

Université Frères MENTOURI Constantine

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie
Département de Biologie et Ecologie Végétale

Master en : Biologie et Génomique Végétales

Cours de : Plantes Modèles

**LES PLANTES MODÈLES DE LA
GENOMIQUE VEGETALE**

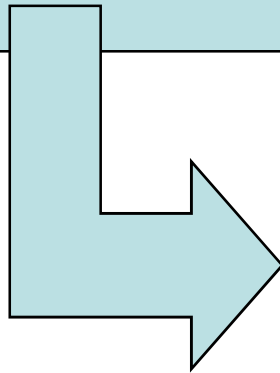


Programmes de génomique végétale

Programmes de
séquençage



Objectif affiché : offrir aux
semenciers de nouveaux
outils d'amélioration,
associés à des brevets



Développement d'outils « haut débit »

Espèces modèles

Extension des programmes à d'autres espèces

Programmes de génomique végétale

L'amélioration des outils de la biologie moléculaire et l'utilisation de plantes modèles permettent aujourd'hui de travailler au niveau des gènes qui contrôlent les caractéristiques agronomiques.

Ces outils permettent une mise en évidence de la diversité des gènes (allèles), leur localisation et l'étude de leur expression dans divers fonds génétiques ou environnements.

Programmes de génomique végétale

La génomique se décline selon :

- Des caractères génériques, qui peuvent être étudiés sur des plantes modèles comme le riz (**pour les monocotylédones**) et l'*Arabidopsis* (**pour les dicotylédones**),
- Des caractères spécifiques qui doivent être étudiés sur les différentes espèces d'intérêt agronomique.

Le séquençage systématique du Génome

Comme il y a des similitudes entre les génomes des différentes espèces (**cultivées ou non**),

Les chercheurs ont choisi une plante ayant le plus petit génome possible, pour l'analyser et utiliser les informations obtenues pour l'étude des génomes plus complexes et plus grands.

En effet, les gènes sont souvent organisés de la même manière sur les chromosomes, et placés dans le même ordre (***synténie***).

Le séquençage systématique du Génome

Ceci donne accès à tous les gènes qui font une plante, c'est-à-dire entre 20 et 50.000.

Ce type d'information est produit sur quelques plantes modèles par de grands groupes industriels ou des réseaux de laboratoires, à l'exemple de *Arabidopsis*, *Medicago truncatula* et du riz.

Etudier les plantes modèles

Deux plantes modèles représentent les deux grandes divisions chez les plantes supérieures (monocotylédones et dicotylédones).

Elles ont été choisies pour étudier de façon systématique la structure et la fonction des génomes végétaux.

Etudier les plantes modèles

Pour les dicotylédones, la plante modèle est ***Arabidopsis thaliana***.

Oryza sativa plante modèle pour les monocotylédones.

Arabidopsis thaliana

L'arabette des dames (***Arabidopsis thaliana***), avait été choisie comme plante modèle parce qu'elle présente, pour l'expérimentateur, toute une série d'avantages :

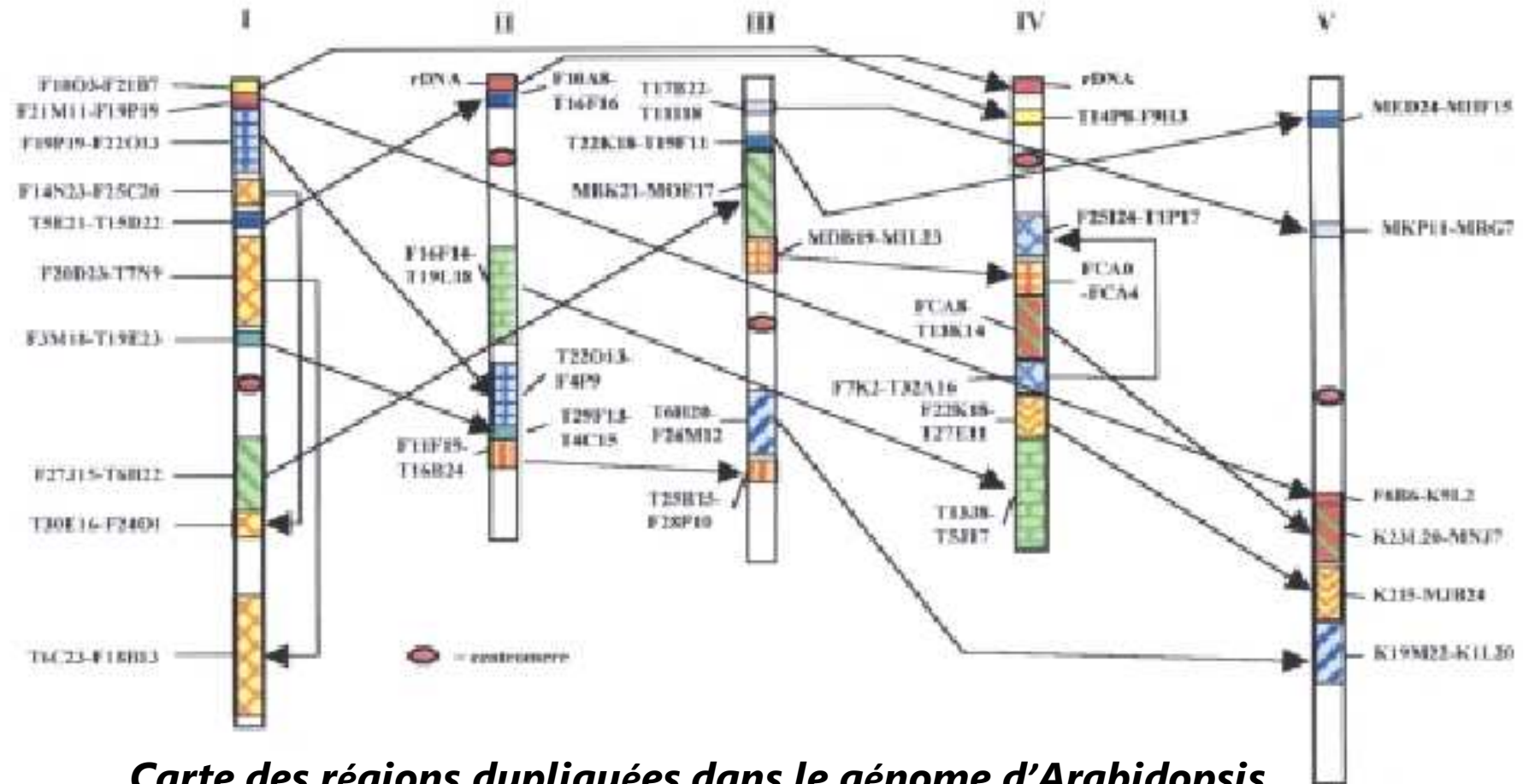
- Petite taille,
- Croissance rapide, Cycle reproductif court,
- Et surtout petite taille du génome.
- L'absence d'intérêt économique particulier d'*Arabidopsis thaliana* est un point favorable pour l'échange de données entre équipes de recherche.

Arabidopsis thaliana

Les chercheurs ont pensaient que la différence observée avec d'autres plantes connues pour avoir des génomes bien plus grands serait due essentiellement au fait que les gènes de l'arabette existent en copie unique.

Le séquençage a montré, au contraire, qu'au moins **70%** des gènes de l'arabette sont dupliqués.

Arabidopsis thaliana



Carte des régions dupliquées dans le génome d'Arabidopsis

Arabidopsis thaliana

La séquence complète du génome de l'accession Columbia a été publiée en **2000** ("*The Arabidopsis Genome Initiative*" *Nature* 408, 796 - 815).

Taille du génome : **114 500 000 pb + 10 Mb**
(organisateurs nucléolaires et centromères) =
environ **125 Mb**.

Chromosome Chloroplastique 0,15 Mpb

Chromosome Mitochondrial 0,37 Mpb

Arabidopsis thaliana

La base de données [TAIR](#) contient **27416** gènes codant des protéines - **924** pseudogènes - **4827** transposon et pseudogènes.

En **2009**, environ **40%** des gènes ont une fonction qui n'est toujours pas connue.

- taille moyenne des exons : **296 pb**
- taille moyenne des introns : **165 pb**
- nombre d'ARNt : **631**
- **79%** des gènes contient des introns

Arabidopsis thaliana

***Arabidopsis thaliana* est l'espèce qui demeure le principal modèle d'étude en raison des avantages qui lui sont attachés :**

- connaissance de la totalité de la séquence du génome,**
- existence de très nombreux mutants permettant de disséquer les voies métaboliques,**
- programmes de développement,**

Arabidopsis thaliana

- **réponses aux stimuli environnementaux et mécanismes de base de la machinerie cellulaire,**
- **possibilité de mettre en œuvre des approches génétiques directes ou inverses.**

Oryza sativa

Le riz possède le plus petit génome parmi toutes les céréales (**430 Mpb**).

D'une céréale à une autre, de grands blocs de gènes homologues sont retrouvés et leur arrangement est relativement conservé (*synténie*).

Oryza sativa

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](#).

Oryza sativa

Le riz constitue la base quotidienne de l'alimentation de plus de la moitié de l'humanité.

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.

Oryza sativa

Le génome complet du riz a été publié en **2002** :

- Yu et al. (2002) "A Draft Sequence of the Rice Genome (*Oryza sativa* L. ssp. *indica*)" **Science** 296, 79.
- Goff et al. (2002) "A Draft Sequence of the Rice Genome (*Oryza sativa* L. ssp. *japonica*)" **Science** 296, 92.
- **International Rice Genome Sequencing Project (2005)** "The map-based sequence of the rice genome" **Nature** 436, 793 – 800.
- * Base de données pour l'annotation du génome du riz: [RAPDB](#) ("*Rice Annotation Project Database*").

Oryza sativa

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).

Oryza sativa

Permet d'identifier des polymorphismes de type SNP sans risque de confusion avec des erreurs de séquençage.

Ces marqueurs facilitent la création de nouvelles variétés par sélection assistée par marqueurs.

Medicago truncatula

Le consortium international associant des équipes européennes et américaines ont décrypté le génome d'une légumineuse, *Medicago truncatula* (Mt) ou luzerne tronquée.

La connaissance de son génome permet d'accéder facilement à la localisation de gènes d'intérêts chez les légumineuses cultivées (le pois, la féverole, la lentille, la luzerne et le trèfle) ce qui facilitera grandement leur amélioration génétique.

Medicago truncatula

Publiés le 16 novembre 2011 dans la revue Nature.

Cette plante fourragère, proposée comme légumineuse modèle dans les années 1980, fait partie de la famille des Fabaceae (Légumineuses).

Medicago truncatula

Il comporte 8 chromosomes ($2n = 16$) Son génome (sept fois plus petit que celui du pois)

En effet, grâce à la duplication du génome, des gènes impliqués dans une symbiose beaucoup plus ancienne avec des champignons mycorhiziens ont évolué et donné naissance à des gènes impliqués dans la symbiose fixatrice d'azote.

Medicago truncatula

Mt est très proche, d'un point de vue phylogénétique, de la plupart des légumineuses cultivées comme le pois protéagineux, la féverole, la luzerne ou les trèfles.

Il existe une forte conservation de l'ordre dans lequel les gènes sont situés sur les chromosomes de ces espèces (conservation **synténique**).



Medicago truncatula

La connaissance de la séquence du génome de *Mt* a permis la détermination de l'ordre de la majorité des gènes sur les huit chromosomes. Ainsi, cette connaissance devrait grandement faciliter la localisation des gènes importants chez les légumineuses cultivées.

Solanum lycopersicum

La tomate (*Solanum lycopersicum* L.) est une espèce de plantes herbacées de la famille des Solanacées.

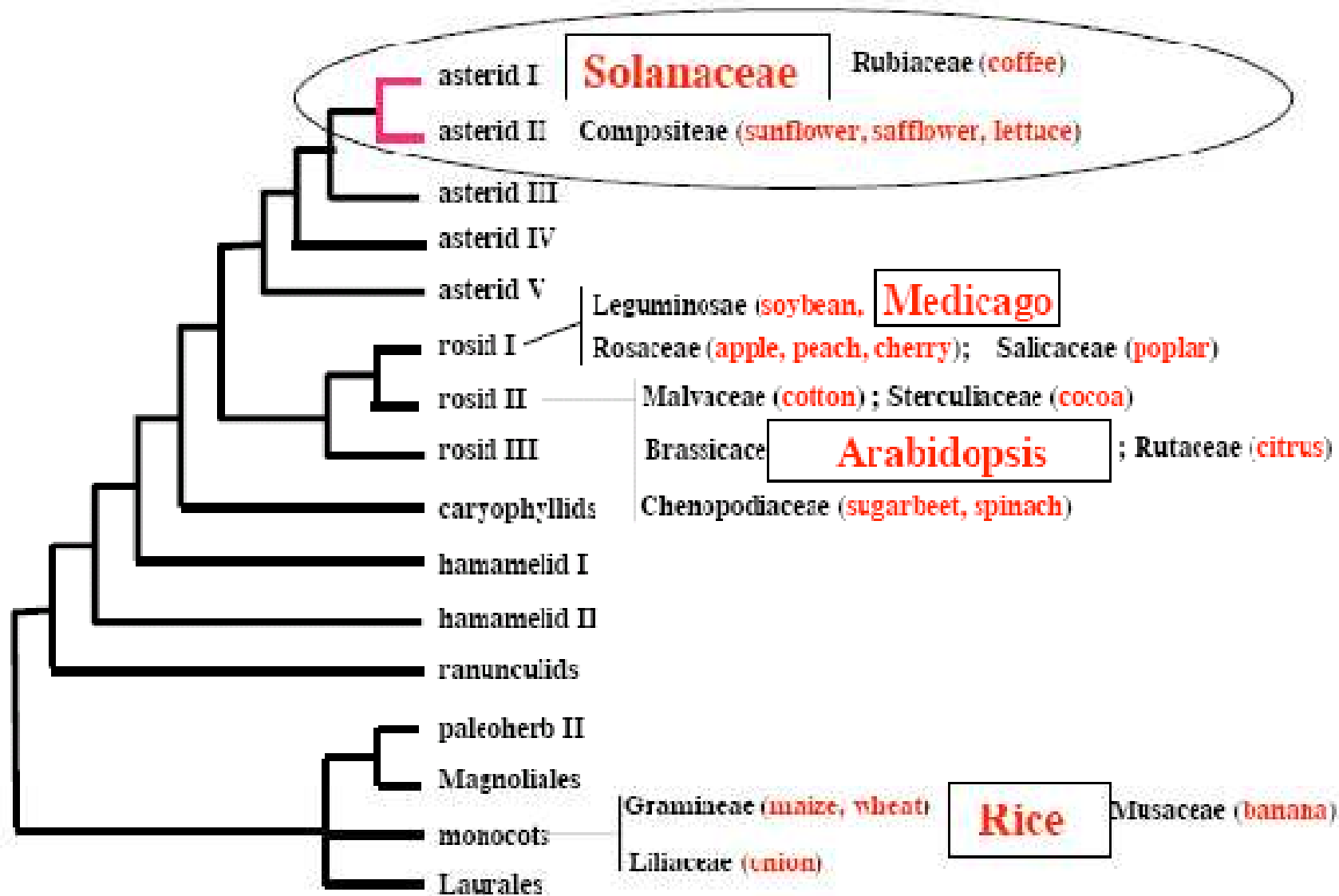
Le Consortium international du Génome de la Tomate (**TGC**), lancé en **2003** et regroupant 14 pays et plus de 300 chercheurs, a achevé en mai **2012** le séquençage des génomes de la tomate cultivée (*Solanum lycopersicum*) et de son ancêtre sauvage (*Solanum pimpinellifolium*) dans la revue **Nature**

Solanum lycopersicum

Le génome de la tomate comprend **12 paires de chromosomes** ($2n=24$).

Sa taille est estimée à **950 Mpb** encodant environ **35 000 gènes**.

La majorité des séquences géniques, représentant **220 Mpb**, est concentrée dans des régions euchromatiques contiguës dans les régions distales de chaque bras des chromosomes.



Populus trichocarpa

Le peuplier américain est la troisième plante au génome séquencé.

Les peupliers sont des arbres du genre *Populus* de la famille des Salicacées.

Le genre *Populus* englobe 35 espèces des régions tempérées et froides de l'hémisphère nord. Il comprend aussi de nombreux hybrides naturels ou artificiels (créés par l'homme).

Populus trichocarpa

Le peuplier est au génome diploïde contenant **485 Mpb** réparties sur **38 chromosomes**, soit quatre fois plus qu'*Arabidopsis thaliana* (le génome du pin en contient 40 à 50 fois plus).

Le séquençage du génome du peuplier de l'Ouest a été annoncé en **2004** et publié en **2006**.

Populus trichocarpa

Le peuplier étant un arbre à croissance rapide (d'où une évaluation vite disponible lors de tests) et progressivement entièrement séquencé, il devient le premier arbre transgénique en 1986 et est depuis l'essence qui a fait l'objet du plus grand nombre d'essais et de tests (47 % en 2005) d'arbres génétiquement modifiés

Populus trichocarpa

L'autre critère de choix a été la capacité de cet arbre à grandir de 5 m par an, permettant d'évaluer efficacement les modifications génétiques. Environ 45 500 gènes codant des protéines ont été identifiés

En **2007**, des chercheurs de l'Université de Washington ont développé un peuplier OGM capable de métaboliser et détruire le trichloréthylène souillant des sites industriels pollués

Populus trichocarpa

Les ressources forestières sont à la base d'un quart des matières premières industrielles mondiales.

(bois de charpente, fibres textiles, pâte à papier ou carburants)

Le défi suivant consistera à comprendre comment, à partir d'un génome seulement 1.6 fois plus grand que celui d'*Arabidopsis*, on obtient un arbre au lieu d'une plante herbacée.

Populus trichocarpa

La comparaison avec le génome d'*A. thaliana* a permis d'identifier **13019** paires de gènes orthologues (**identifiés par l'outil BLAST**).



Vitis vinifera

Si la biologie de la vigne n'en fait pas une espèce modèle (plante pérenne, très hétérozygote et possédant un cycle de reproduction long),

il est rapidement apparu qu'il était non seulement possible, mais aussi nécessaire, de développer des outils génomiques pour accélérer l'acquisition de connaissances sur des caractères agronomiques importants tels que la résistance aux maladies, la tolérance aux stress abiotiques, la maturation et la qualité de la baie,...

Vitis vinifera

Le fait que le génome de la vigne soit de petite taille (**475 Mb**) ont conduit la communauté scientifique internationale à s'organiser en un consortium, International Grape Genome Program (**IGGP**),

Chargé de coordonner le développement des ressources génomiques sur la vigne et la mise en place d'un projet de séquençage du génome de la vigne.

Vitis vinifera

Le séquençage du génome de *Vitis vinifera* est réalisé sur le génotype quasi-homozygote **PN40024** créé à l'INRA de Colmar (**Bronner et Oliveira 1990**).

La taille de son génome est estimée à **475 Mb** (**Lodhi et Reisch 1995**).

La stratégie choisie est un séquençage global (**Whole Genome Shot-gun**) mené à une couverture minimale de **12 équivalents génomiques**.

Vitis vinifera

Plusieurs banques plasmidiques comprenant des inserts de tailles différentes (3 et 10 kb) ont été construites et sont en cours de séquençage.

En parallèle, une carte physique et génétique comprenant plus de 1500 marqueurs est construite. Elle permettra d'ancrer et d'orienter les super-contigs de séquence le long des 19 chromosomes.

Brachypodium distachyon

Monocotylédone modèle (2010)

Petit génome (272 Mpb en 5 chromosomes) pour une Graminée, sa petite taille et son cycle court, sa proximité taxonomique avec des céréales majeures.

Eucalyptus grandis

Plante à fibres et bois

L'Eucalyptus est le feuillu le plus planté dans le monde famille des myrtacées, principalement pour la production de pâte à papier et plus récemment pour les bio-carburants de seconde génération.

C'est aussi la seconde espèce forestière pour laquelle le génome a été séquencé (**2011**).

Conclusion

Le séquençage n'est qu'une étape mais elle ouvre des perspectives sans précédent, notamment pour l'étude de la diversité des espèces et son utilisation en amélioration et sélection variétale.

Conclusion

En effet, à partir de la séquence génomique, on peut:

- Dresser l'inventaire plus ou moins exhaustif des gènes de la plante,
- Tenter d'assigner une fonction à ces gènes,
- Identifier des gènes dits "candidats" pour des caractères agronomiques cartographiés dans un intervalle génétique,

Conclusion

En effet, à partir de la séquence génomique, on peut:

- 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 plante dans différentes conditions, et bien d'autres choses ...

Liste des génomes de plantes séquencés

[http://fr.wikipedia.org/wiki/Liste des g%C3%A9nomes de plantes s%C3%A9quenc%C3%A9s](http://fr.wikipedia.org/wiki/Liste_des_g%C3%A9nomes_de_plantes_s%C3%A9quenc%C3%A9s)

Dernière modification de cette page le **29 mai 2015 à 16:33**.

1 Algues

2 Bryophytes

3 Plantes supérieures

3.1 Lycophytes

3.2 Dicotylédones

3.2.1 Rosidées

3.2.2 Astéridées

3.3 Monocotylédones