

Inra : des chercheurs angevins décodent le génome de la pomme

Si la pomme est l'un des fruits les plus consommés au monde, son patrimoine génétique était encore méconnu. La première ébauche de son séquençage, réalisée en 2010, comportait des erreurs. Les travaux du consortium international menés par l'Institut de recherche en horticulture et semences (IRHS) d'Angers, rattaché à l'Inra, viennent d'aboutir au décodage de la quasi-totalité du génome et de l'épigénome de la pomme. Cette découverte a fait l'objet d'une publication scientifique dans « Nature Genetics » en juin.

Selon Etienne Bucher, le directeur de recherche qui a conduit le projet, ce sont les dernières technologies de séquençage de l'ADN, combinées avec celles de la cartographie classique, qui ont abouti à une très haute qualité du génome, comportant 42.140 gènes. Ces travaux ont permis un assemblage réduit à 280 fragments d'ADN au lieu de 120.000 précédemment. « C'est presque 500 fois mieux qu'avant, résume Etienne Bucher. Cela permet de mieux identifier les traits d'intérêt sur la résistance aux maladies, la texture, la taille, la couleur ou l'amélioration de la productivité. » Il sera ainsi plus facile d'identifier de possibles arbres « parents » au stade de plantule, ce qui réduira de moitié le temps nécessaire à l'innovation variétale.

Etudes épigénétiques

Sur ce génome de haute qualité, les chercheurs ont conduit des études épigénétiques, c'est-à-dire la transmission d'informations indépendamment de la séquence de l'ADN. Ils ont pu mettre en évidence des marques épigénétiques qui peuvent influencer le développement du fruit à travers l'expression différentielle des gènes, par exemple la taille. Menés sur la variété Golden Delicious, ces travaux constituent une base de référence pour en séquencer d'autres et établir des comparaisons.

Lien article : <https://www.lesechos.fr/idees-debats/sciences-prospective/030401914281-inra-des-chercheurs-angevins-decodent-le-genome-de-la-pomme-2100215.php>