

PA n°480, septembre 2020

Complément à l'article :

Projet AMAIZING

Construire et évaluer les variétés de maïs de demain

Le génome du maïs plus largement décrypté

Afin d'élargir nos connaissances par-delà de la lignée américaine séquencée en 2009, AMAIZING a mené trois actions de séquençage :

(i) Un séquençage partiel a permis d'obtenir une "empreinte génétique" de plus de 1000 lignées de maïs et de confirmer l'originalité des lignées d'origine française et européenne par rapport à celles des collections américaines. Ces variétés traditionnelles et lignées anciennes sont donc des réservoirs de diversité pour des facteurs d'adaptation, source de progrès génétique à long terme.

(ii) Le séquençage non ordonné du génome entier de 67 nouvelles lignées a montré la grande diversité génétique du maïs. En moyenne, deux lignées de maïs sont aussi éloignées l'une de l'autre que l'homme du chimpanzé, avec plus de 22,3 millions de SNP (c'est-à-dire de remplacements d'une base par une autre, au même endroit dans le code génétique), ainsi que l'absence de segments entiers d'ADN chez certaines lignées (*figure 1*). Ces données ont également montré que les variétés traditionnelles de maïs européennes sont issues de croisements anciens entre différentes variétés américaines introduites en Europe dans les années 1500 à 1800.

(iii) Le séquençage et l'assemblage complet *et ordonné* du génome de 7 lignées ayant contribué au matériel européen a été effectué. En effet, en raison de la diversité génomique du maïs en Europe et de l'origine génétique de la lignée américaine de référence, la séquence génomique de cette dernière ne renseignait que partiellement sur le contenu génétique des lignées européennes. Chaque lignée porte environ 40 000 gènes, mais l'ensemble des génomes séquencés (pangénome) cumule plus de 50 000 gènes.

Ainsi, chaque lignée contient plusieurs centaines de gènes qui ne sont pas présents dans d'autres lignées. Ces gènes sont plus souvent que les autres impliqués dans des fonctions de réponse de la plante aux contraintes environnementales (variations climatiques, pression des pathogènes) et sont donc de nouvelles cibles intéressantes pour l'adaptation du maïs aux conditions locales.

Ce travail a été complété par un « gène atlas » qui recense l'activité de chacun des gènes chez ces 7 lignées dans différents organes, en condition normale et en condition de sécheresse, ce qui permettra d'établir des liens entre la fonction des gènes, leur niveau d'activité et le phénotype.

Figure 1 : Types de variations nucléotidiques observées au sein d'un gène chez le maïs.

Pour chaque lignée de maïs (présentées à gauche), le même gène est représenté, avec des variations nucléotidiques allant, de haut en bas, du simple changement d'une base (SNP) à l'insertion ou la délétion complète du gène. Le gène est composé de 3 « exons » (des régions codantes) représentés par des boîtes de couleur. Les variations de séquence par rapport à la séquence du gène de la première lignée (en haut) sont indiquées en bleu.

