



Communiqué de presse – 17 août 2018

De nouvelles perspectives pour l'amélioration variétale du blé et sa culture : le séquençage du génome du blé est aujourd'hui réalisé

Le Consortium international de séquençage du génome du blé (IWGSC), dans lequel l'Inra occupe une position de leader, annonce la publication de la première séquence de référence du génome du blé dans la revue *Science* du 17 août 2018. Des équipes françaises de l'Inra, du CEA, du CNRS et des universités de Clermont-Auvergne, d'Evry Val d'Essonne, de Paris-Sud et de Paris-Saclay, ont contribué à ce véritable exploit scientifique en raison de la taille et de la complexité de ce génome, cinq fois plus gros que le génome humain et 40 fois plus gros que celui du riz. Ce résultat permettra notamment l'identification de gènes d'intérêt agronomique, ouvrant ainsi de nouvelles perspectives pour l'amélioration des variétés de blé et de sa culture, face aux défis planétaires à relever. C'est également une étape majeure au plan fondamental, pour comprendre le fonctionnement et l'évolution de ce génome complexe.

Avec 220 millions d'hectares, le blé tendre (*Triticum aestivum* L.) est la céréale la plus cultivée dans le monde. Nourriture de base pour 30 % de la population mondiale, le blé est également, avec le riz, la céréale la plus consommée en alimentation humaine, fournissant en moyenne 20 % des besoins alimentaires journaliers moyens. Pour répondre à la demande alimentaire changeante d'une population mondiale grandissante et ce dans des conditions environnementales et sociales durables une augmentation annuelle des rendements du blé de l'ordre de 1,7% est nécessaire. Pour parvenir à cette augmentation, des progrès sans précédent depuis la Révolution Verte des années 60 doivent être réalisés conjointement au niveau de l'amélioration variétale et des pratiques agronomiques.

Fruit du travail de plus de 200 scientifiques issus de 73 instituts de recherche de 20 pays, la description et l'analyse de la séquence de référence annoncée par le Consortium international de séquençage du génome du blé (IWGSC) en janvier 2016, ont été publiées dans la revue *Science* le 17 août 2018. Cette ressource fournit de précieux outils pour répondre aux défis de l'agriculture, puisqu'elle permettra d'identifier plus rapidement les gènes contrôlant des caractères d'intérêt agronomique.

107 000 gènes identifiés et 4 millions de marqueurs moléculaires développés

En effet, l'analyse de cette séquence a conduit, entre autres, à la localisation précise de plus de 107 000 gènes, parmi lesquels des gènes potentiellement impliqués dans la qualité du grain, la résistance aux maladies ou la tolérance à la sécheresse. Elle a également permis de développer plus de quatre millions de marqueurs moléculaires dont certains sont déjà utilisés dans des programmes de sélection.

Au-delà de son intérêt pour l'amélioration variétale, cette séquence permet également de mieux comprendre ce génome qui compte parmi les plus grands et les plus complexes du règne végétal. Il est ainsi possible d'étudier l'organisation des gènes et la régulation de leur expression ou encore d'élucider les mécanismes évolutifs ayant façonné ce génome depuis sa formation, il y a environ 10 000 ans.

Si elle est l'aboutissement de 13 années de travail et une réalisation majeure pour la communauté scientifique, cette séquence n'est cependant qu'une première étape. Et les équipes scientifiques du

consortium IWGSC se lancent d'ores et déjà dans de nouveaux défis, comme notamment l'étude fonctionnelle des éléments constitutifs de cette séquence ou la caractérisation de la diversité génétique du blé et de ses espèces apparentées pour identifier de nouveaux gènes et allèles d'intérêt agronomique.

Référence

IWGSC (2018) Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science*. <http://science.sciencemag.org/cgi/doi/10.1126/science.aar7191>

L'impact de cette séquence de référence du blé sur la communauté scientifique a déjà été significatif, comme en témoignent les six autres articles publiés le même jour dans les revues *Science*, *Science Advances* et *Genome Biology* (1) et auxquels les équipes de scientifiques françaises ont contribué. De plus, depuis sa mise à disposition de la communauté en janvier 2017 sur le portail de l'IWGSC, hébergé par l'unité de recherche en génomique-info de l'Inra, la séquence a été référencée par une centaine d'articles scientifiques.

<http://presse.inra.fr/Communiqués-de-presse/assemblage-de-la-sequence-du-genome-complet-du-blé-accessible-sur-une-plateforme-Inra>

(1) Articles publiés le 17 août 2018 dans *Science*, *Science Advances* et *Genome Biology* :

Ramirez-Gonzalez et al. (2018) The transcriptional landscape of polyploid wheat. *Science*.

Juhasz et al. (2018) Genome mapping of seed-borne allergens and immune-responsive proteins in wheat. *Science Advances*

Wicker et al. (2018) Impact of transposable elements on genome structure and evolution in wheat. *Genome Biology*.

Alaux et al. (2018) Linking the International Wheat Genome Sequencing Consortium bread wheat reference genome sequence to wheat genetic and phenomic data. *Genome Biology*.

Keeble-Gagnère et al. (2018) Optical and physical mapping with local finishing enables megabase-scale resolution of agronomically important regions in the wheat genome. *Genome Biology*.

Thind et al. (2018) Chromosome-scale comparative sequence analysis unravels molecular mechanisms of genome dynamics between two wheat cultivars. *Genome Biology*

Contacts scientifiques

- Etienne Paux
Unité Génétique Diversité et Ecophysiologie des Céréales (Inra, Université Clermont Auvergne)
Département scientifique « Biologie et amélioration des plantes »
04.43.76.15.46
etienne.paux@inra.fr
- Frédéric Choulet
Unité Génétique Diversité et Ecophysiologie des Céréales (Inra, Université Clermont Auvergne)
Département scientifique « Biologie et amélioration des plantes »
04.43.76.15.45
frederic.choulet@inra.fr

A propos du Consortium International de Séquençage du Génome du Blé (IWGSC)

L'IWGSC, avec 2 400 membres issus de 68 pays - dont l'Inra - est un consortium international créé en 2005 à l'initiative de chercheurs en sciences végétales et de sélectionneurs publics et privés.

L'objectif initial de l'IWGSC était de produire et de rendre publique une séquence complète du génome du blé tendre d'excellente qualité, ressource indispensable pour la recherche fondamentale et qui permettra aux sélectionneurs de produire des variétés plus adaptées. Le consortium rentre aujourd'hui dans sa deuxième phase qui vise notamment à comprendre et exploiter cette séquence pour répondre aux défis de l'agriculture de demain. L'IWGSC est une organisation à but non-lucratif enregistrée aux Etats-Unis.

Plus d'informations : www.wheatgenome.org