

CNV-Maize



Étude d'association sur génome entier entre variation structurale, variation des caractères d'intérêt agronomique et hétérosis chez le maïs

Un partenariat public-privé

CNV-Maize est un projet collaboratif entre la société Biogemma et deux laboratoires publics: l'UMR INRA-CNRS-UnivParisXI-AgroParisTech de « Génétique Végétale du Moulon » et l'UMR INRA-AgroParisTech « Mathématiques et Informatiques Appliquées ».

Ce projet, labellisé par le Pôle de compétitivité Céréales Vallée, a démarré le 1er janvier 2011 et est financé pour une durée de 3 ans par l'Agence Nationale de la Recherche et France Agri-Mer, dans le cadre du programme de Génomique et Biotechnologies végétales 2010.

Le contexte

Durant ces 5 dernières années, d'importantes différences structurales ont été mises en évidence entre variétés de maïs. Ces études ont révélé l'existence de nombreux réarrangements chromosomiques conduisant à des variations du nombre de copies et à la présence/absence de régions génomiques entre variétés. Ainsi, une part non négligeable des gènes exprimés (1-3%) serait présente dans certaines variétés de maïs mais absente d'autres variétés.

Bien que prometteurs, ces résultats sont encore modestes car ils sont fondés uniquement sur la comparaison de quelques variétés américaines. De plus, la contribution des polymorphismes structuraux aux variations des caractères d'intérêt agronomiques reste à ce jour encore largement inexplorée. **Or, d'une part l'absence ou la duplication de gènes pourrait contribuer aux variations de caractères d'intérêt tel que le rendement. D'autre part, la complémentarité des gènes présents dans deux lignées parentales distantes pourrait expliquer en partie la vigueur hybride (hétérosis = supériorité de l'hybride par rapport aux parents) observée dans les hybrides provenant de leur croisement.**



Les objectifs

CNV-Maize a pour objectifs :

- de découvrir **les variations structurales (insertions, délétion, duplication...)** du génome entre les variétés présentes au sein des collections génétiques du maïs, en combinant des approches de reséquençage et d'hybridation génomique comparative
- de quantifier l'effet de ces polymorphismes structuraux sur des caractères d'intérêt agronomique et sur l'hétérosis

Les finalités

Le projet permettra de développer des marqueurs spécifiques de ces polymorphismes dans des variétés européennes. Ces marqueurs pourront être utilisés dans la sélection du maïs et/ou explorer la diversité génétique structurale au sein des ressources génétiques du maïs. Ce projet contribuera en outre à enrichir nos connaissances sur le génome du maïs et sur les déterminismes génétiques des caractères d'intérêt .