

LA GÉNOMIQUE TRANSLATIONNELLE POUR L'AMÉLIORATION DU BLÉ

par Jérôme **SALSE**¹

L'accès à la séquence des génomes de plantes permet de mener des travaux de paléogénomique qui vise à comprendre l'évolution des espèces modernes grâce au décryptage du génome de leurs ancêtres disparus. D'un point de vue fondamental l'accès aux génomes ancestraux des espèces modernes permet de mettre en évidence les mécanismes moléculaires ayant participé à leur diversification et à leur adaptation au cours de leur évolution. D'un point de vue de la recherche finalisée, les travaux de paléogénomique permettent de faire des ponts entre les génomes de plantes modernes et ainsi de transférer les connaissances acquises sur la fonction biologiques des gènes des modèles aux espèces d'intérêt agronomique, afin qu'une innovation appliquée obtenue chez une espèce puisse bénéficier efficacement à toutes les espèces pour lesquelles le caractère phénotypique ou 'Trait' impacté est d'intérêt pour les filières, on parle de recherche translationnelle.



Jérôme Salse est directeur de recherche à INRAE. Il dirige l'UMR Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales. Ses recherches portent sur l'évolution des génomes des plantes en paléogénomique : de la reconstruction des génomes d'ancêtres disparus à l'amélioration d'espèces modernes, et en particulier sur le blé. Il est auteur d'un grand nombre de publications dans des revues prestigieuses.

¹ UMR GDEC, Clermont Ferrand