

ROD A. WING

Professeur, université d'Arizona

Merci. C'est la première fois que j'assiste à une telle conférence. Je suis scientifique et je possède un grand laboratoire en Arizona. Je vais vous parler aujourd'hui de quelques-uns des travaux que nous menons sur le riz. Mon intervention s'intitule Projet d'alignement de la carte internationale de l'Oryza, développement d'une plateforme de génomique comparative pour contribuer à résoudre la question des 9 milliards d'humains – elle pourrait d'ailleurs s'intituler la question des 10 milliards d'humains. Je suis professeur à l'université d'Arizona et j'occupe également un poste à l'Institut international de recherche sur le riz à Los Baños, aux Philippines.

L'une des questions majeures qui intéresse notre communauté est ce que nous appelons la question des 9 milliards d'humains, qui grimpe même maintenant à 9-10 milliards. Le riz joue un rôle essentiel pour résoudre cette question. Il nourrit la moitié de la planète et on estime que la population qui dépend de cette culture va doubler d'ici à 2050. Notre objectif est de développer de nouvelles variétés qui présentent un meilleur rendement et des qualités nutritives plus élevées tout en ayant une empreinte environnementale moindre, à savoir du riz qui requiert moins d'eau, d'engrais et de pesticides et en mesure de pousser sur des terres marginales. En Inde, c'est ce qu'on appelle le « riz de designer », tandis qu'en Chine on l'appelle le « super riz vert ». De notre côté, le concept général est désigné sous l'appellation de supercultivars nouvelle génération.

Une grande partie du développement de ce nouveau type de cultivars repose sur le concept de capture de la variation naturelle qui existe dans les cultivars naturels, les accessions et les dérivés sauvages. Fondamentalement, la diversité est présente dans presque chaque caractéristique et j'ai ici plusieurs exemples de couleur de graine, de taille, de rendement, de résistance à la sécheresse, etc. Un quantité considérable de variations naturelles existe déjà dans la communauté des plantes mais reste encore à exploiter pour une raison que nous appelons le « goulet d'étranglement de la domestication. » Quelques plantes ont été domestiquées et, au cours du processus, nombre de caractéristiques sauvages ont été perdues. Cependant, beaucoup de ces caractéristiques sauvages pourraient être utilisées si elles étaient captées de manière appropriée, afin d'améliorer les cultures et le riz.

En ce qui concerne la quantité de variations existant pour le riz, l'Institut international de recherche sur le riz (IRRI) dispose d'une banque de gènes de plus de 125 000 accessions en attente d'une caractérisation. En fait, nous utilisons moins de 5 % de ce matériel pour les variétés modernes sur lesquelles nous travaillons. Un gène identifié récemment et désormais introduit dans les mégavariétés dans le monde, c'est le gène de submersion 1 (Sub1). Sub1 permet à la plante de résister aux inondations, de sorte qu'elle peut rester sous l'eau pendant deux semaines et survivre. Nombre de variétés de riz n'ont jamais été dotées de ce gène. Il a été identifié dans des espèces sauvages de riz puis introduit dans des variétés cultivées par le biais de méthodes d'hybridation standard. À l'heure actuelle, la majorité des variétés de riz que nous mangeons sont dotées de ce gène Sub1, et ne sont pas considérées comme des organismes génétiquement modifiés (OGM) – que tout le monde craint – mais sont issues au contraire d'une hybridation traditionnelle.

Dans notre laboratoire de l'Arizona et dans plusieurs autres groupes, nous nous intéressons aux dérivés sauvages du riz dont nous essayons d'extraire certaines caractéristiques et de les introduire dans les espèces cultivées. Les deux espèces cultivées sont *Oryza sativa* – le riz asiatique – et *Oryza glaberrima* – le riz africain. *O. rufipogon* est le progéniteur du riz asiatique et on recense ensuite plusieurs autres espèces, comme *O. punctata*, jusqu'à *O. coarctata*. Ces espèces sont inférieures sur le plan agronomique mais elles renferment un réservoir non exploité de gènes qui peuvent être utilisés pour l'amélioration des cultures. Un exemple frappant est *O. coarctata*, qui est capable de pousser dans des eaux salées au niveau des océans. Si nous étions en mesure de transférer les gènes halophiles d'*O. coarctata* dans le riz asiatique, nous pourrions faire pousser du riz en environnement extrême.

L'Afrique recèle la diversité la plus élevée de génomes d'Oryza dans le monde, avec six espèces de riz différentes. *O. barthii* est le progéniteur d'*O. glaberrima*, et *O. longistaminata* est la première espèce de laquelle un gène résistant aux maladies a été isolé. Le Centre africain du riz était d'abord implanté en Côte d'Ivoire puis a migré vers le Bénin, et l'Afrique tient l'avenir de la culture mondiale du riz entre ses mains parce que le continent dispose d'un formidable réservoir non exploité qui est renforcé par sa vaste distribution de terres et ses ressources en eau à peine utilisées.

Le Projet d'alignement de la carte internationale de l'Oryza s'implique dans la génération de séquences de génome de référence pour tous les dérivés sauvages du riz et du riz africain. Ces espèces renferment un trésor de caractéristiques relatives au stress abiotique et biotique, à la tolérance à la sécheresse, au contenu minéral du sol, ainsi qu'à la résistance aux bactéries, aux virus et aux moustiques. Toutes ont été identifiées dans ces espèces et sont en cours d'hybridation pour être transférées dans les riz asiatique et africain. Notre laboratoire s'est impliqué dans le séquençage du génome du riz asiatique il y a environ 10 ans et nous venons de fêter cet anniversaire il y a deux semaines. Par ailleurs, nous avons récemment publié le génome du riz africain dans *Nature Genetics*.

Le riz asiatique a été domestiqué il y a environ 10 000 ans en Chine à partir d'*Oryza rufipogon* et d'*Oryza nivara*. 7 000 ans plus tard, le riz africain a été domestiqué à partir d'*Oryza barthii* en Afrique de l'Ouest, le long du fleuve Niger. Il s'agissait d'une domestication complètement indépendante, autrement dit un événement absolument fascinant. Notre laboratoire a également séquencé *Oryza glaberrima*, parent africain des gammes NERICA dont nous avons entendu parler un peu plus tôt, et nous avons notamment découvert que le riz africain a été domestiqué dans un seul centre de domestication. Deux théories s'opposent à ce sujet : soit le riz africain a été domestiqué à travers le continent, soit il l'a été uniquement dans une région très réduite. Nos données soutiennent l'hypothèse que le riz africain a été domestiqué dans un centre de domestication unique puis déplacé vers deux centres secondaires en Afrique de l'Ouest.

Nous avons également pu identifier 73 régions sur le génome qui sont en cours de sélection, ce qui signifie que nombre de régions qui ont été identifiées pourraient avoir une importance pour l'adaptation du riz africain sur le continent et pourraient être utilisées pour comprendre leur fonction et ainsi améliorer le riz. Nous avons également pu montrer que nombre des gènes sélectionnés pour la domestication du riz asiatique l'avaient également été pour le riz africain. C'est fascinant. À l'avenir, le travail va consister à tenter d'identifier les caractéristiques des gènes qui sont adaptées à un environnement africain et qui peuvent être utilisées pour une amélioration des cultures.

Judith Carney a signé un merveilleux ouvrage, *Black Rice*, qui retrace l'importance historique du riz africain en Amérique. À une époque, dans les années 1700, la Caroline du Sud était l'un des plus gros exportateurs de riz au monde et l'histoire veut que les propriétaires d'esclaves aient enseigné aux esclaves à cultiver le riz. C'est complètement faux. Ce sont en fait les esclaves qui maîtrisaient parfaitement la production du riz. Ils savaient comment le cultiver, l'irriguer, le récolter et le cuisiner. Cet ouvrage est un récit fascinant qui atteste que l'esclavage ne s'est pas résumé à l'exploitation d'une main d'œuvre mais a également intégré un transfert de connaissances d'une culture à une autre. Je vous le recommande vivement.

J'ai parlé des dérivés sauvages du riz et j'aimerais maintenant parler un peu de génomique. Nous aurons bientôt les génomes de tous les dérivés sauvages du riz et nous pourrons nous servir de ces informations pour identifier les gènes importants sur le plan agricole qui peuvent être utilisés pour améliorer les cultures. Le coût du séquençage a diminué et, grâce à cela, le nombre connu de génomes de plantes a considérablement augmenté. Le problème est que nous ne disposons pas d'un mécanisme efficace pour comprendre la biologie de ces plantes. C'est ce que j'évoquais tout à l'heure quand je parlais de goulet d'étranglement du génome. L'un des plus grands défis auxquels nous faisons face pour la culture des plantes consiste à pouvoir relier les séquences de génomes aux caractéristiques fonctionnelles qui pourraient être utilisées pour créer des variétés durables et supérieures, ce que nous appelons passer du génotype au phénotype. Le phénotype correspond à ce que la plante exprime – le nombre de ses graines et sa résistance aux maladies et à la sécheresse, par exemple.

Certaines régions du monde développent des centres de phénotypage dernier cri qui peuvent phénotyper des milliers de plantes simultanément. Nous collaborons avec Qifa Zhang de l'université agricole Huazhong à Wuhan en Chine, qui a développé une serre de phénotypage qui peut analyser 4 000 plantes par jour. Ces informations sont utilisées pour comprendre et capter les variations naturelles et les associer à des emplacements spécifiques sur le génome.



Une fois que vous disposez de ces informations, vous pouvez les utiliser et intégrer de nouvelles variations dans les programmes de culture.

L'université agricole Huazhong a construit un centre de phénotypage sous serre dernier cri, tandis que l'Institut international de recherche sur le riz dispose de quelques scanners de terrain à très haut rendement, qui sont en fait des tracteurs avec des perches et de nombreux capteurs. Les tracteurs circulent dans un champ où sont installées des parcelles de 25 plants avec la même composition génétique et ils peuvent couvrir 3 000 parcelles de 25 plants à l'heure, en mobilisant uniquement une ou deux personnes. L'Institut a récemment publié les séquences de 3 000 de ces 125 000 accessions et aimerait toutes les planter sur le terrain puis les phénotyper dans divers emplacements pour associer génotype et phénotype.

Il y a plusieurs semaines, nous avons organisé le Symposium international sur la génomique fonctionnelle du riz à Tucson, en Arizona, pour fêter le 10^e anniversaire de l'identification du génome du riz. Pendant la réunion, nous avons organisé deux sessions de réflexion au cours desquelles nous avons discuté d'un concept sur lequel Qifa Zhang et moi travaillons depuis deux ans, qui est ce que nous appelons « 9 milliards pour aider à résoudre la question des 9 milliards d'humains ». En termes de génomique fonctionnelle, les défis ici portent sur la biologie de résistance, la biologie évolutive, la variation naturelle et la génomique des écosystèmes, qui consiste non seulement à étudier la génétique de la plante mais aussi son environnement, le microbiome du sol en surface et dans le sol, et sa relation avec le changement climatique. Nous travaillons sur des livres blancs pour tenter de lever des fonds afin de développer une activité coordonnée et établir des phénotypes partout dans le monde.

Une partie de cette coordination repose sur l'idée de mettre en place cinq ou six centres scientifiques et technologiques de supercultivars nouvelle génération et nous avons proposé d'en implanter en Afrique, en Chine, et éventuellement en Inde, en Europe, en Amérique du Sud et aux États-Unis. L'idée est de prendre les 120 000 accessions de riz, de les planter dans divers emplacements du globe, de les phénotyper et de saisir les variations naturelles afin de créer les supercultivars nouvelle génération qui nous permettront de faire face à la hausse de la population mondiale.

Qifa Zhang et moi-même étions à Wudangshan, un haut lieu du taoïsme – le taoïsme fait référence au chemin – et nous pensons que nous développons justement un chemin pour aider à résoudre ce problème.

Jean-Yves Carfantan, Consultant, AgroBrasConsult

Thank you. It is fascinating because you have shown that Africa is part of the solution. If it is studied well, Africa has resources that can be a huge contribution to the solution.

Rod A. Wing, professeur, université d'Arizona

This is a huge solution, not only for Africa but for the whole world.