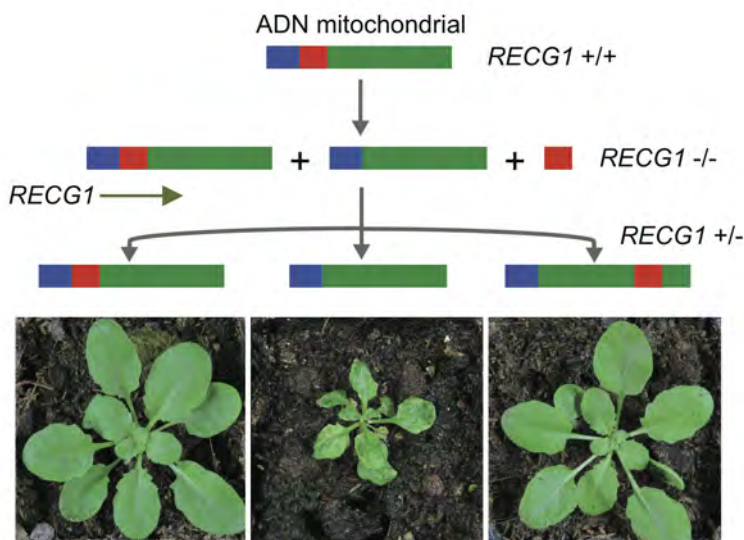


## L'hélicase RECG1 contrôle la dynamique de l'ADN mitochondrial des plantes ; elle bat les cartes et change la donne.

La sélection des plantes cultivées doit constamment répondre aux demandes de la société et aux contraintes de l'environnement. Actuellement, seule la diversité génétique nucléaire est exploitée pour l'amélioration des plantes. Cependant, il existe dans la cellule un autre compartiment qui possède son propre génome : la mitochondrie, qui a un rôle prépondérant dans le métabolisme énergétique. Le potentiel de diversité de ce génome reste largement sous-exploité, du fait de verrous technologiques. Or, l'ADN des mitochondries est soumis à des activités de recombinaison nécessaires à sa réparation, qui peuvent créer de la variabilité génétique. Ces processus sont contrôlés par des facteurs protéiques mitochondriaux codés par le noyau.

C'est en collaboration avec un chercheur de l'École supérieure de biotechnologie de Strasbourg (ESBS, Université de Strasbourg) que l'équipe de José Gualberto et André Dietrich (IBMP) a caractérisé l'un de ces facteurs: l'ADN hélicase RECG1. La mutation du gène correspondant chez *Arabidopsis* provoque des réarrangements de l'ADN mitochondrial et aboutit à la coexistence de plusieurs types de génome dans les mitochondries. Étonnamment, la réintroduction de RECG1 dans le mutant provoque le tri de ces différents génomes dans la descendance. RECG1 apparaît ainsi comme un facteur-clé qui permettrait de créer de la diversité génétique mitochondriale, en maintenant un génome nucléaire de type sauvage. Ces découvertes nous ont permis de mieux comprendre les processus de réplication, réparation et d'évolution rapide de l'ADN mitochondrial des plantes. De plus, le processus observé chez *Arabidopsis*, appliqué à des espèces d'intérêt agronomique pourrait constituer une nouvelle démarche pour la création de nouveaux variants génétiques.



Représentation de l'ADN mitochondrial de l'*Arabidopsis*. Dans le mutant (*RECG1 -/-*) il existe, en plus de la version sauvage, une version alternative du génome générée par recombinaison. La séquence représentée en rouge se circularise pour former une molécule qui se réplique de façon indépendante. Lors de la réintroduction par croisement de l'allèle sauvage *RECG1* (*RECG1 +/-*), il y a une ségrégation de ces versions dans chacune des plantes de la descendance. Si la molécule rouge est perdue, les plantes sont gravement affectées (photo du centre). Chez les plantes non affectées, la séquence en rouge est réintroduite soit à la même place, soit dans un autre endroit du génome, créant un variant génétique mitochondrial viable (photo de droite).

Crédit photo : CNRS - IBMP / José Gualberto