

# PaleoCereal

## Paléogénomique des céréales pour l'amélioration du blé

Projet de recherche qui ambitionne une relecture de la synténie<sup>(1)</sup> entre les génomes<sup>(2)</sup> de plusieurs céréales et son utilisation pour l'amélioration variétale du blé tendre.

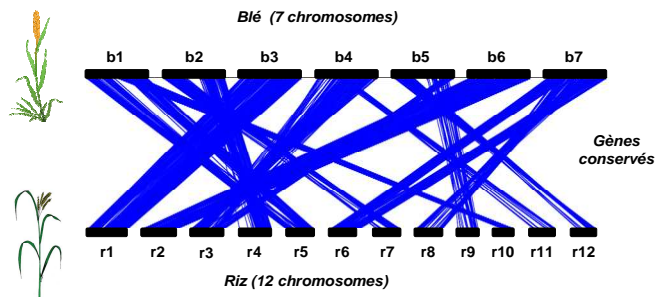
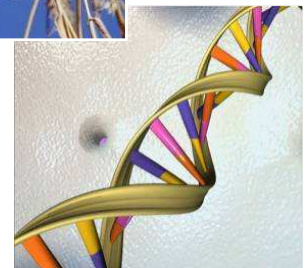
D'une durée de 2 ans, du 1<sup>er</sup> septembre 2009 au 31 août 2011, il a été sélectionné et reçoit une aide financière de l'Agence Nationale de la Recherche, dans le cadre du Programme Jeunes chercheuses et jeunes chercheurs.

### La description du projet

Le projet, porté par Jérôme Salse, ambitionne une relecture de la **synténie entre les génomes de plusieurs céréales**. Cette recherche sur la synténie correspond à l'**identification précise des fragments de génome**, qui au-delà de l'évolution qui a séparé ces différentes espèces, ont **maintenu globalement une colinéarité certaine des gènes qui y sont localisés**.

L'identification de ces régions doit permettre, à côté des connaissances fondamentales et évolutives apportées, de **développer toute une batterie de marqueurs génétiques<sup>(3)</sup> qui pourront être utilisés conjointement sur ces espèces éloignées**.

L'exploitation de ces marqueurs et des connaissances amènera l'**identification des gènes clés, dans la comparaison de ces espèces sur des caractères agronomiques en lien avec le rendement**. Le jeu de marqueurs développés sera à ce titre d'un intérêt fort pour les **travaux comparatifs entre ces grandes espèces**, permettant ainsi un apport particulier et innovant pour les sélectionneurs.



Représentation schématique des gènes conservés (traits bleus) entre les chromosomes de blé et de riz (barres noires).

- (1) Synténie: conservation de l'ordre des gènes entre deux génomes
- (2) Génome: Ensemble du matériel génétique d'un individu, patrimoine héréditaire d'un individu
- (3) Gène: unité d'hérédité contrôlant un caractère particulier. Cet élément génétique correspondant à un segment d'ADN
- (4) Marqueur: fragments spécifiques d'ADN pouvant être identifiés au sein du génome complet.