

(https://lbbe.univ-lyon1.fr/sites/default/files/styles/img__1280x768__image_scale__crop_main/public/media/images/arton4667.jpg?itok=Pn0fGjoj)

Un atlas d'interrupteurs de l'expression des gènes chez les plantes: une carte routière pour la recherche en agronomie

Publié le 23 juillet 2013

Comment certaines plantes peuvent-elles survivre au rude climat canadien tandis que d'autres sont sensibles au moindre changement de température ? Elles activent des gènes spécifiques juste au bon moment. Mais la façon dont elles contrôlent l'activation de ces gènes reste encore très mal connue. Une avancée majeure est apportée par la carte génomique publiée cette semaine dans la revue {Nature Genetics} par une chercheuse française, au sein d'un consortium international mené par des chercheurs canadiens. [Annabelle Haudry,->http://lbbe.univ-lyon1.fr/-Haudry-Annabelle-.html] maître de conférences à l'Université Claude Bernard Lyon 1 au Laboratoire Biométrie et Biologie Evolutive, et première signataire de cette étude, précise que « cette carte, qui est la première de la sorte chez les plantes, va aider les scientifiques à localiser les régions régulatrices leur génome ».

L'équipe a séquencé le génome de plusieurs espèces de Brassicacées (une large famille de plantes qui comprend des espèces économiquement importantes telles que le colza, le chou, la moutarde, le navet) et les a analysé conjointement avec des génomes déjà publiés afin de localiser plus de 90 000 régions génomiques extrêmement conservées qui ne semblent pas coder pour des protéines. Ces régions jouent vraisemblablement d'importants rôles dans l'activation des gènes, par exemple pour réguler le développement de la plante ou sa réponse à des conditions environnementales. Les équipes de l'Université de Toronto et de McGill sont actuellement en train d'identifier lesquelles de ces régions seraient impliquées dans des caractères d'importance pour les agriculteurs.

Cette étude contribue également au débat fondamental des biologistes depuis ces dernières années qui consiste à estimer la proportion de génome fonctionnel d'une cellule, en comparaison avec la proportion de 'junk DNA' ("ADN poubelle"). Tandis que les régions du génome qui codent pour des protéines sont relativement faciles à identifier, de nombreuses régions "non codantes" peuvent être importantes pour la régulation des gènes, les activer et désactiver dans le bon organe et dans les bonnes conditions. Bien que les humains et les plantes aient des nombres de gènes codant pour des protéines similaires, la carte publiée dans {Nature Genetics} suggère que les plantes ont beaucoup moins de régions régulatrices les contrôlant. Le degré de complexité de la régulation chez les plantes serait compris entre celui des champignons et celui des vers microscopiques. Ces travaux suggèrent donc que la complexité d'un organisme repose moins sur les gènes qu'il a que sur comment il les utilise.