

Paléogénomique des Plantes pour l'amélioration variétale

Contact scientifique :

Jérôme SALSE

tél. : 04 73 62 43 80

jsalse@clermont.inra.fr

centre INRA de Clermont-Ferrand-Theix

Les recherches menées au sein de l'équipe visent à reconstruire l'histoire évolutive des plantes au cours de 150 millions d'années d'évolution. Nous avons montré que près de 10 000 gènes ancestraux sont à l'origine des plantes modernes. Nous avons décodé le mécanisme évolutif qui a permis l'apparition de nouvelles espèces végétales, et leur adaptation à leur environnement. Ces résultats fournissent de nouvelles connaissances permettant de mieux comprendre l'évolution des espèces mais délivrent aussi des outils pour améliorer certains caractères agronomiques importants tels que le rendement.

Les données acquises ces 20 dernières années ont permis d'améliorer la compréhension de l'organisation des génomes (ensemble des gènes) des plantes. A ce jour, les génomes de 12 espèces ont été totalement ou partiellement séquencés : le riz, le maïs, le sorgho, le brome, la vigne, l'arabette, le peuplier, la papaye, la luzerne, le soja, le pommier, le concombre. Ces différents génomes contiennent de 25 500 à 46 500 gènes pour un nombre de chromosomes allant de 5 à 20. Les recherches menées au sein de l'équipe de l'INRA visent à comprendre comment les génomes de ces espèces se sont constitués au cours du temps.

Les duplications génomiques ont joué un rôle majeur dans l'adaptation des plantes

Le doublement du contenu chromosomique joue un rôle majeur dans l'évolution des plantes, car il constitue un mécanisme important de diversification et de variabilité des gènes, permettant notamment l'adaptation des plantes à leur environnement. La majorité des plantes, y compris celles cultivées à l'heure actuelle, ont connu des événements de duplication de leur génome relativement récemment (c'est-à-dire quelques millions d'années pour le maïs, le soja, le pommier, le peuplier, l'arabette), ou conservent des "vestiges" d'événements de duplication plus anciens (c'est-à-dire plusieurs dizaines de millions d'années pour le riz, le brome, la vigne, la papaye et le sorgho). La comparaison de ces génomes a mis en évidence leur ancêtre commun ainsi que les mécanismes ayant donné naissance aux plantes modernes.

Toutes les plantes sont issues d'un ancêtre à 5 ou 7 chromosomes

Nous avons ainsi modélisé le génome des ancêtres disparus des plantes à fleur et montré qu'elles dérivent d'un ancêtre commun porteur de près de 10 000 gènes fondateurs. Les monocotylédones dérivent d'un ancêtre à 5 chromosomes et les dicotylédones sont issues d'un ancêtre à 7 chromosomes. Nous avons également identifié et analysé les duplications génomiques conservées entre les génomes de différentes espèces de plantes, c'est-à-dire les paléo-duplications. Nous avons ainsi pu montrer que sept duplications sont communes à ces différentes espèces. La datation de ces duplications ancestrales suggère qu'elles ont

pu avoir lieu en réponse à la phase d'extinction majeure des espèces vivantes lors de la transition tertiaire/crétacée, il y a 65 millions d'années.

Contact scientifique :

Jérôme SALSE

tél. : 04 73 62 43 80

jsalse@clermont.inra.fr

Equipe 'Paléogénomique des Plantes pour l'Amélioration Variétale'

Unité mixte de recherche « Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales »

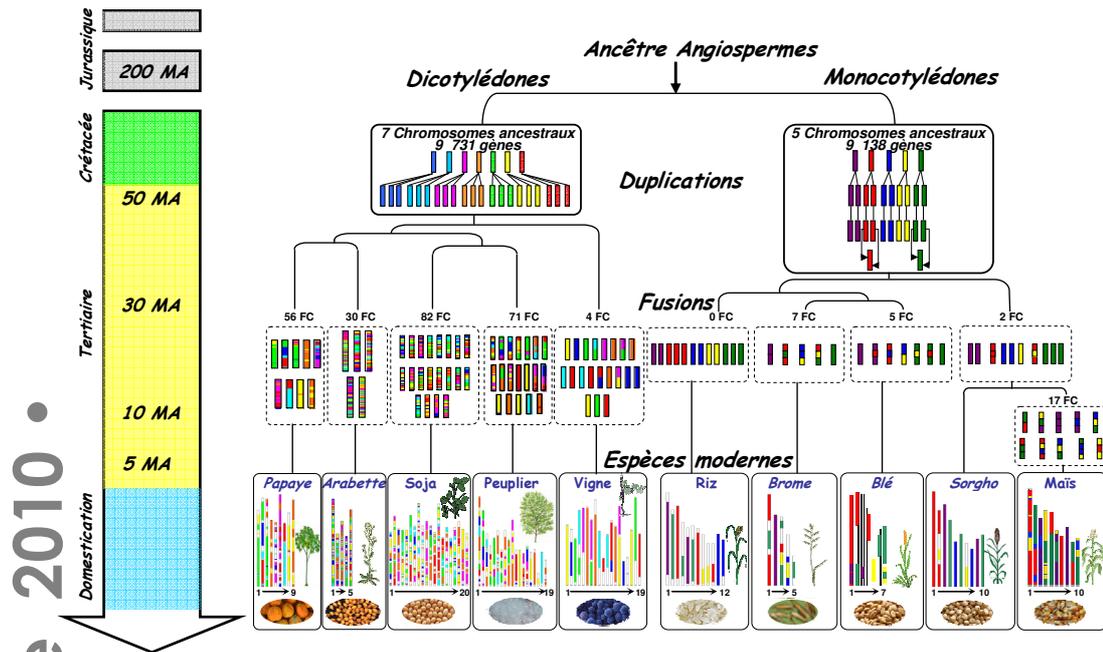
Département « Génétique et amélioration des plantes »

Centre INRA de Clermont-Ferrand-Theix.

La fusion de chromosomes ancestraux est à l'origine des différentes espèces végétales modernes

Les duplications de chromosomes ont été suivies de fusions entre ceux-ci et de réarrangements. Les génomes de plantes modernes apparaissent ainsi comme une mosaïque des chromosomes ancestraux. Les travaux de l'équipe de Clermont-Ferrand ont permis de démontrer que l'apparition de nouvelles espèces de plantes était liée à des fusions de chromosomes et que chaque espèce pouvait être associée à un nombre de fusions chromosomiques distinct. Ces connaissances permettent d'identifier avec précision les régions qui portent des gènes ayant une origine commune, au sein des génomes de riz, maïs, sorgho, brome, vigne, arabette, peuplier, papaye, luzerne, soja, pommier et concombre.. Elles permettent de rechercher de façon plus efficace les gènes impliqués dans les caractères d'intérêt agronomique dans les espèces dont le génome n'est pas encore séquencé, et d'en étudier la fonction permettant une meilleure exploitation en amélioration variétale.

Modèle évolutif des génomes de plantes à partir de leur ancêtre fondateur



• décembre 2010 •

Références :

Abrouk M, Murat F, Pont C, Messing J, Jackson S, Faraut T, Tannier E, Plomion C, Cooke R, Feuillet C, Salse J (2010) Paleogenomics of Plants: Modern Species Synteny-Based Modelling of Extinct Ancestors. **Trends in Plant Science**. 15(9):479-87

Murat F, Xu JH, Tannier E, Abrouk M, Guilhot N, Pont C, Messing J, Salse J (2010) Ancestral Grass Karyotype Reconstruction Unravels New Mechanisms of Genome Shuffling as a Source of Plant Evolution. **Genome research**. 20(11):1545-1557.

Retrouvez cette information sur www.inra.fr/presse