



Idées débats, tribunes

Michel Delseny

Une révolution dans l'amélioration des plantes

BIOLOGISTE DES PLANTES,
MEMBRE DE L'ACADÉMIE DES SCIENCES

Dans le cadre de notre partenariat avec l'Académie des sciences, des académiciens vont expliquer les nouvelles dimensions de l'observation scientifique en ce XXI^e siècle. Une série pour comprendre comment, grâce aux progrès scientifiques et technologiques, se révèle un monde nouveau.

Les progrès fulgurants de la génomique, avec le séquençage massif des gènes et des génomes, aboutissent à une révolution des stratégies d'amélioration des plantes. Michel Delseny, de l'Académie des sciences, directeur de recherche émérite au CNRS, laboratoire Génome et Développement des plantes à l'université de Perpignan, acteur majeur de cette avancée qualifiée de révolutionnaire, explique ici son développement et pose les enjeux d'un débat qui reste sensible alors que les avancées scientifiques et technologiques laissent entrevoir la possibilité d'une stratégie et d'une application maîtrisées.

L'amélioration des plantes, classiquement, consiste à sélectionner, parmi les descendances de nombreux croisements, des plantes cumulant des caractères héréditaires d'intérêt, apportés par les parents. Ces caractères sont à chaque fois nombreux et portent sur les performances agronomiques aussi bien que sur la composition et la qualité des produits récoltés. Cette démarche est à la fois complexe, aléatoire et fastidieuse. La création d'une nouvelle variété peut ainsi prendre de dix à quinze ans. L'ensemble des caractères d'un individu constitue son phénotype. Il est déterminé, en interaction avec le milieu, par l'ensemble de ses gènes. Le message génétique, porté au sein des chromosomes par de très

qui peuvent avoir, ou non, un impact sur le phénotype. Dans un génome, chaque gène est représenté par deux allèles, identiques ou distincts, mais un seul sera présent dans les gamètes (pollen et ovules). Lors du croisement, les allèles de chaque parent sont réassociés et redistribués au hasard dans la descendance.

Les premiers gènes de plantes ont été isolés et caractérisés par leur séquence d'ADN en 1980, mais l'opération était délicate et onéreuse, difficilement applicable à grande échelle et, en 1990, moins de 500 gènes de plantes étaient connus.

La première révolution a lieu en 2000, avec la publication de la première séquence d'un génome de plante, celui d'*Arabidopsis thaliana*,

chromosomes, déterminent environ 30000 gènes. À partir de cette date, les méthodes de séquençage de l'ADN se sont spectaculairement améliorées et un travail qui avait coûté des centaines de millions d'euros, mobilisé pendant sept ans des centaines de chercheurs et de machines dans le monde, peut aujourd'hui être réalisé par un seul laboratoire, en quelques jours pour moins de 1000 euros. C'est une seconde révolution. De ce fait, les séquences des génomes d'environ 150 espèces végétales sont maintenant publiées, dont celles des principales plantes vivrières et forestières. Chacune comprend 25 000 à 60 000 gènes distincts. Mieux, on séquence les génomes de nombreuses variétés d'une même espèce et on obtient ainsi une idée très précise de sa variabilité génétique. Ce travail est le plus avancé pour le riz, le maïs, la tomate ou la vigne. Cette variabilité génétique est souvent spectaculaire et se chiffre par plusieurs dizaines de milliers de différences entre variétés non apparentées.

La séquence déterminée, il reste à comprendre la fonction des gènes identifiés, savoir s'ils sont responsables d'un caractère important et identifier l'allèle le plus favorable pour atteindre les objectifs de sélection. Cette tâche particulière-

Le développement du séquençage massif des gènes de nombreuses variétés a changé la donne.

longues molécules d'ADN qui constituent le génome, est écrit dans un « alphabet » à quatre unités élémentaires, les nucléotides, dont l'ordonnement constitue la séquence de ce génome. Au sein d'une espèce, chaque gène existe sous plusieurs formes, ou allèles,

na, une plante sauvage de la famille des choux, choisie par les scientifiques pour son petit génome, son faible encombrement, sa courte durée de génération et sa prolificité. Cette séquence est riche de quelque 130 millions de nucléotides, qui, ordonnés le long de cinq



ACADÉMIE DES SCIENCES

Les progrès de l'informatique ont permis un changement d'échelle impensable il y a dix ans.

ment difficile reposait jusqu'à présent sur l'obtention de mutants, la réalisation de croisements particuliers et des analyses biochimiques et physiologiques. On estime ainsi que la fonction d'environ 70 % des gènes d'*Arabidopsis* est aujourd'hui connue. Le séquençage massif de nombreuses variétés change la donne. On évalue le phénomène pour un ensemble de caractères sur plusieurs centaines de variétés, on séquence leur génome et on recherche, parmi les milliers de différences, celles qui sont associées à un caractère donné. Cette stratégie, la génétique d'associa-

tion à l'échelle du génome, a ainsi permis récemment d'associer plusieurs centaines de gènes de riz ou de tomate à des caractères d'intérêt comme la taille des grains ou des fruits, la précocité de la floraison, la tolérance à la sécheresse, des qualités gustatives et culinaires... L'avalanche des données produites constitue un nouveau défi auquel les progrès extraordinaires de l'informatique permettent de faire face. Des bases de données publiques, comme le National Center for Biotechnology Information, aux États-Unis, ou France Génomique, ont été créées. Tous orga-

nismes confondus, plus de 200 milliards de séquences y sont répertoriées, dont une fraction significative est d'origine végétale. Elles offrent l'accès aux ressources génomiques et à de nombreux logiciels et outils d'analyse. C'est là un changement d'échelle inédit, impensable il y a dix ans, dans l'étude de la biologie des plantes et dans les stratégies de sélection.

Ces connaissances permettent a priori de programmer les combinaisons des allèles les plus favorables. Les parents des croisements sont choisis en fonction de leur génome et les descendants sont sélectionnés au stade de plantule, par analyse de leur ADN, et non plus au stade adulte, par analyse du phénotype. On gagne ainsi en précision de sélection, on économise un temps précieux et on réduit les surfaces de culture. Des variétés obtenues selon cette stratégie, la sélection assistée par marqueurs, sont déjà commercialisées. Les gènes d'intérêt peuvent aussi être introduits plus rapidement par transgénèse, mais notre pays, en s'opposant à cette technique, s'est privé d'un outil performant, exploité par nos concurrents. Les premiers organismes génétiquement modifiés ont été rejetés car obtenus avec les quelques rares gènes disponibles à l'époque, des gènes de résistance à certains herbicides. Cette situation n'est plus d'actualité avec les milliers de gènes disponibles. Beaucoup seraient particulièrement bénéfiques pour une agriculture plus durable et plus respectueuse de l'environnement. Récemment, une nouvelle technologie, l'édition (ou réécriture) génomique, a vu le jour. Elle permet de modifier de manière dirigée, contrairement aux méthodes conventionnelles de mutagenèse, la séquence d'un ou de plusieurs gènes. Son utilisation dans notre pays dépendra de la décision réglementaire (en fait, politique) de classer ce type de plante comme OGM ou non. Elle est déjà utilisée de façon intensive par des pays comme les États-Unis ou la Chine, et il est urgent que nos agriculteurs puissent aussi bénéficier de ces progrès. ★

■ POUR EN SAVOIR PLUS

LE SITE DE L'ACADÉMIE DES SCIENCES:

www.academie-sciences.fr

« BIOTECHNOLOGIES VÉGÉTALES. ENVIRONNEMENT, ALIMENTATION, SANTÉ »

sous la dir. d'Agnès Ricroch, Yvette Dattée, Marc Fellous; préface d'Axel Kahn, Éditions Vuibert, 2011.

« PLANTING THE FUTURE »,

rapport de l'European Academies Science Advisory Council (EASAC), 2013, sur le site www.easac.eu

« LES ENJEUX ÉCONOMIQUES, ENVIRONNEMENTAUX, SANITAIRES ET ÉTHIQUES DES BIOTECHNOLOGIES À LA LUMIÈRE DES NOUVELLES PISTES DE RECHERCHE »,

rapport de l'Office parlementaire d'évaluation des choix scientifiques et technologiques (OPECST), 2016, sur le site www.assemblee-nationale.fr