Arabidopsis thaliana,

13

le premier modèle pour l'étude des végétaux



Les plantes, source de l'oxygène vital avec le plancton et premier maillon des chaînes alimentaires, ont un rôle primordial dans la vie sur Terre ; elles constituent en outre la principale source de l'alimentation humaine.

Déterminer l'ensemble des mécanismes qui permettent à une plante de germer, de se développer et de se reproduire est donc un enjeu considérable sur le plan scientifique, mais aussi et surtout d'un point de vue écologique et économique. Pour comprendre ces mécanismes, il importe de faire l'inventaire de la totalité des instructions ou gènes nécessaires à une plante. La seule méthode générale pour établir ce catalogue (dont on sait aujourd'hui qu'il contient environ 26 000 gènes) est de séquencer le génome complet de la plante.

Malgré leur extrême diversité apparente, les plantes utilisent en grande partie les mêmes fonctions, codées par des gènes semblables d'une espèce à une autre. Les connaissances acquises sur une plante modèle peuvent donc être transposées aux plantes de grande culture, avec d'autant plus de succès qu'elles sont proches du modèle.

La première plante modèle choisie par la communauté internationale pour l'inventaire des gènes végétaux est une petite crucifère, cousine du colza et du chou, l'arabette (*Arabidopsis thaliana*). Elle ne possède aucune qualité agronomique, mais son génome de 125 millions de nucléotides est très compact, comparé à ceux du maïs ou du blé, respectivement 20 et 160 fois plus grands. Par ailleurs, *A. thaliana* est parfaitement adaptée au travail de laboratoire : elle est si petite qu'elle peut être cultivée en tube à essais, et une seule plante peut donner en quelques semaines plusieurs dizaines de milliers de graines.

Le séquençage des cinq chromosomes d'*A. thaliana*, commencé en 1996 et achevé à la fin de l'année 2000, a reposé sur une collaboration internationale de laboratoires publics. La contribution du Genoscope a été double : d'une part, nous avons séquencé des petites portions d'ADN réparties tout au long du génome, qui ont servi de balises pour le séquençage complet ; d'autre part, nous avons coordonné un programme européen rassemblant 16 laboratoires pour le séquençage de la moitié du chromosome 3, soit 10% environ du génome.

La séquence d'*A. thaliana* a d'ores et déjà livré des informations fascinantes sur les génomes végétaux, les duplications qui les façonnent et leurs différences avec ceux des animaux. Toutefois, l'inventaire des gènes de l'arabette peut encore être amélioré par le séquençage d'ADN complémentaires (ADNc), copies des ARN messagers issus de la transcription des gènes de la plante *(voir la fiche* ADN complémentaires*)*. Le Genoscope, en collaboration avec l'Unité de Recherche en Génomique Végétale à Evry (INRA) et la société Invitrogen, est engagé dans l'un des trois programmes actuels de séquençage d'ADNc d'*A. thaliana*. A terme, ce programme devrait donner accès à 9 000 gènes, dont 3 000 "nouveaux gènes", pour lesquels les indices étaient absents ou insuffisants. Le Genoscope utilise également des comparaisons entre le génome de l'arabette et celui du riz pour évaluer et améliorer l'annotation des séquences de ces deux génomes *(voir la fiche* Comparer les génomes*)*.