**CHAPITRE 9 :Exploitations de la génomique en amélioration des plantes**

Depuis la préhistoire, les espèces cultivées ont été modelées en fonction des besoins et des intérêts de l’Homme. Pendant des millénaires, cela s’est traduit par une sélection inconsciente et artisanale des caractères favorables (et donc des gènes qui les gouvernent). Depuis seulement quelques décennies, l’amélioration des plantes est une activité scientifique basée d’abord sur une exploitation de la variabilité génétique naturelle, et depuis peu sur la connaissance croissante du fonctionnement du génome des plantes dans leur environnement.

**1-Domestication et sélection**  
 L’homme a toujours cherché, de façon empirique et bien avant de connaître les lois de l’hérédité, à domestiquer et améliorer les végétaux qu’il consommait en sélectionnant les plantes les mieux adaptées à ses besoins. Par exemple en découvrant et multipliant une plante de blé dont les grains ne tombaient pas spontanément sur le sol à maturité, il a sélectionné un mutant affecté dans le ou les quelques gènes contrôlant ce caractère d’égrenage. C’est une erreur dans la duplication de l’ADN qui a pu provoquer cette nouvelle caractéristique, héréditaire si elle touche les cellules reproductrices. C’est l’apparition naturelle d’un nouveau « mutant ». Une telle plante mutante livrée à elle-même dans un environnement naturel n’a aucune chance de se maintenir dans la population de plantes sauvages puisque toutes les graines de son épi vont germer au même endroit, créant une situation de compétition très forte pour le développement des plantules. Elle aura moins de descendants que la plante non mutante qui sera, elle, capable de disséminer ses graines sur des distances beaucoup plus importantes. Pour l’homme, en revanche, l’apparition suivie du choix et de l’utilisation d’un tel mutant a été déterminante puisqu’elle lui a permis de multiplier des plantes de blé dont la récolte des grains était grandement facilitée.  
Cette façon empirique de domestiquer les végétaux en puisant dans la diversité spontanée des différentes espèces, ayant pour origine des événements naturels de mutations, de recombinaisons, d’insertions ou de réarrangements structuraux dans le matériel génétique, s’est poursuivie jusqu’à la découverte des lois fondamentales de l’hérédité. La compréhension des mécanismes de transmission des caractères a permis à l’homme de cumuler d’une façon beaucoup plus efficace les caractères agronomiques les plus intéressants dans les variétés qu’il cultivait.

Très schématiquement, le sélectionneur qui vise à améliorer une variété pour un caractère donné (résistance à un pathogène par exemple ou tout autre caractère qualitatif) va tout d’abord rechercher une plante de la même espèce, cultivée ou sauvage, possédant ce caractère puis l’introduire par croisement dans la variété cultivée. A partir de l’hybride obtenu, il entreprend ensuite une série de croisements avec la variété cultivée et sélectionne dans les descendances successives les plantes qui possèdent à la fois les qualités de la variété de départ et le caractère nouveau. Cette façon de procéder est tout à fait classique et concerne toutes les espèces cultivées.

**2- Connaissance et gestion de la biodiversité**  
 L’utilisation de la diversité existante des caractères de chaque individu, leur variabilité, est un principe majeur de l’amélioration des plantes. De nos jours, la connaissance des ressources génétiques, qu’il s’agisse des espèces sauvages ou des espèces cultivées, des variétés anciennes ou récemment créées par l’homme, est un enjeu considérable. Dans ce contexte, il est nécessaire de disposer d’une variabilité génétique large, qu’il faut collecter, caractériser, conserver et gérer. La caractérisation de la variabilité passe par la description et l’inventaire de l’ensemble des caractères des plantes, qu’ils soient visibles (comme la taille de l’épi, la couleur du grain…) ou invisibles (marqueurs moléculaires).

**3- Sélection assistée par marqueurs**  
 La Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) utilise les données de la génomique pour améliorer l’efficacité du processus de sélection et réduire sa durée. Les méthodes classiques de sélection nécessitent le plus souvent d’attendre le stade adulte des plantes issues d’un croisement pour identifier les plantes porteuses des caractères intéressants (taille de la plante, de l’épi, qualité de la graine…). Par ailleurs, la détection de certains caractères nécessite la mise en œuvre de tests lourds (composition biochimique des graines, résistance aux maladies). Certains caractères sont gouvernés pas l’action d’un seul gène et sont dits de type “qualitatifs” (présence ou absence). Les caractères de ce type sont transmis de façon simple dans la descendance de croisements, puisqu’il suffit que le gène responsable soit transmis à une plante pour qu’elle ait le caractère désiré. Même si le gène responsable d’un caractère intéressant n’est pas identifié, il peut être localisé sur une carte génétique, et encadré par des marqueurs moléculaires. D’autres caractères correspondent à la combinaison de l’action de plusieurs gènes et sont dits “quantitatifs” : le rendement ou la hauteur des individus peuvent ainsi prendre toutes les valeurs entre deux extrêmes. Les régions chromosomiques impliquées dans ces caractères quantitatifs (QTL : Quantitative Trait Loci) peuvent être localisées sur une carte génétique à l’aide de méthodes statistiques, et repérées par des marqueurs moléculaires. Ce travail est réalisé en étudiant la transmission conjointe des caractères et de marqueurs moléculaires dans la descendance d’un croisement. Lorsque les QTL sont identifiés le sélectionneur peut repérer les plantes intéressantes dans la descendance d’un croisement en se basant sur la présence des marqueurs moléculaires proches des gènes contrôlant les caractères recherchés. Les marqueurs moléculaires présentent l’avantage de pouvoir être détectés facilement et d’être visualisables à partir d’échantillons d’ADN extraits de plantes très jeunes. La SAM permet ainsi dans certains cas de réduire de moitié la durée de la sélection de nouvelles variétés : de 10 ans pour le colza par exemple, on passe à 4-5 ans pour la sélection de variétés améliorées pour la qualité, dans la mesure où la sélection peut se faire en conditions artificielles à raison de deux générations de sélection par an, au lieu d’une génération au champ.

**2.4. Création de plantes transgéniques améliorées** Nous avons vu comment on pouvait transférer, par croisements et sélections successifs, des gènes conférant des caractères d’intérêt agronomique dans une variété. Cette façon de procéder, même si elle a fait ses preuves, n’est pas dénuée dans certains cas d’inconvénients. Tout d’abord, on ne transfère pas seulement le gène choisi mais un grand nombre d’autres gènes de fonction non identifiée. A cela peuvent s’ajouter les problèmes de stabilité des chromosomes engendrés par des introgressions de taille trop importantes. Dans bon nombre de cas encore, des caractères plus ou moins indésirables sont liés au gène gouvernant le caractère recherché. Il est alors très difficile de s’en débarrasser et les programmes d’amélioration ne peuvent pas aboutir. Le transfert de gène consiste, lui, à introduire une information génétique nouvelle, déterminée et connue par sa séquence d’ADN, dans le génome des cellules d’une plante. Le processus dans ce cas est différent : au lieu de “mélanger” les informations génétiques de deux plantes et de “trier” dans les descendants de cet hybride les plantes possédant le caractère recherché, on introduit seulement le gène conférant le caractère intéressant dans la variété de départ. Le grand avantage est qu’il est ainsi possible d’introduire un gène isolé d’une espèce très éloignée et lui seulement. En contrepartie, il faut avoir au préalable isolé et caractérisé le gène responsable du caractère recherché, ce qui n’est pas nécessaire lorsqu’on utilise les méthodes classiques d’amélioration des plantes. De plus ces approches sont encore difficilement envisageables lorsque le caractère à introduire est contrôlé par plusieurs gènes.  
Les plantes obtenues par transgénèse diffèrent donc essentiellement des plantes pour lesquelles un caractère a été introgressé par reproduction sexuée par la connaissance précise de l’information génétique ajoutée ainsi que par la nature de cette information qui n’est plus nécessairement limitée aux espèces proches. Il est ainsi possible de faire exprimer chez une plante un gène conférant un caractère particulier issu d’une espèce d’un autre règne (animaux, bactéries). De nombreux exemples sont déjà connus, comme certains gènes de résistance à des herbicides ou à des insectes, originaires de bactéries. Des études sont actuellement en cours pour faire produire par des plantes des molécules pharmaceutiques de diverses origines difficiles ou coûteuses à produire par d’autres méthodes ou dans des conditions de sécurité satisfaisantes (vaccins, polypeptides à usage médical etc.).

**5- Connaissance du fonctionnement des végétaux**

La variabilité génétique existante au sein de l’espèce et de ses apparentées constitue la base de travail du sélectionneur. Cependant, tout aussi cruciale est sa connaissance de la plante, de sa physiologie et de ses réponses aux différentes contraintes imposées par le milieu. Le travail de sélection, qui porte souvent sur un grand nombre de caractères complexes en interaction, repose donc dans une large mesure sur les connaissances de base acquises dans les disciplines fondamentales. Ces connaissances permettent d’aborder de façon plus efficace et raisonnée les stratégies d’amélioration des plantes cultivées. La génomique fonctionnelle, par la puissance des outils qu’elle apporte, permet un gain considérable de précision et d’efficacité pour l’étude de ces problèmes.

6-**Les puces à ADN**  
Une approche prometteuse de la génétique fonctionnelle consiste à identifier de façon exhaustive tous les gènes actifs dans un organe donné, ou en réponse à des conditions environnementales particulières (sécheresse, attaque de pathogène...). Pour cela, on fabrique une “puce à ADN” c’est-à-dire un support sur lequel sont fixés et ordonnés tous les gènes identifiés dans le génome de l’espèce. C’est d’ores et déjà réalisé pour des organismes comme la levure dont le génome est entièrement séquencé depuis plusieurs années. Sur ce support, on applique ensuite un mélange des ARN messagers isolés à partir de l’organe étudié, ayant ou non subi le stress que l’on étudie. Ces ARN reconnaissent les séquences d’ADN auxquelles ils correspondent et s’hybrident avec elles. On peut par exemple soumettre un lot de plantes à un stress hydrique puis extraire les ARN messagers des racines de ces plantes. On aura extrait par ailleurs les ARN messagers des racines d’un lot de plantes arrosées normalement. Dans les ARN messagers obtenus pour chaque lot, seuls seront représentés les gènes qui sont actifs dans la racine dans les conditions données. Si on utilise ces ARN comme sonde sur une puce à ADN portant l’ensemble des gènes de la plante, on peut révéler en une seule expérience l’ensemble des gènes qui sont exprimés dans la racine. Si on compare les résultats obtenus avec les ARN extraits des plantes stressées et ceux obtenus avec les ARN des plantes cultivées en conditions normales, on peut identifier les gènes dont l’expression est induite par le stress, ceux où elle est inhibée et ceux pour lesquels elle est inchangé.