

Mardi 28 juin 2016

## COMMUNIQUÉ DE PRESSE

---

### Le génome du tournesol décrypté

Des scientifiques de l'Inra<sup>1</sup> viennent d'achever le séquençage du génome de référence du tournesol, dans le cadre du projet Investissements d'Avenir SUNRISE<sup>2</sup> et en collaboration avec le Consortium international de génomique du tournesol<sup>3</sup>. Ce résultat majeur permettra d'accélérer l'efficacité des programmes de sélection variétale du tournesol, qui possède un fort potentiel d'amélioration et des atouts environnementaux démontrés pour les systèmes agricoles de demain. Il contribuera également à fournir aux agriculteurs de nouvelles variétés mieux adaptées aux modes de production, aux usages alimentaires et industriels et répondant aux enjeux économiques de la filière. Ces travaux sont rendus publics à l'occasion des journées d'échanges tournesol, les 28 et 29 juin 2016 à Toulouse.

#### Une première mondiale.

Des scientifiques de l'Inra<sup>1</sup> ont produit la séquence du génome de la lignée de tournesol XRQ, parent d'une variété cultivée, développée par l'Inra. Pour la première fois, l'ADN du tournesol a été décrypté complètement. C'est-à-dire que l'ensemble de ses gènes (son génome) a été décodé, assemblé et ordonné. La séquence du génome du tournesol a été mise à disposition des programmes de sélection des partenaires du projet SUNRISE et de la communauté académique en avant première à l'occasion des journées d'échanges tournesol organisées les 28 et 29 juin 2016 à Toulouse.

#### Le résultat d'une stratégie innovante.

Pour obtenir ce résultat, la principale difficulté a été d'assembler, comme les pièces d'un puzzle, les gènes dans le bon ordre. Ce puzzle géant, 20% plus grand que le génome humain, est d'autant plus difficile à construire que le génome du tournesol est constitué de très nombreuses pièces qui se ressemblent. Plus de 80% du génome du tournesol est constitué de parties quasi identiques que les programmes informatiques ont beaucoup de difficultés à différencier. Grâce à une stratégie innovante utilisant le robot de séquençage de dernière génération PacBio RS II<sup>4</sup>, les scientifiques ont obtenu une séquence de référence de qualité. En effet, le séquenceur PacBio RS II est capable de lire des fragments d'ADN 100 fois plus longs que les générations précédentes de robots. Les fragments sont ensuite plus facilement assemblés dans le bon ordre. Cette nouvelle technologie est désormais appliquée au séquençage des génomes d'autres plantes cultivées ou de plantes parasites, comme l'*Orobanche cumana*, une plante parasite du tournesol.

#### Une ressource unique pour l'amélioration variétale du tournesol.

Le tournesol est une espèce de grande culture, dont 80% de la production est assurée en Europe, et qui possède un fort potentiel d'amélioration génétique. La cartographie précise de l'ensemble des gènes du tournesol ouvre de nouvelles potentialités pour l'identification de gènes d'intérêt agronomique ou intervenant dans les débouchés industriels ou alimentaires. Ce résultat permettra d'accélérer l'efficacité des programmes nationaux et internationaux de sélection sur le tournesol et la mise sur le marché de variétés améliorées pour leur adaptation aux différentes pratiques agricoles. Ce décryptage sera en particulier utilisé, dans le cadre du projet SUNRISE, pour identifier des gènes de tolérance à la sécheresse, en réponse au changement climatique.



<sup>1</sup> Sont impliqués dans ces travaux, des scientifiques de l'Inra de Toulouse Midi-Pyrénées du Laboratoire des Interactions Plantes-Microorganismes (LIPM, Inra-CNRS), du Centre National de Ressources Génomiques Végétales (CNRGV, Inra) et de la plateforme génomique GeT-PlaGe de l'Inra.

<sup>2</sup> Le programme d'investissement d'avenir SUNRISE regroupe 16 partenaires publics et privés travaillant sur l'adaptation du tournesol au changement climatique : <http://www.sunrise-project.fr/le-projet>

<sup>3</sup> Ce consortium est coordonné par l'Université de Colombie-Britannique au Canada et l'Inra.

<sup>4</sup> Impulsée par plusieurs équipes de recherche du centre Inra de Toulouse Midi-Pyrénées <sup>1</sup> dans le cadre du projet SUNRISE, soutenue par la Région Languedoc-Roussillon-Midi-Pyrénées et les partenaires industriels Sofiproteol et Libragen, la plateforme de génomique GeT-PlaGe de la Génopole de Toulouse a acquis le séquenceur PacBio RS II en 2015.



---

## A propos du projet SUNRISE

SUNRISE est un programme d'Investissement d'Avenir Biotechnologies et Bioressources bénéficiant d'un budget de 21M€ sur 8 ans, dont 7M€ financés par l'Agence Nationale de la Recherche (ANR), qui vise à développer de nouvelles variétés de tournesol mieux adaptées à la sécheresse. Le projet regroupe 9 laboratoires de recherche publics (LIPM, AGIR, MIAT, CNRGV et LEREPS de Toulouse, EPGV et GQE de Versailles Grignon, BFP de Bordeaux, LBD de Paris), 1 institut technique (Terres Inovia), 5 entreprises semencières (Causade Semences, Maisadour Semences, RAGT 2n, Soltis, Syngenta France), et 1 entreprise en biotechnologie (Biogemma).



**SUNRISE en ligne : Internet :** [www.sunrise-project.fr/](http://www.sunrise-project.fr/) **Twitter :** [https://twitter.com/SUNRISE\\_France](https://twitter.com/SUNRISE_France)

---

### Contact scientifique

**Nicolas Langlade**

Coordinateur du projet SUNRISE

[Nicolas.Langlade@toulouse.inra.fr](mailto:Nicolas.Langlade@toulouse.inra.fr)

Tél. : 05 61 28 57 78

### Contact Presse

**Inra service de presse**

[presse@inra.fr](mailto:presse@inra.fr)

Tél. : 01 42 75 91 86