Lettre d'information N° 5 – Octobre 2018

AMAIZING

Au sommaire

- Avancement des lots de travaux p. 2 – 4
- Zoom sur La Plateforme Métabolome de Bordeaux p. 5
- Vie du projet et actions de communication p. 6
- Liste des communications citant AMAIZING (2016/2018) p. 7
- Événements p. 8

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 œuvre 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 enrichi par de nouveaux jeux de données (génomique, génotypage, et phénotypage). Plusieurs Genome Browser donnent accès au pangénome B73/F2 ainsi qu'a la version 4 du génome du maïs sur laquelle ont été relocalisées de nombreuses information jusqu'alors disponibles uniquement en Version 2.

https://urgi.versailles.inra.fr/Projects/amaizing L'outil d'aide a la collecte des données de phénotypage au champ PhénoValidator est maintenant en production. La base de données ThaliaDB (phénotypage et génotypage) destinée à héberger et à mettre à disposition les données du projet est maintenant en production.

Pour plus d'informations, contacter johann.joets@inra.fr

- Caractérisation moléculaire de la réponse du maïs au froid (Lot de travail n° 3)

Une analyse de séquençage à haute profondeur d'ADN traité au bisulfite de sodium issu de plantes soumises à un stress froid ou cultivées en conditions standard a permis d'analyser la réponse du méthylome de la lignée B73 au froid.

Chez cette lignée sensible, le froid induit une hyper-méthylation de tout le génome.

L'étude fine des niveaux des différents types de cytosines suggère la mise en place parallèle de plusieurs mécanismes, un résultat soutenu également par l'augmentation du niveau transcriptionnel des gènes de ces voies. En parallèle, les séquences génomiques des 7 lignées étudiées de façon approfondie dans AMAIZING ont été réceptionnées. Elles sont en cours de validation, notamment par comparaison des assemblages avec les cartes optiques, qui sont en cours d'acquisition.

- 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 lignées du groupe « corné » créées dans le projet ont été génotypées et évaluées avec celles issues de la collection INRA. Un sous ensemble a été retenu pour être évalué en valeur hybride dans différentes conditions environnementales dans le WP5. Les données du panel «denté» ont permis d'identifier des régions impliquées dans les caractères d'intérêt et de mettre en évidence l'impact de la structuration en groupes sur la précision des prédictions génomiques.

Collection de 1200 lignées cornées originales évaluée à deux répétitions à INRA Ploudaniel

Avancement des travaux

Un outil d'imputation de données de marquage, rapide et adapté aux lignées, ainsi qu'un algorithme efficace de résolution de modèles statistiques complexes ont été développés afin de faciliter l'identification des régions impliquées dans la variation des caractères dans les différents panels du projet.

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

L'ensemble des expérimentations sur le panel denté et sur les panels hétérosis 1 et 2 sont réalisées. Une méthode de caractérisation des scénarios climatiques a été proposée. Elle permettra l'analyse des interactions avec l'environnement. Des premiers marqueurs métaboliques pouvant aider à la sélection ont été proposés.

L'analyse d'un panel denté sur la plateforme PhenoArch a permis de proposer des gènes contrôlant potentiellement l'abondance d'une protéine et d'un caractère écophysiologique en condition de stress hydrique. L'analyse de deux panels en serre froide a permis d'identifier 3 régions chromosomiques d'intérêt pour la tolérance au froid. L'une d'entre elle, détectée aussi par analyse de liaison dans une population biparentale, a fait l'objet d'une validation dans le WP6 : l'allèle de tolérance a été introduit par rétrocroisement dans plusieurs lignées sensibles et a prouvé son efficacité en conditions contrôlées et a commencé à être testé au champ.

- Validation et caractérisation fine de régions du génome impliqués dans l'adaptation environnementale et l'hétérosis (Lot de travail n° 6)

Le processus de validation de QTL est bien en route pour 30 régions génomiques: Des lignées quasi-isogéniques (NILs) sont maintenant disponibles, les premières évaluations au champ ont été faite pour floraison, tolérance au froid, WUE, NUE et hétérosis, et la cartographie fine a démarré pour quelques régions. Les outils sont maintenant plus complets avec un plus grand nombre de populations d'introgression, la possibilité de rechercher des mutants in silico, des ressources pour l'édition du génome et un atlas d'expression pour 7 génotypes.

Deux lignées différant pour un segment chromosomique impliqué dans la tolérance au froid, après un séjour de 6 semaines à 15° C le jour et 11° C la nuit

Avancement des travaux

- Approches intégratives (Lot de travail n° 7)

L'analyse de la variabilité génétique de la conductance stomatique est publiée (Plant Cell Environment, 2018). L'analyse du progrès génétique révèle une évolution des caractères architecturaux avec la sélection entre 1950 et 2015, tout en confirmant le progrès du rendement ainsi qu'une amélioration du développement reproducteur. Les plantes modernes ont un port plus érigé et une surface foliaire située majoritairement plus bas dans le couvert. Nous travaillons actuellement à tester, par simulation et expérience au champ, l'intérêt comparatif des ces changements d'architecture de phénologie.

Historical series – Phenofield
Arvalis- June 2018

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

Des premières analyses ont été réalisées pour évaluer la précision des équations de prédiction génomiques établies sur le panel « denté » du projet, lorsqu'on les applique aux programmes de sélection des partenaires semenciers.

En parallèle, un travail pour recenser les loci d'intérêt les plus robustes a été entrepris en association avec les coordinateurs de traits biologiques du WP6. Les informations nécessaires à des actions de génotypages vont être transmises aux entreprises de sélection, ce qui leur permettra d'étudier la fréquence des allèles favorables dans différents types de matériel élite. Les actions concernant l'utilisation d'allèles spécifiques ont été poursuivies pour ce qui concerne la mutation F7p et précisées en vue d'une utilisation généralisée à l'ensemble des régions mises en évidence dans le projet.

Enfin, l'analyse socio-économique des modes de coopération entre partenaires a été poursuivie.

➢ La Plateforme Métabolome de Bordeaux contribue à AMAIZING

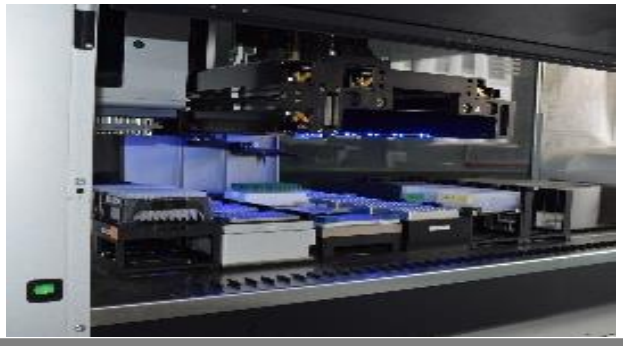
La Plateforme (https://metabolome.cgfb.u-bordeaux.fr) fédère les outils et les savoir-faire pour l'étude du métabolisme, notamment via des approches métabolome et activome. Ses équipements analytiques mutualisés comprennent entre autres deux spectromètres de RMN (500 et 600 MHz), cinq systèmes LC-MS, deux systèmes GC-MS et trois systèmes robotisés de phénotypage métabolique à haut débit en microplaques.

- Les données acquises permettent de caractériser la réponse ou la performance des génotypes

Selon le type d'expérimentation (champ, PHENOARCH, chambres de culture) et le nombre de génotypes (petits ou grands panels), une ou plusieurs stratégies analytiques sont utilisées pour obtenir un phénotypage biochimique non-ciblé ou ciblé sur quelques composés. Une combinaison d'analyses de profils RMN du proton et LC-QTOF-MS et de dosages ciblés en microplaques a notamment été utilisée pour caractériser la réponse de jeunes feuilles à un semis précoce, au froid ou à une limitation en azote. La combinaison de ces données avec d'autres données de phénotypage est en cours.

- La Plateforme Métabolome coordonne l'INBS MetaboHUB et participe à l'INBS PHENOME

Ces projets d'Infrastructures Nationales en Biologie et Santé ont permis de compléter le parc d'équipements et de réaliser des développements méthodologiques et technologiques utilisés dans le cadre d'AMAIZING. C'est notamment le cas pour la réalisation de profils métabolomiques en chromatographie liquide couplée à la spectrométrie de masse utilisant un système LC-Orbitrap-MS. Une adaptation de plusieurs étapes du protocole (automatisation de l'extraction, optimisation de la séparation chromatographique avec diminution de sa durée sans perte de résolution majeure, optimisation du pipeline de retraitement des spectres) a permis d'augmenter le débit pour pouvoir caractériser des milliers d'échantillons. Les données obtenues sur plusieurs centaines de génotypes Seront utilisées pour rechercher des biomarqueurs de performance.



➢ Vie du projet et actions de communication

- Vie du projet

La réunion annuelle 2017 regroupant quatre-vingt scientifiques impliqués dans AMAIZING s'est déroulée à l'INRA de Bordeaux. Une visite de la plateforme métabolome de Bordeaux a été organisée pour permettre aux participants de découvrir son activité dans le cadre du projet.

Comité Exécutif
Arvalis- Septembre 2018

Les réunions des différents comités de pilotage du projet ont été organisées tout au long de l'année, dont un Comité Exécutif chez Arvalis, sur leur site d'Ouzouer-le-Marché.

- 60ème Conférence de Génétique du Maïs

L'UMR GQE-Le Moulon de l'INRA a organisé la 60ème édition de la conférence annuelle de Génétique du Maïs, du 22 au 25 Mars 2018 à Saint-Malo. La conférence a été gérée par Alain Charcosset, en tant que président de la conférence et Maud Tenaillon, en tant qu'organisatrice locale. Elle a accueilli environ 500 participants internationaux.

Cette conférence annuelle a pour objectifs d'exposer les avancées scientifiques et technologiques les plus récentes en génétique du maïs, mais également et de façon plus générale, de découvrir les travaux de chercheurs de renommée mondiale en biologie végétale.

La conférence accueillait comme conférenciers invités :

- Ortrun Mittelsten Scheid, Gregor Mendel Institute
- Jeffrey Ross-Ibarra, University of California - Davis
- Magnus Nordborg, Gregor Mendel Institute
- François Tardieu, INRA

C'est la première année que la conférence était accueillie en France. Cela a permis à la communauté maïs française d'être particulièrement présente à cet événement.

La prochaine conférence se tiendra du 14 au 17 Mars 2019 à St. Louis, Missouri, USA.

Communications liées à AMAIZING – Juin 2016 à Sept. 2018

Publications scientifiques citant AMAIZING

- Maize yields over Europe may increase in spite of climate change, with an appropriate use of the genetic variability of flowering time. PNAS (Octobre 2018)
- Genomic selection efficiency and a priori estimation of accuracy in a structured dent maize panel. Theoretical and Applied Genetics (Octobre 2018)
- Metabotyping of 30 maize hybrids under early-sowing conditions reveals potential marker-metabolites for breeding. Metabolomics (Septembre 2018)
- The Physiological Basis of Drought Tolerance in Crop Plants: A Scenario-Dependent Probabilistic Approach. Annual review of plant biology (Avril 2018)
- Sequence Analysis of European Maize Inbred Line F2 Provides New Insights Into Molecular and Chromosomal Characteristics of Presence/Absence Variants. BMC Genomics (Février 2018)
- Phenomics allows identification of genomic regions affecting maize stomatal conductance with conditional effects of water deficit and evaporative demand. Plant Cell Environment 41: 314-326 (Février 2018)
- Predicting genomic selection efficiency to optimize calibration set and to assess prediction accuracy in highly structured populations. Theoretical and Applied Genetics (Novembre 2017)
- Genotyping-by-sequencing highlights original diversity patterns within a European collection of 1191 maize flint lines, as compared to the maize USDA genebank. Theoretical and Applied Genetics, p 1–25 (Octobre 2017)
- Root Water Uptake and Ideotypes of the Root System: Whole-Plant Controls Matter. Vadose Zone Journal (Septembre 2017)
- Distinct controls of leaf widening and elongation by light and evaporative demand in maize. Plant Cell and Environment (Septembre 2017)
- Plant Phenomics, From Sensors to Knowledge. Current Biology (Août 2017)
- Predictable 'meta-mechanisms' emerge from feedbacks between transpiration and plant growth and cannot be simply deduced from short-term mechanisms. Plant Cell and Environment (Juin 2017)
- Independent introductions and admixtures have contributed to adaptation of European maize and its American counterparts. PLoS Genetics (Mars 2017)
- Signaling in Early Maize Kernel Development. Molecular Plant (Mars 2017)
- General and specific combining abilities in a maize (Zea 1 mays L.) test-cross hybrid panel: relative importance of population structure and genetic divergence between parents. Theoretical and Applied Genetics. Vol 130, Issue 2, p 403 – 417 (Février 2017)
- Estimation of the Relatedness Coefficients from Biallelic Markers, Application in Plant Mating Designs. Biometrics (Janvier 2017)
- Association mapping for phenology and plant architecture in maize shows higher power for 4 developmental traits compared to growth influenced traits – Heredity (Novembre 2016)
- Fortune telling: metabolic markers of plant performance. Metabolomics 12:158 (Septembre 2016)
- Genome-wide analysis of yield in Europe: allelic effects as functions of drought and heat scenarios – Plant Phys. (Juillet 2016)

Principales présentations de résultats d'AMAIZING à des congrès scientifiques

- 60ème Conférence International de Génétique du Maïs – 22-25 Mars 2018 à Saint-Malo, France
- Gordon Research Conference - Water and Salt Stress in Plants, 3-7 Juin 2018 Boston

Evénements

- 11 & 12 Octobre 2018 – 7ieme réunion annuelle AMAIZING – MAS Seeds (Mont-de-Marsan)
  (évènement exclusivement réservé aux partenaires du projet et au comité scientifique externe)
  - Contact : Agathe Renard, agathe.renard@inra.fr
- 21 & 22 Novembre 2018 – Congrès du maïs – (Mulhouse)
- 14 au 17 Mars 2019 – 61ème Conférence de Génétique du Maïs (St Louis, Missouri, USA)
  - Pour plus d'informations : https://www.maizegdb.org/maize_meeting/
- 15-17 Mai 2019 - European Maize Meeting, Montpellier
- 7-9 Octobre 2019 - Colloque de la section maïs et sorgho d'EUCARPIA –Munich, Allemagne

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@inra.fr
Chef de projet : Agathe RenardINRA Transfert agathe.renard@inra.fr
Responsables Communication : Antoine Gaillard, Maïsadour Semences, gaillard@maisadour.com
Josiane Lorgeou, ARVALIS - Institut du végétal, j.lorgeou@arvalisl.fr

Ce travail bénéficie d'une aide de l'Etat gérée par l'Agence Nationale de la Recherche au titre du programme Investissements d'avenir portant la référence ANR-10-BTBR-01 et de FranceAgriMer.