connaître l'ordonnement précis et sur de grandes longueurs des bases de l'ADN.

Les deux premiers génomes de plante séquencés, seront respectivement celui de l'arabette (*Arabidopsis thaliana*), en 2000, puis celui du riz (*Oryza sativa*), en 2005. Ces deux projets n'aboutiront que grâce à la constitution de consortiums internationaux où chaque pays participant se verra confier le séquençage d'un chromosome particulier. En revanche, l'utilisation des résultats produits va conduire à une avancée extraordinaire dans la connaissance de la structure et du fonctionnement des génomes.

Mais, très rapidement, les informations obtenues avec ces deux espèces modèles séquencées, une monocotylédone et une dicotylédone, ne vont plus suffire à la communauté scientifique. Chaque groupe de chercheurs travaillant sur une espèce particulière, essayera, avec les collègues des autres pays, d'identifier au moins une espèce à séquencer au sein de chaque famille végétale d'importance économique. Par exemple pour les Solanacées ce sera la tomate, le peuplier pour les arbres.

Mais, subitement, à la fin des années 2000, les techniques vont franchir une nouvelle étape avec plus d'efficacité et d'automatisation. Elles vont permettre de séquencer des fragments d'ADN de plus en plus longs à des coûts de plus en plus faibles. Certes, les niveaux de résolution et de qualité seront variables, mais ils permettront néanmoins d'élargir le panorama des possibilités. En parallèle, les techniques de stockage, d'analyse et de comparaison des séquences vont progresser repoussant ainsi très loin les capacités d'analyses. Une nouvelle discipline va émerger : la bio-analyse couplée à la bioinformatique.

Les chercheurs vont en effet pouvoir, au fur et à mesure qu'une nouvelle espèce sera séquencée, comparer les nouvelles séquences obtenues avec l'ensemble des séquences publiées auparavant. En effet, pour qu'une publication soit acceptée, les séquences devront désormais être déposées dans une base de données gratuite et accessible à tous.

À partir de là, les avancées vont être fulgurantes. Désormais, au sein même d'un genre botanique donné, voire d'une espèce, les équipes peuvent, à moindre coût, séquencer les espèces sauvages apparentées aux espèces cultivées mais aussi des centaines de variétés de la même espèce. Des précisions inattendues sur l'origine des espèces vont être mises en évidence ainsi que des éléments clé sur la diversité des formes cultivées.

Des éléments novateurs sur les éléments transposables vont être découverts de même qu'un concept totalement inattendu qui est celui de génome minimum commun partagé. Les scientifiques vont en effet démontrer qu'une espèce cultivée, comme le maïs, peut n'avoir, entre ces différentes variétés, en commun qu'un nombre relativement limité de gènes.

Au cours de cette conférence, nous proposerons un panorama des principales avancées qui ont été obtenues, ces dernières années, via le séquençage massif des génomes. Nous tenterons, tout en étant accessible à un large public, d'en extraire les points focaux majeurs, les conséquences théoriques mais aussi appliquées pour l'agriculture et les biotechnologies associées.