



Communiqué de presse

Paris, le 27 août 2007

## Une avancée majeure en biologie végétale : le génome de la vigne entièrement décrypté

**Une avancée majeure a été accomplie dans la compréhension de la biologie des plantes : la première analyse détaillée de la séquence du génome de la vigne est publiée aujourd'hui. Les efforts communs de scientifiques du Genoscope et de l'INRA, en France, et de plusieurs Universités ainsi que de l'Istituto di Genomica Applicata (IGA), en Italie, ont permis d'obtenir une séquence de haute qualité de *Vitis vinifera*, la première pour une plante à fruits, cultivée à la fois pour ses fruits et leur transformation en vin. Des premiers résultats issus de l'analyse de ce génome permettent une meilleure compréhension de l'évolution des plantes ou encore des gènes impliqués dans les caractéristiques aromatiques des vins. Le détail de ces résultats est publié dans l'édition avancée en ligne de *Nature* du 26 août 2007.**

La vigne est la quatrième plante dont le génome est entièrement décrypté, après l'arabette, le riz et le peuplier. Le projet de caractérisation du génome de la vigne a été engagé en 2005 grâce à un accord de coopération scientifique entre les ministères de l'Agriculture français et italien. Il est coordonné par l'INRA en lien avec le Génoscope et le CRA (conseil pour la recherche et l'expérimentation en agriculture) italien.

La publication de la séquence du génome la vigne est à la fois un résultat important en lui-même, et le point de départ pour une caractérisation détaillée de la fonction de tous les gènes de cette plante. Ceci est crucial pour une meilleure compréhension de la variabilité génétique naturelle et de ses liens avec la variation des phénotypes, mais aussi pour la réalisation de projets appliqués, concernant par exemple la sélection ou la création de variétés de vigne résistantes aux maladies. Ces applications devraient contribuer à la réduction aujourd'hui nécessaire de l'utilisation des pesticides et au développement d'une viticulture durable.

Une lignée de vigne obtenue à l'INRA de Colmar, il y a une dizaine d'années, par une série d'autofécondations successives à partir du Pinot Noir, a été sélectionnée pour le projet. Ce choix a permis l'obtention d'une séquence de très haute qualité d'environ 480 millions de paires de bases, qui a révélé quelques-uns des secrets de sa constitution. Le séquençage a démarré en décembre 2005. Le Genoscope (France), l'IGA (Udine, Italie) et le CRIBI (Padoue, Italie) ont produit au total plus de 6 millions de fragments séquencés et les ressources et compétences de l'ensemble des partenaires (dont le Genoscope et l'INRA pour la France) ont été mobilisées pour analyser la séquence assemblée obtenue.

### ***Des résultats majeurs pour comprendre l'évolution des plantes***

L'analyse comparée du génome de la vigne avec ceux de l'arabette, du riz et du peuplier a ainsi révélé que l'organisation du génome de la vigne était la plus proche de celle de l'espèce ancestrale dont toutes ces plantes ont dérivé au cours de leur évolution. Ceci a permis de déduire une organisation possible du génome de l'ancêtre de toutes les plantes dicotylédones. Il apparaît que des phénomènes de duplication totale du génome sont à la base de cette radiation. Cet ancêtre possédait un contenu génétique provenant de trois génomes indépendants, un résultat que l'analyse des premiers génomes de plantes n'avait pas permis d'obtenir.

### ***Vers une meilleure compréhension des caractéristiques aromatiques des vins***

Un autre résultat majeur de cette analyse est l'existence chez la vigne de grandes familles de gènes intervenant dans les caractéristiques aromatiques du vin. C'est le cas, par exemple, des gènes codant pour l'enzyme Stilbène Synthase, qui permet la synthèse du resveratrol, un composé qui a été associé à des bénéfices pour la santé en cas de consommation modérée de vin.

Le même type de résultats a été obtenu à partir de la séquence du génome pour des gènes intervenant dans la synthèse de terpènes et de tanins, qui sont des constituants majeurs des arômes, des résines et des huiles essentielles.

L'ensemble de ces résultats est entièrement disponible aux scientifiques de tous pays par l'intermédiaire de bases de données publiques. Le consortium public franco-italien a permis l'accès à la séquence de la vigne, depuis octobre 2006, par l'intermédiaire de plusieurs sites web\* qui ont déjà été utilisés fréquemment par les chercheurs.

Ce projet est financé par le ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche, le Consortium National de Recherche en Génomique, l'Agence Nationale de la Recherche, l'INRA, et par le ministère italien de la politique agricole et des forêts (VIGNA-CRA), Friuli Venezia Giulia (région Frioule-Vénétie) et un consortium d'entreprises privées et de banques (IGA).

\* Le consortium public franco-italien a permis l'accès à la séquence de la vigne depuis octobre 2006 par l'intermédiaire des sites suivants : <http://www.genoscope.cns.fr/vitis> ou <http://www.vitisgenome.it/> ou <http://www.appliedgenomics.org>

---

#### **Contact scientifique :**

##### **Anne-Françoise ADAM-BLONDON**

INRA, coordinateur France

Unité mixte de recherche « Génomique végétale » INRA-CNRS-Université d'Évry

tél. : 01 60 87 45 34

##### **Jean Weissenbach**

Directeur du Genoscope

Depuis le 1er mai 2007, le Genoscope est rattaché à la Direction des sciences du vivant du CEA

tél. : 01 60 87 25 02

##### **Enrico PE**

Université de Milan, coordinateur Italie

tél. : + 39 02 503 15 012 ou +39 34 077 61 511

##### **Michele MORGANTE**

Institut de Génomique Appliquée, Udine, coordinateur Italie

tél. : +39 0432 629785

#### **Contact presse :**

Service de presse INRA, Lise Poulet, tél : 01 42 75 91 69

Service de presse Genopole, Bénédicte Robert, tél. : 01 60 87 83 10

Service de presse CNRS, Martine Hasler, tél. : 01 44 96 46 35

Service de presse CEA, Nathalie Manaud, tél. : 01 46 54 70 72

Référence :

**"The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla"**

<http://dx.doi.org/10.1038/nature06148>

Référence :

**“The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla”**

[http://dx.doi.org/ 10.1038/nature06148](http://dx.doi.org/10.1038/nature06148)

Olivier Jaillon<sup>1\*</sup>, Jean-Marc Aury<sup>1\*</sup>, Benjamin Noel<sup>1</sup>, Alberto Policriti<sup>2,3</sup>, Christian Clepet<sup>4</sup>, Alberto Casagrande<sup>2,5</sup>, Nathalie Choisne<sup>1,4</sup>, Sébastien Aubourg<sup>4</sup>, Nicola Vitulo<sup>6,15</sup>, Claire Jubin<sup>1</sup>, Alessandro Vezzi<sup>6,15</sup>, Fabrice Legeai<sup>7</sup>, Philippe Huguene<sup>8</sup>, Corinne Dasilva<sup>1</sup>, David Horner<sup>9,15</sup>, Erica Mica<sup>9,15</sup>, Delphine Jublot<sup>4</sup>, Julie Poulain<sup>1</sup>, Clémence Bruyère<sup>4</sup>, Alain Billault<sup>1</sup>, Béatrice Segurens<sup>1</sup>, Michel Gouyvenoux<sup>1</sup>, Edgardo Ugarte<sup>1</sup>, Federica Cattonaro<sup>2</sup>, Véronique Anthouard<sup>1</sup>, Virginie Vico<sup>1</sup>, Cristian Del Fabbro<sup>2,3</sup>, Michaël Alaux<sup>7</sup>, Gabriele Di Gaspero<sup>2,5</sup>, Vincent Dumas<sup>8</sup>, Nicoletta Felice<sup>2,5</sup>, Sophie Paillard<sup>4</sup>, Irena Juman<sup>2,5</sup>, Marco Moroldo<sup>4</sup>, Simone Scalabrin<sup>2,3</sup>, Aurélie Canaguier<sup>4</sup>, Isabelle Le Clainche<sup>4</sup>, Giorgio Malacrida<sup>6,15</sup>, Eléonore Durand<sup>7</sup>, Graziano Pesole<sup>10,11,15</sup>, Valérie Laucou<sup>12</sup>, Philippe Chatelet<sup>13</sup>, Didier Merdinoglu<sup>8</sup>, Massimo Delledonne<sup>14,16</sup>, Mario Pezzotti<sup>15,16</sup>, Alain Lecharny<sup>4</sup>, Claude Scarpelli<sup>1</sup>, François Artiguenave<sup>1</sup>, M. Enrico Pè<sup>9,16</sup>, Giorgio Valle<sup>6,16</sup>, Michele Morgante<sup>2,5</sup>, Michel Caboche<sup>4</sup>, Anne-Françoise Adam-Blondon<sup>4</sup>, Jean Weissenbach<sup>1</sup>, Francis Quétier<sup>1</sup> & Patrick Wincker<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Genoscope and CNRS UMR 8030, 2 rue Gaston Crémieux, BP5706, 91057 Evry, France;

<sup>2</sup> Istituto di Genomica Applicata, Parco Scientifico e Tecnologico di Udine, Via Linussio 51, 33100 Udine, Italy;

<sup>3</sup> Dipartimento di Matematica ed Informatica, Università degli Studi di Udine, via delle Scienze 208, 33100 Udine, Italy

<sup>4</sup> URGV, UMR INRA 1165, CNRS-UEVE Génomique Végétale, 2 rue Gaston Crémieux, BP5708, 91057 Evry cedex, France;

<sup>5</sup> Dipartimento di Scienze Agrarie ed Ambientali, Università degli Studi di Udine, via delle Scienze 208, 33100 Udine, Italy;

<sup>6</sup> CRIBI, Università degli Studi di Padova, viale G. Colombo 3, 35121 Padova, Italy

<sup>7</sup> URGI, UR1164 Génomique Info, 523, Place des Terrasses, 91034 Evry Cedex, France;

<sup>8</sup> UMR INRA 1131, Université de Strasbourg, Santé de la Vigne et Qualité du Vin, 28 rue de Herrlisheim, BP20507, 68021 Colmar, France;

<sup>9</sup> Dipartimento di Scienze Biomolecolari e Biotecnologie, Università degli Studi di Milano, via Celoria 26, 20133 Milano, Italy;

<sup>10</sup> Dipartimento di Biochimica e Biologia Molecolare, Università degli Studi di Bari, via Orabona 4, 70125 Bari, Italy;

<sup>11</sup> Istituto Tecnologie Biomediche, Consiglio Nazionale delle Ricerche, via Amendola 122/D, 70125 Bari, Italy;

<sup>12</sup> UMR INRA 1097, IRD-Montpellier SupAgro-Univ. Montpellier II, Diversité et Adaptation des Plantes Cultivées, 2 Place Pierre Viala, 34060 Montpellier Cedex 1, France

<sup>13</sup> UMR INRA 1098, IRD-Montpellier SupAgro-CIRAD, Développement et Amélioration des Plantes, 2 Place Pierre Viala, 34060 Montpellier Cedex 1, France

<sup>14</sup> Dipartimento Scientifico e Tecnologico, Università degli Studi di Verona Strada Le Grazie 15 – Ca Vignal, 37134 Verona, Italy;

<sup>15</sup> Dipartimento di Scienze, Tecnologie e Mercati della Vite e del Vino, Università degli Studi di Verona, via della Pieve, 70 37029 S. Floriano (VR), Italy;

<sup>16</sup> VIGNA-CRA Initiative; Consorzio Interuniversitario Nazionale per la Biologia Molecolare delle Piante, c/o Università degli Studi di Siena, via Banchi di Sotto 55, 53100 Siena, Italy.