AGROPOLIS
LES DOSSIERS
Compétences de la communauté scientifique

Ressources génétiques & Génomique & Biotechnologies végétales

numéro 1 - mai 2001

Riz : des mutants pour identifier la fonction des gènes

Emmanuel Guiderdoni,© Cirad-Amis

Identification d'un gène exprimé dans les vaisseaux conducteurs de la fleur de riz (en bleu)

Le génome du riz comprend environ 30 000 gènes dont la moitié n'a pas de rôle encore connu. La fonction de l'ensemble des gènes sera sans doute élucidée par l'analyse d'une grande population de plantes affectée aléatoirement dans chacun de ses gènes par l'insertion d'un mutagène, petite séquence qui constitue un outil de repérage et d'isolement des gènes (sorte d' "étiquette moléculaire").

Dans le cadre de l'initiative nationale de génomique végétale Génoplante (voir p. 16), une équipe pluri-institutionnelle Cirad-CNRS-INRA-IRD / Université de Perpignan basée à Montpellier, crée une collection de mutants d'insertion de riz de taille suffisante (100 000 individus) pour que chaque gène ait une bonne probabilité d'être interrompu au moins une fois par un mutagène insertionnel, ici l'ADN-T issu d'*Agrobacterium tumefaciens*.

La collection de mutants sera progressivement criblée sous diverses contraintes en environnement contrôlé (serre de confinement, phytotrons) afin d'identifier des plantes présentant une modification de leur morphologie, de leur physiologie ou de leur tolérance vis-à-vis de contraintes environnementales et permettant ainsi d'isoler les gènes affectés intervenant dans le contrôle du caractère (génétique directe). Par ailleurs, les séquences du génome adjacentes aux sites d'insertion de l'ADN-T obtenues à partir de chacun des mutants et rassemblées au sein d'une base de données permettront d'étudier précisément la fonction de tout gène dont on connaît la séquence mais pas le rôle, par recherche puis évaluation du mutant correspondant affecté dans la séquence (génétique inverse).

Cette ressource permettra d'isoler des gènes du riz intervenant dans les processus fondamentaux de la morphogénèse végétale (architecture, floraison, embryogenèse…) et dans la tolérance aux agressions biotiques (maladies et ravageurs) et abiotiques (sécheresse, salinité, carence ou toxicité minérale..). La localisation de ces gènes sur des cartes moléculaires conduira à la compréhension du contrôle des caractères à déterminisme complexe et à renforcer considérablement l'efficacité de l'amélioration variétale du riz et des céréales en général (blé, orge, maïs, sorgho…).

Contact : Emmanuel Guiderdoni,
emmanuel.guiderdoni@cirad.fr

Caractériser la fonction des gènes

• La **génomique fonctionnelle** vise à caractériser l'expression du génome et son intégration dans l'élaboration des grandes fonctions métaboliques.

- ***la mutagénèse insertionnelle*** (voir ci-dessus " *Riz : des mutants pour identifier la fonction des gènes*") permet de créer des mutants en insérant au hasard, dans le génome, un segment d'ADN repérable. Lorsque celui-ci s'intègre dans un gène, il en altère la fonction et provoque la modification du caractère correspondant donc une mutation. Le gène muté est localisé grâce à l'élément inséré, et sa fonction est identifiée grâce au caractère affecté. Cette technique est développée sur différentes plantes modèles (*Arabidopsis, Medicago truncatula* par exemple) ; les équipes de Montpellier se concentrent sur le riz comme modèle pour les graminées ;
- ***le séquençage partiel de gènes exprimés (Expressed Sequence Tags ou EST)*** permet la caractérisation de "patrons" d'expression du génome. L'analyse des ARN extraits sur certains organes de plantes cultivées, dans des conditions données et à un moment donné, permet d'obtenir une image de l'ensemble des gènes qui s'expriment dans ces conditions. Parmi ces gènes se trouvent certains gènes d'intérêt agronomique que l'on souhaite cloner. En fonction de caractéristiques de séquence ou de patrons d'expression, on pourra attribuer à certains de ces EST une fonction hypothétique qui en fera des "gènes candidats". Ceci est actuellement développé sur les plantes modèles et commence à s'étendre aux principales plantes d'intérêt agronomique.

La caractérisation des fonctions précises des gènes candidats, identifiés grâce aux approches de la génomique, fait intervenir plusieurs étapes :

- ***la transformation génétique*** permet de tester l'effet d'un gène ou d'une séquence candidate sur le phénotype d'une plante, grâce à son insertion au sein du génome et/ou à la modification de son expression dans la plante;
- ***l'évaluation fine du matériel transformé*** est nécessaire pour apprécier toutes les facettes de la fonction d'un gène. Elle met en jeu des outils de biologie cellulaire et moléculaire et de physiologie.

Ces technologies, appliquées à quelques plantes modèles et à une gamme de plantes cultivées plus complexes, conduisent à développer des ponts entre les génomes. Ainsi, la conservation au fil de l'évolution de certains éléments de l'organisation générale des génomes, comme la similitude de la répartition des gènes entre chromosomes (conservation de la "synténie", voir ci-contre " *Synténie et marche chromosomique parallèle chez les graminées* ") ou la colinéarité entre les chromosomes homologues, permet des transferts d'information entre plusieurs espèces. C'est toute une dynamique collective que la génomique produit, rapprochant les équipes auparavant spécialisées sur des plantes cultivées différentes. ■