

**Les apports des nouvelles  
technologies de l'amélioration des  
plantes  
pour répondre aux défis de  
l'agriculture**

*André Gallais*

## But de l'amélioration des plantes

*Du point de vue génétique, il s'agit de réunir le maximum de gènes « favorables » dans un même génotype ou groupes de génotypes, la variété*



# Evolution des outils

- Au début de l'amélioration des plantes raisonnée :

cycles de **Sélection sur le phénotype** (ce qui se voit)  
+ **croisement** pour réunir des gènes dispersés dans  
différentes plantes et à nouveau sélection, croisement...  
**Fixation par autofécondation**

- Apparition de nouveaux outils

. pour apprécier la valeur d'un grand nombre de plantes sur  
différents caractères : **le phénotypage haut débit**

. pour approcher le niveau des gènes :

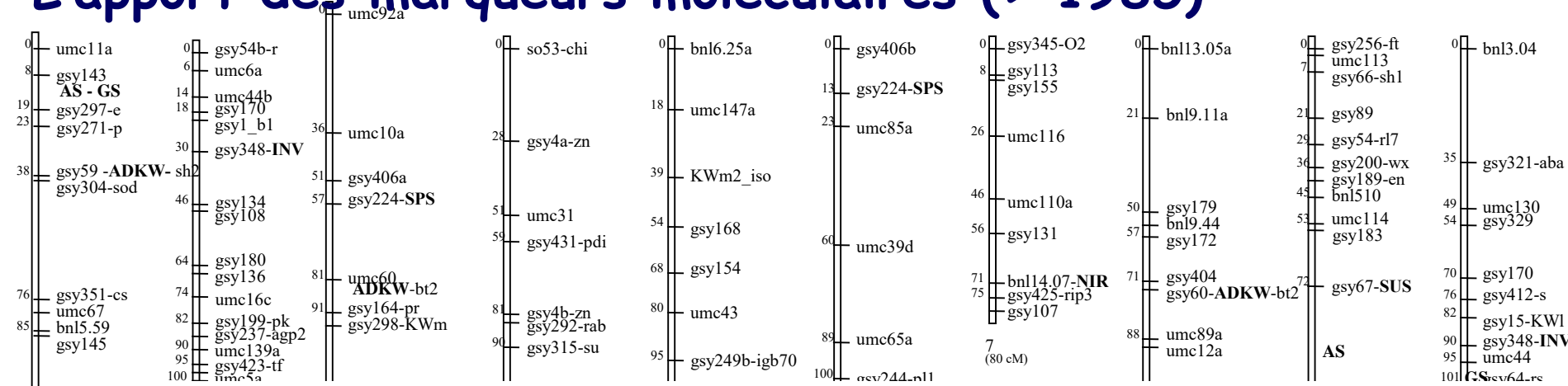
**les marqueurs moléculaires = la sélection assistée par  
marqueurs, la sélection génomique**

. pour apporter de nouveaux gènes ou allèles ou faciliter leur  
transfert

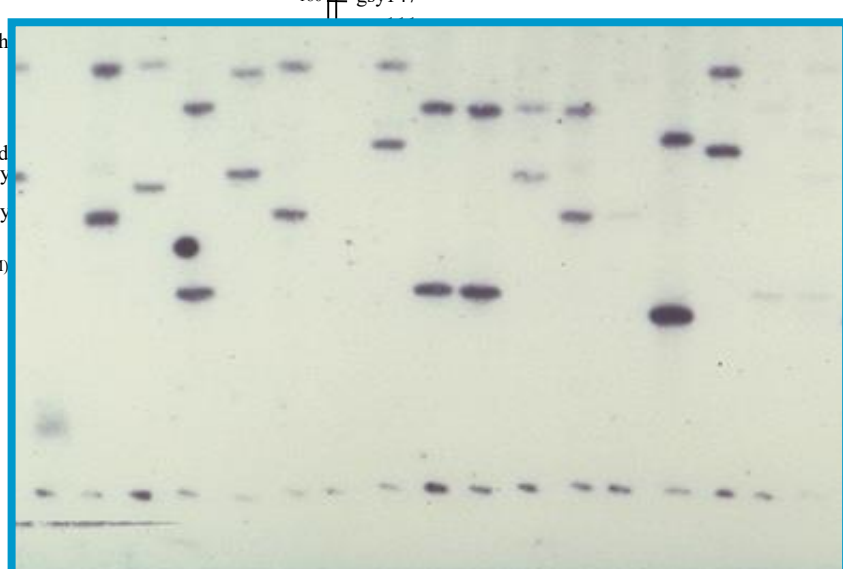
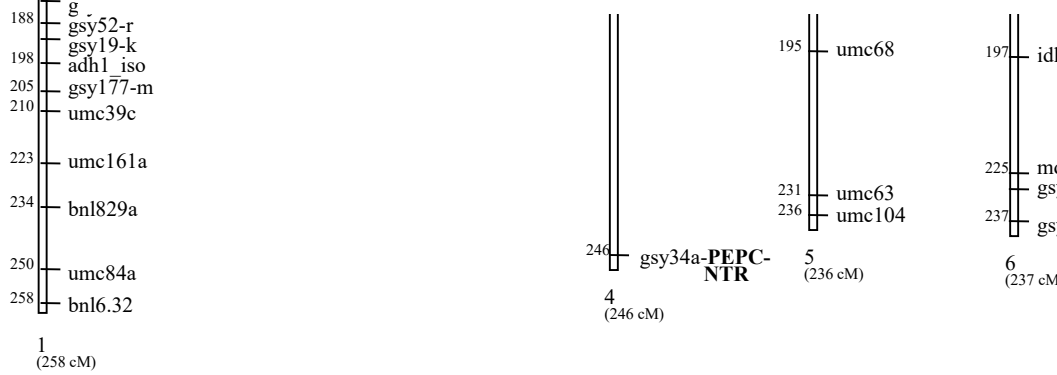
**la transgénèse**

**l'édition du génome : mutagénèse dirigée, édition  
d'allèles**

# L'apport des marqueurs moléculaires (> 1985)

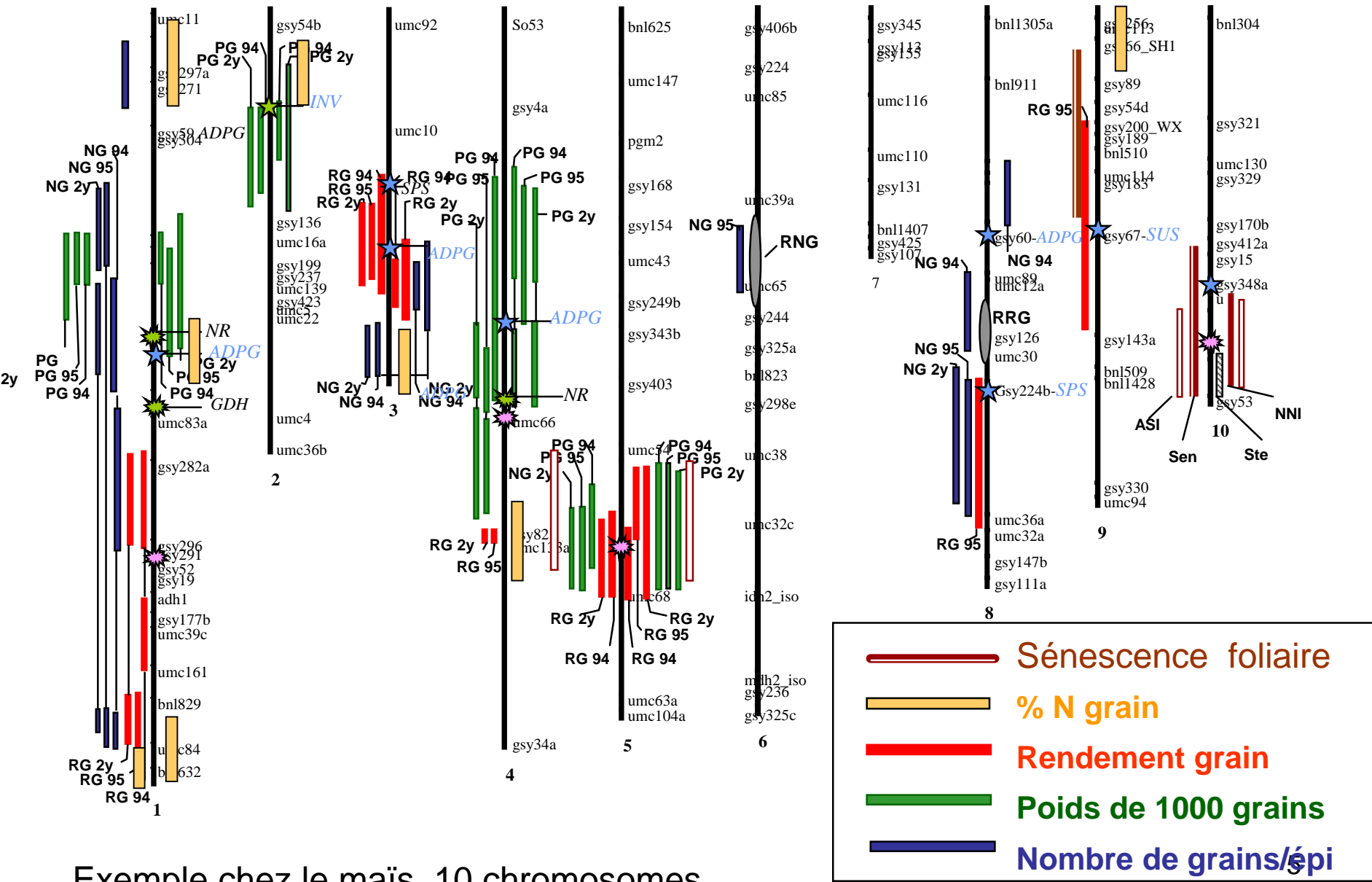


*Les marqueurs moléculaires sont assimilables à des étiquettes en grand nombre sur la molécule d'ADN et qui ségrègent comme des gènes. L'étude de leur liaison avec des caractères qualitatifs ou quantitatifs permet de « marquer » des gènes ou d'identifier des zones chromosomiques intervenant dans la variation des caractères.*



Une carte génétique du maïs établie à partir de 145 marqueurs (10 chromosomes)

# Utilisation des marqueurs moléculaires : la détection de zones chromosomiques favorables à partir d'un croisement,



Exemple chez le maïs, 10 chromosomes

# L'utilisation des marqueurs moléculaires en sélection

Apport pour le sélectionneur, les marqueurs permettent :

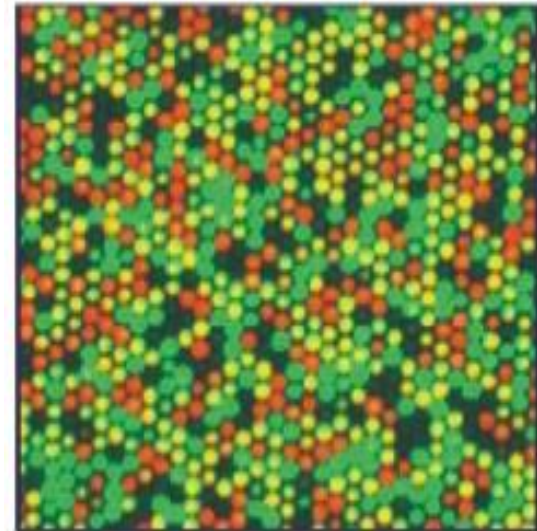
- . la lecture directe de la valeur des génotypes **sans évaluation phénotypique** (les gènes ou les fragments chromosomiques sont marqués)
- . l'identification des recombinaisons

## La Sélection Assistée par Marqueurs

- . Transfert par rétrocroisement de gènes bien identifiés et de fragments chromosomiques favorables
- . **Sélection génomique**  
avec le marquage dense du génome,  
utilise tous les effets des gènes

**Gain de temps et meilleure utilisation de la variabilité génétique**

Exemple d'une puce à ADN

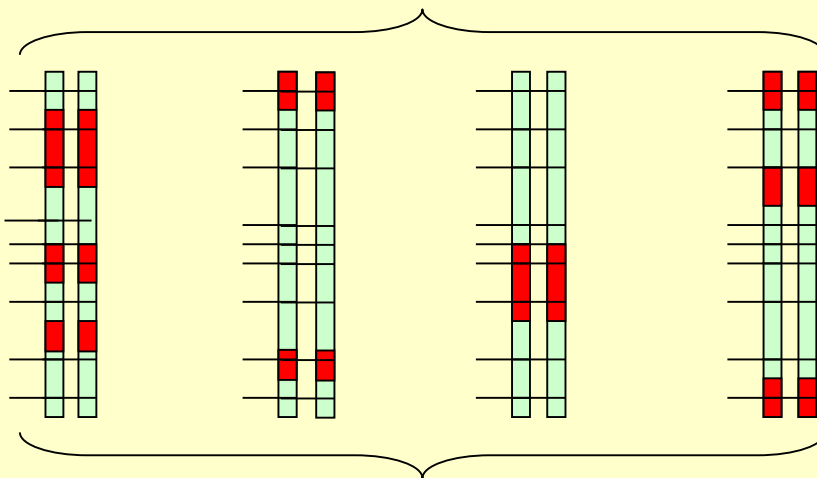


# La sélection assistée par marqueurs pour l'association de segments chromosomiques favorables

Marquage moléculaire

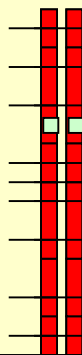
Evaluation des performances

Détection des zones chromosomiques impliquées



lignées de départ,  
complémentaires  
pour 9 segments  
chromosomiques  
favorables

3 cycles de sélection sur les marqueurs



Nouvelle lignée améliorée

Bilan : Gain de temps, pas  
d'évaluation phénotypique



## 2. La transgénèse (>1983)

Définition de la transgénèse :

« insertion d'un gène dans un génome hors de la reproduction sexuée »

**Insertion aléatoire** par *Agrobacterium* ou biolistique (canon à particules) ; aujourd'hui, **dirigée** par édition du génome

Intérêt

- **nouvelle variabilité génétique**  
exemple : la résistance aux insectes
- **gain de temps dans la sélection**  
exemple : blé Renan
- **transfert limité aux gènes d'intérêt**

Interdite en Europe (sauf Espagne, Portugal, Slovaquie, limitée au maïs Bt)

La transgénèse, phénomène naturel



Résistance transgénétique à la pyrale chez le maïs





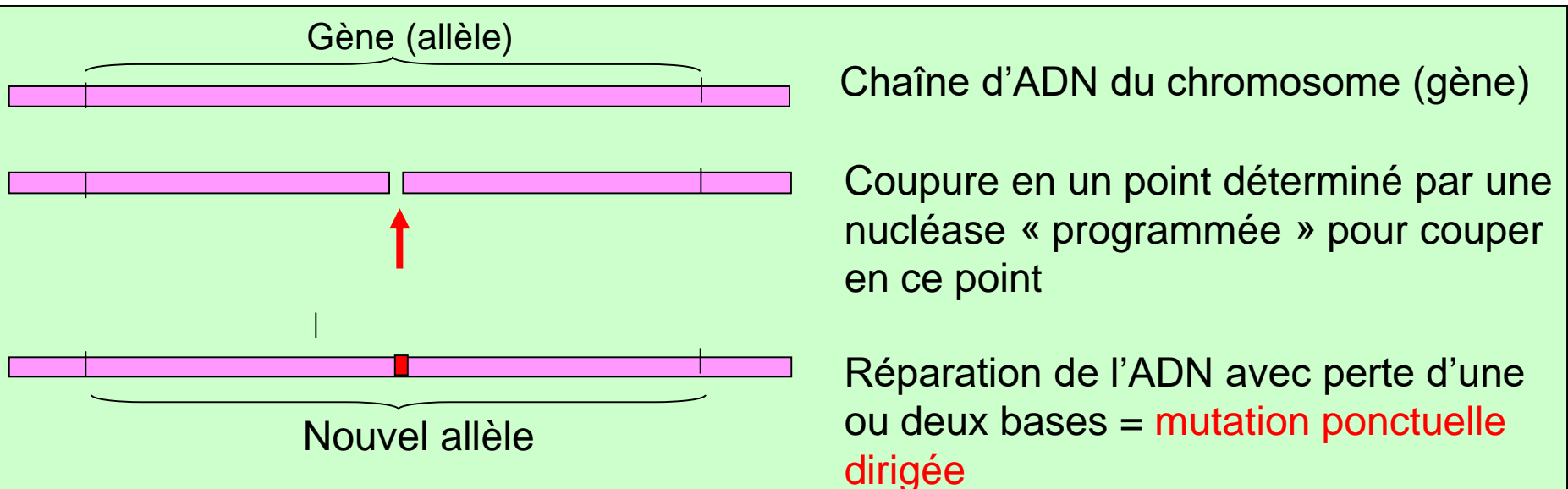
### 3. L'édition du génome

Depuis les années 1995, maîtrise de la coupure de la chaîne d'ADN en un point déterminé à l'avance

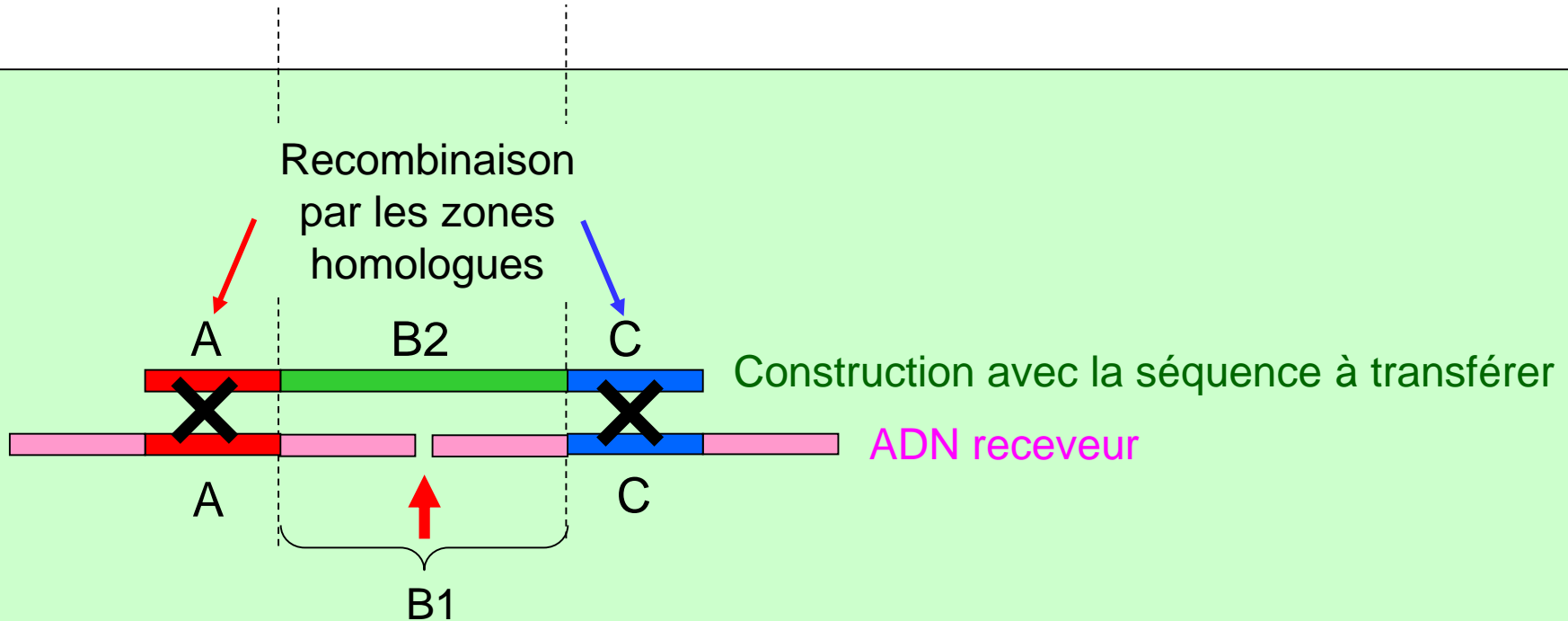
Trois applications

- la mutagenèse dirigée
- le remplacement d'une séquence d'ADN par une autre
- la transgénèse dirigée.

#### La mutagenèse dirigée



## Maîtrise du remplacement d'une séquence d'ADN (B1) par une autre (B2) ou d'un allèle par un autre



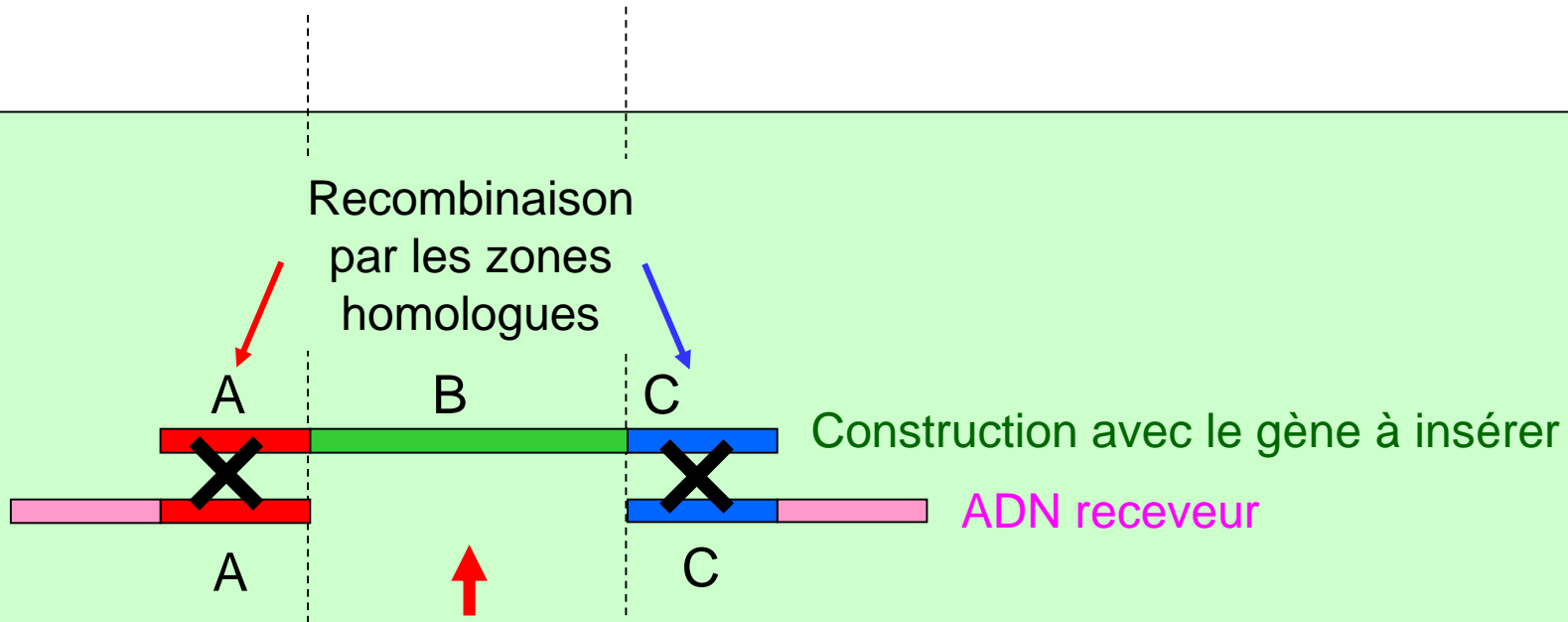
B1 est la séquence d'ADN à éliminer, B2 la séquence à transférer.

La flèche représente le point de coupure par l'enzyme (nucléase).

A et C sont des séquences situées de part et d'autre de la séquence, homologues de séquences de l'ADN receveur

Solution à tous les problèmes du rétrocroisement pour le transfert d'un allèle : précision, rapidité, nouvelle variation... ex : pommier, vigne

# Maîtrise de l'insertion par transgénèse



B est le gène à insérer.

La flèche représente le point de coupure par l'enzyme (nucléase).

A et C sont des séquences situées de part et d'autre du gène à insérer (homologues des séquences situées de part et d'autre du point de coupure).

= Transgénèse précise

# Quelques exemples

## La création de variétés résistantes aux maladies. Quoi de neuf ?

Maladies : perte de production, fongicides : risques pour l'environnement et la santé. Résistances non durables. Nouvelles maladies ou nouvelles souches avec le changement climatique.

### Apports des nouveaux outils :

Transfert plus rapide et plus précis des allèles de résistance

ex : pommier (tavelure), vigne (mildiou + oïdium)

Construction de résistances durables

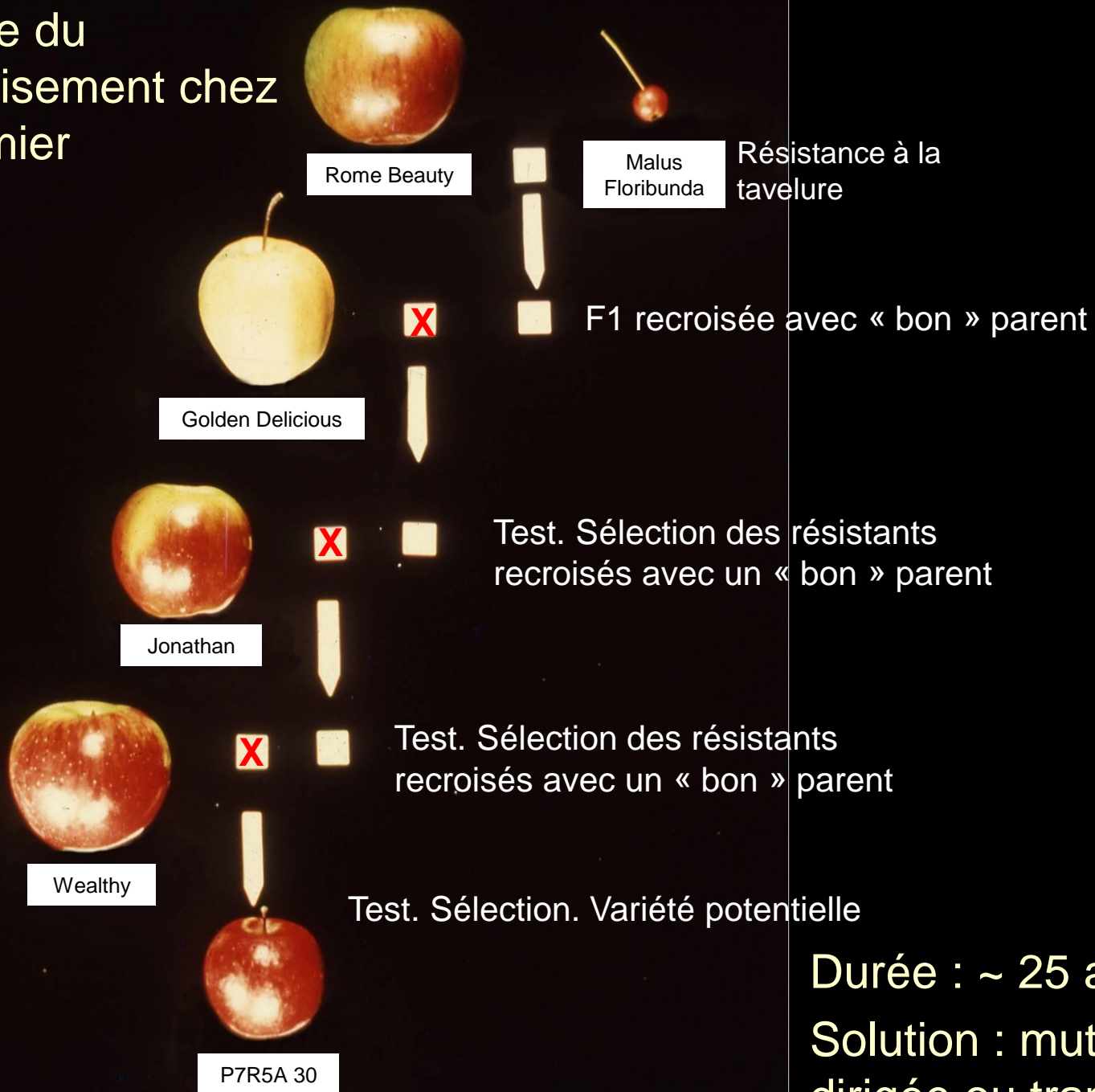
- association d'allèles de résistance à différentes souches du pathogène par édition du génome (multiplexage)
- développement de résistances polygéniques par les marqueurs moléculaires et l'édition du génome

Création de variétés multirésistantes

Obtention de nouvelles sources de résistance

- la résistance à certains virus (ex papaye, sharka) par transgénèse
- la résistance à l'oïdium du blé par édition génomique

# Exemple du rétrocroisement chez le pommier

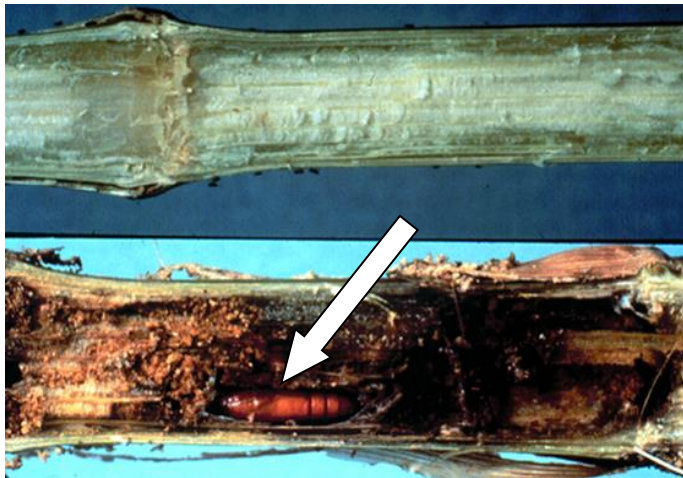


Durée : ~ 25 ans  
Solution : mutagenèse dirigée ou transgénèse

# La création de variétés résistantes aux insectes

## Apport de la transgénèse

Gènes de *Bacillus thuringiensis* (Bt) : différentes toxines  
toxines à **effets spécifiques** (faune non cible respectée /  
insecticides)  
variétés Bt **protégées pendant toute la vie de la vie de la plante**  
chez le maïs : **qualité sanitaire** plus grande car bp moins  
de mycotoxines dues à des fusarium



14  
fusarium

## La tolérance à la sécheresse

Importance avec le changement climatique, le coût de l'eau..

Les méthodes « classiques » : il y a eu progrès, mais limite aujourd'hui

Apports des nouveaux outils chez le maïs

**Phénotypage haut débit + Marqueurs moléculaires** (CIMMYT) cumul de segments chromosomiques favorables

**Apport de la transgénèse** (ex gène codant une HSP, protéine chaperonne de l'ARN, l'ARN ne se replie pas, la synthèse des protéines continue)

**Apport de l'édition génomique** (ex gène ARGOS8, impliqué dans la sensibilité à l'éthylène)

Faibles progrès à chaque fois (3-5 % de rendement en plus en non-irrigué), mais caractère complexe, il faut cumuler différentes sources d'amélioration

A moyen terme transformation par **biologie de synthèse** (transgénèse) des plantes à **photosynthèse en C3** (blé, betterave) en **photosynthèse en C4** (maïs, sorgho) plus économes en eau



## Autres caractères :

- **Absorption et valorisation de l'azote** : Il y a eu progrès chez les variétés modernes. Mais, il faut progresser plus.

Les gènes et les enzymes impliqués dans le **métabolisme azoté** sont bien connus. Amélioration par sélection assistée par marqueurs. Modification par transgénèse et biologie de synthèse. Chez le colza au stade expérimental (modification l'alanine amino-transférase) ; chez le blé, le maïs (ANR, GS).

A moyen terme : **utilisation de la fixation non-symbiotique** par l'utilisation des interactions bactéries du sol x génotype. Tx chez le blé montrent des possibilités de sélection (40 à 60 kg N/ha). Utilisation possible des marqueurs moléculaires.

- **Modification du métabolisme de la photosynthèse, à moyen terme** par la biologie de synthèse (et transgénèse) pour limiter les pertes de CO<sub>2</sub> par photorespiration (nouvelles chaînes métaboliques). **Intérêt pour le rendement et l'économie de l'eau.**

# Bilan de l'apport des nouveaux outils de l'amélioration des plantes

Puissance des nouveaux outils (SAM, transgénèse, édition génomique)

Gain de temps (réponse plus rapide à la demande)

Gain de précision

Meilleure utilisation de la variabilité génétique, nouveaux caractères

Sélection de plus en plus basée sur le génotype (de moins en moins statistique, « aveugle »). Nouvelle ère de l'amélioration des plantes : intégration des biotechnologies dans les schémas de sélection conventionnelle

Meilleure réponse aux attentes des agriculteurs et de la société. Outils pour une meilleure contribution de l'amélioration des plantes à une agriculture durable et répondre au changement climatique

Encore faut-il pouvoir utiliser tous les outils. Aspect réglementaire