



Au sommaire

- | | |
|--|----------|
| <input type="checkbox"/> Avancement des lots de travaux | p. 2 – 3 |
| <input type="checkbox"/> Zoom sur PhénoField® : nouvelle plateforme expérimentale qui a déjà accueilli un premier essai AMAIZING | p. 4 |
| <input type="checkbox"/> Vie du projet et actions de communication | p.5 |
| <input type="checkbox"/> Liste des communications citant AMAIZING (2015/2016) | p. 6 |
| <input type="checkbox"/> Évènements et formations à venir | p. 7 |

AMAIZING a été mis en place pour soutenir la compétitivité de des filières françaises de sélection et de production du maïs tout en répondant aux attentes d'une production durable et de qualité. Le projet regroupe 15 unités de recherche publiques françaises impliquant l'INRA, le CNRS et des universités, 9 entreprises privées et coopératives, et un institut technique. AMAIZING conjugue des approches génotypiques et phénotypiques mettant en oeuvre des techniques d'analyses haut débit afin d'identifier les facteurs génétiques impliqués dans les caractères d'intérêt agronomique tels que le rendement, la qualité et la tolérance aux stress abiotiques. Le projet permettra in fine de développer des outils et méthodes de sélection innovants pour la création de nouvelles variétés de maïs améliorées

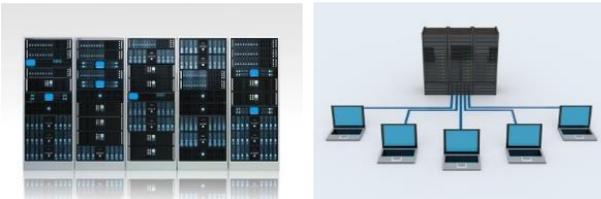
www.amaizing.fr

➤ Avancement des travaux

▪ Bio-informatique (Lot de travail n° 2)

Le **Système d'Information AMAIZING (AIS)** a été amélioré par de nouveaux outils pour visualiser les données qu'il contient, et il a été **enrichi** par de nouveaux jeux de **données provenant des lots de travaux n° 3, 4 et 6** (génomique, génotypage, et phénotypage).

➤ <https://urgi.versailles.inra.fr/Projects/amaizing>



▪ Caractérisation de la diversité du maïs européen (Lot de travail n° 3)

Une analyse de **séquençage** à très haute profondeur a révélé des **gènes et régions du génome spécifiques à lignée française F2**. Le séquençage comparé de 67 lignées historiques américaines et européennes a révélé plus de **21 millions de variations ponctuelles de l'ADN (Single nucleotide polymorphism, «SNP»)**, qui permettent de retracer les phénomènes de migration et d'adaptation du maïs en Europe.

▪ Optimisation des ressources

et des approches pour la cartographie des caractères d'intérêt et le développement de la **sélection génomique** (Lot de travail n° 4)

Les panels de lignées étudiées ont été caractérisés pour **50 000 à un million de SNP** (variations ponctuelles de l'ADN), en utilisant différentes techniques, dont les efficacités ont pu être comparées. Les résultats ont permis d'**approfondir l'analyse de la diversité** et d'examiner la génétique des caractères étudiés dans le WP5 (cf. page suivante), pour identifier des régions du génome en cause ou construire des équations de prédiction. De nouvelles méthodes ont été développées dans ce but. Les collections existantes ont été complétées par la **création de lignées expérimentales originales** issues de parents de différentes origines.



➤ **Avancement des travaux**

- **Génétique et écophysiologie de l'adaptation environnementale et de l'hétérosis** (Lot de travail n° 5)

Les **expérimentations** de 2014 et 2015 sur les panels hétérosis et denté (tolérance au froid, utilisation de l'eau et de l'azote) ont été analysées et **montrent une variation importante de comportement entre variétés**, évaluée avec une bonne précision. Les bases génétiques de cette variation ont été étudiées avec les approches définies dans le Lot de travail n° 4.

- **Validation et caractérisation fine de régions du génome impliqués dans l'adaptation environnementale et l'hétérosis** (Lot de travail n° 6) - Les populations d'introgession, les collections de mutants et les ressources transgéniques ont été complétées pour analyser des gènes et des régions du génome d'intérêt pour la tolérance au froid, la phénologie, l'efficacité d'utilisation de l'azote et l'efficacité d'utilisation de l'eau. **25 régions** sont actuellement **en cours d'étude**.



- **Approches intégratives** (Lot de travail n° 7)

Un **modèle de croissance de feuille** a été **développé** pour inclure la variabilité génétique de la réponse aux conditions environnementales. L'analyse du progrès génétique a été poursuivie. Des simulations montrent que **l'effet des caractères de réponse sur la productivité dépend des scénarios environnementaux**.

- **Intégration des outils et des connaissances dans les programmes de sélection et d'évaluation de variétés** (Lot de travail n° 8)

L'analyse socio-économique des modes de coopération entre partenaires a été poursuivie. Des premières actions concernant l'utilisation d'allèles spécifiques et l'évaluation d'équations de prédiction dans les programmes des partenaires semenciers ont été définies.



➤ PhénoField®, nouvelle plateforme expérimentale, a accueilli pour sa première année de fonctionnement un essai AMAIZING

▪ PhénoField®, une unité du réseau de plateformes Phéno

Pour mener à bien les grands projets partenariaux de génétique sur les grandes cultures tels qu'AMAIZING, la recherche française s'est dotée de mise en réseau, de constructions et d'équipements de laboratoires, de serres et de plateformes au champ d'acquisition de données d'expérimentation. Ce projet Phéno coordonné par l'INRA, avec la collaboration d'Arvalis et de Terres Inovia, est soutenu par l'Etat à hauteur de 28.8 M€. C'est dans ce cadre qu'Arvalis a construit et équipé à Ouzouer le Marché (41), PhénoField®, le dispositif de toits roulants et de portiques de phénotypage dédié à l'étude du comportement des variétés aux déficits hydriques.



▪ Les essais AMAIZING prévus sur PhénoField permettront d'identifier les allèles favorables à la résistance à la sécheresse

La plateforme a été inaugurée au printemps 2015 et a accueilli pour sa première année de mise en fonctionnement un essai AMAIZING. Ce premier essai avait pour objectif d'étudier la variabilité des réponses à des déficits hydriques de 30 variétés expérimentales. D'autres essais sont prévus en 2018 dans le cadre du projet pour évaluer les réponses à différents déficits hydriques de plusieurs «idéotypes» portant des allèles favorables dans différentes régions du génome.

➤ La plateforme se compose de huit serres mobiles qui couvrent au total 5000 m² (384 micro-parcelles) et de 8 portiques de phénotypage. En protégeant les expérimentations de la pluie, le dispositif maîtrise les périodes et les intensités de déficit hydrique.

Une batterie de capteurs réalisera en routine à moyen terme des mesures physiques non destructives sur la cinétique de croissance des plantes et leur consommation en eau afin d'expliquer les différences de composantes de rendement constatées à la récolte et de mieux décrypter les causes physiologiques et génétiques qui sous-tendent les différences variétales.

➤ Vie du projet et actions de communication

▪ Vie du projet

Les réunions des différents comités de pilotage du projet ont été organisées tout au long de l'année et la **réunion annuelle** regroupant quatre-vingt scientifiques impliqués dans AMAIZING s'est déroulée chez **Arvalis, Institut du Végétal** (site de Montardon, près de Pau) les 22 & 23 Octobre 2015.



5^{ème} Réunion annuelle AMAIZING – Montardon

▪ Rencontre des chercheurs AMAIZING et des acteurs de la filière maïs

A l'occasion de la réunion annuelle, et avec l'aide d'Arvalis, une **table ronde** rassemblant des représentants de la filière maïs française et les responsables scientifiques les plus fortement impliqués dans le projet a été organisée. Un échange grandement apprécié par les participants et l'occasion de **confronter les objectifs et l'avancement du projet avec les besoins, préoccupations et attentes des acteurs de la filière** (agriculteurs, collecteurs et transformateurs).

▪ Dissémination, transfert de technologie et formation –

Les sessions de formation ont été poursuivies en 2015.



EUCARPIA

La **première conférence internationale AMAIZING co-organisée avec EUCARPIA** s'est déroulée à Montpellier les 9 et 10 juin 2015 et a rassemblé 170 participants français et internationaux. Différents **résultats du projet ont été présentés** (Cf. p. 6). L'ensemble de la conférence a été d'un **excellent niveau** et permis de faire un point sur des **approches de sélection prometteuses**.

Communications sur AMAIZING – Juin 2015 à Mai 2016

■ Présentation des résultats d'AMAIZING à des congrès scientifiques

XXIIIrd Eucarpia Maize and Sorghum Conference, June 10 and 11, 2015 – Montpellier



- A new high-throughput DNA pooling method based on 50K illumina maize array to unravel genetic diversity within maize landraces germplasm and identify original genetic resources for prebreeding –
- Maize methylome variation between the French inbred line FV2 and B73: extent and link to structural variation
- European maize genomics: Demography and Adaptation
- Prediction accuracy of genomic selection in diverse panels and multiparental designs. Optimization of calibration set.

Autres congrès

- Estimation de l'apparentement entre plusieurs individus à l'aide d'un algorithme EM" Congrès de la Société Française de Statistique à Lille (Juin 2015)
- BioMercator : A complete framework to integrate QTL, meta-QTL, genome annotation and genome-wide association studies - PROCOGEN, Orléans (Déc. 2015) & JOBIM, Clermont-Ferrand (Juil. 2015)
- Population genomics of European maize - ETEE, Gif/Yvette (28 & 29 sept. 2015)
- Detection of structural variations specific to FV2 maize genome - Séminaire de l'unité Evolution - Ecologie – Paléontologie à Lille (Nov. 2015)
- Drought tolerance: which genes/alleles for which drought scenarios? *Drought resilience, SEB and GPD*, Iguazu, Brésil (Oct. 2015)
- Combining information from multiple experiments in platforms and fields - *Phenotyping congress, EPPN*, Barcelone, Espagne (Oct. 2015)
- Development of a high-throughput method for the screening of a maize mutant collection - *International Plant & Animal Genome XXIV*, San Diego, CA, USA (Janv. 2016)
- Proteomics analysis of the genetic diversity of drought tolerance in maize - *G2 COST FA 1306 meeting: Diving into integrative cell phenotyping through "omics"*, Versailles (Fév. 2016)
- Gestion et utilisation des ressources génétiques chez le maïs - Association des Sélectionneurs Français, Versailles (Fév. 2016)

■ Participation à d'autres événements

- Organisation et participation à une table ronde avec les agriculteurs et acteurs de la filière maïs chez Arvalis, Institut du végétal, Montardon (22 Oct. 2015)
- Distribution de plaquettes au 2nd *Work Group 2 meeting* – Phenotyping at the cell level du COST FA1306 Quest for tolerant varieties - Phenotyping at plant and cellular level – Versailles (1-2 Fév. 2016)

■ Publications scientifiques citant AMAIZING

- Structured regularization for conditional Gaussian graphical models. *Statistic and Computing*, p 1 – 16 (Mai 2016)
- Genome-wide analysis of yield in Europe: allelic effects as functions of drought and heat scenarios - *Plant Phys* (in press, Jul. 2016)
- Association mapping for phenology and plant architecture in maize shows higher power for 4 developmental traits compared to growth influenced traits – *Heredity* (in press., Jul. 2016)

➤ Les sessions de formations / Webinar AMAIZING

(Ces sessions de formations sont exclusivement réservées aux partenaires d'AMAIZING)

- 10 Octobre 2016 13H30 à 15H: Webinar du Lot de travail n° 2 (WP2) : Nouvelles fonctionnalités du système d'Information AMAIZING (AIS) : formulaire génotypage et formulaire RNASeq sur données AMAIZING
- Pour vous inscrire: [cliquer ici](#)
- Contact: Delphine Steinbach, delphine.steinbach@moulon.inra.fr

➤ Evénements à venir

- 19 septembre 2016 - Réunion de travail Lot de travail n° 8 (WP8)
- Contact: Pascal Flament, pascal.flament@limagrain.com
- 2 Novembre 2016 – Groupe de travail « Recherche de QTL et l'élaboration des équations de prédiction génomique » AgroParisTech (site Claude Bernard, Paris) (réservé aux personnes du projet impliqués sur la thématique)
- Contact: Alain Charcosset, alain.charcosset@moulon.inra.fr
- 3 au 4 Novembre 2016 – 5^{ème} meeting annuel d'AMAIZING AgroParisTech (site de Claude Bernard, Paris) (événement exclusivement dédié aux partenaires du projet et au comité scientifique externe)
- Contact: Claire Nodet, claire.nodet@inra.fr

Conception – Réalisation : INRA Transfert

Crédits photos : INRA Rabier Dominique, Dewanin Blandine; AGPM : Lilianne Vandeninde



Pour en savoir plus

www.amaizing.fr

Chef de projet : **Alain Charcosset**, UMR Génétique Quantitative et Evolution – Le Moulon, INRA alain.charcosset@moulon.inra.fr

Chef de projet : **Claire Nodet** INRA Transfert claire.nodet@inra.fr

Responsables Communication : **Antoine Gaillard**, Maisadour Semences, gaillard@maisadour.com

Josiane Lorgeou, ARVALIS - Institut du végétal, j.lorgeou@arvalisinstitutuvegetal.fr

