

Innovier grâce à une meilleure compréhension de la structure des génomes des plantes



Le Centre National de Ressources Génomiques Végétales (CNRGV) est une infrastructure nationale spécialisée dans la génomique. En proposant des ressources et des solutions innovantes pour l'étude des génomes complexes, le CNRGV joue un rôle clé sur la scène internationale.

Plus de 20 millions d'échantillons sont disponibles au CNRGV

148 nouvelles banques de BACs ont été construites depuis 2015, correspondant à différents génotypes de 28 espèces de plantes comme : le blé, l'orge, le maïs, le tournesol, le pois ou récemment le pêcher et la betterave sucrière.

L'équipe du CNRGV a accueilli 3 nouvelles personnes au cours de cette année 2017

En février, **Sandrine ARRIBAT**. Elle est plus particulièrement impliquée dans la construction de cartes optiques dans le but de caractériser physiquement divers génomes de plantes.

En juin, **Carine SATGE**. Elle développe de nouvelles approches visant à faciliter l'étude ciblée des régions d'intérêt chez les végétaux.

Et également **Isabelle DUFAU**, responsable à présent de la gestion des ressources génomiques au laboratoire.



Carine Satge (à gauche) et Céline Chanry

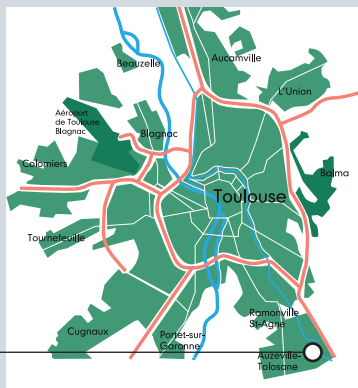


Isabelle Dufau (à gauche) – atelier récolte de plantes en vue d'une extraction d'ADN de haut poids moléculaire



Le laboratoire a participé à la **nuît européenne des chercheurs**, afin de partager avec les plus petits comme avec les plus grands, ses connaissances en génomique végétale.

Localisation des équipements



CNRGV

Responsable scientifique :

Hélène Bergès

Responsables opérationnels :

Arnaud Bellec – Sonia Vautrin

Contact : infocnrgv@toulouse.inra.fr

Site web : <http://cnrgv.toulouse.inra.fr>



@CNRGV

Le fait marquant scientifique :

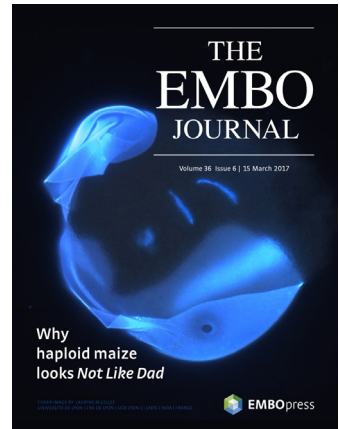
« Not Like Dad » : découverte d'un gène majeur pour la sélection végétale

BAC to the Future : ou l'utilité des banques génomiques pour des découvertes majeures.

Le CNRGV propose une approche qui permet de cibler des régions génomiques d'intérêt. L'utilisation de ces ressources génomiques a ainsi permis, dans le cadre de projets en collaboration avec des laboratoires internationaux, de décrypter finement des processus biologiques complexes.

L'exemple du gène « Not Like Dad » chez le maïs :

Depuis des décennies, les sélectionneurs de maïs exploitent un phénomène unique dans le monde végétal. Le pollen d'une plante dite « inductrice » déclenche, une fois déposé sur l'épi d'une autre plante le développement d'une descendance qui ne porte que les caractères de la mère.



Les chercheurs de l'INRA, en collaboration avec le CNRS, l'ENS de Lyon, l'Université Claude Bernard Lyon I et Limagrain, ont découvert le gène responsable de ce phénomène et l'ont baptisé « Not Like Dad » (« pas comme papa »), puisque l'information génétique du père ne se retrouve pas dans la descendance. Ces résultats, fruits de 8 années de recherche et publiés dans la revue EMBO Journal le 22 février 2017, ouvrent notamment des perspectives importantes dans la compréhension de la fécondation des plantes et dans le transfert de cet outil de sélection vers d'autres espèces cultivées.

PUBLICATIONS

- Gilles L, Khaled A, Laffaire JB, Chaignon S, Gendrot G, Laplaige J, Bergès H, Beydon G, Barret P, Comadrán J, Martinant JP, Rogowsky PM and Widiez T (2017) Pollen-specific phospholipase Not Like Dad (NLD) triggers gynogenesis in maize. *The EMBO Journal*. 36(4): 389–564 doi:10.15252/embj.2017196603
- Tsuchimatsu T, Goubet PM, Gallina S, Holl AC, Fobis-Loisy I, Bergès H, Marande VV, Prat E, Meng D, Long Q, Platzer A, Nordborg M, Vekemans X, Castric V. (2017) Patterns of polymorphism at the self-incompatibility locus in 1,083 *Arabidopsis thaliana* genomes. *Mol Biol Evol*. doi: 10.1093/molbev/msx122.
- Holušová K, Vrána J, Šafář J, Šimková H, Balcárková B, Frenkel Z, Darrier B, Paux E, Cattonaro F, Berges H, Letellier T, Alaux M, Doležel J, Bartoš J. (2017) Physical Map of the Short Arm of Bread Wheat Chromosome 3D. *Plant Genome*. 10(2). doi : 10.3835/plantgenome2017.03.0021

Le fait marquant technologique :

Des cartes optiques pour atteindre une grande qualité d'assemblage des génomes complexes

Afin de faciliter l'étude des génomes complexes dans leur globalité le CNRGV s'est doté de la technologie lrys® de BioNano Genomics (<http://bionanogenomics.com/>). C'est un outil précieux pour avoir une vision globale de l'organisation des génomes. La cartographie optique est basée sur la visualisation directe de longues molécules d'ADN (100 kb à 2 Mb) marquées par fluorescence par une enzyme reconnaissant une séquence spécifique. Les images des molécules d'ADN marquées et séparées sur une puce dans des nanochannels, sont analysées afin d'obtenir un « code-barre » spécifique pour chaque molécule. En comparant leurs codes-barres, les molécules d'ADN sont ensuite assemblées pour donner une carte physique du génome étudié. Les principales applications de cette technologie sont la finition de l'assemblage des séquences génomiques et l'étude des variations structurales entre différents génotypes. Cette technologie offre donc de nouvelles possibilités pour contribuer à la compréhension des génomes.

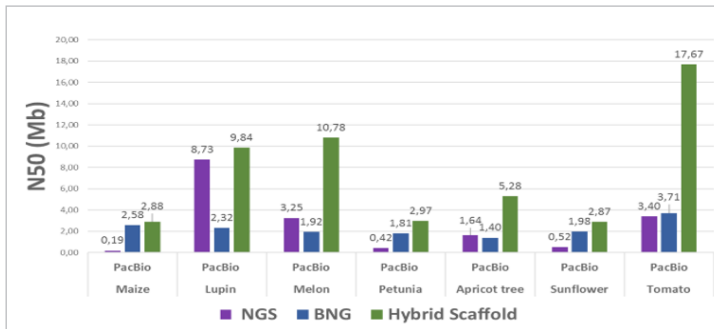
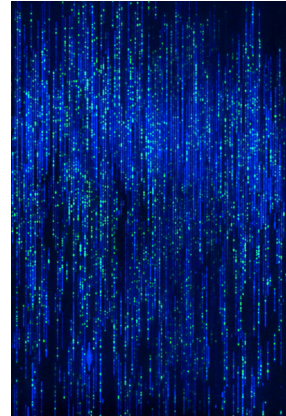


Figure 1 : Augmentation de la N50 par la stratégie d'assemblage hybride

Dans le cadre de plusieurs projets menés en collaboration avec divers laboratoires, un assemblage hybride (Hybrid Scaffolding) combinant la carte optique Bionano et des données de séquences obtenues avec les dernières technologies de séquençage a permis d'améliorer la qualité de l'assemblage final. Ce travail a été réalisé sur une diversité d'espèces végétales (lupin, maïs, pétunia, abricotier, tournesol, melon et tomate). L'assemblage hybride a ainsi permis de réduire le nombre de scaffolds tout en augmentant leur taille moyenne (Figure 1).

VALORISATION

Badouin H, et al., (2017) The sunflower genome provides insights into oil metabolism, flowering and Asterid evolution. *Nature*. 546 (7656):148-152. doi : 10.1038/nature22380.