

Présentation des projets financés au titre de l'édition 2009 du  
 Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »

Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

<b>ACRONYME et titre du projet</b>	<b>Page</b>
<b>CerealDefense</b> : Transgenesis and genomics for a better understanding and use of pathogen resistance in rice and wheat	3
<b>COFFEASEQ</b> : Sequencing the coffee tree genome ( <i>Coffea canephora</i> )	5
<b>ENDOREPIGEN</b> : The role of endoreduplication and epigenetic phenomena in regulating fruit growth and development	6
<b>GeneTOP</b> : Gene Targeting Optimisation in Plants	8
<b>GW-Aphid</b> : Genome-wide approaches for identifying genes controlling sexual and asexual reproduction in the pea aphid	10
<b>MAGIC-TomSNP</b> : Valorisation of genetic and genomic resources of Tomato for the improvement of fruit quality	11
<b>NUE-MAIZE</b> : Improving nitrogen use efficiency in maize through functional validation of candidate genes	12
<b>PT-Flax</b> : Phenotyping and TILLinG of Flax EMS Mutants	13
<b>SEQ-POLYNAP</b> : Sequencing the highly duplicated and recent polyploid genome of oilseed rape ( <i>Brassica napus</i> ) crop	15
<b>SingleMeiosis</b> : Identification of the whole set of meiotic recombination events in a single meiosis of <i>Arabidopsis thaliana</i>	17
<b>VITAROMA</b> : Functional genomics of aroma compounds biosynthesis in grape berries	19
<b>Vit-Sec</b> : Molecular bases of grapevine adaptation to water deficit	20

<b>3BSEQ</b> : Sequencing, annotation, and characterization of the bread wheat chromosome 3B	22
<b>GENOPEA</b> : Pea and <i>M. truncatula</i> comparative genomics of N plant cycle: a case study for the transfer of knowledge from a model to a crop species	24
<b>GAIN-SPEED</b> : Genome sequence, Association mapping and NILs to SPEED up QTL tagging on wheat chromosome 3B	26

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
 Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

<b>CerealDefense</b>	Transgenesis and genomics for a better understanding and use of pathogen resistance in rice and wheat
<b>Résumé</b>	<p>Chez le riz et le blé, les maladies ont longtemps été un problème et deviennent un enjeu majeur. La résistance aux stress biotiques est un caractère majeur qui nécessite des améliorations dans l'objectif de réduire les intrants dans différents agro-systèmes majeurs. Bien que de nombreux gènes impliqués dans les mécanismes de défense soient connus chez le riz, les éléments clés de la résistance basale restent à identifier. D'un autre côté, le large panel d'informations sur les mécanismes de résistance du riz disponible pourrait être utilisé pour d'autres céréales, comme le blé, qui est tout particulièrement ciblé dans ce projet. Chez le blé, des preuves fonctionnelles de l'implication des gènes identifiés par des expériences de transcriptomique font défaut. Etant donné que les gènes régulant les systèmes de défense sont souvent communs entre espèces, il est réaliste d'envisager d'appliquer les connaissances issues du riz à d'autres céréales comme le blé. Comme étape préliminaire de la faisabilité d'un tel transfert d'information d'un système modèle à une plante comme le blé, il devient aujourd'hui important de tester notre capacité à transférer des fonctions biologiques d'une espèce à une autre. Ce projet devrait réaliser trois objectifs importants tant du point de vue fondamental qu'appliqué : (1) utiliser la génomique comparative pour identifier de nouveaux composants de la résistance basale des céréales, (2) valider dans le riz la fonction de gènes candidats identifiés dans le blé comme potentiellement impliqués dans la résistance aux pathogènes, (3) transférer au blé nos connaissances actuelles sur le riz. Ce projet devrait nous procurer la première preuve à grande échelle de transférabilité de fonction d'une espèce à une autre. Toutes les informations disponibles dans les laboratoires des partenaires du projet seront transférées sur le génome du riz pour faciliter de futures validations fonctionnelles. En se focalisant sur la résistance basale, ce projet devrait permettre l'identification de gènes conférant un spectre de résistance aux pathogènes relativement large et/ou de gènes pivots dans les cascades de signalisation du riz et du blé. Par ailleurs, si des metaQTL de résistance ont été identifiés chez le riz, ceci sera réalisé chez le blé afin de fournir aux sélectionneurs de nouveaux marqueurs de la résistance aux agents pathogènes.</p>
<b>Partenaires</b>	Jean-Benoit MOREL - INRA-Centre de Montpellier UMR 385-

	34398 François TORNEY - BIOGEMMA - 63028
<b>Coordinateur</b>	Jean-Benoit MOREL - INRA-Centre de Montpellier UMR 385 Biologie et Génétique des Interactions pour la Protection Intégrée
<b>Aide de l'ANR</b>	318 546 €
<b>Début et durée</b>	Janvier 2010 – 48 mois
<b>Référence</b>	ANR-09-GENM-013
<b>Label pôle</b>	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
 Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

COFFEASEQ	Sequencing the coffee tree genome ( <i>Coffea canephora</i> )
<p><b>Résumé</b></p>	<p>L'objectif principal de ce projet est l'établissement d'une séquence de référence pour le caféier. Nous proposons de séquencer l'espèce <i>Coffea canephora</i>, qui produit le café Robusta, car c'est une espèce diploïde contrairement à <i>C. arabica</i> qui est un allopolyploïde récent. Nous avons choisi la souche DH200-94, un génotype haploïde doublé disponible à l'IRD. Ceci permettra de simplifier le séquençage en évitant les problèmes liés aux polymorphismes alléliques. La séquence sera établie à l'aide des nouvelles technologies de séquençage, avec un apport minimum de données provenant de la méthode de Sanger. Nous proposons également de séquencer massivement des ADN complémentaires pour aider l'annotation. Le génome annoté sera utilisé pour caractériser des gènes d'intérêt agronomique potentiel, ainsi qu'en génomique comparative des plantes.</p>
<p><b>Partenaires</b></p>	<p>Patrick Wincker – CEA Génoscope - 91000                      Philippe LASHERMES - IRD - UMR 186 (RPB) - 34394                      Xavier ARGOUT – CIRAD - UMR 1098 (DAP) - 34398                      Claudine CAMPA – IRD - UMR 188 (DIAPC) – 34394</p>
<p><b>Coordinateur</b></p>	<p>Patrick Wincker - Genoscope, CEA, DSV, Institut de Génomique</p>
<p><b>Aide de l'ANR</b></p>	<p>580 289 €</p>
<p><b>Début et durée</b></p>	<p>Janvier 2010 - 24 mois</p>
<p><b>Référence</b></p>	<p>ANR-09-GENM-014</p>
<p><b>Label pôle</b></p>	<p></p>

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

ENDOREPIGEN	
	The role of endoreduplication and epigenetic phenomena in regulating fruit growth and development
Résumé	<p>La croissance des plantes et leur développement dépendent de processus cellulaires fondamentaux comme la division cellulaire, l'expansion cellulaire et la différenciation cellulaire. Dans certaines conditions, le cycle cellulaire classique conduisant à la division cellulaire peut être remplacé par un cycle cellulaire altéré où la mitose est court-circuitée. Ce cycle cellulaire modifié appelé cycle d'endoréduplication est constitué par un ou plusieurs tours de synthèse d'ADN en absence de mitose, et conduit à la polyploïdisation somatique des cellules. L'endoréduplication est le mode de polyploïdisation le plus courant chez les végétaux et se retrouve chez les cellules en cours de différenciation et d'expansion, ce qui influe sur le rendement et la qualité des produits végétaux. Bien que de nombreuses données montrent que ce processus est régulé pendant le développement, il reste mal compris chez les végétaux et son rôle physiologique n'est pas encore clairement élucidé. Le développement normal d'un organisme pluricellulaire dépend également de l'établissement et de la maintenance de programmes de transcription différentiels. La régulation de l'état de la chromatine par remodelage et par des modifications épigénétiques est particulièrement importante dans les mécanismes de contrôle de l'expression des gènes, et fait l'objet ces dernières années d'un intérêt croissant dans l'étude du développement des plantes. Un nombre croissant de facteurs et de complexes protéiques régulant les états dynamiques de la structure chromatinienne est mis à jour, ainsi que leur implication fonctionnelle lors de différentes situations développementales. La relation directe entre l'endoréduplication et le contrôle de l'expression des gènes dans les cellules en différenciation est loin d'être établie en biologie végétale, mais des données récemment obtenues suggèrent un tel lien. L'analyse de l'éventualité que ce contrôle de l'expression génique passe par des modifications épigénétiques de la structure chromatinienne est un nouveau champ d'investigation. Le présent projet a pour objectif d'étudier le rôle fonctionnel de l'endoréduplication et des phénomènes épigénétiques pendant la différenciation cellulaire au cours du développement du fruit de tomate, utilisée comme plante modèle d'intérêt économique et caractérisée par des niveaux d'endoréduplication inégaux.</p>
Partenaires	Christian Chevalier – INRA – UMR A 619 - 33883

	Chris Bowler – CNRS - UMR 8186 - 75230 Brown Spencer – CNRS - UPR 2355 – 91198
<b>Coordinateur</b>	Christian Chevalier - Unité Mixte de Recherche 619 Biologie du Fruit, INRA et Université de Bordeaux
<b>Aide de l'ANR</b>	361 822 €
<b>Début et durée</b>	Janvier 2010 - 36 mois
<b>Référence</b>	ANR-09-GENM-015
<b>Label pôle</b>	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

GeneTOP	Gene Targeting Optimisation in Plants
<b>Résumé</b>	<p>Des exigences d'ordre à la fois agronomiques, économiques, de santé humaine et environnementales, poussent l'agriculture vers une perpétuelle amélioration des plantes cultivées. La transgénèse constitue une technique performante pour la création de nouvelles variétés végétales. Complémentaire des techniques classiques de la génétique, elle présente en outre certains avantages. Ainsi, la transgénèse permet l'introduction du caractère souhaité, et de lui seul, en une seule étape, ce qui contraste avec l'introduction de caractères d'une espèce sauvage dans une variété cultivée, qui nécessite des années de retcroisements. En outre, l'origine de la séquence introduite n'est pas limitée à une espèce sexuellement compatible, ni même au règne végétal. Néanmoins, une des limitations du système de transgénèse actuel est le caractère aléatoire de l'insertion du gène d'intérêt dans le génome de la plante hôte. Ceci rend difficile le contrôle de l'expression spatio-temporelle du transgène et peut même avoir un effet mutagène. De plus, l'utilisation de marqueurs de sélection, souvent basés sur des résistances à des antibiotiques, et dont on ne peut s'affranchir qu'à l'aide de stratégies relativement lourdes, contribue aux problèmes d'acceptabilité des plantes transgéniques. Un moyen de contrôler le lieu précis d'insertion d'un transgène et d'éviter potentiellement l'utilisation de marqueurs de sélection est le ciblage génique par recombinaison homologue. Cependant cette technique ne fonctionne pas à l'heure actuelle à des fréquences suffisamment élevées pour permettre son utilisation en routine chez les plantes. La maîtrise de la recombinaison homologue chez les végétaux supérieurs représente donc un formidable enjeu dans le but d'une transgénèse plus précise. En plus de permettre l'intégration ciblée de transgènes, une autre application du ciblage génique par recombinaison homologue pour l'amélioration des plantes est la possibilité d'une modification précise du génome. Ceci rend possible le remplacement d'allèle, stratégie prometteuse dans le cadre du développement des approches « QTL », qui ont pour but, notamment, d'aboutir à la caractérisation d'allèles d'intérêt. Du point de vue de la recherche fondamentale la possibilité de modifier de façon précise la séquence codante des gènes rendra possible, grâce à la mutagenèse dirigée, des études fonctionnelles fines des protéines correspondantes. Chez les plantes supérieures et chez les mammifères la réparation des cassures double brin de l'ADN se fait majoritairement par</p>



	<p>recombinaison illégitime ce qui explique les faibles taux de ciblage génique observés chez ces espèces. Au contraire, chez <i>Saccharomyces cerevisiae</i> et dans le domaine végétal chez la mousse <i>Physcomitrella patens</i>, le mécanisme prépondérant est la réparation par recombinaison homologue. Notre projet vise à permettre le ciblage de gènes chez les plantes supérieures. Pour cela nous souhaitons approfondir nos connaissances sur les mécanismes de recombinaison homologue et illégitime chez 3 espèces modèles <i>Physcomitrella</i>, <i>Arabidopsis</i> et le riz pour lesquelles de nombreux outils de génomique sont disponibles. Ce travail doit aboutir à l'élaboration de stratégies permettant d'augmenter le ciblage génique chez les deux plantes cultivées que sont le riz et le maïs chez qui seront développés en parallèle grâce à la technologie meganucléase des sites idéale pour le ciblage (lignées 'landing pad »). La synergie entre ces deux objectifs doit permettre à terme une utilisation en routine de la stratégie de ciblage génique dans le but d'avoir un outil de génomique fonctionnelle très performant et de faire de la transgénése ciblée chez les plantes cultivées.</p>
<b>Partenaires</b>	<p>Fabien NOGUE - INRA 254 78026  Marie-Pascale DOUTRIAUX CNRS  UMR 8618 91405  Emmanuel GUIDERDONI CIRAD UMR 1098 34398  Wyatt PAUL BIOGEMMA 63028</p>
<b>Coordinateur</b>	<p>Fabien NOGUE –INRA 254 Station de Génétique et d'Amélioration des Plantes</p>
<b>Aide de l'ANR</b>	<p>657 132 €</p>
<b>Début et durée</b>	<p>Janvier 2010 – 48 mois</p>
<b>Référence</b>	<p>ANR-09-GENM-016</p>
<b>Label pôle</b>	<p>Céréales Vallée</p>

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
 Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

GW-Aphid	Genome-wide approaches for identifying genes controlling sexual and asexual reproduction in the pea aphid
<p>Résumé</p>	<p>Les plantes sont soumises à des stress biotiques dus à des attaques par des pathogènes et parasites. Des stratégies durables de protection des plantes doivent être mises en œuvre pour contrôler les populations des ravageurs des cultures, tout en protégeant l'environnement. Un des points essentiels à la réussite du contrôle des ravageurs est de comprendre les mécanismes impliqués dans leurs processus adaptatifs aux pressions anthropiques et environnementales. Les pucerons représentent les insectes ravageurs les plus importants dans les régions tempérées et continentales. Ces insectes se nourrissent de la sève phloémienne et provoquent des dégâts en prélevant les ressources nutritives des plantes et en provoquant des blessures sur les tissus aériens (feuilles, tiges). En se nourrissant de plante en plante, les pucerons sont également des transmetteurs de virus qui circulent dans le phloème et qui sont responsables de maladies virales. Ces dégâts indirects sont responsables de fortes baisses de rendements. Le succès des pucerons comme ravageurs est directement lié à leur capacité d'alterner de mode reproducteur entre une parthénogenèse asexuée vivipare et une reproduction sexuée ovipare. Ce projet vise à intégrer des approches de génomique des populations, de génétique quantitative (QTL) et de transcriptomique pour augmenter nos connaissances et notre vision intégrative de la variation du mode reproducteur chez le puceron du pois. Ce projet permettra de combler le vide de connaissance entre la plasticité phénotypique de ce trait d'histoire de vie (identification de programmes génétiques régulés lors du changement de phase) et le polymorphisme des populations (coexistence de lignées sexuées et asexuées au sein d'une même espèce). Ce projet se centre sur une espèce modèle –le puceron du pois– pour laquelle des données de génomique sont disponibles. Ce projet permettra également d'améliorer les analyses des approches de balayage de génome appliquées aux populations parthénogénétiques, et mettre en œuvre des techniques d'analyses transcriptomiques par RNA-seq.</p>
<p>Partenaires</p>	<p>Denis TAGU - INRA Rennes UMR 1099 - 35653                      Oscar GAGGIOTTI - CNRS UMR 5553 - 38041                      Rémi HOULGATTE - INSERM U 915 – 44093</p>
<p>Coordinateur</p>	<p>Denis TAGU - INRA –AGROCAMPUS OUEST –UNIVERSITE DE</p>



	RENNES 1 BIOLOGIE DES ORGANISMES ET DES POPULATIONS APPLIQUEE A LA PROTECTION DES PLANTES (Bio3P)
Aide de l'ANR	322 258 €
Début et durée	Janvier 2010 - 36 mois
Référence	ANR- 09-GENM-017
Label pôle	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
 Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

MAGIC-TomSNP	Valorisation of genetic and genomic resources of Tomato for the improvement of fruit quality
<p>Résumé</p>	<p>Les technologies de séquençage à haut débit offrent de nouvelles possibilités pour la recherche de SNP comme pour l'analyse de l'expression des génomes. Chez la tomate, espèce d'intérêt économique majeur et modèle pour les fruits charnus, plus de 200 000 ESTs ont été séquencés et la partie euchromatique du génome est en cours de séquençage. Ces données offrent une base pour l'utilisation de techniques de type Genome Analyzer que nous souhaitons utiliser. Le présent projet vise à développer les ressources nécessaires aux études de génétique d'associations et à la recherche de QTLs dans une population multi-allélique chez la tomate. Cinq actions sont prévues : 1-recherche de SNPs dans 8 lignées très divergentes, par séquençage systématique de fragments géniques répartis sur le génome par utilisation des technologies de séquençage à haut débit de type Genome Analyzer. 2-Analyse des différences d'expression génomique chez les mêmes 8 lignées, parentes de la population multi-allélique, et de 4 des F1 entre ces lignées. L'analyse sera réalisée au niveau du transcriptome par DGE et du protéome du fruit. 3-Développement d'un ensemble de puces Illumina portant 1536 SNPs 4-Création et caractérisation phénotypique et moléculaire (grâce aux puces précédemment citées) d'une population multi-parentale (à partir des 8 lignées ci-dessus) issue d'intercroisements avancés (MAGIC) pour l'analyse exhaustive du génome, en complément de ressources génétiques disponibles déjà caractérisées. L'analyse phénotypique portera sur les caractères liés au rendement en fruits et à leur qualité sensorielle. 5-Hybridation sur les puces Illumina des collections de ressources génétiques caractérisées à l'UR GAFL et de la population MAGIC. L'ensemble de ces ressources permettra une analyse de QTL dans la population multi-allélique et la recherche d'associations entre SNPs et caractères agronomiques. Confrontées aux données d'expression, ces ressources seront particulièrement utiles dans le futur pour la découverte de gènes d'intérêt. Ce projet de développement expérimental s'inscrit dans les sous axe B : Ressources, méthodes et outils en génomique structurale et fonctionnelle et A : Recherche en génomique fonctionnelle de traits d'intérêt.</p>
<p>Partenaires</p>	<p>Mathilde Causse - INRA UPR 1052 84143                      Dominique Brunel INRA UPR 1279 – 91051</p>

	Arnaud Messenger- VILMORIN – 63720
<b>Coordinateur</b>	Mathilde Causse -Unité de Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes (INRA UPR 1052)
<b>Aide de l'ANR</b>	354 828 €
<b>Début et durée</b>	Janvier 2010 - 48 mois
<b>Référence</b>	ANR- 09-GENM-018
<b>Label pôle</b>	Européen d'Innovation fruits et légumes

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
 Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

<b>NUE-MAIZE</b>	
	Improving nitrogen use efficiency in maize through functional validation of candidate genes
<b>Résumé</b>	<p>Le concept du projet NUE MAIS est de relier la fonction de gènes à haut potentiel agronomique en vue de sélectionner des variétés de maïs adaptées à une fertilisation azotée réduite. Améliorer l'efficacité de l'utilisation d'azote chez le maïs, l'une des principales plantes cultivées en France et dans le monde, est essentielle pour réduire les apports excessifs d'engrais, nuisibles pour l'environnement, tout en conservant un rendement acceptable. Cet objectif sera atteint en développant une approche pluridisciplinaire intégrant génétique moléculaire, génomique, physiologique et agronomique pour étudier l'adaptation à une fertilisation azotée réduite au niveau de la plante entière. Les connaissances acquises permettront d'identifier les éléments clés impliqués dans la régulation de l'utilisation de l'azote, y compris, l'absorption, d'assimilation et de remobilisation. L'identification des gènes et des loci impliqués dans le contrôle de l'utilisation de l'azote servira de base pour le développement de la sélection assistée par marqueurs et de nouvelles stratégies qui seront proposées aux sélectionneurs, en exploitant toutes les possibilités offertes par la génétique moléculaire, la physiologie et l'agronomie. Les avancées déjà réalisées dans le domaine de la transcriptomique par les deux partenaires impliqués dans le projet ont déjà permis d'identifier de nouveaux gènes candidats structuraux et régulateurs potentiellement impliqués dans le contrôle de l'efficacité de l'utilisation de l'azote chez le maïs. Nous proposons de valider leur fonction par le biais de la mutagenèse et de l'ingénierie génétique. Décrypter les relations entre l'expression des gènes de plantes, l'état physiologique d'une plante et ses performances agronomiques à l'égard de l'utilisation d'azote, permettra à la fois d'améliorer nos connaissances sur une grande fonction métabolique et mettre en œuvre de nouvelles stratégies de sélection visant à produire de nouvelles variétés de maïs à haut rendement adaptées une fertilisation azotée réduite.</p>
<b>Partenaires</b>	Bertrand HIREL INRA UR 511 – 78026 Jacques ROUSTER BIOGEMMA – 63028
<b>Coordinateur</b>	Bertrand HIREL - Institut National de la Recherche Agronomique. Institut Jean-Pierre Bourgin
<b>Aide de l'ANR</b>	437 530 €

<b>Début et durée</b>	Janvier 2010 - 48 mois
<b>Référence</b>	ANR- 09-GENM-019
<b>Label pôle</b>	Céréales Vallée

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

PT-Flax	Phenotyping and TILLinG of Flax EMS Mutants
<b>Résumé</b>	<p>Le lin est une espèce annuelle cultivée en conditions de climat tempéré pour la production de fibres riches en cellulose et de graines à huile. L'utilisation des fibres, traditionnellement destinées à l'industrie textile est en constante augmentation dans la fabrication d'agrocomposites pour les secteurs de l'automobile et du bâtiment. L'huile des graines, riche en acide linoléique est utilisée pour la fabrication de peintures, vernis et autres polymères ou dérivés oléochimiques. Les graines de lin sont également riches en acides gras de type omega 3 et lignanes intéressant le domaine alimentaire ou la santé. Le lin représente donc une culture d'intérêt économique qui conduit à un large panel de produits biologiques (huile, acides gras, lignanes) et de structures organisées (fibres, graines) destinés à plusieurs secteurs industriels. L'amélioration de la qualité et de la production de ses produits et structures nécessite d'approfondir nos connaissances sur les gènes impliqués dans la biosynthèse et la construction de ces composés. Dans le cadre d'un programme ANR actuellement en cours (GENOLIN 2007-2009), nous avons créé des « microarrays » permettant l'identification de gènes candidats potentiellement impliqués dans la formation des fibres, le développement des graines et d'autres processus biologiques (résistance aux pathogènes). Le rôle de ces gènes dans des processus définis doit cependant être validé. Dans ce but, mais aussi pour accélérer les recherches sur les gènes de lin, nous avons créé une population de mutants EMS que nous proposons d'exploiter dans ce projet via une double approche basée sur une démarche génétique forward (sélection de mutants phénotypiques « fibres » ou « huile ») et une stratégie de génétique réverse (TILLinG). Ce projet vise plus particulièrement i) la création d'une banque de mutants phénotypiques (WP1 et livrable 1), ii) l'identification d'une collection de mutants fibres ou graines/huile (WP2, livrable 2), iii) la caractérisation détaillée de 3 mutants fibre et 3 mutants huile (étude structurale, chimique, transcriptomique (WP3). Parallèlement, une approche de TILLinG sera mise en œuvre pour identifier des mutants affectés pour 3 gènes clé dans la formation et la structure des fibres, ou la biosynthèse et la qualité des huiles. Une caractérisation préliminaire de ces mutants sélectionnés sera proposée. Le projet proposé implique 4 partenaires académiques qui ont une longue expertise scientifique dans le domaine du lin, et 3 partenaires privés impliqués dans l'amélioration du lin, entreprises qui recouvrent</p>



	l'ensemble de la production linière en France.
<b>Partenaires</b>	Hawkins SIMON INRA UMR 1281- 59655 Brigitte THOMASSET CNRS UMR 6022 - 60200 Brigitte CHABBERT INRA UMR 614 51686 Olivier VAN WUYTSWINKEL Université de Picardie Jules Verne EA 3900 - 80039 Xavier GUILLOT-LABOULET- 80270 Jean-Paul TROUVE – TDL- 76 740 Reynald TAVERNIER - GIE Linea- 60210
<b>Coordinateur</b>	Simon HAWKINS - UMR INRA USTL SADV 1281 Stress Abiotiques et Différenciation des Végétaux Cultivés
<b>Aide de l'ANR</b>	363 214 €
<b>Début et durée</b>	Janvier 2010 - 36 mois
<b>Référence</b>	ANR- 09-GENM-020
<b>Label pôle</b>	UP TEX IAR

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

SEQ-POLYNAP Sequencing the highly duplicated and recent polyploid genome of oilseed rape ( <i>Brassica napus</i> ) crop	
Résumé	<p>Le genre <i>Brassica</i> regroupe de nombreuses espèces d'intérêt économique, ayant un large spectre d'utilisation alimentaire (légumes, oléagineux, condiments, etc) et non alimentaire (biofuels, lipochimie). Ces espèces ont évolué par des événements de polyploïdisation successifs et récurrents. Parmi les <i>Brassicacées</i>, le colza (<i>B. napus</i>) est une espèce oléagineuse économiquement très importante (13% de la production mondiale d'huile) et représente la troisième grande culture en France. Après le séquençage du génome, faiblement dupliqué, de la vigne, composé d'uniquement de trois 'génomés-ancestraux' (Jaillon et al. 2007), nous proposons le challenge majeur de séquencer le génome 'hautement dupliqué' du colza, ayant accumulé 72 génomes ancestraux au cours de son évolution. Avec l'avantage d'un génome relativement petit (1150 Mb) ayant une faible teneur en éléments transposables (moins de 15%), et la révolution des 'nouvelles techniques de séquençage', notre projet propose simplement le séquençage complet du génome du colza, utilisant les techniques de séquençage les plus avancées et les plus adéquates (Sanger, the 454-Titanium sequencers, Solexa-Illumina pair-end sequencing). Le 'reséquençage' d'autres génotypes de colza, le développement des SNPs ainsi que le génotypage haut-débit (plus de 10000 marqueurs), utilisant la technologie iSelect (Illumina) devrait assurer un ancrage dense des contigs des séquences et aider à résoudre l'organisation complexe du génome hautement-dupliqué du colza. Ces deux tâches importantes se feront en parallèle au développement des outils et ressources adéquates en bioinformatique, annotation, bioanalyse, cartographie génétique et surtout intégration des données. Le séquençage complet du génome devrait permettre l'amélioration de cette espèce économiquement très importante et comprendre aussi les conséquences des événements de polyploïdisation récurrents ainsi que les processus de 'diploïdisation' qui ont suivi. Notre projet est intégré dans le consortium multinational des <i>Brassicacées</i> et répond à l'axe 2 de l'ANR-Génomique, sous-axe C: «Contribution française aux consortiums internationaux de séquençage des génomes». Le timing de ce projet et sa réalisation courant 2010 sont assez stratégiques et opportuns car ils permettront de redresser le positionnement français sur les recherches en génétique et génomique du colza et orienteront le consortium international</p>

	sur le génome du colza, avec une position de 'leadership' française. Le projet rassemble des expertises complémentaires en génétique, génomique, agronomie, bioinformatique et modélisation, utilise les approches et méthodes les plus avancées, disponibles aux centres nationaux de séquençage (CNS) et du génotypage (CNG) et fédère des travaux d'équipes de différentes institutions en coordination avec des initiatives nationales et internationales
<b>Partenaires</b>	Chalhoub Boulos - INRA UMR 1165 - 91057 Wincker Patrick - CEA UMR 8030- 91057 Delourme Regine - INRA UMR 118 - 35653 Brunel Dominique - INRA UPR 1279 - 91057
<b>Coordinateur</b>	Mr. Boulos Chalhoub - INRA UMR 1165
<b>Aide de l'ANR</b>	1 527 770 €
<b>Début et durée</b>	Janvier 2010 - 36 mois
<b>Référence</b>	ANR- 09-GENM-021
<b>Label pôle</b>	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

SingleMeiosis	Identification of the whole set of meiotic recombination events in a single meiosis of <i>Arabidopsis thaliana</i>
Résumé	<p>Le but de ce projet est d'améliorer notre compréhension des contraintes sur la localisation des événements de recombinaison méiotique, en utilisant la plante modèle <i>Arabidopsis thaliana</i>. La méiose a une place particulière en biologie car elle conduit à la formation de cellules haploïdes indispensables pour la reproduction sexuée et parce qu'elle est à la base de l'hérédité génétique Mendélienne des caractères. Cependant elle reste une énigme pour les biologistes car son origine au cours de l'évolution et les forces qui la maintiennent dans les populations sont encore très mal comprises. La recombinaison est un des événements-clé de la méiose. Elle est essentielle notamment à la bonne ségrégation des chromosomes homologues au cours de la première division méiotique. De plus, elle est responsable des conséquences de la sélection naturelle ou dirigée et des profils de variation génétique dans les espèces. Chez tous les eucaryotes, la recombinaison méiotique est initiée par la formation programmée de cassures double brin (CDB) de l'ADN. Ces cassures sont réparées en crossover (CO) ou en non crossover (NCO) en utilisant le chromosome homologue comme matrice. Chez <i>Saccharomyces cerevisiae</i>, il a été montré qu'au moins 1% du génome est touché au cours d'une seule méiose et que le rapport CO/NCO varie considérablement le long des chromosomes. Chez les eucaryotes supérieurs, des évidences indirectes existent pour dire qu'il y aurait un large excès de NCOs par rapport aux COs (ce rapport est estimé à 25/1 par exemple chez <i>Arabidopsis thaliana</i>). Toutefois, les NCOs ont été très peu étudiés chez les eucaryotes supérieurs car ils donnent des modifications très localisées qui demandent des techniques particulières pour être détectées. Il y a donc une nécessité d'obtenir beaucoup plus d'informations sur le panorama des NCOs au cours de la méiose des eucaryotes supérieurs. Nous allons déterminer le nombre, la localisation précise et les caractéristiques de tous les événements de recombinaison ayant eu lieu au cours d'une seule méiose. Pour cela, nous allons séquencer le génome de 4 plantes issues de la fécondation par spores "sœurs" d'une méiose. Pour obtenir cette combinaison, nous allons utiliser la mutation "quartet" qui permet de récupérer les 4 grains de pollen issus d'une même méiose car ils restent attachés jusqu'à la fin de la gamétogénèse. Une de ces tétrades obtenues à partir d'une plante F1 Columbia / Landsberg sera utilisée pour féconder en rétrocroisement un pistil d'une</p>

	<p>plante parentale (Columbia). Les 4 graines obtenues seront semées, et leur ADN extrait. Cet ADN sera ensuite séquencé par une technique de type the Illumina Genome Analyzer GAI1 avec une couverture de 20x. Les SNPs seront repositionnés sur les génomes parentaux pour obtenir la localisation des événements de recombinaison méiotiques (COs et NCOs) et chaque événement sera reséquencé pour le confirmer et le distinguer d'une mutation. Le séquençage de ces 4 produits de méiose va permettre d'obtenir l'ensemble des événements de recombinaison méiotique (COs et NCOs) au cours d'une seule méiose et ce pour la première fois chez un eucaryote supérieur. Nous pourrons ensuite étudier plus en détail ces événements : nombre, longueur, position exacte, interférence entre COs et NCOs et étudier les corrélations entre leur position et celles des gènes, des éléments répétés, des transposons, le % en GC, la recherche d'une séquence consensus. Nous espérons pouvoir également étudier la distribution des événements de recombinaison dans un mutant <i>msh4</i> pour la comparer à celle d'une plante sauvage. Quoiqu'il en soit, tous les NCOs décrits seront informatifs puisqu'un seul NCO a été observé à ce jour chez <i>Arabidopsis thaliana</i> et que seuls des NCOs à quelques points chauds de recombinaison ont été analysés chez les mammifères. Notre projet va permettre d'obtenir un ensemble de données totalement nouvelles qui permettront de mieux comprendre la méiose des eucaryotes.</p>
<b>Partenaires</b>	<p>Christine MEZARD INSTITUT NATIONAL DE LA RECHERCHE AGRONOMIQUE INRA UR 254- 78026  Dominique BRUNEL INSTITUT NATIONAL DE LA RECHERCHE AGRONOMIQUE INRA UR 1279 - 91057  Olivier MARTIN INSTITUT NATIONAL DE LA RECHERCHE AGRONOMIQUE UMR 320 - 91190</p>
<b>Coordinateur</b>	Christine MEZARD INRA UR 254- 78026 Station de Génétique et d'Amélioration des Plantes
<b>Aide de l'ANR</b>	194 567 €
<b>Début et durée</b>	Janvier 2010 - 36 mois
<b>Référence</b>	ANR- 09-GENM-022
<b>Label pôle</b>	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
 Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

VITAROMA	Functional genomics of aroma compounds biosynthesis in grape berries
<p><b>Résumé</b></p>	<p>Les arômes constituent un caractère déterminant de la qualité du vin et jouent un rôle majeur dans les impressions ressenties lors de la dégustation. Les arômes du vin sont dus à un mélange complexe de nombreuses molécules volatiles, dont certaines sont présentes dans la baie de raisin et d'autres sont formées au cours de la fermentation. Malgré l'importance majeure des composés aromatiques de la baie de raisin, comme garants de la typicité des vins, ou bien comme défaut désagréable, les déterminants de la biosynthèse de ces molécules ou de leurs précurseurs sont encore très mal connus. L'objectif de ce projet est de combiner des approches de génétique quantitative, de métabolomique, de transcriptomique et de génomique fonctionnelle pour identifier les gènes clés déterminant la biosynthèse de différentes catégories d'arômes au niveau de la baie de raisin. Dans un premier temps, ces études seront effectuées sur deux familles de composés aromatiques: les terpénols et les méthoxypyrazines. En effet, ces deux types de composés ont une forte influence sur les arômes des vins et leur présence dépend directement de leur biosynthèse et de leur accumulation dans les raisins. Les monoterpénols possèdent des arômes floraux qui confèrent un caractère aromatique aux vins issus de certains cépages, tandis que les méthoxypyrazines sont responsables d'arômes de poivron vert considérés comme des défauts dans les vins rouges. Ce projet propose de combiner des stratégies de recherche fondamentale pour identifier des gènes majeurs de la biosynthèse des composés aromatiques de la baie de raisin. Les résultats de ces recherches trouveront des applications directes pour préserver les qualités aromatiques des cépages actuels dans un environnement changeant, et pour participer à la qualité irréprochable des nouvelles variétés de vigne en cours d'obtention.</p>
<p><b>Partenaires</b></p>	<p>Philippe Hugueney - INRA UMR 1131 - 68021                      Eric Gomès - INRA de Villenave d'Ornon UMR 1287 - 33140                      Philippe DARRIET - Université de Bordeaux2 UMR 1219 - 33882</p>
<p><b>Coordinateur</b></p>	<p>Philippe Hugueney - INRA UMR 1131 UMR 1131 Santé de la Vigne et Qualité du Vin, INRA, Université de Strasbourg</p>
<p><b>Aide de l'ANR</b></p>	<p>395 987 €</p>

Début et durée	Janvier 2010 - 36 mois
Référence	ANR- 09-GENM-023
Label pôle	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

Vit-Sec	Molecular bases of grapevine adaptation to water deficit
<b>Résumé</b>	<p>Comme d'autres cultures importantes, la vigne est et sera de plus en plus confrontée aux effets du changement climatique. Les vignobles n'étant pour la plupart pas irrigués en France et en Europe, le risque majeur est représenté par la répétition et la succession d'épisodes de sécheresse. En raison de l'importance économique de la filière viticole en France, il devient donc urgent d'anticiper les effets à moyen terme du changement climatique et plus particulièrement les conséquences d'une augmentation significative des périodes de sécheresse, qui représentent l'une des limitations majeures à la productivité et à la qualité des productions végétales. Les processus de sélection variétale associés aux biotechnologies végétales ont sans nul doute le potentiel de création de nouvelles variétés assurant la stabilité des rendements et de la qualité dans des conditions de contrainte hydrique. Toutefois, ces approches nécessitent l'identification des processus biologiques impliqués dans l'adaptation des végétaux à la sécheresse et leurs transferts dans de nouvelles variétés à l'aide d'outils conventionnels ou biotechnologiques. A l'heure actuelle, il apparaît de plus en plus évident que la compréhension des mécanismes d'adaptation des végétaux à la contrainte hydrique nécessite une connaissance approfondie des mécanismes génétiques, moléculaires, physiologiques et écophysiologiques impliqués dans ce processus complexe. De plus, les capacités de phénotypage précis dans des conditions contrôlées représentent souvent un obstacle important pour la mise en œuvre d'approches génomiques visant à étudier la tolérance à la sécheresse. La publication récente de la séquence du génome de la vigne et la disponibilité grandissante de méthodes d'analyse génomique à haut débit permettent maintenant d'entreprendre une analyse exhaustive des mécanismes moléculaires impliqués dans l'adaptation de la vigne à la sécheresse. Ce projet repose sur une approche multidisciplinaire (écophysiologique, génomique et génétique) et se propose d'utiliser les dispositifs et les techniques les plus récents pour analyser les réponses et les mécanismes d'adaptation de la vigne à la contrainte hydrique. Trois niveaux de contrainte hydrique seront appliqués progressivement à différentes combinaisons de porte-greffes et de greffons présentant des degrés de tolérance variable à la sécheresse. L'utilisation d'une plateforme de phénotypage permettra la description précise des conséquences physiologiques des différents niveaux de contrainte hydrique et</p>



	<p>la production d'échantillons bien caractérisés pour les analyses moléculaires. L'analyse du transcriptome des racines et des bourgeons sera réalisée en utilisant la technologie de séquençage à haut débit 5'SOLID, une technique de séquençage massif de séquences signatures (MPSS) parfaitement adaptée aux études d'analyse globale du transcriptome. La combinaison des données physiologiques et moléculaires devra permettre l'identification de gènes candidats impliqués dans l'adaptation de la vigne à contrainte hydrique. Par ailleurs, la mise au point de méthodes de phénotypage innovantes et applicables à grande échelle permettra la caractérisation fine en condition de contrainte hydrique des plantes de deux descendance déjà obtenues par les équipes impliquées dans ce projet. Ces travaux permettront non seulement l'identification de QTLs et des gènes sous-jacents impliqués dans la tolérance au stress hydrique mais également la production d'échantillons biologiques destinés à l'évaluation des gènes candidats. Ainsi, l'expression des gènes candidats, issus des analyses transcriptomiques et des analyses QTLs, sera évaluée par RT-qPCR dans des individus contrastés des deux descendance de façon à rechercher des corrélations entre les niveaux d'expression de ces gènes et les différents niveaux de tolérance à contrainte hydrique observés dans les descendance. Les données ainsi générées permettront d'établir une liste des gènes candidats les plus pertinents et seront également utilisées pour la recherche de QTLs d'expression (eQTLs) dans le but d'améliorer la caractérisation fonctionnelle des QTLs impliqués dans la tolérance au stress hydrique. En résumé, ce projet permettra d'identifier et d'intégrer la fonction de gènes candidats pertinents pour améliorer la compréhension globale des processus de réponse et d'adaptation de la vigne.</p>
<b>Partenaires</b>	<p>François BARRIEU - INRA Bordeaux UMR_A 1287- 33140  Eric LEBON - INRA - Montpellier UMR 759 - 34060  Patrice THIS - INRA - Montpellier UMR 1097 - 34060</p>
<b>Coordinateur</b>	<p>François BARRIEU - INRA UMR 1287 Ecophysiologie et  Génomique Fonctionnelle de la Vigne</p>
<b>Aide de l'ANR</b>	<p>332 474 €</p>
<b>Début et durée</b>	<p>Janvier 2010 - 36 mois</p>
<b>Référence</b>	<p>ANR- 09-GENM-024</p>
<b>Label pôle</b>	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

3BSEQ	
	Sequencing, annotation, and characterization of the bread wheat chromosome 3B
Résumé	<p>Le blé tendre (<i>Triticum aestivum</i> L.) nourrit un tiers de l'humanité et son amélioration représente un enjeu majeur de l'agriculture du XXIème siècle. Une seconde révolution verte est nécessaire pour répondre aux nouveaux enjeux qui sont d'assurer une production suffisante en quantité et en qualité, dans le respect de l'environnement et dans un contexte de changements climatiques et de compétition grandissante entre la production de grain pour l'alimentation et les biocarburants. L'accès à la séquence du génome de blé doit permettre, comme c'est déjà le cas pour le riz et le maïs, de développer de nouveaux outils et des méthodes permettant d'implémenter efficacement les programmes de sélection et de répondre plus rapidement à ce challenge. Jusqu'à présent, l'absence de carte physique et les coûts élevés de séquençage en technique Sanger avaient empêché le séquençage du génome de blé. Le projet 3BSEQ a pour ambition de séquencer, assembler et annoter la séquence du plus grand chromosome de blé tendre (3B, 1Gb) et de l'exploiter pour établir une carte fonctionnelle du chromosome, analyser les variations du nombre de copies des gènes et développer des marqueurs moléculaires à saturation. Le projet propose d'utiliser le potentiel offert par les nouvelles techniques de séquençage (Roche 454 Titanium et Illumina Solexa) à la fois sur les 10,000 BACs composant le Minimal Tiling Path (MTP) de la carte physique récemment établie (Paux et al, 2008, Science) et sur du chromosome 3B trié. Il développera et utilisera de nouveaux outils d'annotation automatisés et permettra la mise au point de nouvelles ressources (tiling arrays) qui serviront à la caractérisation structurale et fonctionnelle de l'espace génique. Le projet 3BSEQ est développé dans le cadre d'un partenariat public entre l'INRA-GDEC de Clermont-Ferrand, le Centre National de Séquence (Genoscope) à Evry et l'INRA-URGI de Versailles. Il servira de projet pilote pour le séquençage et l'annotation des autres chromosomes de blé dans le cadre du consortium international pour le séquençage du génome de blé (IWGSC; <a href="http://www.wheatgenome.org">www.wheatgenome.org</a>). En fournissant la première séquence d'un chromosome de blé dont la taille représente trois fois celle du génome de riz, le projet 3BSEQ représente à la fois un défi technologique et scientifique qui permettra d'ouvrir la route au séquençage d'autres espèces d'intérêt agronomique qui ont aussi été négligées jusqu'alors du fait de la taille et la</p>

	complexité de leur génome. Enfin, il est proposé en parallèle d'un projet GAIN-SPEED soumis par un consortium privé-public regroupant Biogemma et l'INRA GDEC qui exploitera la séquence du chromosome pour développer de la génétique d'association et réduire les intervalles de confiance de 4 QTLs d'intérêt agronomique localisés sur le chromosome 3B.
<b>Partenaires</b>	Catherine Feuillet - Institut National de la Recherche Agronomique UMR 1095 - 63100 Patrick Wincker - CEA UMR CNRS 8030 - 91000 Hadi Quesneville - INRA UPR 1164 - 78026
<b>Coordinateur</b>	Catherine Feuillet - Institut National de la Recherche Agronomique UMR 1095 Genetics, Diversity and Ecophysiology of Cereal
<b>Aide de l'ANR</b>	3 257 984€
<b>Début et durée</b>	Janvier 2010 - 36 mois
<b>Référence</b>	ANR- 09-GENM-025
<b>Label pôle</b>	Céréales Vallée

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

GENOPEA	Pea and <i>M. truncatula</i> comparative genomics of N plant cycle: a case study for the transfer of knowledge from a model to a crop species
Résumé	<p>Parmi les légumineuses adaptées aux régions tempérées, le pois (<i>Pisum sativum</i> L.) est l'espèce la plus cultivée en Europe. C'est une source de protéines sure et traçable pour l'alimentation animale, qui pourrait remplacer en partie les tourteaux de soja importés. C'est aussi une source de protéines de qualité pour l'alimentation humaine. En dépit de ces propriétés intéressantes, le développement de la culture du pois est entravé par l'instabilité du rendement en graines et de la qualité des graines entre années et sites de production. Stabiliser et augmenter le rendement et la valeur nutritionnelle des graines sont nécessaires pour permettre le développement de cette culture respectueuse de l'environnement. Cet objectif pourrait être atteint par le développement de nouvelles variétés. Pendant les 20 dernières années, des moyens et des efforts importants ont été investis dans le domaine de la biologie fonctionnelle dans le développement d'outils génomiques génériques sur quelques espèces modèles cibles. Cela a permis d'identifier la fonction de nombreux gènes (Østergaard and Yanovsky 2004). Aujourd'hui, les technologies de séquençage haut-débit fournissent l'opportunité de développer les outils qui permettront de combler le fossé entre les espèces cultivées et les espèces modèles (Lister et al, 2009). Dans ce projet, nous posons la question de la faisabilité et de la méthode du transfert de connaissances entre espèces modèles et espèces cultivées. Dans quelle mesure et pour quels caractères les déterminants génétiques et moléculaires des caractères phénotypiques d'intérêt sont-ils conservés entre l'espèce modèle légumineuse <i>M. truncatula</i> et l'espèce cultivée <i>Pisum sativum</i> L.? Les QTLs identifiés chez une espèce pourront ils être identifiés dans l'autre espèce ? La première partie de ce projet est dédiée à la production de ressources génomiques chez le pois protéagineux. Les banques d'ADNc de plusieurs organes vont être séquencées, 12 génotypes de pois vont être re-séquencés, et plusieurs milliers de marqueurs SNPs seront identifiés. D'un point de vue appliqué, cet outil permettra aux sélectionneurs de pois qui manquent cruellement de marqueurs pour la sélection, d'utiliser directement ces ressources. D'un point de vue plus fondamental, ces ressources permettront d'accéder plus facilement à l'identification et à la caractérisation des gènes contrôlant les caractères d'intérêt. La deuxième partie du projet</p>

	<p>a pour objectif d'évaluer la conservation de la synténie entre les espèces pois et <i>M. truncatula</i>. Cela permettra de tirer partie des ressources importantes disponibles chez l'espèce modèle et en particulier la séquence de son génome, pour l'identification de QTLs. La troisième partie du projet a pour objectif d'évaluer la conservation des processus fonctionnels de ces deux espèces, en particulier en ce qui concerne le cycle de l'azote de la plante. Un meilleur développement racinaire, une plus grande efficacité d'acquisition et de remobilisation d'azote vers les graines pourraient permettre de stabiliser le rendement, alors que l'optimisation de l'accumulation des protéines de réserve pourrait améliorer la qualité des graines. Ces trois parties sont interconnectées entre elles par le partage des ressources produites, et par la question de la conservation des déterminants moléculaires entre deux espèces proches mais dont l'histoire est très différente.</p>
<b>Partenaires</b>	<p>Judith BURSTIN - INRA UMR 102 - 21065  Dominique BRUNEL - INRA UPR 1279 - 91057  Pascal GAMAS - INRA UMR 441  Jean-Marie PROSPERI - INRA UMR 1097 - 34130</p>
<b>Coordinateur</b>	<p>Judith BURSTIN INRA UMR 102 Unité Mixte de Recherche en Génétique et Ecophysiologie des Légumineuses</p>
<b>Aide de l'ANR</b>	<p>885 830 €</p>
<b>Début et durée</b>	<p>Janvier 2010 - 42 mois</p>
<b>Référence</b>	<p>ANR-09-GENM-026</p>
<b>Label pôle</b>	

Programme « Génomique et Biotechnologies Végétales »  
Axes : Génomique des Plantes et Biotechnologies végétales

Edition 2009

GAIN-SPEED	
Genome sequence, Association mapping and NILs to SPEED up QTL tagging on wheat chromosome 3B	
Résumé	<p>Depuis une quinzaine d'années la sélection végétale utilise de façon croissante les outils de génétique moléculaire, et particulièrement les approches QTL (Quantitative Trait Loci) et la Sélection Assistée par Marqueurs (SAM). La difficulté rencontrée pour identifier les gènes d'intérêt et les méthodologies fastidieuses à mettre en œuvre ont longtemps freiné la progression des travaux. Aujourd'hui le nombre de QTL clonés reste assez faible. Le projet GAIN-SPEED vise à démontrer et à mettre en application chez le blé une stratégie originale pour accélérer le clonage de QTL ; pour ce faire, nous exploiterons des données génomiques -et en particulier la première séquence (non définitive) disponible du chromosome 3B, des technologies de décomplexification par capture sur puce et de séquençage nouvelle génération, ainsi que des méthodes de génétique d'association. GAIN-SPEED est proposé aux côtés du projet compagnon "3Bseq", également soumis à l'appel à projets "Programme de recherche en génomique et biotechnologies végétales" édition 2009, dont l'objectif est de créer une séquence génomique entièrement annotée pour le plus long des chromosomes du blé tendre ancrés sur les cartes génétiques : le chromosome 3B. GAIN-SPEED développera, à partir de la séquence disponible, des marqueurs moléculaires dans des régions ciblées, de façon à accélérer le processus de SAM. La mise au point de ces marqueurs s'appuiera sur la technologie Nimblegen Sequence Capture, qui permet en une seule manipulation un séquençage ciblé de milliers de fragments jusqu'à 5 Mb (exons ou régions génomiques contiguës). De nombreux marqueurs SNPs seront ainsi développés dans des régions riches en gènes, dont certains peuvent être liés à nos caractères d'intérêt. Ces marqueurs serviront au génotypage d'un panel d'association sur une plateforme de pointe ; nous sélectionnerons ainsi de façon plus fine les marqueurs associés à nos caractères d'intérêt et pourrons préciser la zone du QTL. Les SNP les plus associés seront utilisés pour cribler des lignées recombinantes, et le matériel nécessaire pour réaliser de la cartographie fine sera alors développé. L'objectif du projet n'est pas de cloner un QTL par clonage positionnel, mais de poser les bases d'une stratégie de SAM plus rapide et plus efficace par le biais d'une cartographie fine de QTL, en associant les connaissances fondamentales issues du projet compagnon 3Bseq et les préoccupations industrielles.</p>

<b>Partenaires</b>	Sébastien FAURE – BIOGEMMA - 63028 Etienne PAUX - INRA UMR 1095- 63100
<b>Coordinateur</b>	Sébastien FAURE – BIOGEMMA
<b>Aide de l'ANR</b>	307 007 k€
<b>Début et durée</b>	Janvier 2010 - 48 mois
<b>Référence</b>	ANR-09-GENM-027
<b>Label pôle</b>	Céréales Vallée