PUBLI-COMMUNIQUÉ

RÉPUBLIQUE FRANÇAISE
Liberté
Égalité
Fraternité

cirad
LA RECHERCHE AGRONOMIQUE POUR LE DÉVELOPPEMENT

1962 2022 60 ANS À LA RÉUNION

Photo : © Michel Grisoni | Cirad, UMR PVBMT

L'espèce *Vanilla planifolia*, dont le génome a été séquencé.

DÉCRYPTER LES MYSTÈRES DE LA VANILLE

Rédaction :
Cyril Jourda,
docteur en génétique
et génomique des plantes,
chercheur au Cirad à La Réunion

La quasi-totalité de la vanille commercialisée dans le monde est le fruit d'une seule espèce : *Vanilla planifolia*. Malgré l'intérêt que nous portons pour cette plante aux arômes subtils contenus dans ses gousses, son patrimoine génétique recèle de nombreux mystères restant à élucider.

Un consortium de recherche, coordonné par le Cirad à La Réunion, a mené des travaux pour obtenir la séquence de la presque totalité du génome du vanillier à l'origine d'un des arômes les plus consommés au monde. Ce séquençage a été un véritable défi car le génome du vanillier présente 16 chromosomes en deux copies différentes pour une taille cumulée de 4 milliards de caractères et a hérité d'une caractéristique génétique très particulière des orchidées, « l'endoréplication partielle », qui rend son séquençage difficile.

Pour faire une analogie, séquencer le génome du vanillier, c'est comme imprimer en plusieurs copies les pages d'une encyclopédie de 16 tomes composés en moyenne de plus de 250 millions de lettres sans espace ni ponctuation, écrits en deux langues proches (français et créole réunionnais), et avec des niveaux de copies très variables en fonction des paragraphes et des deux versions. Les pages sont ensuite assemblées et ordonnées en une seule copie dans les deux langues. Ensuite, les mots et les phrases de chaque tome sont reconstruits pour décrypter le code génétique de la vanille : c'est l'annotation de la séquence. Après 4 ans de travaux gigantesques, cette séquence est désormais une bibliothèque ouverte, représentant 83 % du patrimoine génétique du vanillier et plus de 59 000 gènes, mise à disposition du public à travers une plateforme en ligne : le « Vanilla Genome Hub[1] ». Cela constitue une banque de gènes et un réservoir de connaissance qui restent à exploiter. Une meilleure compréhension de cette séquence est essentielle pour l'amélioration variétale de cette culture ayant une faible diversité génétique, rendant la filière très sensible aux changements climatiques et sanitaires. La sélection de nouvelles variétés de vanilliers est un travail de longue haleine – 7 à 8 ans par génération – et il est nécessaire de sélectionner les parents disposant des meilleurs gènes pour produire et sélectionner précocement les meilleurs descendants afin de proposer de nouvelles variétés aux producteurs. En particulier, le Cirad a un programme d'innovation variétale des vanilliers à La Réunion pour mettre au point de nouvelles variétés plus résistantes à la fusariose, une maladie mondiale causée par un champignon du sol pouvant tuer jusqu'à 67 % des plantes d'une même vanilleraie. Une première variété (Handa) résistante à la fusariose et aux qualités aromatiques attendues est déjà en cours d'évaluation agronomique. De plus, d'autres gènes d'intérêt sont recherchés pour la production des arômes, pour la floraison ou pour la tolérance à la sécheresse.

[1] **https://vanilla-genome-hub.cirad.fr/** | Référence : Piet Q., Droc G., Marande W., Sarah G., Bocs S., Klopp C., Bourge M., Siljak-Yakovlev S., Bouchez O., Lopez-Roques C., Lepers-Andrzejewski S., Bourgois L., Zucca J., Dron M., Besse P., Grisoni M., Jourda C., and Charron C. 2022.

FÉLICIEN FAVRE,

DOCTORANT EN 3ÈME ANNÉE À L'UNIVERSITÉ DE LA RÉUNION, UMR PVBMT [2]

« Le génome de Vanilla planifolia *est un réservoir de connaissances en appui au programme d'amélioration variétale du vanillier, en particulier en donnant accès aux séquences de gènes potentiellement impliqués dans des caractères d'intérêt agronomique. Le champignon* Fusarium oxysporum *f.sp.* racidicis-vanillae *est responsable d'une maladie majeure chez les vanilliers cultivés appelée « pourriture des racines et des tiges », pour laquelle les méthodes de lutte chimique ou prophylactique se sont avérées inefficaces. L'utilisation de sources de résistance présentes dans la diversité naturelle du genre* Vanilla *apparaît comme la meilleure stratégie pour une gestion durable de la maladie.*

Ma thèse, encadrée par Carine Charron (Cirad) et Pascale Besse (Université de La Réunion), vise à identifier des facteurs génétiques impliqués dans le mécanisme de résistance des vanilliers à la fusariose. La résistance a été étudiée par une méthode d'inoculation des racines sur une population obtenue par l'autofécondation du vanillier dont le génome a été séquencé. À partir de cette population, je cherche à identifier des marqueurs moléculaires associés au caractère de résistance, puis à les localiser sur le génome afin d'identifier des gènes candidats et leur implication potentielle dans la résistance. Les régions génomiques identifiées permettront in fine *de mieux comprendre les mécanismes moléculaires impliqués dans la résistance des vanilliers et d'accélérer les programmes d'amélioration variétale. »*

QUENTIN PIET,

DOCTORANT EN 1ÈRE ANNÉE À L'UNIVERSITÉ DE LA RÉUNION, UMR PVBMT [2]

« Je suis étudiant en première année de thèse à l'Université de La Réunion au sein de l'UMR PVBMT et accueilli au Pôle de protection des plantes au Cirad à Saint-Pierre, à La Réunion. Ma thèse porte sur la compréhension du phénomène d'endoréplication partielle dans les génomes de vanilliers cultivés avec, comme modèle d'étude, le génome de Vanilla planifolia *dont est issu plus de 95 % de la production mondiale de gousses de vanille. C'est un phénomène spécifique des orchidées qui entraîne, pour une certaine proportion de cellules, une réplication de certaines parties du génome sans que cela soit suivi d'une division cellulaire. La proportion de cellules sujettes à ce phénomène et leur niveau d'endoréplication sont dépendants du tissu étudié. On observe donc une sorte d'amplification de certaines régions du génome dans le noyau cellulaire. Chez* V. planifolia, *les régions endorépliquées correspondent à environ 1/3 du génome, mais cette proportion est assez variable au sein du genre* Vanilla *et des orchidées.*

Afin de mieux comprendre le rôle de ce phénomène, on voudrait, dans un premier temps, localiser précisément ces régions pour élucider leur structure et leur contenu en gènes et autres éléments génomiques. Nous avons déjà quelques pistes avec le génome qui a été publié par le consortium Vaniseq quant à la localisation et au contenu de ces régions, mais nous espérons aller plus loin avec un assemblage de génome mieux organisé et sur lequel nous pourrons nous appuyer pour des analyses plus fines. »

[1] (suite) A chromosome-level, haplotype-phased genome assembly for *Vanilla planifolia* highlights that partial endoreplication challenges accurate whole genome assembly. DOI: 10.1016/j.xplc.2022.100330 | [2] L'Unité mixte de recherche Peuplements végétaux et bioagresseurs en milieu tropical.