



**HAL**  
open science

## Neuf régions du génome sont impliquées dans la composition et la dégradabilité de la paille dans des scénarios d'irrigation contrastés chez une population de maïs précoce

Laetitia Virlovet, Yves Griveau, Pascal Sartre, Serge Malavieille, Cyril Bauland, Valérie Combes, Delphine Madur, Matthieu Falque, Marie-Pierre Jacquemot, Aurélie Baldy, et al.

### ► To cite this version:

Laetitia Virlovet, Yves Griveau, Pascal Sartre, Serge Malavieille, Cyril Bauland, et al.. Neuf régions du génome sont impliquées dans la composition et la dégradabilité de la paille dans des scénarios d'irrigation contrastés chez une population de maïs précoce. 11es Journées du Réseau Français des pailles, Jun 2017, Orléans, France. hal-02954968

**HAL Id: hal-02954968**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02954968>**

Submitted on 1 Oct 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.

## Neuf régions du génome sont impliquées dans la composition et la dégradabilité de la paroi dans des scénarios d'irrigation contrastés chez une population de maïs précoce

Laetitia Virlouvet<sup>a</sup>, Yves Griveau<sup>a</sup>, Pascal Sartre<sup>b</sup>, Serge Malavieille<sup>b</sup>, Cyril Bauland<sup>c</sup>, Valérie Combes<sup>c</sup>, Delphine Madur<sup>c</sup>, Matthieu Falque<sup>c</sup>, Marie-Pierre Jacquemot<sup>a</sup>, Aurélie Baldy<sup>a</sup>, Sylvain Legay<sup>a</sup>, Fadi El Hage<sup>a</sup>, Gladys Cloarec<sup>a</sup>, Sylvie Coursol<sup>a</sup>, Yves Barrière<sup>d</sup>, Valérie Méchin<sup>a</sup>, Matthieu Reymond<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Institut Jean-Pierre Bourgin, INRA, AgroParisTech, CNRS, Université Paris-Saclay, RD10, F-78026 Versailles Cedex, France

<sup>b</sup> Unité expérimentale Diascope, INRA, Chemin de Mezouls, Domaine expérimental de Melgueil, 34130 Mauguio, France.

<sup>c</sup> Génétique Quantitative et Évolution - Le Moulon, INRA, Université Paris Sud, CNRS, AgroParisTech, Ferme du Moulon, 91190 Gif-sur-Yvette, France

<sup>d</sup> Unité de Génétique et d'Amélioration des Plantes Fourragères, INRA, le Chêne, route de Saintes, F-86600 Lusignan, France

La valorisation de biomasses lignocellulosiques dans un système économiquement et écologiquement viable passe par la mise en culture de plantes produisant des biomasses au rendement suffisant et à la qualité adaptée à la valorisation visée, que ce soit de la digestibilité chez l'animal ou des procédés industriels, tels que la bioraffinerie, les biomatériaux et la chimie. Ces plantes doivent également pousser dans des systèmes de culture respectueux de l'environnement. Il a été rapporté que les variations de la qualité et de la composition de la biomasse sont impactées par des facteurs génétiques [1] mais aussi environnementaux, tel que le déficit hydrique [2]. De ce fait, la sélection variétale doit conduire à proposer des idéotypes associant le rendement, la qualité de la biomasse et la tolérance au déficit hydrique. L'approche retenue dans notre étude est l'identification de régions chromosomiques impliquées dans la variation de la dégradabilité et de la composition pariétales, ainsi que dans la réponse au déficit hydrique. Dans ce contexte, une population de lignées recombinantes (RILs ; environ 200 individus) issue du croisement entre deux lignées de maïs différant pour la dégradabilité des parois (F271 et Cm484), a été cultivée pendant trois années consécutives près de Montpellier en condition irriguée ou en condition de déficit hydrique par arrêt de l'irrigation à un stade précoce du développement des plantes et jusqu'à leur floraison. La dégradabilité et les composants pariétaux ont été estimés sur les 1300 échantillons récoltés en utilisant des équations NIRS disponibles au sein de l'équipe (cf poster M. Reymond). En combinant ces estimations et l'établissement d'une carte génétique, nous a permis d'identifier 286 QTLs dans les deux scénarios hydriques, localisés sur un nombre restreint de régions chromosomiques (9 régions principales). Ainsi, des QTLs de dégradabilité pariétale co-localisent avec des QTLs de la composition pariétale, telle que la teneur en lignine et/ou en acides p-hydroxycinnamiques. De plus, il apparaît que quatre régions chromosomiques présentent une co-localisation de QTLs spécifiques d'un scénario hydrique donné.

Remerciements : ces recherches sont soutenues financièrement par l'ANR (projet Biomasse pour le futur, ANR-11-BTBR-0006-BFF).

### Références bibliographiques

- [1] C. Riboulet et al. (2008) *Maydica*, 53, 11-19.
- [2] R. Emerson et al. (2015) *Biofuels*, 5, 275-291.

### Mots-clés

dégradabilité, parois, stress hydrique, maïs, QTL