Le génome du riz,

14

un sésame pour ceux des autres céréales

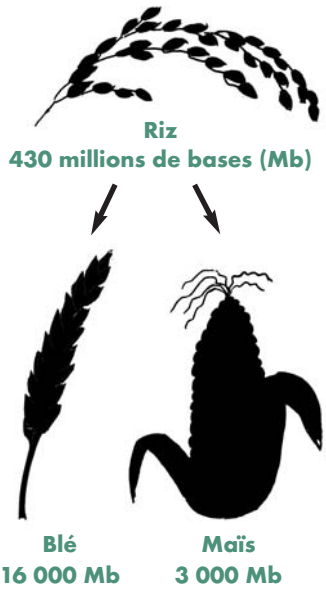


Riz, blé, orge, maïs, sorgho, millet, canne à sucre, ... : depuis la révolution néolithique, les céréales constituent une part essentielle de l'alimentation humaine. Durant des milliers d'années, l'homme a réassorti par sélection les gènes de ces graminées pour créer les variétés domestiques que nous connaissons. Les enjeux agronomiques actuels nécessitent une nouvelle révolution : le séquençage du génome d'une céréale et l'inventaire de ses gènes. Avec ces informations, l'on peut accéder à quantité de nouveaux marqueurs chromosomiques pour assister la sélection, identifier facilement des gènes candidats pour tel ou tel caractère agronomique cartographié sur le génome, et constituer des "puces à ADN" pour l'analyse globale de l'expression des gènes de la céréale dans différentes conditions.

De toutes les céréales, le riz possède le plus petit génome : 430 millions de nucléotides. Le génome du maïs est 5 fois plus gros, et celui du blé, 40 fois plus gros ! Or on retrouve d'une céréale à une autre de grands blocs de gènes homologues dont l'arrangement est relativement conservé. Le riz est donc un bon point d'entrée pour caractériser les gènes des céréales, et les associer à tel ou tel trait agronomique. Plus largement, il sert de génome modèle pour l'un des deux groupes de plantes à fleurs, les monocotylédones, tout comme l'arabette (voir la fiche *Arabidopsis thaliana*) pour l'autre grand groupe, les dicotylédones.

Mais le génome du riz est aussi intéressant en lui-même, car cette céréale constitue la base quotidienne de l'alimentation de plus de la moitié de l'humanité. La connaissance de son génome sera une aubaine pour les sélectionneurs qui cherchent à accroître le rendement et à créer de nouvelles variétés résistantes aux maladies, à la sécheresse ou à la salinité.

Sous l'impulsion du Japon, un consortium international, l'IRGSP, s'est constitué en 1997 pour le séquençage de la variété "Japonica" du riz, cultivée au Japon et dans les régions tempérées. Le Genoscope, seul acteur européen, y participe depuis 2000 en séquençant le chromosome 12, long de 30 millions de nucléotides. Alors que le consortium s'attelle à la production d'une séquence finie, seule à même de satisfaire l'ensemble des attentes des scientifiques, les sociétés Monsanto, en 2000, puis Syngenta, en 2002, ont annoncé la production "d'ébauches" très partielles de ce génome. Contrairement à l'IRGSP, elles n'ont pas déposé leurs séquences dans les bases de données publiques, mais ces informations ont finalement pu être exploitées par les scientifiques du consortium pour accélérer le projet. Par ailleurs, une équipe chinoise a constitué en 2002 une première ébauche du génome de la variété "indica", la plus cultivée dans le monde.



En décembre 2002, l'IRGSP a annoncé l'assemblage de sa propre ébauche génomique, bien plus complète. Organisée en environ 3 500 grands fragments localisés avec précision le long des 12 chromosomes du riz, elle constitue une première base de travail pour les chercheurs, en dépit des trous et incertitudes qui demeurent. L'indispensable finition interviendra avant la fin de l'année 2004. Une riche récolte de résultats devrait alors suivre pour le secteur privé et la communauté scientifique, notamment les organismes de recherche français (CNRS, INRA, CIRAD, IRD) qui ont soutenu la participation française.