

BIOTECHNOLOGIES

LA RECHERCHE PASSE à la vitesse supérieure



Les biotechnologies sont source d'avancées techniques contribuant potentiellement à préserver et/ou augmenter les rendements tout en protégeant l'environnement.

Sélection variétale, lutte contre les maladies, diagnostics ou encore connaissance du fonctionnement microbiologique des sols, les applications des biotechnologies sont nombreuses. De récentes avancées scientifiques accélèrent leur développement.

Les biotechnologies modernes regroupent un ensemble de techniques issues de la biologie moléculaire. Elles font appel aux propriétés génétiques des êtres vivants. Utilisées de longues date (médecine, agriculture, protection de l'environnement...), elles évoluent aux grés des avancées scientifiques, comme celles liées aux marqueurs moléculaires pour l'identification des gènes d'intérêt. La connaissance fine de la diversité génétique, de la structure et de l'évolution des génomes végétaux est un préalable à la valorisation de la variabilité disponible. Il s'agit, entre autres, d'identifier et de sélectionner des caractères liés à la qualité des produits, au comportement agronomique des variétés, ou encore aux résistances vis-à-vis des maladies et des ravageurs. Le développement

des capacités de génotypage (identification des gènes) et de séquençage fait aujourd'hui du phénotypage (caractères observables) et de l'analyse des bases de données massives deux leviers des programmes de sélection. La régulation de l'expression du génome ouvre également de multiples voies de recherche.

Prévoir les performances des variétés

Une des missions d'ARVALIS est d'évaluer les variétés après leur inscription au catalogue officiel afin de confirmer, compléter et actualiser leurs caractéristiques et d'effectuer des préconisations. La variabilité des performances d'une année et d'un lieu à l'autre conduit à réaliser les expérimentations dans des réseaux multi-locaux (10 à 40 sites par variétés et par an) et pluriannuels (1 à

3 ans selon les variétés] pour aboutir à des estimations fiables sur tous les caractères.

Un modèle de prédiction génomique a été développé par ARVALIS en partenariat avec l'université d'État du Michigan (États-Unis) afin de prédire les performances de rendement d'une nouvelle variété, en conditions bien protégées vis-à-vis des maladies, dans différents lieux d'essais, à l'aide de données de génotypage (marqueurs moléculaires) et d'informations pédo-climatiques (variables environnementales). Une évaluation de ce modèle est en cours pour savoir s'il peut contribuer au classement des variétés en matière de rendement et à l'amélioration du conseil dès la première année d'essais post-inscription. Il s'agit de simuler le comportement des variétés dans une vingtaine de lieux représentatifs des bassins de production français, à l'aide des données climatiques acquises depuis vingt ans. Dans le même ordre d'idée, un projet de recherche financé dans le cadre du FSOV, regroupant R2N (RAGT) et ARVALIS, a pour objectif de mettre au point un modèle similaire et de tester son intérêt en comparant au champ deux schémas de sélection, l'un basé sur une sélection phénotypique classique et l'autre basé sur le modèle de prédiction génomique.

Des partenariats étendus

Toujours sur le blé, 26 partenaires (laboratoires de recherche publics, sociétés privées, ARVALIS...), regroupés dans un projet nommé « *Breedwheat* » (2011-2020), travaillent, à travers la mise en œuvre de nouvelles technologies de génotypage et de phénotypage à haut débit, à l'identification de régions chromosomiques associées à l'efficacité d'utilisation de l'azote et de l'eau, à la tolérance à la septoriose et à la fusariose, à la résistance à la chaleur et à la sécheresse (www.breedwheat.fr). De nouvelles méthodes de sélection, dont la

Recherche collaborative

Sur le modèle de l'accession, à moindre coût et au plus grand nombre, à des ressources dites « open source », des laboratoires comme La Paillasse (<http://lapaillasse.org>) ont vu le jour. Ils mettent à disposition, à tout un chacun, du matériel de recherche et d'expérimentation, pour répondre à des besoins aussi variés que la détection de viande de cheval dans l'alimentation ou la conception de kit détection rapide pour les maladies des plantes. La volonté des fondateurs de La Paillasse est aussi de favoriser l'accession à des savoirs dans le but d'une création sociale et citoyenne.

sélection génomique, sont aussi évaluées scientifiquement et économiquement, et comparées à la sélection phénotypique traditionnelle au sein de ce projet *Breedwheat*.

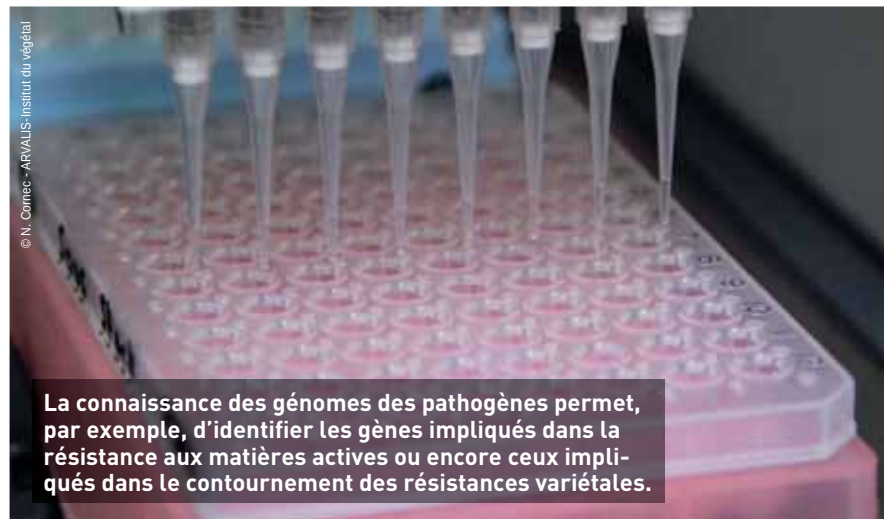
D'autres projets de même nature sont également en cours sur différentes cultures, comme AMAÏZING (maïs), SUNRISE (tournesol), RAPSODYN (colza) ou encore PEAMUST (pois), avec de multiples partenaires dont des unités de recherches publiques, des instituts techniques et des semenciers.

Plus d'efficacité contre les maladies

Afin d'actionner les méthodes de lutte les plus appropriées et ainsi réduire les pertes de récolte, en quantité et/ou qualité, dues à des agents phytopathogènes tels que les bactéries, les virus et les champignons, il est primordial d'identifier les bio-agresseurs et de caractériser leurs propriétés (virulences, variations d'agressivité). La recherche a mis au point de nombreuses méthodes de détection des maladies basées sur la biologie moléculaire (PCR,

CRISPR-Cas9, une innovation révolutionnaire

À l'instar de la méthode d'amplification génique PCR, qui a révolutionné la biologie moléculaire et l'analyse génomique il y a une trentaine d'années, la méthode CRISPR-Cas9 est une nouvelle étape fondamentale. En s'inspirant d'un mécanisme de défense bactérien, des biologistes ont mis au point cet outil pour modifier avec précision l'ADN de n'importe quelle cellule. D'autres techniques d'édition du génome existent mais CRISPR-Cas9 est une technique simple, rapide et bon marché. Elle ouvre la voie à de très nombreuses applications en amélioration des plantes et animale, dans l'industrie agroalimentaire et en médecine.



La connaissance des génomes des pathogènes permet, par exemple, d'identifier les gènes impliqués dans la résistance aux matières actives ou encore ceux impliqués dans le contournement des résistances variétales.

séquençage...), la biochimie (Elisa) ou l'imagerie (fluorescence, hyperspectrale).

Certaines d'entre elles, comme la qPCR ou l'imagerie, donnent même la possibilité de détecter le bio-agresseur sans que les symptômes ne soient visibles, avec une meilleure anticipation des risques et une meilleure efficacité des actions correctrices alors mieux positionnées. Il est également possible de détecter des populations résistantes à une matière active ou encore de caractériser des

« Dans un proche avenir des méthodes de détection au champ des maladies devraient voir le jour. »

souches possédant des virulences spécifiques si le gène a été préalablement caractérisé.

Mais il est possible d'agir encore plus en amont. Des méthodes moléculaires existent pour détecter et quantifier l'inoculum aérien des agents pathogènes grâce à la capture des spores et ainsi anticiper d'éventuelles épidémies. Ces méthodes sont aussi applicables pour déterminer le potentiel infectieux d'un sol (quantifier la présence d'un bio-agresseur dans une parcelle) et mieux évaluer les risques de maladie avant même que la culture ne soit mise en place (piétin échaudage, dartrose de la pomme de terre, verticilliose du lin ou du colza, hernie des crucifères ...).

Des laboratoires au champ

Les méthodes d'analyse nécessitent pour la plupart des équipements lourds et spécifiques. Elles ne peuvent être réalisées que dans des laboratoires dédiés. Dans un proche avenir, des méthodes directement applicables au champ, par l'agriculteur ou le technicien, devraient voir le jour. Parmi elles, la

Une nouvelle approche pour identifier les gènes de résistance

Avec la puissance des techniques de génomiques, il est maintenant possible d'aller rechercher dans le génome une séquence spécifique. La méthode « RenSeq » (*R gene enrichment and sequencing*) consiste à générer une collection de séquences de motifs « NBS-LRR » (famille majoritaire des gènes de résistance) pour scanner le génome de la plante et identifier ainsi tous les gènes de résistance qu'elle possède. La première application de cette approche a eu lieu en 2013 sur pomme de terre par l'identification d'un gène de résistance au mildiou. En 2016, une étude sur blé tendre a mis en évidence des gènes de résistance à la rouille noire. Cette approche devrait rapidement être élargie à toutes les familles de gènes de résistance et à de nombreux pathogènes.

LAMP (amplification isotherme de l'ADN), qui ne nécessite qu'une faible technicité pour sa mise en œuvre, offre la possibilité de visualiser des résultats de différentes manières selon le matériel disponible et l'objectif de l'analyse (turbidité à l'œil, indicateurs colorimétriques, gel électrophorèse, spectrophotomètres, fluorescence).

D'autre part, dans le cadre du programme « Investissement d'avenir », ARVALIS est partenaire d'un projet nommé Flashdiag®ALT, mené par la société Anova-Plus et financé par FranceAgriMer, dont l'objectif est le développement d'un test ADN de terrain pour une détection rapide et simultanée de deux espèces de champignons causant l'Alternariose de la pomme de terre. D'autres initiatives, comme des laboratoires collaboratifs (*encadré*) contribuent à la démocratisation des analyses et au développement des recherches. Depuis 10 ans, des nouvelles technologies de séquençage se sont développées pour déchiffrer plus rapidement les génomes entiers (*encadré*). Grâce à ces méthodes de moins en moins coûteuses, les génomes des principaux bio-agresseurs ont été séquencés ou sont en cours de séquençage. Ces techniques ont de multiples applications qui ne manqueront pas de se développer encore dans les années à venir pour évaluer l'activité microbiologique d'un sol, anticiper l'émergence de nouvelles maladies, ou encore mieux comprendre l'écologie des insectes et de leurs parasites (suivi des espèces par comparaison de séquences de leur génome - projet CASDAR sur le Colza mené par Terres Inovia et l'INRA).



Les nouvelles technologies de génotypage ou de phénotypage à haut débit visent à accélérer l'innovation variétale.

Philippe Gate - p.gate@arvalisinstitutduvegetal.fr
David Gouache - d.gouache@arvalisinstitutduvegetal.fr

ARVALIS - Institut du végétal

Étienne Pilorgé - e.pilorge@terresinovia.fr

Xavier Pinochet - x.pinochet@terresinovia.fr

Terres Inovia