**CHAPITRE 7 : CARACTERISTIQUE DU GENOME DE RIZ**

|  |
| --- |
| 1. **Introduction**   Les céréales (riz, blé, orge, maïs, sorgho, millet, canne à sucre,...) constituent une part essentielle de l'alimentation humaine.  Cependant, les progrès en agronomie que requièrent l'explosion démographique mondiale, le recul des terres arables et le changement climatique, nécessitent une nouvelle approche : le séquençage du génome d'une céréale.  En effet, à partir de la séquence génomique, on peut :   * dresser l'inventaire plus ou moins exhaustif des gènes de la céréale * tenter d'assigner une fonction à ces gènes * identifier des gènes dits "candidats" pour des caractères agronomiques cartographiés dans un intervalle génétique * accéder à des nouveaux marqueurs chromosomiques pour assister la sélection et faciliter la création de nouvelles variétés * créer des puces à ADN pour l'analyse globale de l'expression des gènes de la céréale dans différentes conditions  1. **Intérêt du génome du riz par rapport à celui des autres céréales**  * Le riz possède le plus petit génome parmi toutes les céréales (430 millions de nucléotides). Le génome du maïs est 5 fois plus gros, celui du blé est 40 fois plus gros. * D'une céréale à une autre, de grands blocs de gènes homologues sont retrouvés et leur arrangement est relativement conservé (synténie). Le riz est donc un bon choix pour caractériser les gènes des autres céréales et les associer à tel ou tel trait agronomique. * Le riz sert de génome modèle pour l'un des deux grands groupes de plantes à fleurs, les monocotylédones (*Arabidopsis thaliana* servant de génome modèle pour l'autre groupe, les dicotylédones). * Le choix du riz s'appuie aussi sur des ressources pour l'approche génomique: on dispose d'excellentes cartes génétiques et des techniques de transformation génétique qui font du riz la céréale la plus facile à transformer. * Il existe un très grand nombre de variétés de riz : plus de 90 000 variétés traditionnelles et espèces sauvages de riz sont gérées par l'[IRRI](http://www.irri.org/) ("*International RiceResearch Institute*"). Ces variétés sont adaptées à des conditions environnementales très diverses (des sols secs en régions tempérées aux cultures inondées en régions tropicales). * Ainsi, le riz est déjà un modèle dans plusieurs autres domaines:le rendement, la vigueur hybride, la génétique des résistances aux maladies et celle des réponses adaptatives   **1-2 Intérêt du génome du riz en lui-même**  Le riz constitue la base quotidienne de l'alimentation de plus de la moitié de l'humanité. La production de riz représente 30% de la production mondiale de céréales. Elle a doublé en trente ans, notamment avec l'introduction de nouvelles variétés. Cependant cette croissance de production suit difficilement celle de la consommation : 4,6 milliards de personnes dépendront du riz pour leur consommation quotidienne en 2025 (contre 3 milliards actuellement). En parallèle, les petits producteurs disposent de terrains de culture moins favorables (par exemple saumâtres) et l'approvisionnement en eau est un problème de plus en plus aigu. Ainsi, la connaissance du génome du riz est extrêmement précieuse pour les sélectionneurs dans le but d'augmenter le rendement et créer de nouvelles variétés résistantes aux maladies, aux ravageurs, à la sécheresse ou à la salinité.  Cette connaissance permet de repérer les gènes intéressants du point de vue agronomique et permet de rechercher les variants alléliques avantageux dans la collection de l'IRRI. Cela devrait aussi permettre de répondre aux inquiétudes liées à l'érosion génétique du fait de l'abandon des variétés traditionnelles au profit des variétés à haut rendement.  La génomique du riz pourrait déboucher sur le transfert rapide de traits avantageux à des variétés localement adaptées.  Le génome complet du riz a été publié en 2002 : la base de données pour l'annotation du génome du riz : [RAPDB](http://rapdb.dna.affrc.go.jp/) ("*Rice Annotation Project Database*").  **2-2 Bénéfices du séquençage complet du génome du riz**   * La prédiction des gènes dépend de la qualité de la séquence car on ne peut tous les identifier à partir d'une ébauche. Seule une vision exhaustive du bagage de gènes du riz permet de déterminer si une voie métabolique est absente, ce qui est capital dans la perspective de l'ingénierie métabolique d'un organisme en général, du riz en particulier. * L'analyse des duplications et des séquences répétées dépend aussi complètement de la qualité de la séquence :   les duplications doivent être prises en compte pour créer de nouveaux traits agronomiques par la modification de l'expression d'un ou de plusieurs gènes, car ceux-ci peuvent posséder des copies ailleurs dans le génome.   * les séquences répétées sont un élément dynamique du génome impliqué dans la variation allélique exploitée par les sélectionneurs. * A ces bénéfices s'ajoute ceux d'une séquence "ancrée" par rapport aux cartes physique et génétique : pour un trait agronomique cartographié dans un intervalle génétique, il est dés lors possible de rechercher les séquences génomiques correspondantes et les gènes qui sont annotés dans cet intervalle. Cela permet alors de retenir un ou plusieurs gènes dits candidats pour le trait considéré.   La validation d'un gène candidat passé entre autre :  par l'étude de son expression et de sa variabilité allélique dans des variétés qui différent pour le trait étudié  par l'étude de plantes mutées ou génétiquement transformées dans lesquelles l'expression du gène est éteinte ou au contraire augmentée.  Enfin, la séquence du génome du riz :  révèle une grande quantité de nouveaux marqueurs moléculaires de type microsatellite (ils affinent l'analyse génétique obtenue avec les marqueurs de type RFLP).  permet d'identifier des polymorphismes de type SNP sans risque de confusion avec des erreurs de séquençage.  Ces nouveaux marqueurs facilitent la création de nouvelles variétés par [sélection assistée par marqueurs](http://www.gnis-pedagogie.org/pages/classbio/chap4/53.htm). En effet, des marqueurs étroitement associés au locus responsable d'un caractère permettent de suivre sa transmission au fil des croisements et ainsi de réduire le matériel génétique indésirable transmis en même temps que lui. |