AGROPOLIS
LES DOSSIERS
Compétences de la communauté scientifique

Ressources génétiques & Génomique & Biotechnologies végétales

numéro 1 - mai 2001

Bernard Hau, © Cirad-CA

Qualité de la fibre chez le cotonnier

La fibre de coton est la fibre naturelle la plus utilisée par l'industrie textile. C'est une structure unicellulaire qui se développe à partir de cellules épidermiques du tégument de la graine. À l'heure actuelle, on dispose de très peu de données moléculaires qui permettraient d'établir une corrélation entre l'expression de gènes et l'élaboration de la qualité technologique des fibres (longueur, ténacité, résistance à l'allongement…). Il est aujourd'hui possible d'identifier quels gènes sont à l'origine des différentes qualités de fibres chez divers mutants, variétés et espèces de cotonniers. Pour ce faire, on réalise des patrons d'expression d'ADNc (ADN complémentaire) et d'EST (*Expressed Sequence Tag*) pendant la phase de développement des fibres du cotonnier ; ceci permet de déterminer quels sont les gènes impliqués dans cette caractéristique agronomique et, pour chacun d'entre eux, d'identifier les allèles qui y sont favorables. Il sera ainsi possible de repérer des gènes importants dont l'expression déterminera *in fine* la qualité intrinsèque de la fibre, et éventuellement d'assigner à ces gènes une fonction biologique. Les gènes candidats ainsi identifiés constituent donc des gènes d'intérêt agronomique et peuvent également être testés en cartographie génétique dans le cadre de l'analyse de QTLs (*Quantitative Trait Loci*) impliqués dans la qualité technologique des fibres.

Contact : Marc Giband, marc.giband@cirad.fr

Quels gènes contrôlent les qualités technologiques du coton (longueur, ténacité, résistance…)?

J.-L. Chanselme, © Cirad-CA

Pour réaliser ces cartes, on produit une ou des descendance(s) par croisements contrôlés puis on analyse les descendants, d'une part au moyen de marqueurs moléculaires, d'autre part par des évaluations agronomiques au champ. Cette caractérisation moléculaire permet de construire une carte génétique détaillée du génome de l'espèce. Une cartographie génétique plus fine, reposant sur l'analyse de plus grandes descendances, vient ensuite encadrer ces facteurs génétiques d'assez près pour pouvoir passer à la cartographie physique.

Tout ceci sous-entend d'avoir accès à des ressources génétiques, à des terrains d'expérimentation et à des laboratoires ainsi qu'une capacité à produire des descendances en ségrégation.

• **La génomique structurale** se concentre sur l'organisation physique du génome sous forme de chromosomes portant des séquences de types divers, parmi lesquelles les gènes constituent la cible principale des recherches.

- ***la cartographie physique du génome*** consiste à construire une réplique d'un génome entier sous la forme de grands fragments d'ADN clonés (à l'intérieur des bactéries dans le cas des clones BAC, *Bacterial Artificial Chromosome*), et ordonnés les uns par rapport aux autres. Cette cartographie sert en particulier à traduire une carte génétique -qui localise des zones du génome impliquées dans l'expression de caractères particuliers- en fragments d'ADN qui contiennent les gènes contrôlant ces caractères. Elle trouve son application typique avec le clonage positionnel (voir page 11 " *Synténie et marche chromosomique parallèle chez les graminées* ") des gènes d'intérêt agronomique. Elle sert également à récupérer la version complète de gènes détectés au moyen de leur séquence transcrite, les EST ou *Expressed Sequence Tags* ;

- ***le séquençage systématique du génome*** 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 l'*Arabidopsis* et du riz. Les laboratoires de la région Languedoc-Roussillon ont participé à la mise en place d'une telle initiative en France pour le chromosome 12 du riz (voir page 16 "*La Génopole de Montpellier et Languedoc Roussillon*"). •••