

ACCÉLÉRATION DES PROGRAMMES D'AMÉLIORATION DES PLANTES
GRÂCE A LA GÉNOMIQUE
Séance du 19 janvier 2022

ACCÉLÉRATION DES PROGRAMMES D'AMÉLIORATION
DES PLANTES GRÂCE À LA GÉNOMIQUE

Séance co-organisée par les sections 1 (productions végétales)
et 2 (forêts et filière bois)

INTRODUCTION

par **Mathilde CAUSSE**¹

Les principes de la cartographie génétique de gènes et de locus contrôlant des caractères quantitatifs (QTL) ont été établis depuis longtemps, mais c'est à partir des années 80 que les premiers marqueurs moléculaires ont été identifiés chez les plantes. Longtemps le séquençage de génomes entiers a été fastidieux et très coûteux, mais avec les nouvelles techniques de séquençage apparues vers 2006, qui permettent le séquençage de courts fragments d'ADN avec un débit très important, le coût des techniques n'a cessé de décroître et le débit d'augmenter permettant de disposer du génome d'un très grand nombre d'espèces végétales en quelques années. Dans les dernières années, les techniques ont évolué vers le séquençage de plus longs fragments augmentant la qualité des génomes assemblés. Ces techniques ont très vite permis le reséquençage d'individus et la découverte de millions de marqueurs (polymorphismes de la séquence, SNP ou insertion-délétions). Des « pangénomes » sont désormais construits (voir la séance du 13 avril).

Ces marqueurs ont permis de nombreuses applications, que ce soit dans l'exploration de la diversité des espèces, la comparaison de génomes plus ou moins proches.

Ils ont permis la découverte de QTL ou directement des polymorphismes contrôlant la variation d'un grand nombre de caractères d'intérêt. Leur usage s'est rapidement étendu à l'amélioration des plantes, avec la sélection assistée par marqueurs pour l'introgession de quelques gènes puis avec la sélection génomique qui prend en compte l'ensemble de l'information du génome pour prédire la valeur d'individus non caractérisés. C'est une nouvelle révolution qui se joue dans l'organisation de la sélection et que les exposés de **Laurence Moreau** sur le maïs et **Leopoldo Sanchez** sur les arbres forestiers vont illustrer. Enfin l'exposé de **Jérôme Salse** montrera comment la génomique permet de nouvelles avancées pour une espèce emblématique de notre alimentation, le blé.

¹ Membre correspondant de l'Académie d'agriculture, Directrice de recherche INRA, Unité de recherche génétique et amélioration des fruits et légumes.