

Vers une identification à l'échelle du génome entier du maïs des segments génomiques impliqués dans la croissance

10 juin 2012

Une [récente étude](#) menée conjointement par des biologistes de l'université de Hohenheim, de l'institut Max Planck et de l'institut Leibniz de génétique végétale et de recherche sur les plantes cultivées (IPK) en Allemagne, explore **les liens entre le génome et le métabolisme de la croissance du maïs**.

Les chercheurs ont utilisé près de 300 lignées de maïs différentes afin d'étudier le métabolisme de la croissance et sa diversité génétique. Le génome entier des plantes a été comparé avec la présence de certains composés biochimiques des feuilles prélevés sur les jeunes pousses de maïs ainsi que des traits agronomiques des plantes matures. Les métabolites, ces éléments chimiques fournis par l'alimentation de la plante, impliqués dans différentes synthèses et catalyses, et ayant une fonction spécifique de la croissance (foliaire) ont été repérés par association avec certains allèles (de type « polymorphisme nucléotidique »). Le nombre des métabolites des plantes étant important, cette étude semble apporter **des résultats prometteurs pour mieux comprendre la croissance du maïs**. C'est en particulier le cas en matière de précurseurs de la lignine qui est par ailleurs un constituant très important pour la rigidité de la structure des végétaux.

Thuriane Mahé, Centre d'études et de prospective