



HAL
open science

D'un répertoire de gènes contrôlant la composition protéique des graines des légumineuses vers de nouveaux profils protéiques

Christine Le Signor, Delphine Aime, Myriam Sanchez, Julia Buitink, Nevin D. Young, Jean-Marie Prosperi, Olivier Leprince, Charlotte Henriët, Gregoire Aubert, Vanessa Vernoud, et al.

► To cite this version:

Christine Le Signor, Delphine Aime, Myriam Sanchez, Julia Buitink, Nevin D. Young, et al.. D'un répertoire de gènes contrôlant la composition protéique des graines des légumineuses vers de nouveaux profils protéiques. 6. Colloque Graines, Institut National de la Recherche Agronomique (INRA). FRA., Oct 2017, Montpellier, France. hal-02737356

HAL Id: hal-02737356

<https://hal.inrae.fr/hal-02737356v1>

Submitted on 2 Jun 2020

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.

D'un répertoire de gènes contrôlant la composition protéique des graines des légumineuses vers de nouveaux profils protéiques

Le Signor Christine¹, Aimé Delphine¹, Sanchez Myriam¹, Buitink Julia², Young Nevin D.³, Proserpi Jean-Marie⁴, Leprince Olivier², Henriet Charlotte¹, Aubert Grégoire¹, Verroud Vanessa¹, Thompson Richard D.¹, Burstin Judith¹, Gallardo Karine¹
1 Agroécologie, Agrosup Dijon, INRA, Univ. Bourgogne Franche-Comté, 21000 Dijon, France
2 IRHS, INRA, Agrocampus-Ouest, Univ. Angers, SFR 4207 QuaSaV, 49071 Beaucazoué, France
3 Department of Plant Pathology, University of Minnesota, St. Paul, MN, 55108, USA
4 AGAP, INRA, CIRAD, Montpellier SupAgro, 34060 Montpellier, France
christine.le-signor@inra.fr

Les graines de légumineuses comme le pois fournissent des protéines pour la nutrition humaine et animale. Bien que les facteurs dits «antnutritionnels» aient été réduits dans ces graines, offrant une valeur nutritive globalement bonne, l'équilibre en acides aminés doit être amélioré et stabilisé, notamment au regard du contenu en acides aminés souffrés (<3% des acides aminés totaux). En utilisant les ressources HapMap disponibles à l'échelle du génome de 175 écotypes de *Medicago truncatula*¹, et les cartes du protéome des graines présentant 190 protéines annotées chez cette espèce², des polymorphismes de séquences significativement associés à des variations d'abondance des protéines ont été identifiés par génétique d'association. Un répertoire des gènes importants pour la synthèse, le transport et la mise en réserve des protéines de réserve pauvres ou relativement riches en acides aminés souffrés a ainsi été établi³. Une recherche des séquences orthologues chez le pois⁴ a permis de transférer les connaissances à cette légumineuse à graines. Puis, dans une étude comparative entre *M. Truncatula* et le pois, nous avons exploré les processus associés à la remobilisation des nutriments des feuilles vers les graines en développement dans des conditions plus ou moins limitantes en soufre. Un réseau de corrélation entre les gènes identifiés a révélé des gènes clés de ce processus de remobilisation, impliquant notamment des transporteurs de sulfate. Le potentiel de l'approche translationnelle entre *M. Truncatula* et le pois pour découvrir des gènes contrôlant l'accumulation des protéines pauvres ou riches en soufre sera présenté en s'appuyant sur les ressources de mutants TILLING⁵ développées chez le pois pour la validation de gènes candidats.

¹ <http://www.medicago-hapmap.org/>; ² Zuber, H. et al. Legume adaptation to sulfur deficiency revealed by comparing nutrient allocation and seed traits in *Medicago truncatula*. *Plant J.* 2013, 76: 982-96; ³ Le Signor, C. et al. Genome-wide association studies with proteomics data reveal genes important for synthesis, transport and packaging of globulins in legume seeds. *New Phytol.* 2017, 214: 1597-1613; ⁴ Alves-Carvalho, S. et al. Full-length de novo assembly of RNA-seq data in pea (*Pisum sativum* L.) provides a gene expression atlas and gives insights into root nodulation in this species. *Plant J.* 2015, 84: 1-19; ⁵ Dalmais, M. et al. UTILL db, a *Pisum sativum* in silico forward and reverse genetics tool. *Genome Biol.* 2008, 9: R43.