

RIZ – Vers un séquençage du génome

Par Inf'OGM

Publié le 31/03/2002

Syngenta, entreprise suisse, annonce que les chercheurs de l'institut de recherche californien Torrey Mesa qui lui est rattaché, ont démarré la publication du séquençage du génome du riz. Accompagnés des chercheurs chinois, ils ont ainsi décrypté 430 millions de paires de bases nucléotidiques composant l'ADN de ses douze chromosomes, puis cartographié ce génome considéré comme un modèle pour étudier les céréales. Le riz est une plante extrêmement complexe, avec un nombre estimé de gènes compris entre 42 000 et 63 000 (variété japonica ou riz rond) et 45 000 à 56 000 (variété indica ou riz long) alors que le génome humain n'en contiendrait qu'environ 30 000. Selon Donald Kennedy, rédacteur en chef de Science, la finalité de ce séquençage est de permettre à terme « d'accélérer l'amélioration de la qualité nutritionnelle, des rendements agricoles et de l'agriculture durable pour répondre aux besoins croissants de la planète ». Les généticiens chinois de l'Institut génomique de Pékin (BGI) ont décodé le génome d'*Oriza indica* (accessible à tous via la banque de données GenBank) et Syngenta a décrypté celui d'*Oriza japonica* (actuellement protégé par un brevet et dont l'accès est réservé à Syngenta). Ces deux ébauches de la carte du génome du riz seront combinées ultérieurement avec la version à venir beaucoup plus précise de l'IRGSP (Projet international de séquençage du génome du riz). Ce projet est issu d'un consortium de laboratoires publics, financé par le Japon, qui s'était lancé dans l'étude du séquençage du génome du riz dès 1998. Monsanto, qui avait réalisé « l'avant-projet de cartographie du génome du riz » (cf. Inf'OGM 8), a depuis décidé de fusionner ses efforts avec l'IRGSP.

Adresse de cet article : https://infogm.org/article_journal/riz-vers-un-sequencage-du-genome/