

Adaptation des cultures au changement climatique : apport possible de l'édition génomique

Adaptation of crops to climate change: possible contribution of genome editing

André Gallais¹, Yves Lespinasse², Pierre Devaux³

1. Académie d'agriculture de France, andre.gallais@wanadoo.fr

2. Académie d'agriculture de France, yves.lespinasse@yahoo.fr

3. Groupe Florimond-Desprez, Académie d'agriculture de France, pierre.devaux@florimond-desprez.fr

Correspondance :

andre.gallais@wanadoo.fr

Résumé

Le changement climatique se traduit par un réchauffement avec des risques plus fréquents de sécheresse, et aussi par une grande variation spatiale et temporelle des conditions, avec des événements extrêmes. Pour adapter les cultures à ce changement, il faudrait des variétés végétales qui cumulent plusieurs types de tolérances, notamment aux fortes températures et au stress hydrique à différents stades de la vie de la plante, mais, aussi, des résistances à différents types de bio-agresseurs associés à ce changement climatique. En illustrant notre propos par différents exemples, nous montrons que les techniques d'édition du génome peuvent être un outil pour aider l'amélioration des plantes conventionnelle à obtenir plus rapidement de telles variétés. Dans la discussion, nous comparons la voie sélection de variétés adaptées à différentes conditions (dites variétés multi-adaptées), grâce à l'édition géno-

mique, à la voie mélange de variétés présentant des adaptations à différentes conditions climatiques et nous concluons que les deux approches peuvent être complémentaires.

Abstract

Climate change means warmer conditions, with more frequent risks of drought, but also a wide variation in conditions, with extreme events, from one year to the next. To adapt crops to this change, we need varieties that combine several types of tolerance, particularly to high temperatures and water stress at different stages of the plant life, as well as resistance to different types of bio-aggressors associated to this change. Using various examples, we show that genome-editing techniques can be a tool to assist conventional plant breeding in obtaining such

varieties more quickly. In the discussion, we compare the selection of varieties adapted to different conditions (called multi-adapted varieties), thanks to genome editing, with the mixture of varieties with adaptations to different climatic conditions, and we conclude that the two approaches can be complementary.

Mots-clés

changement climatique, édition du génome, variétés multi-adaptées, mélange de variétés

Keywords:

climate change, genome editing, multi-adapted varieties, variety mixtures

Introduction

Le changement climatique se caractérise d'abord par une forte tendance à un réchauffement, avec des risques de sécheresse marquée, mais également par une grande variation, voire une imprévisibilité des conditions climatiques avec des événements extrêmes d'une année à l'autre ou d'un lieu à un autre (par exemple, sécheresse marquée dans un lieu et excès de pluviométrie dans un autre). Pour adapter les cultures à ce changement, il faut les rendre à la fois plus tolérantes aux fortes températures, plus tolérantes à la sécheresse, voire à l'excès d'eau (meilleure tolérance à l'asphyxie racinaire), mais également résistantes à tous les bio-agresseurs (pathogènes, insectes, nématodes, etc.) qui accompagneront le changement climatique. Est-ce possible ?

L'amélioration des plantes classique peut contribuer, et a déjà contribué, à obtenir des variétés plus résistantes aux maladies, plus tolérantes à certains stress, mais la réponse pour certains caractères complexes, comme la tolérance au stress hydrique, est encore insuffisante, et cette voie ne permet pas une réponse assez rapide (Gallais, 2015). De surcroît, la nécessité de cumuler dans une même variété l'adaptation à différents facteurs du milieu allonge

encore le temps d'obtention de telles variétés. En complément de la sélection classique, les techniques d'édition génomique peuvent contribuer à procurer plus rapidement des variétés présentant des adaptations à différents facteurs du milieu biotique et abiotique (Nogué *et al.*, 2019).

Afin d'éclairer les apports et les limites de l'édition génomique à l'adaptation des variétés au changement climatique, nous rappelons d'abord ce que sont, dans les grands principes, les techniques d'édition du génome (NTG) ; puis nous illustrons par quelques exemples leurs contributions possibles à la création de variétés adaptées au changement climatique. Dans la partie discussion, nous comparons la voie d'obtention de variétés « multi-adaptées », c'est-à-dire qui présentent des adaptations à différents facteurs du milieu, à la voie mélange de variétés qui présentent des adaptations à différentes conditions climatiques. Nous concluons que les deux approches sont complémentaires, l'édition génomique pouvant permettre de produire des mélanges de variétés plus résilients.

Ce qu'est l'édition génomique ou l'édition d'allèles

Les techniques d'édition génomique se sont développées suite à la découverte, dans les années 2005-2010, d'enzymes, les méganucléases, et à la construction d'enzymes, les nucléases à doigts de zinc et les TALEN (*transcription activator-like effector nuclease*), puis en 2012 par le système CRISPR-Cas, qui peuvent couper la chaîne d'ADN en des points précis (Quétier, 2011 ; Jinek *et al.*, 2012). Elles marquent une rupture dans la création de variétés en amélioration des plantes, notamment grâce au système CRISPR-Cas, qui est la technique la plus simple d'utilisation, permettant, par l'utilisation d'une nucléase et d'un ARN guide, de couper la chaîne d'ADN en un point précis du génome, avec une faible probabilité de coupures hors du point voulu (Doudna et Charpentier, 2014) ; c'est aujourd'hui la technique la plus

utilisée. Comme les autres techniques (méganucléases, doigts de zinc et TALEN), elle permet de modifier de façon dirigée un gène ou plutôt un allèle, variante d'un gène à un locus. Nous préférons ici parler d'édition d'allèles plutôt que d'édition génomique, qui a un sens plus large. On parle aussi de mutagenèse ciblée ; l'édition d'allèles n'est en effet pas autre chose qu'un outil de mutagenèse, mais de mutagenèse ciblée.

Les modifications peuvent affecter la séquence codante de l'allèle et aussi les séquences régulatrices : délétion d'un ou plusieurs nucléotides, voire le remplacement d'un nucléotide par un autre (on parle alors de *base editing*) (Kim, 2018), ou remplacement d'une séquence de plusieurs nucléotides par une autre, comme avec le *prime editing* (Chen et Liu, 2023). Certaines de ces modifications alléliques sont incluses dans la catégorie NGT1 du projet de règlement de la Commission européenne, catégorie qui n'est pas considérée comme un OGM (Commission européenne, 2023 ; 2024).

Ces modifications de la séquence d'ADN sont de même nature que celles qui peuvent se produire naturellement par mutagenèse spontanée ou par mutagenèse artificielle, induite à l'aide de rayonnements ionisants ou de substances chimiques (comme le méthanesulfonate d'éthyle). En l'état actuel de nos connaissances, il est impossible de distinguer un allèle obtenu par mutagenèse dirigée, d'un allèle qui existe naturellement ou qui a été obtenu par mutagenèse artificielle, aléatoire. Un avantage important de la technique d'édition génomique est que plusieurs gènes peuvent être modifiés simultanément (on parle de multiplexage), ce qui est particulièrement intéressant pour modifier un gène chez une espèce allopolyploïde comme le blé (avec trois sous-génomes), le gène étant présent dans chaque sous-génome.

Les techniques d'édition génomique ont le grand avantage de permettre de modifier de manière ciblée un gène à un locus donné. Cependant, dans certains cas, elles peuvent induire, simultanément à la modification ciblée, des modifications dites « non-prédites » ou « hors-cibles ». Ces erreurs de modification sont un

argument retenu par les opposants à ces techniques. Avec les techniques récentes, celles-ci sont rares, et elles sont beaucoup plus rares en comparaison de celles qui sont produites par la mutagenèse artificielle, et cela même après une série de rétrocroisements pour tenter d'éliminer les allèles non désirés. Ces techniques permettent également de remplacer directement un allèle par un autre dans un génotype élite, sans passer par la longue méthode du rétrocroisement, et sans transmettre avec l'allèle désiré d'autres gènes (des centaines), dont certains peuvent avoir des effets défavorables. Ainsi, chez le pommier, la transmission d'un gène de résistance à la tavelure dans un fond génétique donné peut être obtenue en 5-6 ans, en utilisant la technique proposée par Yamagishi *et al.* (2014), contre 25-30 ans par la méthode classique du rétrocroisement (Figure 1). Au gain de temps s'ajoute le fait que le fond génétique de la nouvelle variété obtenue par édition génomique ne comporte que peu ou pas d'autres modifications que celle qui est ciblée (Gallais, 2015). L'intérêt principal des NTG est sans doute de permettre une meilleure utilisation de la variabilité génétique pour des caractères avec des gènes bien identifiés. Cette variabilité peut apparaître comme nouvelle, au sens de non encore observée chez l'espèce améliorée ou ses apparentés, mais elle peut exister, ou pourrait apparaître dans la diversité génétique naturelle par mutagenèse spontanée.

L'utilisation des techniques d'édition du génome nécessite cependant quelques prérequis qui font qu'elles ne peuvent pas être appliquées chez toutes les espèces ou tous les génotypes d'une espèce. Il faut en effet avoir identifié le ou les gènes impliqués dans le contrôle des caractères à améliorer ; il faut que le génome de l'espèce, voire du génotype modifié, ait été séquencé (pour détecter les modifications hors-cibles) et correctement annoté (accès à la séquence du ou des gènes), et il faut que, pour les techniques les plus utilisées, cette espèce ou le génotype de l'espèce se prête bien à la culture *in vitro* (par exemple régénération de plantes à partir de

protoplastes, ce qui, notamment, n'est pas possible pour tous les génotypes de maïs). Une autre solution qui ne passe pas par l'étape *in vitro*, lorsque le greffage est possible, est de transformer le porte-greffe qui portera la machinerie génétique CRISPR-Cas ; la migration du système CRISPR-Cas, nucléase + ARN guide, au niveau du greffon, induira la mutagenèse et la mutation est directement exploitée au niveau des graines portées par le greffon (Yang *et al.*, 2023).

Quelques exemples de mutagenèse dirigée pour l'adaptation au changement climatique

Les exemples de caractères d'intérêt pour l'agriculture, le consommateur et la protection de l'environnement, obtenus par les techniques d'édition génomique, commencent à être nombreux sur différentes espèces (Ricroch *et al.*, 2017 ; Shipra *et al.*, 2024). En ce qui concerne l'adaptation de variétés au changement climatique, certains travaux ouvrent des voies ; nous n'en donnons ci-dessous que quelques exemples illustratifs des possibilités offertes par ces techniques. Nous distinguons ceux qui sont relatifs à des facteurs biotiques (bio-agresseurs des plantes) et ceux qui sont relatifs aux facteurs abiotiques (sécheresse, température, salinité). Enfin nous verrons une autre application de l'édition d'allèles pour l'adaptation au changement climatique, pour la diversification des espèces cultivées, voire pour la re-domestication (ou néo-domestication) d'espèces abandonnées ou la domestication d'espèces « sauvages » naturellement adaptées au changement climatique. Le critère pris pour l'adaptation aux conditions climatiques est souvent le rendement pour la production considérée de différentes espèces.

Exemples d'adaptation au milieu biotique

Par environnement biotique, il faut comprendre essentiellement les agents pathogènes, les insectes et les nématodes. C'est à ce jour, le

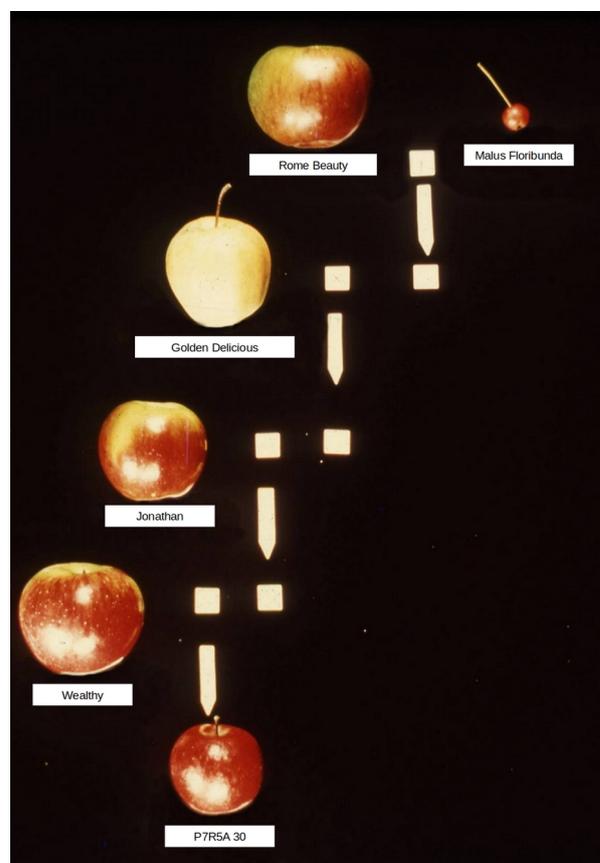


Figure 1. Le rétrocroisement chez le pommier permet de transmettre la résistance à la tavelure apportée par le pommier sauvage *Malus floribunda*. A chaque génération de rétrocroisement, les plantes résistantes sont recroisées avec une variété différente afin d'éviter tout développement de consanguinité dans la variété finale. Le processus prend au total 25 à 30 ans. Avec l'édition génomique, la durée du transfert peut être réduite à 5 ans et avec un meilleur résultat (Photo INRAE Angers).

domaine dans lequel on trouve le plus d'exemples d'utilisation des NTG, souvent par extinction d'un allèle. Par ces techniques on a obtenu des allèles de résistance aux maladies qui peuvent se développer plus avec le changement climatique (Rato *et al.*, 2021). Par exemple, chez le blé, l'allèle de sensibilité à

l'oïdium *Mlo* a pu être modifié pour générer un allèle de résistance (il a fallu pour cela, induire une mutation sur chaque sous-génome du blé, le génome du blé étant formé de trois sous-génomes homéologues (nommés A, B et D) ce qui n'est pas possible avec les méthodes de sélection traditionnelles) (Shengnan *et al.*, 2022). Chez la tomate, la vigne et le pommier (Pessina *et al.*, 2016a ; 2016b), espèces où le gène *Mlo* est présent, en utilisant la même démarche, il a été possible d'obtenir des plantes avec une résistance partielle ou totale à l'oïdium. De plus, la résistance à l'oïdium contrôlée par un allèle particulier du gène *Mlo*, d'abord identifiée chez l'orge, est connue pour être durable, ce qui est un avantage dans un environnement climatique changeant.

La possibilité d'obtenir des résistances à certains virus (souvent transmis par des insectes, comme les pucerons et les cicadelles) est sans doute un exemple plus illustratif pour l'adaptation au changement climatique. Ainsi, chez le riz, la résistance au virus de la panachure jaune (RYMV), l'une des principales maladies du riz, a été obtenue par l'utilisation des techniques de mutagénèse dirigée (Arra *et al.*, 2024). On peut citer aussi les travaux de Rollwage *et al.* (2024), qui ont permis d'obtenir, chez la betterave sucrière, la résistance au virus de la jaunisse chlorotique (Figure 2).

Dans tous ces cas, ces résistances permettront de réduire l'utilisation des fongicides, avec comme conséquence, un meilleur respect de l'environnement.

Le changement climatique peut aussi favoriser l'adaptation et l'explosion de populations naturelles de certains insectes ou de nématodes, déjà présents ou issus de régions plus chaudes. L'édition d'allèles peut, là encore, aider à élaborer des résistances efficaces contre des bioagresseurs pour lesquels l'arsenal génétique connu chez la plante hôte est dépourvu de solution efficace. Ainsi, chez le riz, la résistance aux cicadelles et aux foreurs de tiges a été obtenue en supprimant la production de sérotonine (un neurotransmetteur, dont la synthèse par la plante est stimulée par les

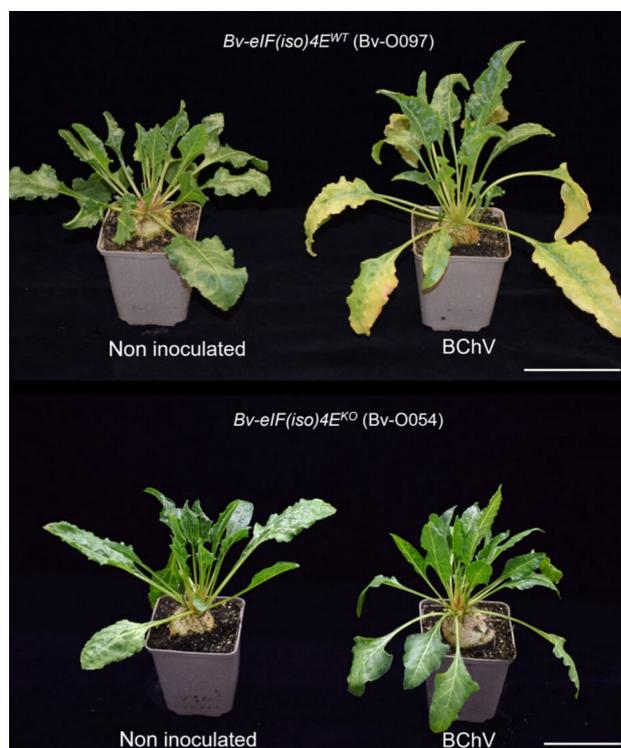


Figure 2. Obtention par édition génomique, chez la betterave sucrière, de la résistance au virus de la jaunisse chlorotique ou BChV (Beet Chlorosis Virus). En haut, plantes non éditées, en bas plantes éditées ; à gauche plantes non inoculées avec le virus, à droite plantes inoculées. On peut remarquer un feuillage plus sain pour la plante éditée et inoculée (en bas à droite de la photo) (crédit Rollwage *et al.*, 2024).

insectes de façon à favoriser leur développement) (Lu *et al.*, 2018). Il en résulte cependant une diminution du rendement en grains d'environ 15 %, à comparer au risque élevé de perte d'une grande partie, voire de la totalité, de la récolte. Les attaques de nématodes peuvent également être plus fréquentes avec le changement climatique. Chez la tomate, le concombre, le riz et le soja, une résistance aux nématodes a été obtenue par modification d'un gène de sensibilité (Dutta *et al.*, 2023).

Exemples d'adaptation au milieu abiotique

Les exemples d'utilisation de l'édition d'allèles pour générer des génotypes ou variétés plus tolérantes à des stress abiotiques associés au changement climatique, notamment la sécheresse, se multiplient, mais avec des résultats plus ou moins nets (Yadav *et al.*, 2023). Les caractères à améliorer sont en effet génétiquement et physiologiquement plus complexes que les résistances aux bio-agresseurs, et de ce fait, plus difficiles à modifier afin d'obtenir une amélioration notable. La difficulté est d'avoir une adaptation au stress sans diminution de rendement en l'absence de stress. De plus, il sera sans doute nécessaire de cumuler plusieurs modifications d'allèles.

Un premier exemple d'amélioration de la tolérance au stress hydrique par l'édition d'allèles est celui de la modification du gène de régulation *Argos8* (qui régule la production d'éthylène en cas de stress hydrique) chez le maïs : une augmentation du rendement en grain de 3,1 q/ha (environ 4 %) a été obtenue lors d'un stress hydrique à floraison (stade de sensibilité du maïs), sans effet défavorable, lorsqu'il n'y a pas de sécheresse (Shi *et al.*, 2017). Le gain de rendement peut paraître limité, mais il pourra être combiné avec d'autres améliorations obtenues soit par édition d'allèles, soit par voie classique. La modification a été réalisée par remplacement de la séquence promotrice native du gène ciblé par une séquence promotrice issue d'un autre gène du maïs. De ce fait, il n'est pas sûr que cela relève de la catégorie NGT1 de la Commission européenne ; cependant, des travaux d'édition plus fins pourraient sans doute conduire à une modification relevant des NGT1.

Un autre exemple d'édition d'allèles pour la tolérance au stress hydrique est donné par les travaux d'Ogata *et al.* (2020) chez le riz. Dans cet exemple, la mutation dirigée du gène *OsERA1* (régulateur de l'acide abscissique) a permis d'obtenir des allèles augmentant à la fois la réponse à l'acide abscissique, la tolérance au stress hydrique *via* la régulation stomatique et la croissance racinaire en l'absence de stress

hydrique. Cependant la fermeture des stomates pourrait avoir un effet négatif sur la photosynthèse et, donc, sur le rendement ; c'est donc une modification à utiliser en combinaison avec d'autres ainsi qu'avec la sélection conventionnelle pour en limiter les effets négatifs. Cet exemple illustre la complexité du caractère « tolérance à la sécheresse » : il faut agir sur plusieurs mécanismes à la fois, et éviter les effets négatifs en l'absence de stress hydrique (Gallais, 2015).

Le même type de résultats a été obtenu chez le riz en modifiant les gènes de *SRL1* et *SRL2* qui contrôlent l'enroulement des feuilles : chez les mutants obtenus, la transpiration et la conductance des stomates sont plus faibles, et il y a une meilleure protection des tissus et une meilleure survie en cas de sécheresse, mais avec une diminution du rendement d'environ 10 % en l'absence de stress hydrique (Liao *et al.*, 2019). L'agriculteur doit alors choisir entre le risque d'une perte importante, voire totale, de la récolte en cas de sécheresse et une diminution limitée du potentiel de rendement en l'absence de sécheresse ; le choix dépendra de la fréquence de la sécheresse.

Une autre piste est donnée chez le blé, où l'architecture du système racinaire a été modifiée par action sur les gènes *OPR111* (connus pour agir sur la croissance racinaire) ; l'architecture racinaire obtenue pourrait permettre une meilleure tolérance à la sécheresse et aussi une meilleure absorption des éléments nutritifs du sol, notamment de l'azote (Gabay *et al.*, 2023).

On peut aussi citer l'adaptation à la salinité du riz non irrigué (souvent associée à la tolérance à la sécheresse), les problèmes de salinité des sols risquant de se multiplier avec le changement climatique. Dans ce cas, *via* des modifications générées par mutation dirigée du gène *OsRR22* (codant un facteur de transcription régulant le métabolisme de la cytokinine), Zhang *et al.* (2019) ont obtenu une variété présentant une meilleure tolérance au stress salin, apparemment sans effet défavorable en l'absence de stress.

En ce qui concerne l'adaptation aux températures élevées, on peut donner

l'exemple de la tomate, plante très sensible aux fortes températures, chez laquelle l'extinction, par l'emploi du système CRISPR-Cas9, du gène *SIMAPK3* (qui code une protéine kinase impliquée dans différents stress) augmente de façon significative la tolérance au stress forte température avec une meilleure protection de l'intégrité cellulaire (Yu *et al.*, 2019).

L'édition d'allèles pour la diversification des espèces et des variétés cultivées

L'édition d'allèles peut être un outil facilitant l'amélioration d'espèces dites « orphelines » (sans sélectionneurs, et donc sans programmes de sélection), de façon à diversifier les espèces cultivées et la diversité des adaptations, en introduisant rapidement dans le génome de ces espèces des allèles de résistance aux bioagresseurs ou des allèles de rythmes de développement (précocité) qu'elles ne posséderaient pas. Dans le même esprit, l'édition d'allèles peut être un outil puissant, en combinaison avec la sélection conventionnelle, pour réaliser une domestication assez rapide d'espèces « sauvages », ou dont la culture aurait été abandonnée depuis le début de la domestication, espèces qui pourraient être naturellement bien adaptées au changement climatique, notamment à la sécheresse et aux températures élevées (Kwon *et al.*, 2020 ; Yu *et al.*, 2021 ; Parcy, 2024).

On sait en effet que la domestication des plantes a en général porté sur un nombre limité de gènes (Gallais, 2013). Compte tenu de la complexité génétique et physiologique des caractères impliqués dans l'adaptation des plantes cultivées aux facteurs abiotiques associés au changement climatique (sécheresse, température élevée, etc.) (Gallais, 2015), cette stratégie serait complémentaire (et peut être avec plus de chance de succès) de celle qui consiste à améliorer la tolérance au stress des espèces cultivées en leur conférant des mécanismes d'adaptation à ces facteurs abiotiques.

Discussion-conclusion

À travers les quelques exemples donnés, et certaines perspectives, il apparaît que l'édition d'allèles pourrait aider, en combinaison avec la sélection classique, à obtenir des variétés, voire des espèces, mieux adaptées au changement climatique, par exemple résistantes à de nouvelles maladies ou plus généralement à de nouveaux bio-agresseurs, et aussi plus économes en eau ou plus tolérantes à de fortes températures, notamment. Si les gènes de différents mécanismes d'adaptation à différents milieux ont été identifiés, l'édition génomique peut être un moyen assez rapide pour réunir plusieurs allèles intéressants dans un même génotype, grâce aux possibilités de multiplexage. On pourrait alors, à moyen terme, parler de variétés « multi-adaptées ».

À court terme, l'édition d'allèles peut surtout servir à réunir dans une même variété, des allèles de résistance ou tolérance à différents facteurs biotiques amenés par le changement climatique (agents pathogènes, insectes, nématodes). Pour l'adaptation aux facteurs abiotiques, plus complexes, l'obtention de variétés adaptées pourra se faire de façon plus progressive en agissant sur les gènes qui contrôlent certains mécanismes et qui seront de plus en plus identifiés, de même que leurs séquences régulatrices (Zhang *et al.*, 2023) et cela en synergie avec la sélection conventionnelle.

Une autre stratégie pour obtenir des cultures résilientes au changement climatique peut être envisagée, celle de la culture en mélange de variétés présentant chacune des adaptations aux différentes conditions qui pourront être rencontrées par la culture (Litrico et Violle, 2015 ; Barot *et al.*, 2017). Le principe est simple, il s'agit d'avoir, quelles que soient les conditions climatiques, des plantes du peuplement végétal cultivé qui sont adaptées aux conditions de l'année. C'est donc une solution qui peut assurer une production minimale, une régularisation des rendements entre années, mais encore faut-il qu'il y ait dans le peuplement végétal des plantes

adaptées aux conditions en cours. Dans cette approche il faut donc disposer de variétés présentant des adaptations aux différentes conditions climatiques susceptibles d'être rencontrées selon les années. Comme nous l'avons vu précédemment, l'édition d'allèles peut aider à mettre au point de telles variétés, en complément de la sélection classique.

Cependant la voie « mélange de variétés » présente deux inconvénients : (1) elle se traduit par la culture d'un peuplement hétérogène, ce qui ne permet pas toujours de bien standardiser les conditions de culture et peut poser un problème pour l'utilisation des produits de la récolte, et (2) en théorie, par rapport à la solution culture d'une variété multi-adaptée, elle va se traduire, en moyenne, par une perte de rendement (Gallais, 2015).

En effet, lorsque les gènes d'adaptation à différentes conditions sont connus, la différence entre la voie mélange de variétés et la voie variété multi-adaptée est qu'avec la voie variété multi-adaptée les gènes d'adaptation sont réunis dans un même génotype au lieu d'être chez des plantes différentes avec la voie mélange. On peut aussi dire que la diversité inter-plante est remplacée par une diversité génétique intra-génotype. Ainsi, la variété multi-adaptée permettra un bon rendement quelles que soient les conditions. Elle peut donc être une solution pour concilier productivité et homogénéité.

Avec la voie mélange, pour en limiter les inconvénients, on peut chercher à associer des variétés très proches, mais ayant des gènes différents contrôlant différents mécanismes d'adaptation au stress hydrique par exemple. C'est d'ailleurs en partie le principe mis en application dans l'association de variétés de blé résistantes à différentes souches d'agents pathogènes, afin de limiter les traitements fongicides (Vidal *et al.*, 2021).

Ainsi, la stratégie d'édition d'allèles et la stratégie d'utilisation d'associations raisonnées de variétés apparaissent comme deux approches complémentaires. Les variétés multi-adaptées sont longues à obtenir par sélection classique. Les techniques d'édition d'allèles, en complément à

cette sélection, peuvent aider à réunir assez rapidement dans un même fond génétique des allèles contrôlant différents mécanismes d'adaptations, pour des mécanismes bien caractérisés, déterminés par un nombre limité de gènes et génétiquement indépendants. De telles variétés pourront alors être cultivées en culture « pure » ou en association, si l'association présente un intérêt. Cela illustre la complémentarité des deux approches, deux outils de natures très différentes pour aider l'agriculture à répondre aux enjeux de l'adaptation au changement climatique et à la transition agroécologique.

D'une façon plus générale, face aux enjeux de l'agriculture (adaptation au changement climatique, respect de l'environnement, maintien de la biodiversité), un seul levier d'action (par exemple le levier génétique ou le levier « mélange de variétés ») ne peut pas permettre d'y répondre correctement ; seules des solutions intégratives, pluridisciplinaires, associant différents leviers (génétique, agronomique, économique...) pourront conduire à une agriculture durable.

Remerciements

Les auteurs remercient Yvette Dattée, membre de l'Académie d'agriculture de France, Fabien Nogué, directeur de recherche INRAE et Thierry Langin, directeur de recherche CNRS, pour leur relecture et correction du texte.

Références

Arra Y, Auguy F, Stiebner M, Cheron S, Wudick MM, Miras M, Schepler-Luu V, Kohler S, Cunnac S, Frommer WB, Albar L. 2024. Rice yellow mottle virus resistance by genome editing of the *Oryza sativa* L ssp *japonica* nucleoporin gene *OsCPR5.1* but not *OsCPR5.2*, *Plant Biotechnology Journal*, 22, 1299-1311.

Notes académiques de l'Académie d'agriculture de France
Academic Notes from the French Academy of Agriculture
(N3AF)
Point de vue

- Barot S, Allard V, Cantarel A, Enjalbert J, Gauffreteau A, Goldringer I, Lata JC, Le Roux X, Niboyet A, Porcher E. 2017. Designing mixtures of varieties for multifunctional agriculture with the help of ecology. A review, *Agronomy for Sustainable Development*, 37, 13.
- Commission européenne. 2023. Annexes de la proposition de règlement du Parlement européen et du Conseil concernant les « Végétaux obtenus au moyen de certaines nouvelles techniques génomiques, et les denrées alimentaires et aliments pour animaux qui en sont dérivés », 5 juillet 2023. https://ec.europa.eu/info/law/better-regulation/have-your-say/initiatives/13119-Legislation-applicable-aux-vegetaux-produits-a-laide-de-certaines-nouvelles-techniques-genomiques_fr.
- Commission européenne. 2024. Végétaux obtenus au moyen de certaines nouvelles techniques génomiques, et les denrées alimentaires et aliments pour animaux qui en sont dérivés. https://www.europarl.europa.eu/doceo/document/T-A-9-2024-0067_FR.pdf
- Chen PJ, Liu DR. 2023. Prime editing for precise and highly versatile genome manipulation, *Nature Reviews genetics*, 24, 161-177.
- Doudna JA, Charpentier E. 2014. The new frontier of genome engineering with CRISPR-cas9, *Science*, 346, 1258096. DOI : 10.1126/science.
- Dutta TK, Ray S, Phani V. 2023. The status of the CRISPR/Cas9 research in plant nematode-interactions, *Planta*, 258, 6, 103.
- Gabay G, Wang H, Zhang J, Moriconi JI, Burguener GF, Gualano LD, Howell T, Lukaszewski A, Staskawicz B, Cho MJ, Tanaka J, Fahima T, Ke H, Dehesh K, Zhang GL, Gou JY, Hamberg M, Santa-Maria GE, Dubcovsky J. 2023. Dosage differences in 12-oxophytodienoate reductase genes modulate wheat root growth, *Nature Communications*, 14, 539, 1-15. DOI : 10.1038/s41467-023-36248-y.
- Gallais A. 2013. *De la domestication à la transgénése. Évolution des outils pour l'amélioration des plantes*, Éditions Quae, Versailles, 171 p.
- Gallais A. 2015. *Comprendre l'amélioration des plantes. Enjeux, méthodes objectifs et critères de sélection*, Éditions Quae, Versailles, 231 p.
- Jinek M, Chylinski K, Fonfara I, Hauer M, Doudna JA, Charpentier E. 2012. A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity, *Science*, 337(6096), 816-821. DOI : 10.1126/science.1225829.
- Kim JS. 2018. Precision genome engineering through adenine and cytosine base editing, *Nature Plants*, 4, 148-151.
- Kwon CT, Heo J, Lemmon ZH, Capua Y, Hutton SF, Van Eck J, Liao S, Park SJ, Lippman ZB. 2020. Rapid customization of *Solanaceae* fruit crops for urban agriculture, *Nature Biotechnology*, 38, 182-188.
- Liao S, Qin X, Luo L, Han Y, Wang X, Usman B, Nawaz G, Zhao N, Liu Y, Li R. 2019. CRISPR/Cas9-induced mutagenesis of semi-rolled leaf 1,2 confers curled leaf phenotype and drought tolerance by influencing protein expression patterns and ROS scavenging in rice (*Oryza sativa* L.), *Agronomy*, 9, 728. DOI : 10.3390/agronomy9110728.
- Litrice I, Violle C. 2015. Diversity in plant breeding: a new conceptual framework, *Trends in Plant Science*, 20, 604-f613.
- Lu HP, Luo T, HW, Wang L, Tan YY, Huang JZ, Wang Q, Ye GY, Gatehouse AMR, Lou YG, Shu QY. 2018. Resistance of rice to insect pests mediated by suppression of serotonin biosynthesis, *Nature Plants*, 4, 6, 338-344.
- Nogué F, Vergne P, Chèvre AM, Chauvin JE, Bouchabke-Coussa O, Déjardin A, Chevreau E,

- Hibrand-Saint Oyant L, Mazier M, Barret P, Guiderdoni E, Sallaud C, Foucrier S, Devaux P, Rogowsky PM. 2019. Crop plants with improved culture and quality traits for food, feed and other uses, *Transgenic research*. 28, 65-73.
- Ogata T, Ishizaki T, Fujita M, Fujita Y. 2020. CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of *OsERA1* confers enhanced responses to abscissic acid and drought stress and increased primary root growth under non stressed conditions in rice, *PLoS One*, 15(12), e0243376. DOI : 10.1371/journal.pone.0243376
- Parcy F. 2024. *Les Clés des champs. Comment domestiquer les plantes*, Éditions humenSciences, Paris, 237 p.
- Pessina S, Angeli D, Martens S, Visser RGF, Bai Y, Salamini F, Velasco R, Schouten HJ, Malnoy M. 2016a. The knockdown of the expression of *MdMLO19* reduces susceptibility to powdery mildew (*Podosphaera leucotricha*) in apple (*Malus domestica*), *Plant Biotechnology Journal*, 14, 2033-2044.
- Pessina S, Lenzi L, Perazzolli M, Campa M, Dalla Costa L, Urso S, Valè G, Salamini F, Velasco R, Malnoy M. 2016b. Knockdown of *MLO* genes reduces susceptibility to powdery mildew in grapevine, *Horticultural Research*, 3, 16016; DOI : 10.1038/hortres.2016.16.
- Quétier F. 2011. Modes d'obtention des variétés tolérantes aux herbicides. In Rapport ESCo « Variétés végétales tolérantes aux herbicides », INRA.
- Rato C, Carvalho MF, Azevedo C, Oblessuc PR. 2021. Genome editing for resistance against plant pests and pathogens, *Transgenic research*, 30, 4, 427-459.
- Ricroch A, Clairand P, Harwood W. 2017. Use of CRISPR systems in plant genome editing: toward new opportunities in agriculture, *Emerging Top Life Science*, 1, 169-182.
- Rollwage L, Van Houtte H, Hossain R, Wynant N, Willems G, Varrelmann M. 2024. Recessive resistance against beet chlorosis virus is conferred by the eukaryotic translation initiation factor (iso)4E in *Beta vulgaris*, *Plant Biotechnology Journal*, DOI : [10.1111/pbi.14333](https://doi.org/10.1111/pbi.14333).
- Shengnan L, Dexing L, Yunwei Z, Min D, Yongxing C, Bin L, Boshu L, Yuan L, Yanpeng W, Long Z, Yueting L, Jinxing L, Kunling C, Zhiyong L, Jun X, Jin-Long Q, Caixia G. 2022. Genome-edited powdery mildew resistance in wheat without growth penalties, *Nature*, 602, 455-460.
- Shi J, Gao H, Wang H, Lafitte HR, Archibald RL, Yang M, Hakimi SM, Mo H, Habben JE. 2017. ARGOS8 variants generated by CRISPR-Cas9 improve maize grain yield under field drought stress conditions, *Plant Biotechnology Journal*, 15, 207-216.
- Shipra S, Sushmita LC, Yeluru MB, Dharmappa DC, Emmadi V, Sayanti M, Ishfaq MH, Vikas MM, Tulika M. 2024. Commercialization of CRISPR-edited crops: Opportunities and challenges. In Abd-Elsalam KA, Ahmad A, Zhang B (eds) *CRISPRized Horticulture Crops. Genome Modified Plants and Microbes in Food and Agriculture*, Academic Press, Cambridge (MA), USA, Chapter 27, 471-486, DOI :10.1016/B978-0-443-13229-2.00031-4.
- Vidal T, Gauffreteau A, Enjalbert J, Suffert F. 2021. Mélanger les variétés pour construire des peuplements plus résistants aux bioagresseurs. In Lannou C, Roby D, Ravigné V, Hannachi M, Moury B (eds) *L'Immunité des plantes*, Éditions Quae, Versailles, 390 p.
- Yadav RK, Tripathi MK, Tiwari S, Tripathi N, Asati R, Chauhan S, Tiwari PN, Payasi DK. 2023. Genome editing and improvement of abiotic stress tolerance in crop plants, *Life*, 13, 1456. DOI : 10.3390/life13071456.
- Yamagishi N, Kishigami R, Yoshikawa N. 2014. Reduced generation time of apple seedlings to

Notes académiques de l'Académie d'agriculture de France
Academic Notes from the French Academy of Agriculture
(N3AF)
Point de vue

within a year by means of a plant virus vector: a new plant breeding technique with no transmission of genetic modification to the next generation, *Plant Biotechnology Journal*, 12, 60-68.

Yang L, Machin F, Wang S, Saplaoura E, Kragler F. 2023. Heritable transgene-free genome editing in plants by grafting of wild-type shoots to transgenic donor rootstocks, *Nature Biotechnology*, 41, 958-967.

Yu H, Lin T, Meng X, Du H, Zhang J, Liu G, Chen M, Jing Y, Kou L, Li X, Gao Q, Liang Y, Liu X, Fan Z, Liang Y, Cheng Z, Chen M, Tian Z, Wang Y, Chu C, Zuo J, Wan J, Qian Q, Han B, Zuccolo A, Wing RA, Gao C, Liang C, Li J. 2021. A route to *de novo* domestication of wild allotetraploid rice, *Cell* 184 (5), 1156-1170.

Yu W, Wang L, Zhao R, Sheng J, Zhang S, Li R, Shen L. 2019. Knockout of SIMAPK3 enhances tolerance to heat stress involving ROS homeostasis in tomato plants, *BMC Plant Biology*, 19, 354. DOI : 10.1186/s12870-019-1939-z

Zhang A, Liu Y, Wang F, Li T, Chen Z, Kong D, Bi J, Zhang F, Luo X, Wang J, Tang J, Yu X, Liu G, Luo L. 2019. Enhanced rice salinity tolerance via CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of the *OsRR22* genes, *Molecular Breeding*, 39, 47. DOI : 10.1007/s11032-019-0954-y.

Zhang J, Xiong H, Burguener GF, Vasquez-Gross H, Liu Q, Debernardi JM, Akhunova A, Garland-Campbell K, Kianian SF, Brown-Guedira G, Pozniak C, Faris JD, Akhunov E, Dubcovsky J. 2023. Sequencing 4.3 million mutations in wheat promoters to understand and modify gene expression, *PNAS*, 120 (38), e2306494120.

d'agriculture de France.

Editeur :

Anonyme

Rapporteurs :

1. Anonyme
2. Anonyme

Reçu

26 avril 2024

Accepté

15 juillet 2024

Publié

20 septembre 2024

Citation

Gallais A, Lespinasse Y, Devaux P. 2024. Adaptation des cultures au changement climatique : apport possible de l'édition génomique, *Notes académiques de l'Académie d'agriculture de France - Academic Notes of the French Academy of Agriculture (N3AF)*, 18(3), 1-12. DOI : 10.58630/pubac.not.a880244.



Rubrique

Cet article a été publié dans la rubrique « Points de vue » des *Notes académiques de l'Académie*

André Gallais est professeur honoraire à AgroParisTech, membre de l'Académie d'agriculture de France.

Notes académiques de l'Académie d'agriculture de France
Academic Notes from the French Academy of Agriculture
(N3AF)
Point de vue



Yves Lespinasse est directeur de recherche honoraire INRAe, membre de l'Académie d'agriculture de France.



Pierre Devaux est directeur Recherche et Innovation du Groupe Florimond-Desprez, membre de l'Académie d'agriculture de France,