



Le génome de la tomate séquencé, une manne pour les sélectionneurs

Mondher Bouzayen, Mathilde M. Causse

► To cite this version:

Mondher Bouzayen, Mathilde M. Causse. Le génome de la tomate séquencé, une manne pour les sélectionneurs. Jardins de France, 2014, 1, pp.71. hal-02632122

HAL Id: hal-02632122

<https://hal.inrae.fr/hal-02632122>

Submitted on 27 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Société
Nationale
d'Horticulture
de France

Jardins

LES CAHIERS

n°1 - Edition 2014

| de France

Publication de la société nationale d'horticulture de France

LE GÉNOME DE LA TOMATE SÉQUENCÉ, UNE MANNE POUR LES SÉLECTIONNEURS

Par Mondher Bouzayen et Mathilde Causse

Le déchiffrement de la séquence complète du génome de la tomate fournit une connaissance précise des régions fonctionnelles, révélant l'ordre, l'orientation, les types et les positions des 35 000 gènes identifiés. Cela permettra aux scientifiques de déterminer les liens entre gènes et caractères et de mieux comprendre comment l'interaction des facteurs génétiques et environnementaux, détermine la santé et la stabilité des cultures. La séquence du génome de la tomate servira de référence pour l'identification de gènes d'intérêt chez d'autres plantes de la famille des Solanacées qui constitue la première source légumière au niveau mondial à la fois en quantités produites et en valeur économique. En effet, en plus de la tomate, plusieurs espèces issues de cette famille présentent un intérêt agronomique majeur comme la pomme de terre, le poivron et l'aubergine. Cette famille est aussi une source importante d'essences médicamenteuses.

La connaissance de la séquence du génome est une ressource inestimable pour les sélectionneurs. Elle permet désormais de disposer d'un grand nombre de marqueurs (SNP)¹ polymorphes, facilitant la sélection assistée par marqueurs. L'identification de nouveaux gènes impliqués dans la variation de caractères d'intérêt agronomiques est également facilitée tout comme les recherches translationnelles² via la comparaison des structures des génomes dont le nombre ne cesse de croître.

La connaissance des différences entre la séquence du génome de la tomate cultivée et celle de son ancêtre, *S. pimpinellifolium*, apporte aussi un nouvel éclairage sur les mécanismes qui ont permis la diversification de l'espèce au cours de l'évolution et son adaptation à de



LE SÉQUENÇAGE DU GÉNOME PERMET L'IDENTIFICATION DE GÈNES D'INTÉRÊT CHEZ LA TOMATE
© J.-F. COFFIN

nouveaux environnements. Le déchiffrement de la séquence montre ainsi que le génome de la tomate a subi une expansion brutale il y a environ 60 millions d'années, période coïncidant avec celle de l'extinction massive d'espèces sur la terre. Si la plupart des gènes issus de ces événements de duplication ont été perdus, plusieurs persistent encore aujourd'hui et on note avec intérêt qu'ils contrôlent certains des caractères les plus importants chez la tomate comme l'accumulation de pigments et d'antioxydants au cours de la maturation des fruits. La séquence du génome ainsi que d'autres ressources sont accessibles sur le site de Solgenomics (<http://solgenomics.net>).

À lire

• Shusei Sato et al. The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature*, 31 mai 2012, DOI: 10.1038/nature11119

¹ Marqueurs polymorphes: les marqueurs polymorphes sont des marqueurs du génome qui varient selon les individus

² Recherches translationnelles: La recherche translationnelle (ou recherche de transfert) se situe entre la recherche fondamentale et la recherche appliquée, dans le cas présent par la comparaison des génomes déjà séquencés de différentes espèces