



HAL
open science

Les mélanges de variétés ont contribué à l'expansion géographique mondiale d'une espèce cultivée, le maïs

Maud Tenaillon, Alain Charcosset

► To cite this version:

Maud Tenaillon, Alain Charcosset. Les mélanges de variétés ont contribué à l'expansion géographique mondiale d'une espèce cultivée, le maïs. 101 secrets de l'ADN, 2019. hal-02345700

HAL Id: hal-02345700

<https://hal.science/hal-02345700>

Submitted on 7 Nov 2019

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

7.11 Des croisements entre variétés ont contribué à l'expansion géographique mondiale d'une espèce cultivée, le maïs

Denis Faure, Institut de Biologie Intégrative de la Cellule (I2BC, Gif-sur-Yvette), Maud Tenailon et Alain Charcosset, Génétique quantitative et Evolution (GQE, Gif-sur-Yvette)

La domestication des plantes a souvent été suivie d'une expansion géographique des cultures, bien au-delà de leur aire d'origine. Dans le cas du maïs, l'étude des génomes de variétés anciennes permet de retracer comment de multiples croisements entre variétés adaptées aux climats du Nord et du Sud de l'Europe ont contribué à des innovations adaptatives importantes.

La domestication des plantes constitue un des facteurs importants de propagation de la révolution néolithique. Il y a près de 9 000 ans, le maïs (*Zea mays* sous-espèce *mays*) a été domestiqué à partir des téosintes au Mexique sous un climat tropical. Le maïs a connu plusieurs phases d'expansion en Amérique du Nord et du Sud avec la sélection de variétés capables de vivre dans des régions au climat tempéré. À partir de la fin du xv^e siècle, le maïs connaît plusieurs introductions en Europe. Le séquençage du génome de 67 lignées de maïs directement issues de variétés locales traditionnelles, cultivées en Europe et aux Amériques avant l'avènement des maïs hybrides, a permis de retracer l'histoire génétique du maïs en Europe. Il s'agissait ici de préciser l'origine des ancêtres et les événements de croisements qui ont contribué à l'émergence des lignées européennes actuelles.

Les séquences ADN des 67 lignées de maïs ont été comparées entre elles afin d'identifier les bases (A, T, G et C) différentes. Ces variations de l'ADN sont appelées SNP (*single nucleotide polymorphism*). Au total, plus de 22 millions de SNP ont été identifiés entre ces 67 lignées. La majorité des gènes du maïs présente au moins une variation SNP. Les variations génétiques ont permis d'identifier deux sources majeures du maïs en Europe : une première par l'introduction de variétés cultivées dans les Caraïbes et/ou au nord de l'Amérique du Sud qui partagent une proximité génétique forte avec les variétés cultivées en Espagne ; une seconde *via* la côte est de l'Amérique du Nord présentant une proximité génétique forte avec des variétés cultivées au nord de l'Europe (nord de la France et Allemagne). Les lignées de maïs actuellement cultivées dans les Pyrénées et l'Italie proviendraient de croisements entre ces deux sources. Un phénomène comparable a conduit aux variétés du *Corn Belt* sur le continent nord-américain. Environ 7 % de la variation génétique aurait été perdue au cours de ces introductions.

Par ailleurs, l'ensemble de ces variations génétiques ont été analysées pour identifier des gènes qui pourraient expliquer l'adaptation du maïs au climat tempéré. Dans cet objectif, des analyses statistiques ont permis d'identifier des régions du génome qui différencient des lignées cultivées à différentes latitudes. En moyenne sur l'ensemble des comparaisons latitudinales, 155 gènes montrent des variations génétiques qui distinguent les lignées cultivées sous différents climats, tropicaux et tempérés. Parmi eux, les gènes *ZCN8* et *ZCN5* sont associés au cycle de floraison chez le maïs. De telles variations génétiques auraient donc pu contribuer à l'ajustement de la date de floraison sous différents climats : plus

précoce sous climat tempéré et plus tardive sous climat tropical. D'autres gènes associés à la réponse au stress hydrique, à la présence de pathogènes ou d'herbivores, mais aussi à la composition de l'amidon du grain de maïs ont été identifiés.

Ce travail montre que le succès de l'introduction du maïs en Europe est porté par des croisements de diverses provenances américaines, et par la sélection de variations génétiques originales dont l'étude approfondie pourra aider à choisir les variétés les mieux adaptées aux climats à venir.

Brandenburg J.T., Mary-Huard T., Rigai G., Hearne S.J., Corti H., Joets J., Vitte C., Charcosset A., Nicolas S.D., Tenaillon M.I., « Independent introductions and admixtures have contributed to adaptation of European maize and its American counterparts », *PLoS Genet.* 2017 Mar 16;13(3):e1006666.

Légendes des figures :

Figure 1 : Le maïs nord-européen a pour origine des variétés nord-américaines (haut) tandis que le maïs sud-européen (bas) a une origine tropicale. Des hybridations répétées entre ces deux grands types de variétés ont conduit à l'émergence de variétés adaptées aux moyennes latitudes en Amérique du nord et en Europe (milieu gauche et droit, respectivement). Ces mélanges sont à l'origine d'innovations adaptatives.

Figure 2 : Expansion géographique du maïs. Originaire du Mexique, le maïs a connu plusieurs phases d'expansion en Amérique du Nord et du Sud, puis deux principales voies d'introduction en Europe : une première (en rose) par l'introduction de variétés cultivées dans les Caraïbes et l'Amérique du Sud, une seconde (en vert) par la côte est de l'Amérique du Nord.