

# Séquençage du génome d'une légumineuse modèle : *Medicago truncatula*

**INRA - CEA - CNRS**

**Des chercheurs de l'Inra en collaboration avec des équipes du Genoscope (CEA) et du CNRS au sein d'un consortium international associant des équipes européennes et américaines ont décrypté le génome d'une légumineuse, *Medicago truncatula* (Mt) ou luzerne tronquée. La connaissance de son génome permet d'accéder facilement à la localisation de gènes d'intérêts chez les légumineuses cultivées (le pois, la féverole, la lentille, la luzerne et le trèfle) ce qui facilitera grandement leur amélioration génétique. Les légumineuses sont capables de fixer l'azote atmosphérique et leur culture ne nécessite pas d'engrais azoté, présentant un grand intérêt pour une agriculture durable et plus respectueuse de l'environnement. Ces résultats sont publiés le 16 novembre 2011 dans la revue *Nature*.**

Cette plante fourragère, proposée comme légumineuse modèle par l'Inra dans les années 1980, fait partie de la famille des Fabaceae (anciennement Légumineuses). Les légumineuses jouent un rôle économique majeur : elles constituent une source importante de protéines végétales pour l'alimentation animale et humaine, et leur culture ne nécessite pas de fertilisation azotée ce qui représente un avantage économique mais aussi environnemental. Elles sont ainsi utilisées dans la rotation des cultures. La production mondiale représente environ 300 millions de tonnes par an.

La capacité des légumineuses à fixer l'azote atmosphérique est un caractère unique parmi les plantes cultivées. Elle résulte de la symbiose avec des bactéries du sol appelées *Rhizobium* qui induisent la formation des structures appelées nodosités au niveau des racines de la plante. Ces bactéries produisent une enzyme, la nitrogénase, dont les plantes sont dépourvues et qui permet aux légumineuses de fixer l'azote atmosphérique. En échange, la plante fournit les éléments nutritifs nécessaires au développement des bactéries.

Grâce à une collaboration internationale, les chercheurs de l'Inra ont décrypté la quasi-totalité du génome de Mt. Il comporte 8 chromosomes et la France a réalisé le séquençage des deux bras des chromosomes n°5, soit 45 millions de paires de bases, avec une finition complète. Ces travaux ont révélé qu'une duplication de l'ensemble du génome au moment de l'apparition des légumineuses, il y a environ 60 millions d'années, a joué un rôle majeur dans la formation du génome de Mt en favorisant la mise en place d'un programme génétique permettant une vie symbiotique avec les *Rhizobium*. En effet, grâce à cette duplication du génome, des gènes impliqués dans une symbiose beaucoup plus ancienne avec des champignons mycorhiziens ont évolué et donné naissance à des gènes impliqués dans la symbiose fixatrice d'azote.

Mt est très proche, d'un point de vue phylogénétique, de la plupart des légumineuses cultivées en Europe comme le pois protéagineux, la féverole, la luzerne ou les trèfles. Il existe une forte conservation de l'ordre dans lequel les gènes sont situés sur les chromosomes de ces espèces (conservation synténique). La connaissance de la séquence du génome de Mt a permis la détermination de l'ordre de la majorité des gènes sur les huit chromosomes. Ainsi, cette connaissance devrait grandement faciliter la localisation des gènes importants chez les légumineuses cultivées. L'amélioration génétique des légumineuses est indispensable pour

permettre leur introduction plus fréquente dans les rotations de cultures pour développer des systèmes durables et moins consommateurs d'intrants, en particulier les nitrates, dont la production est coûteuse en énergie.

*Les participants au consortium sont notamment: University of Oklahoma, J. Craig Venter Institute, Genoscope (CEA Institut de Genomique), Wellcome Trust Sanger Institute, University of Minnesota, LIPM INRA/CNRS, John Innes Centre, Noble Foundation, University of Wageningen, MIPS, Ghent University, National Center for Genome Resources (NCGR), BIA INRA, CNRGV INRA.*

*Le séquençage des 44 millions de paires de bases qui constituent l'ADN du chromosome 5 de *Medicago truncatula* a été financé par le projet Européen Grain Legumes (à part égale entre l'EU et GENOSCOPE -Institut de Génomique CEA), par le projet ANR SEQMEDIC, et par l'INRA et le CNRS.*