



Journées du Réseau Français des Paroïs 2008

du 26 au 28 mars 2008

A BOUSSENS (31)

Les partenaires des Journées du Réseau Français des Parois

Les organisateurs des Journées du Réseau Français des Parois remercient l'ensemble de leurs partenaires institutionnels ou privés qui se sont associés à cette manifestation scientifique.



UMR 5546 UPS/CNRS
Surfaces Cellulaires et Signalisation
chez les Végétaux



IFR 40
« Agrobiosciences, Interactions
& Biodiversité »



Université Paul Sabatier



Centre National de la Recherche Scientifique



Institut National de la Recherche Agronomique

RDR1

Les ressources renouvelables :
nouveaux produits et matériaux

http://www.inra.fr/cepia/thematiques/reseaux/ressources_renouvenable.htm



Conseil Régional Midi Pyrénées



HAMAMATSU
Parc du Moulin de Massy
91300 Massy
19, Rue Saule Traipu
91300 Massy, France



Promega France
24, chemin des Verrières
69260 Charbonnières
Tél. 04 37 22 50 00



Leica Microsystemes SAS
86 Avenue du 18 Juin 1940
92563 Rueil-Malmaison Cedex



NIKON France
Nikon France S.A.S.
191 rue du Marché Rollay
94500 Champigny sur Marne



Asedis-SO
39, chemin Virebent
31200 Toulouse



Le Réseau Français des Parois

<http://rfparois.free.fr>

Composition du bureau

Président :	Bernard Kurek (INRA, Reims)
Vice-président :	Jean-Paul Joseleau (Université Joseph Fourier, Grenoble)
Secrétaire :	Simon Hawkins (Université de Lille)
Trésorière :	Katia Ruel (CERMAV-CNRS, Grenoble)
Membres du Bureau :	Patrice Lerouge (Université de Rouen) Deborah Goffner (UMR 5546 UPS/CNRS, Toulouse) Luc Saulnier (INRA, Nantes)



Présentation des Journées RFP 2008

Le Réseau Français des Parois (<http://rfparois.free.fr/>) regroupe depuis plus de 20 ans un ensemble de chercheurs francophones européens s'intéressant aux « Parois Végétales ». En prenant en compte les réunions « parois » organisées au niveau international, il réunit tous les 2-3 ans 80 à 120 chercheurs francophones issus d'instituts de recherches publics (CNRS, INRA), d'Universités et de groupes industriels. Ces réunions ont pour objectifs de favoriser les échanges interdisciplinaires et de permettre aux jeunes chercheurs thésards et post-docs de se faire connaître au sein de la communauté par la présentation de leurs travaux.

Le thème des "Parois Végétales" recouvre de multiples facettes intéressant différents domaines d'applications, notamment, l'alimentation et la santé humaine, la nutrition animale, les biomatériaux, la santé des plantes, les industries agro-alimentaires ainsi que les biocarburants. Le développement des connaissances dans ces différentes applications requiert des travaux fondamentaux et appliqués multidisciplinaires.

Après Rouen (2005) ces Journées du Réseau Français des Parois se dérouleront à Boussens (entre Toulouse et Saint-Gaudens) du 26 au 28 mars 2008 (www.le-tolosan.com) Elles sont organisées par l'UMR 5546 UPS/CNRS, Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux, Auzeville-Tolosane.

Le comité scientifique est composé de :

Deborah GOFFNER
Elisabeth JAMET
Magalie PICHON

Jacqueline GRIMA-PETTENATI
Valérie PACQUIT
Rafael PONT-LEZICA

Le comité local d'organisation est constitué de :

Marie Ange ALBOUY
Catherine DEPREY
Laurent HOFFMANN

Hervé CANUT
Michèle ESCASSUT
Nicole SACCOL

Le programme scientifique comporte :

- un atelier thématique consacré à l'apport de mutants d'*Arabidopsis thaliana* à la compréhension de la synthèse et de la dynamique de la paroi. Il est animé par Patrice LEROUGE (Professeur à l'Université de Rouen)
- une conférence invitée consacrée à la synthèse de cellulose et de callose chez les plantes, et présentée par Vincent BULONE (Professeur au *Royal Institute of Technology* de Stockholm)
- 20 communications orales sur 4 thématiques : Structure et Matériaux (sessions 1 et 2), Interface-Parois-Environnement (session 3), Développement (sessions 4 et 5), et Procédés Agroalimentaires (session 6).
- 33 communications par affiches qui font l'objet de 2 sessions.



PROGRAMME

Mercredi 26 mars 2008

15h 00-17h 00 **Atelier thématique animé par P. Lerouge (Université de Rouen) consacré à l' « Apport de mutants d' *Arabidopsis thaliana* à la compréhension de la synthèse et de la dynamique de la paroi »**

Avec la participation de :

- | | |
|--------------------------|---|
| G. Mouille
Versailles | Nouvelles approches pour le criblage/phénotypage de mutants parois |
| C. Breton
Grenoble | Identification de nouvelles séquences de glycosyltransférases impliquées dans la biosynthèse de la paroi |
| D. Goffner
Toulouse | Des difficultés pour analyser des mutants de paroi : arabinofuranosidase cherche substrats et rôle <i>in planta</i> |
| P. Lerouge
Rouen | Apports de mutants d' <i>Arabidopsis thaliana</i> affectés dans la voie de biosynthèse du kdo à la compréhension de la fonction du rhamnogalacturonane II |

Cocktail de bienvenue / Session Posters I

20h 00 **DINER**

Jeudi 27 mars 2008

08h 30-08h 40 **Bienvenue et ouverture du congrès
Conférence plénière invitée**

08h 40-09h 30 V. Bulone
Suède *Cellulose and callose biosynthesis in plants: the unsolved questions and some answers*

Session 1 : Structure et Matériaux I (modérateur : B. Kurek, Reims)

09h 30-09h 50 L. Chaa
Lens Caractérisation et valorisation des hémicelluloses d' *Aristida pungens*

09h 50-10h 10 A. Moise
Nantes Construction et organisation des assemblages pariétaux dans la tomate

10h 10-10h 30 B. Quemener
Nantes Comportement chromatographique et analyse structurale en ESI-Q-TOF d'arabinoxylsides. Application à l'étude des arabinoxylanes dans le grain de blé par empreinte enzymatique

10h 30-11h 00 **PAUSE CAFE**

Session 2 : Structure et Matériaux II (modératrice : F. Guillon, Nantes)

- 11h 00-11h 20 R. Bag Reims Nouvelles méthodes d'analyses du bois de la tige de chanvre (chênevotte)
- 11h 20-11h 40 S. Baumberger Grignon *Specificities of Eucalyptus lignins: Investigation on wood chips and kraft pulp*
- 11h 40-12h 00 I. Boukari Reims Nouvelles approches des limitations de la bioconversion des lignocelluloses : Reconstitution *in vitro* de complexes modèles lignines - carbohydrates
- 12h 00-14h 00 **DEJEUNER**

Session 3 : Interface Parois-Environnement (modérateur : M. Chabannes, Toulouse)

- 14h 00-14h 20 M. Cabané Nancy *Biosynthesis of cellulose and lignins is altered in poplars submitted to climatic changes*
- 14h 20-14h 40 E. Lauber Toulouse *Plant cell wall carbohydrates scavenging by the phytopathogenic bacterium Xanthomonas campestris pv campestris: a new role for TonB-dependent receptors*
- 14h 40-15h 00 I. Badreddine Toulouse *Chitosaccharides are cell wall structural components and exposed patterns of the phytopathogenic oomycete Aphanomyces euteiches*
- 15h 00-15h 40 **PAUSE CAFE**

Session 4 : Développement I (modérateur : A. Driouich, Rouen)

- 15h 40-16h 00 P. Lerouge Rouen Le Rhamnogalacturonane II : structure et fonctions dans la mise en place de la paroi primaire
- 16h 00-16h 20 P. Van Cutsem Namur *Circular dichroism and ELISA assay of oligogalacturonides conformation. Maturation of egg boxes and correlation with their biological activity*
- 16h 20-16h 40 J. Pelloux Amiens Fonctions d'une pectine méthylestérase (PME) et d'un inhibiteur de PME (PMEI) dans le fonctionnement du méristème apical caulinaire chez *Arabidopsis*
- 16h 40-17h 40 **ASSEMBLEE GENERALE DU RESEAU FRANÇAIS DES PAROIS**

Session Posters II

20h00 DINER

Session 5 : Développement II (modératrice : L. Jouanin, Versailles)

8h 40- 9h 00	J. C. Mollet Rouen	Relation structure fonction des isoformes de SCA dans l'adhésion cellulaire des tubes polliniques chez le lys
9h 00- 9h 20	C. Durand Rouen	Cellules de bordure d' <i>Arabidopsis thaliana</i> : organisation et adhésion cellulaire
9h 20- 9h 40	C. Ringli Zurich	<i>Functional characterization of the structural cell wall protein domain of the Arabidopsis LRR-extensin protein LRX1</i>
9h 40-10 h 00	S. Legay Toulouse	<i>E g Myb1 : AN R2R3-Myb GENE involved in the regulation of lignin and phenylpropanoId biosynthesis in transgenic poplar</i>
10h 00-10h 20	A. Dejardin Orléans	<i>Why so many fasciclin-like arabinogalactan proteins in poplar tension wood?</i>
10h 20-11h 00		PAUSE CAFE

Session 6 : Procédés Agroalimentaires (modérateur : M. Lahaye, Nantes)

11h 00-11h 20	C. Le Bourvellec Avignon	<i>Interactions between procyanidins and apple cell walls : the impact of oxidation</i>
11h 20-11h 40	A. Mossion Toulouse	Parois végétales des feuilles de thé : influence durant l'infusion ?
11h 40-12h 00	A. Robic Nantes	Origine de la variabilité physico-chimique et rhéologique des ulvanes, polysaccharides de la paroi des algues vertes
12h 00 -14h 00		DEJEUNER

Clôture des journées



ATELIER THEMATIQUE

Apport de mutants d'*Arabidopsis thaliana*
à la compréhension de la synthèse
et de la dynamique de la paroi

NOUVELLES APPROCHES POUR LE CRIBLAGE/PHENOTYPAGE DE MUTANTS PAROIS

MOUILLE Grégory

Biologie cellulaire, UR 501 INRA, Route de Saint-Cyr, 78026 VERSAILLES cedex

Les approches de génétique classique et inverse ont permis de découvrir divers acteurs de la biosynthèse et de l'assemblage de la paroi. Cependant, de nombreux gènes impliqués dans ces processus restent encore à découvrir. Nous discuterons donc, à l'aide d'exemples concrets, des stratégies employant les outils de génétique et de génomique fonctionnelle, qui permettent d'aboutir à l'identification de nouvelles fonctions indispensables à la biosynthèse de polymères pariétaux.

STRATEGIES POUR IDENTIFIER DE NOUVELLES SEQUENCES DE GLYCOSYLTRANSFERASES DANS LE PROTEOME DE ARABIDOPSIS

FASMER HANSEN¹ Sara, BETTLER² Emmanuel, ENGELSEN³ Soren, BRETON¹ Christelle

¹ CERMAV-CNRS, Grenoble, France ; ² IBCP, UMR 5086 CNRS/ULCB, Lyon, France and ³Department of Food Science, University of Copenhagen, Frederiksberg C, Denmark.

Les oligosaccharides, polysaccharides et glycoconjugués ne sont pas le produit direct de l'expression de gènes mais sont synthétisés de façon séquentielle par des enzymes, les glycosyltransférases (GTs). Ces enzymes catalysent de manière spécifique et concertée le transfert d'un monosaccharide activé (ex : nucléotide-sucre) sur un accepteur qui peut être un sucre, une protéine, un lipide ou tout autre molécule aglycone. Une classification en familles existe qui est basée sur les identités de séquence. Ces données sont rassemblées dans une banque de données (CAZy, <http://www.cazy.org/>) qui comprend aujourd'hui plus de 30 000 séquences de GTs, connues ou putatives, réparties en 89 familles. Le séquençage du génome d'*Arabidopsis* a permis d'identifier, à ce jour, près de 450 gènes potentiels de GTs, dont seulement 20% sont annotés dans la banque CAZy. Des données structurales sont maintenant disponibles pour 25 familles de GT. Cette grande famille d'enzymes se caractérise par une grande conservation dans l'architecture 3D, puisque seulement deux types de repliement protéiques, appelés GT-A et GT-B, ont été mis en évidence pour la très grande majorité des GTs cristallisées à ce jour [1]. Par ailleurs, l'utilisation de méthodes de reconnaissance de repliement protéique permet de prédire un fold GT-A ou GT-B pour de nombreuses autres familles [1].

Des progrès significatifs ont été réalisés ces dernières années dans l'identification chez *Arabidopsis* de gènes impliqués dans la biosynthèse des polysaccharides [2]. Cependant, étant donné la complexité de ce réseau polysaccharidique pariétal, on peut penser que tous les gènes de la biosynthèse n'ont pas été identifiés par les méthodes bioinformatiques classiques.

Avec l'objectif d'identifier de nouvelles séquences de GTs, deux approches bioinformatiques basées sur le concept de la conservation des structures secondaires et tertiaires ont été utilisées : (i) Psi-Blast combiné à la comparaison des structures secondaires [3] et (ii) ProHit, une méthode de reconnaissance de fold [4]. Dans ce dernier cas, en raison du grand nombre de données à traiter, nous avons eu recours aux méthodes statistiques de la chémométrie. Appliquées au protéome d'*Arabidopsis*, ces méthodes ont permis d'identifier plusieurs dizaines de séquences potentielles, dont certaines présentent des signatures évidentes de glycosyltransférases.

[1] Breton C, Snajdrova L, Jeanneau C, Koca J, Imberty A (2006) *Glycobiology*, 16 : 29R-37R.

[2] Lerouxel O, Cavalier DM, Liepman AH, Keegstra K (2006) *Curr Opin Plant Biol*, 9 : 621-630.

[3] Geourjon C, Combet C, Blanchet C, Deléage G (2001) *Protien Sci.*, 10 : 788-797

[4] ProCeryon Biosciences Gmbh, Salzburg, Austria

DES DIFFICULTES POUR ANALYSER DES MUTANTS DE PAROI : ARABINOFURANOSIDASE CHERCHE SUBSTRATS ET ROLE *IN PLANTA*

CHAVEZ MONTES Ricardo¹, RANOCHA Philippe¹, MARTINEZ Yves¹, MINIC Zoran², JOUANIN Lise², MARQUIS Mélanie³, SAULNIER Luc³, FULTON Lynette M.⁴, COBBETT Christopher S.⁴, BITTON Frédérique⁵, RENOUE Jean-Pierre⁵, JAUNEAU Alain¹, GOFFNER Deborah¹

¹UMR 5546 CNRS-UPS "Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux", Castanet-Tolosan

²Laboratoire de Biologie Cellulaire, Institut National de la Recherche Agronomique, Versailles

³Biopolymères Interactions Assemblages, Unité de Recherche sur les Polysaccharides leurs Organisations et Interactions, Institut National de la Recherche Agronomique, Nantes,

⁴Department of Genetics, University of Melbourne, Australie

⁵Unité de Recherche en Génomique Végétale INRA-CNRS, Evry, France.

Le mutant *araf1* est affecté dans l'expression d'un membre d'une famille peu connue de glycosyl hydrolases pariétales, les α -L-arabinofuranosidases. Ces enzymes catalysent *in vitro* l'hydrolyse des α -L-arabinoses terminaux, non réducteurs. Leur rôle *in planta* est toutefois inconnu. Théoriquement, les hémicelluloses, les pectines et les arabinogalactanes protéines (AGP), qui comportent des arabinoses en position terminale sont des substrats possibles de ces enzymes. Pour déterminer laquelle (ou lesquelles) de ces molécules est (ou sont) réellement substrat des α -L-arabinofuranosidases *in planta*, nous avons entrepris l'étude d'une d'entre-elles, ARAF1.

Nous avons tout d'abord montré que la protéine ARAF1 est présente dans plusieurs des types cellulaires du système vasculaire racinaire et aérien, notamment les vaisseaux du xylème, les cellules de parenchyme situées à proximité des vaisseaux, le cambium et le phloème. Le mutant insertionnel *araf1* ne présente pas de différence de phénotype par comparaison à une plante sauvage. En revanche, les individus qui surexpriment *ARAF1* se caractérisent par un retard d'émergence des hampes et par une perturbation de l'architecture de ces dernières. Si les analyses globales de sucres pariétaux ne révèlent que de faibles différences entre mutant, transformant et plante sauvage, des expériences d'immunolocalisation réalisées à l'aide d'anticorps anti-arabinanes (LM6) ou anti-xylanes (LM10) ont permis de mettre en évidence des perturbations subtiles de la composition de certains parois cellulaires. En effet, le mutant *araf1* présente une distribution spatiale des épitopes LM6 différente de celle d'une plante sauvage, distribution qui coïncide avec les sites d'expression du gène *ARAF1*.

La surexpression du gène *ARAF1* s'accompagne d'une augmentation du marquage LM10 dans les parois secondaires des fibres et des vaisseaux du xylème. Cette étude combinée de l'expression du gène *ARAF1* et de la répartition des épitopes LM6 et LM10 chez le mutant *araf1* et le transformant surexprimant ce gène a ainsi permis de suggérer que ce sont les pectines contenant des arabinanes qui sont substrat de ARAF1 *in vivo*.

**APPORTS DE MUTANTS D'*ARABIDOPSIS THALIANA* AFFECTES
DANS LA VOIE DE BIOSYNTHESE DU KDO
A LA COMPREHENSION DE LA FONCTION DU RHAMNOGALACTURONANE II**

CHEVALIER¹ Christian, LEROUGE² Patrice

(1) UMR 619, Biologie du Fruit, Institut de Biologie Végétale Moléculaire, Centre de Recherche Institut National de la Recherche Agronomique-Bordeaux, BP 81, 33883 Villenave d'Ornon cedex, France.

(2) Laboratoire de Glycobiologie et Transports chez les végétaux, UMR CNRS 6037, Institut Fédératif de Recherche Multidisciplinaire sur les Peptides 23, Université de Rouen, 76821 Mont-Saint-Aignan cedex, France.

Le Rhamnogalacturonane II (RG-II), polysaccharide hautement conservé dans de nombreuses espèces végétales, est un méga-oligosaccharide pectique complexe. Ce polymère est présent principalement dans la paroi sous une forme dimérisée *via* une liaison diester de borate. Cette dimérisation du RG-II est un processus fondamental dans la mise en place de la paroi primaire. En collaboration entre les UMR 619 de Bordeaux et UMR 6037 de Rouen, nous avons entrepris l'analyse de la voie de biosynthèse du Kdo, un des monomères rares constitutifs de ce polymère pectique, et étudié l'impact physiologique de l'inactivation de cette voie au niveau de la mise en place de la paroi primaire.

COMMUNICATIONS ORALES

par ordre de présentation

CELLULOSE AND CALLOSE BIOSYNTHESIS IN PLANTS: THE UNSOLVED QUESTIONS AND SOME ANSWERS

BULONE Vincent

Royal Institute of Technology (KTH), School of Biotechnology, AlbaNova University Centre, SE-106 91 Stockholm, Sweden

Cellulose biosynthesis is one of the most important biochemical processes in plant biology. However, it is still not well understood despite the progress made in the past years in the identification of genes that code for the catalytic subunits of the cellulose synthases and for other proteins potentially involved in cellulose formation. Cellulose synthases are large complexes particularly difficult to study using biochemical approaches because of their high instability inherent to their location in the plasma membrane. In fact, plant membrane extracts usually yield *in vitro* quantities of (1→3)- β -D-glucan (callose) but no or very little cellulose. Callose is also a polysaccharide of importance as its synthesis is essential in normal plant development and plays a central role in the plant defense response to various stresses. As for cellulose, most molecular mechanisms involved in (1→3)- β -D-glucan synthesis are not yet fully understood.

This presentation will summarise the current knowledge and the major unanswered questions related to the processes of cellulose and (1→3)- β -D-glucan synthesis (see Fig. 1 for cellulose synthesis). It will also present some of our latest results on the characterization of the cellulose and callose synthase complexes using a combination of biochemical and biophysical approaches, as well as data on the structural analyses of the polysaccharides synthesized *in vitro* in different conditions by the isolated enzymes. The significance of our recent discovery that cellulose and callose synthases are located in so-called plasma membrane microdomains or lipid rafts in different model organisms will also be discussed.

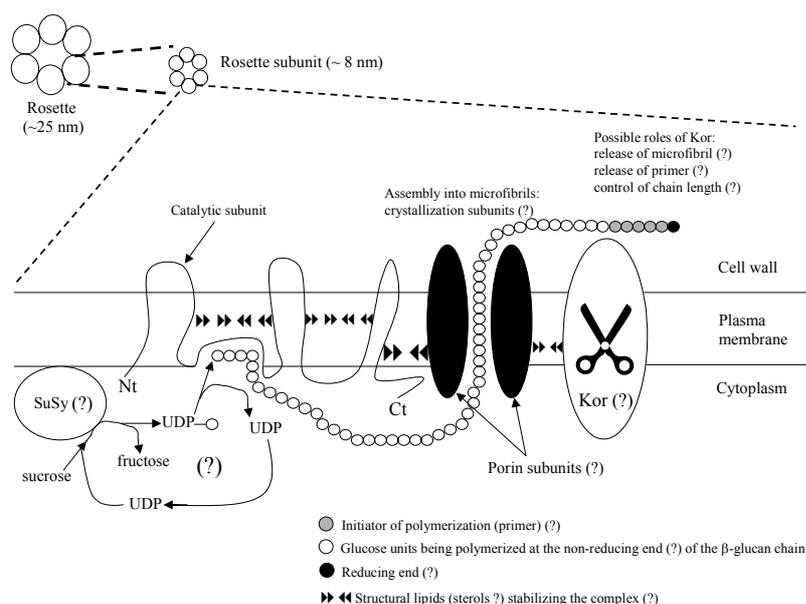


Fig. 1. Hypothetical model for cellulose biosynthesis in plants. (?) refers to aspects that remain to be clarified including (a) involvement of a primer to initiate polymerization; (b) orientation of the glucan chain being extruded; (c) mechanism of translocation of the glucan chains across the plasma membrane; (d) involvement of crystallization subunits for microfibril formation; and the roles of (e) Korrigan (Kor), (f) sucrose synthase (SuSy), (g) structural lipids. Other proteins such as regulation subunits are not represented. The stoichiometry of the different subunits in the complex is not known. (after Bulone (2006) *In "The Science and Lore of the Plant Cell Wall - Biosynthesis, Structure and Function"*, Ed. Hayashi T., BrownWalker Press, Boca Raton, FL, pp. 87-96).

CONSTRUCTION ET ORGANISATION DES ASSEMBLAGES PARIÉTAUX DANS LA TOMATE

MOÏSE Adeline¹, LAHAYE Marc¹, MARTY Isabelle², GUILLON Fabienne¹

¹ INRA, umr Biopolymères, Interactions, Assemblages, rue de la Géraudière, BP71627, 44316 Nantes cedex 03, France

² INRA, umr Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes, Domaine Saint-Maurice, BP94, 84143 Montfavet cedex, France

Chez le fruit de tomate, la texture est un critère déterminant pour son appréciation par le consommateur. Elle est actuellement définie par des perceptions sensorielles et les propriétés mécaniques des tissus. Elle dépend d'un certain nombre de facteurs : variétal, agronomique et post-récolte. L'histologie, la structure et la pression de turgescence sont des paramètres qui influencent les propriétés de la texture. Elle s'établit dès le développement précoce du fruit avec l'action d'enzymes participant à la construction des parois et se poursuit au cours de la maturation avec d'autres enzymes qui dégradent les polysaccharides et modifient leurs interactions [Brummell, 2006]. Pour comprendre les mécanismes d'élaboration de la texture, il est nécessaire de mieux définir la construction et l'organisation des parois du fruit de tomate au cours de son développement.

Des fruits de tomate (cv Levovil) ont été prélevés à plusieurs stades de développement : 7, 14, 21 jours après anthèse et aux stades vert mature, tournant orange et rouge. Nous avons analysé la composition chimique des parois et la structure chimique des polysaccharides pariétaux par des approches globales et par des empreintes enzymatiques. La localisation de ces polysaccharides a été entreprise à l'échelle tissulaire et cellulaire par immunocytochimie.

Sur la base de la teneur en rhamnose, les rhamnogalacturonanes I (RG I) sont plus présents dans les premiers stades de développement (14 et 21 jours après anthèse) et seraient partiellement dégradés par la suite. Au stade vert mature, l'augmentation de la teneur en acides uroniques indique que le dépôt des homogalacturonanes serait prépondérant à ce stade. La teneur globale en galactose diminue progressivement au cours du développement. Les résultats d'hydrolyses enzymatiques montrent que le galactane d'origine pectique baisse fortement à partir du stade tournant. Ces résultats sont confortés par des immunomarquages anti-galactanes. La diminution progressive de la teneur globale en galactose aux autres stades s'expliquerait par la présence de galactose associé à d'autres polymères pariétaux. La teneur en arabinose reste stable entre 14 jours après anthèse et le stade vert mature. Néanmoins, les résultats d'hydrolyses enzymatiques, sur cette même période, suggèrent un remodelage des arabinanes. Des variations de cinétiques de dépôt, de dégradation et/ou de modifications structurales sont aussi observées sur des hémicelluloses au cours du développement et de la maturation du fruit de tomate.

Ces résultats seront discutés en relation avec les évolutions des propriétés mécaniques connues lors de la mise en place et le remodelage des parois.

Brummell, D.A. (2006) Cell Wall Disassembly. *Functional Plant Biology* 33, 103-119

COMPORTEMENT CHROMATOGRAPHIQUE ET ANALYSE STRUCTURALE EN ESI-Q-TOF D'ARABINOXYLOSIDES. APPLICATION À L'ETUDE DES ARABINOXYLANES DANS LE GRAIN DE BLÉ PAR EMPREINTE ENZYMATIQUE

QUEMENER Bernard, JACQ Simon, GUILLON Fabienne, SAULNIER Luc

INRA, UR1268 BIA, BP 71624, 44316, Nantes, France

Les constituants majeurs du grain de blé sont l'amidon (60-70% du grain), les protéines (10-15%) alors que les polysaccharides pariétaux ne représentent que 3 à 8% de l'ensemble. Cependant cette dernière famille de composés jouent un rôle majeur dans les procédés de transformation du grain en boulangerie, brasserie et biscuiterie, de par leurs propriétés d'hydratation et de viscosité associée, ainsi qu'en nutrition humaine de par leur caractéristiques de fibres alimentaires.

Les arabinoxylanes (AX) et les β -glucanes mixtes sont les polysaccharides principaux des parois cellulaires de l'albumen du grain de blé. Les AX sont constitués d'un squelette linéaire d'unités β 1-4 D-xylose qui peuvent être libres, monosubstituées en O-3 ou disubstituées en O-2 et O-3 par de l' α L-arabinofuranose. Ces unités arabinose peuvent elles mêmes être substituées par de l'acide férulique. La structure chimique des AX varie en fonction du type de céréale ou du tissu quant au type de substitution et à la répartition des substituants, modulant leurs propriétés fonctionnelles et biologiques, notamment les interactions moléculaires avec les autres constituants de la paroi. Toute technique permettant d'élucider la structure chimique fine des AX est utile pour appréhender leur variabilité structurale. Dans ce sens une première tentative basée sur l'utilisation d'endoxylanase commerciale et associant la chromatographie ionique (HPAEC), la RMN du proton et la spectrométrie de masse ESI-Q-TOF s'est montrée intéressante pour différencier structurellement les oligoarabinoxylsides libérés [1]. Parmi les oligosides produits et purifiés par HPAEC, ceux présentant au moins une double substitution par l'arabinose ont été dans un second temps hydrolysés par une α -L-arabinofuranosidase (*Bifidobacterium adolescentis*, EC 3.2.1.55) commerciale. Les nouveaux arabinoxylsides produits et porteurs cette fois ci d'au moins une unité arabinose en O-2 (de par la spécificité d'action de l'enzyme utilisée [2]), ont été analysés par HPAEC et par spectrométrie de masse ESI-Q-TOF. Les arabinoxylsides substitués en O-2 sont séparés de leurs isomères respectifs substitués en O-3. Leurs spectres MS/MS sont également distincts. Ces deux techniques se révèlent donc complémentaires et puissantes pour la caractérisation structurale fine d'isomères d'AX se différenciant en particulier par le mode de liaison de l'arabinose en substitution (en 2 ou en 3) sur les unités xylose de la chaîne principale. En plus de l'aspect descriptif des phénomènes observés, quelques éléments d'explication de ces différences de comportement seront abordés dans cette communication. L'identification des structures est exploitée pour les approches d'empreinte enzymatique. Un exemple, montrant l'hétérogénéité de structure des AX dans l'albumen du grain de blé, sera présenté.

1. Quemener B, Ordaz-Ortiz J-J, Saulnier L (2006) Carbohydr. Res. 341 : 1834-1847

2. Van Laere KMJ., Beldman G, Voragen AGJ (1997) Appl Microbiol. Biotech. 47 : 231-235

NOUVELLES MÉTHODES D'ANALYSES DU BOIS DE LA TIGE DE CHANVRE (CHÈNEVOTTE)

BAG Rahime, DOLE Patrice, KUREK Bernard

INRA Reims – UMR FARE - 2, esplanade Roland Garros - BP 224 - 51686 Reims cedex 2

La valorisation de la chènevotte (xylème de la tige de chanvre) dans les matériaux composites implique des étapes de transformation dans lesquelles les propriétés des polymères pariétaux et leur organisation sont déterminantes.

Le travail présenté ici porte sur les effets de traitements chimiques appliqués à la chènevotte et sur les interactions entre polymères au sein de la paroi. Pour déterminer les variations de propriétés viscoélastiques, une méthodologie originale et fiable a été développée, utilisant un échantillonnage spécifique couplé à des analyses en DMA et DEA. Ces deux techniques renseignent sur la mobilité moléculaire et les relaxations structurales des polymères par l'application d'une déformation pour le DMA ou d'une tension pour le DEA pour des matériaux qui présentent un moment dipolaire permanent. Les polymères modifiés par les traitements chimiques étant les polymères amorphes de la paroi cellulaire, on s'intéresse ici plus particulièrement aux hémicelluloses et aux lignines.

La problématique qui se pose pour effectuer des mesures fiables et reproductibles de propriétés sur la chènevotte est caractéristique des échantillons biologiques : l'organisation et les structures sont différentes au sein de la paroi selon l'endroit prélevé dans la tige, et la diversité des réponses étudiées obtenues (relaxations mécanique et diélectrique, énergies d'activation mesurées) rend les interprétations difficiles pour des petites variations de propriétés. Afin de s'affranchir de l'influence de la variabilité naturelle sur celle induite par les traitements, nous avons considéré un ensemble de paires constituées des deux parties égales issues de la refente manuelle d'une même bûchette de chènevotte. Une partie de cette dernière est ainsi traitée alors que l'autre sert de témoin intact. Ce type de protocole nous a donc permis de réduire considérablement le nombre d'échantillon à étudier, et à mettre en évidence plus finement des variations de caractéristiques mécaniques après traitements.

Ainsi, nous avons pu conclure par cette approche que chaque type de traitement modifie de manière assez spécifique les propriétés de relaxation des polymères amorphes de la paroi.

SPECIFICITIES OF EUCALYPTUS LIGNINS: INVESTIGATION ON WOOD CHIPS AND KRAFT PULP

BAUMBERGER¹ Stéphanie, POLLET¹ Brigitte, GUERRA² Anderson, ARGYROPOULOS² Dimitris S, LAPIERRE¹ Catherine.

¹ UMR Chimie Biologique AgroParisTech, INRA, AgroParisTech, 78850 Thiverval-Grignon France

² Organic Chemistry of Wood Components Laboratory, Department of Forest Biomaterials Science & Engineering, North Carolina State University, Raleigh, North Carolina 27695-8005

The chemical structure of lignins in wood and pulps primarily governs delignification and bleaching processes. Whereas a comprehensive study has been recently carried out on eucalyptus dioxane lignins [1], few structural data are available on eucalyptus lignins *in situ* [2,3]. Thioacidolysis is a degradative method based on the selective cleavage of ether bonds and subsequent release of derivatized lignin fragments whose structure reflects the initial bonding pattern and functional groups. It has the main advantage to allow the *in situ* quantitative determination of units only involved in β -O-4 bonds, a parameter closely related to lignin reactivity towards physical or chemical treatments. The objective of this work was to elucidate the specificities of eucalyptus lignins by an *in situ* investigation of wood chips and corresponding kraft pulp. Additional investigation on isolated lignins allowed to focus on minor structures diagnostic of lignin reactivity. Two lignocellulosic samples submitted to a soxhlet extraction (Eucalyptus chips and kraft pulps) and their two Enzymatic Mild Acidolysis Lignin (EMAL) [4] counterparts were analyzed by thioacidolysis according to a published procedure [5]. GC-MS determination of the monomer and dimer derivatives was combined with SEC analyses of the thioacidolysis products (Fig. 1) to propose a molecular model for the native lignins and to assess the condensation and demethylation degree of the kraft residual lignins.

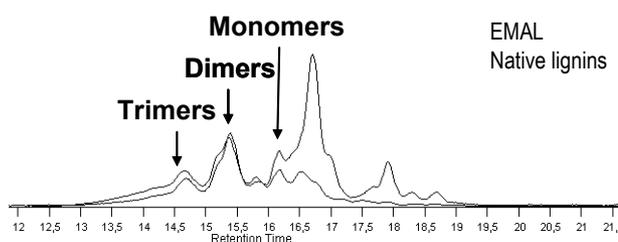
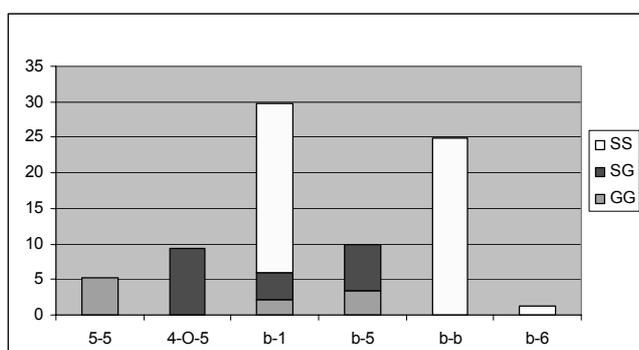


Fig. 1 Molar proportion of the main thioacidolysis dimers released from *E. globulus* wood chips (left) and SEC profile of the whole thioacidolysis extract (right).

¹ Evtuguin D, Neto CP, Silva AMS, Domingues PM, Amado FML, Robert D, Faix O (2006) J Agric Food Chem 49 (9) : 4252-4261.

² Hawkins S, Boudet A-M (1994) Plant. Physiol. 104 (1) : 78-84.

³ Rodrigues J, Meier D, Faix O, Pereira H (1999) J Anal Appl Pyrolysis 48 (2) : 121-128.

⁴ Guerra A, Filpponen I, Lucia L-A, Saquing C, Baumberger S, Argyropoulos D S (2006) J Agric Food Chem 54 : 5939-5947.

⁵ Rolando C, Monties B, Lapiere C (1992) In: S.Y. Lin and C.W. Dence, Editors, *Methods in Lignin Chemistry*, Springer-Verlag, Heidelberg, Germany, pp. 334-349.

This work was carried out within the frame of the COST E41 Action. The authors thank Stefan Willför for coordination of the "Joint analysis effort" and supply of the wood and pulp samples.

NOUVELLES APPROCHES DES LIMITATIONS DE LA BIOCONVERSION DES LIGNOCELLULOSES : RECONSTITUTION *IN VITRO* DE COMPLEXES MODELES LIGNINES – CARBOHYDRATES

BOUKARI Imen, BARAKAT Abdellatif, PUTAUX Jean Luc, CATHALA Bernard, SAAKE Bodo, REMOND Caroline, O'DONOHUE Michael et CHABBERT Brigitte

UMR FARE INRA Université Champagne/Ardenne 2, Esplanade Roland Garros, BP 224, 51690 REIMS cedex 2

Le développement de technologies enzymatiques constitue un enjeu majeur pour le fractionnement maîtrisé des ressources lignocellulosiques (biocarburants, biopolymères, synthons). L'efficacité de ces biocatalyseurs est cependant limitée par de multiples barrières liées à la nature de la biomasse lignocellulosique, riche en parois secondaires lignifiées. Les parois végétales forment en effet un réseau complexe et enchevêtré résultant de l'assemblage via des liaisons covalentes et non covalentes de divers biopolymères (cellulose, hémicelluloses, lignines...). Certains aspects physico-chimiques de la paroi végétale (contenu en lignines, réticulation par les composés phénoliques...) ont été identifiés comme des verrous à l'action *in situ* des enzymes, l'impact de l'organisation supramoléculaire du réseau pariétal sur la bioconversion a été peu étudié. Compte tenu de la complexité et la grande variabilité des parois lignifiées, nous avons développé une stratégie fondée sur l'utilisation de modèles de synthèse *in vitro* mimant l'environnement pariétal afin d'étudier l'impact de l'agencement tridimensionnel des polymères pariétaux sur la dégradation par voie enzymatique des lignocelluloses.

Notre étude, axée sur la compréhension des limitations à l'hydrolyse des parois de graminées, a principalement porté sur le mode d'action d'une endoxylanase de *Thermobacillus xylanilyticus* sur des systèmes de substrats reconstitués *in vitro* de complexité croissante [1]. La synthèse *in vitro* de complexes arabinoxylanes - lignines (DHPs) selon deux modes de polymérisation ("Zutropfverfahren", ZT et "Zulaufverfahren", ZL) a permis de conduire des complexes dont les niveaux d'organisation, les morphologies et les caractéristiques physico-chimiques (tailles de particules et masses molaires) sont différents. Ces complexes sont distinctement caractérisés par la prédominance de liaisons arabinoxylanes – DHPs covalentes dans le cas de la polymérisation ZT (générant des LCC "Complexes Lignines - Carbohydrates") et non covalentes dans le cas de la polymérisation ZL [2]. L'étude de l'hydrolyse enzymatique de ces systèmes modèles par l'endoxylanase a permis de souligner l'impact de paramètres déterminants pour la biodégradation des lignocelluloses : nature des interactions arabinoxylanes - lignines ; accessibilité et adsorption non spécifique protéine enzymatique - lignines.

- 1 Debeire-Gosselin M, Loonis M, Samain E, Debeire P (1992) Xylans and Xylanases 463-466.
- 2 Barakat A, Winter H, Rondeau-Mouro C, Saake B, Chabbert B, Cathala B (2007) *Planta* 226: 267–281

BIOSYNTHESIS OF CELULOSE AND LIGNINS IS ALTERED IN POPLARS SUBMITTED TO CLIMATIC CHANGES

CABANE Mireille¹, AFIF Dany¹, POLLET Brigitte², RICHET Nicolas¹, EL ZEIN Rana¹, HUBER Françoise³, BANVOY Jacques¹, PIREAUX Jean-Claude¹, PERRE Patrick³, DIZENGREMEL Pierre¹, LAPIERRE Catherine²

¹Equipe Ecophysiologie Cellulaire et Moléculaire, UMR 1137 INRA-UHP Nancy 1, Ecologie et Ecophysiologie Forestières, BP 239, 54506 Vandœuvre-lès-Nancy, France

²Laboratoire de Chimie Biologique, UMR 206 INRA-INA-PG, Institut National Agronomique, 78850 Thiverval-Grignon, France.

³Laboratoire d'Etudes et de Recherche sur le Matériau Bois (LERMAB), Unité Mixte de Recherche ENGREF-INRA-Université Nancy I, 14 rue Girardet, CS 4216, 54042 Nancy CEDEX, France.

The industrial development led to an increase in the concentration of atmospheric carbon dioxide but also resulted in an increase of tropospheric ozone concentrations. Analyses of historical measurements showed that the ozone concentrations at mid to high altitudes doubled during the last century. Ozone has been suggested to cause the greatest amount of damage to vegetation as compared to other gaseous pollutants. On the opposite, elevated carbon dioxide is usually observed to enhance tree photosynthesis and growth.

We investigated the effects of elevated carbon dioxide and/or ozone on cellulose and lignin biosynthesis in young poplars. In leaves, ozone stimulated lignin and cellulose biosynthesis. Stress lignins synthesized in response to ozone displayed a distinct structure, relative to constitutive lignins. All the results suggested a possible role of the cell wall in tolerance to ozone by limiting the necrosis extension. The fumigation with ozone, combined with elevated carbon dioxide, resulted in similar observations. Nevertheless, the stimulation of lignin biosynthesis was less marked than with ozone alone. Elevated carbon dioxide could lower the detrimental effect of ozone. In stems, ozone decreased lignin and cellulose biosynthesis probably due to lower availability in carbon skeletons. The modifications in cell wall component synthesis were related to anatomy modifications and some wood properties.

**PLANT CELL WALL CARBOHYDRATE SCAVENGING BY THE
PHYTOPATHOGENIC BACTERIUM *XANTHOMONAS CAMPESTRIS PV. CAMPESTRIS*:
A NEW ROLE FOR TONB-DEPENDENT TRANSPORTERS?**

BOULANGER Alice¹, DEJEAN Guillaume ¹, BLANVILLAIN Servane¹, LAUTIER Martine^{1,2}, ZISCHEK Claudine¹, CHABANNES Matthieu¹, LAUBER Emmanuelle¹, ARLAT Matthieu^{1,2}

1 : Laboratoire des Interactions Plantes-Microorganismes (LIPM), INRA-CNRS, Chemin de Borde Rouge, BP 52627, 31326 CASTANET-TOLOSAN Cedex, France

2 : Université Paul Sabatier, Toulouse III, Toulouse, France

The phytopathogenic bacterium *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (*Xcc*), causative agent of Black rot of Crucifers, possesses numerous enzymes assumed to degrade complex polysaccharides found in plant cell walls. The mining of *Xcc* genomes followed by functional analyses revealed the existence of several loci, named CUT loci, involved in the scavenging of plant carbohydrates and complex molecules of plant cell wall. These loci encompass genes coding for degradative enzymes, regulators and transporters. Their originality is based on the presence of specific outer membrane transporters of the TonB-dependent transporter (TBDT) family, which until recently, were mainly known for their involvement in iron/siderophore complexes uptake into bacteria. Our study of a particular CUT locus, required for sucrose utilization in *Xcc*, has shown that the TBDT of this locus allows the transport of this plant molecule with a very high affinity, thus extending the function of TBDT to plant carbohydrate transport [Blanvillain *et al.* (2007) PLoS ONE 2: e224]. We also observed the existence of other putative CUT loci involved in xylan or pectin utilization. More surprisingly, we also identified a network of CUT loci potentially involved in the exploitation of glycans from glycoproteins. Thus, it appears that *Xcc* possesses an impressive arsenal for degrading plant cell wall components, but also allowing the scavenging of these molecules. Interestingly, CUT loci required for plant cell wall and sucrose utilization are specific of *Xanthomonas* phytopathogenic species, thus suggesting a tight adaptation of these bacteria to the exploitation of plant molecules. However, the presence of putative CUT loci, involved in the exploitation of various plant compounds was also noticed in a wide array of bacteria, including aquatic and oligotrophic microorganisms, like *Caulobacter* spp., or living in close contact with plants such as epiphytic or rhizospheric *Pseudomonas* or *Sphingomonas* or even exploiting plant debris like *Bacteroides* spp., which are human gut symbionts. Therefore, it seems that the ability to scavenge plant derived molecules is widespread in the bacterial world and might play a major role in carbon cycling.

**CHITOSACCHARIDES ARE CELL WALL STRUCTURAL COMPONENTS
AND EXPOSED PATTERNS
OF THE PHYTOPATHOGENIC OOMYCETE *APHANOMYCES EUTEICHES***

BADREDDINE Ilham, LAFITTE Claude, CHANZY Henri, HEUX Laurent, ESQUERRE-TUGAYE Marie-Thérèse, BULONE Vincent, DUMAS Bernard, BOTTIN Arnaud

UMR 5546 CNRS-UPS "Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux", Pôle de Biotechnologie Végétale, 24 Chemin de Borde-Rouge BP 42617 Auzeville, 31326 Castanet-Tolosan, France

Chitin is an essential skeletal component of the fungal cell wall, where it forms a crystalline scaffold. Oomycetes are fungal-like microorganisms which usually contain cellulose instead of chitin. Here we present evidence that chitosaccharides are structural components of the cell wall of *Aphanomyces euteiches*, an oomycete parasite of legume plants. Biochemical analysis indicated the presence of *N*-acetyl-glucosamine that could be released by chitinase treatment of the cell walls, Wheat Germ Agglutinin labelled the cell surfaces, and growth of the microorganism was inhibited by the chitin synthase (CHS) inhibitor Nikkomycine Z. The presence of chitin in crystalline form was however not substantiated by biophysical analysis of the cell walls, from which most of the chitosaccharidic material could be solubilized by mild chemical hydrolysis, or by enzymatic hydrolysis of the other polysaccharides cellulose and (1–3) - β - glucans. This suggests that chitosaccharides are involved in cell wall function in *A. euteiches* by acting as amorphous polymers, possibly linked to the other glucans, and not as a crystalline scaffold. Survey of an *A. euteiches* EST collection allowed the identification of two CHS genes. Our data shows that chitin synthases could be potential targets in the search for antioomycete compounds, and that the involvement of cell wall chitosaccharides in plant-*Aphanomyces* interactions should be considered.

LE RHAMNOGALACTURONANE II : STRUCTURE ET FONCTIONS DANS LA MISE EN PLACE DE LA PAROI PRIMAIRE

SEVENO¹ Martial, RIHOUEY¹ Christophe, MARCHANT³ Alan, DELMAS⁴ Frédéric, CHEVALIER⁴ Christian, LEROUGE¹ Patrice

(1) Laboratoire de Glycobiologie et Transports chez les végétaux, UMR CNRS 6037, Institut Fédératif de Recherche Multidisciplinaire sur les Peptides 23, Université de Rouen, 76821 Mont-Saint-Aignan cedex, France.

(2) UR1268 Biopolymères Interactions Assemblages, 44300 Nantes, France.

(3) School of Biological Science, University of Southampton, UK

(4) UMR 619, Biologie du Fruit, Institut National de la Recherche Agronomique, Centre de Recherche Bordeaux-Aquitaine, BP 81, 33883 Villenave d'Ornon cedex, France.

Le Rhamnogalacturonane II (RG-II) est un méga-oligosaccharide complexe constitutif des pectines de la paroi primaire. Ce polymère est présent principalement dans la paroi sous une forme dimérisée *via* une liaison diester de borate. Malgré sa complexité, la structure et la dimérisation *in muro* de ce polymère sont très conservées chez les végétaux supérieurs suggérant ainsi que ce polymère complexe joue un rôle central dans la mise en place de la paroi primaire. L'objet de cette présentation est d'une part de faire le point sur les connaissances actuelles concernant la structure et les fonctions potentielles du RG-II et d'autre part de présenter les données que nous avons récemment obtenus sur les mutants AtGUT et les mutants de la voie de biosynthèse du Kdo, monomère constitutif de ce polymère pectique complexe.

CIRCULAR DICHROISM AND ELISA ASSAY OF OLIGOGALACTURONIDE CONFORMATION. MATURATION OF EGG BOXES AND CORRELATION WITH THEIR BIOLOGICAL ACTIVITY

VAN CUTSEM Pierre, BOLAND Aurélien, CABRERA Juan-Carlos

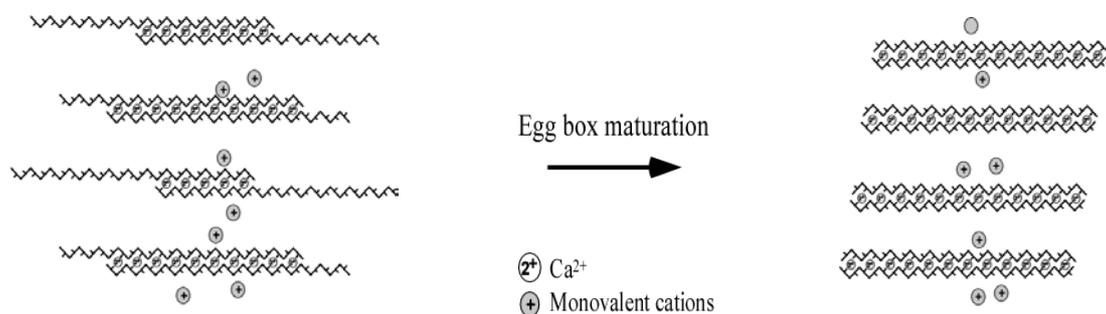
Unité de recherche en biologie cellulaire et moléculaire végétale (URBV)
Facultés Universitaires de Namur, rue de Bruxelles 61, B-5000 Namur, Belgium

Using circular dichroism spectrometry we showed the existence of a calcium/sodium induced conformational state of oligogalacturonides (OGA) that is intermediate between single isolated chains and calcium-associated multimer chains and that we interpret as egg box dimers.

Using the 2F4 monoclonal antibody that specifically binds such an egg box dimer conformation of pectin, we investigated the stability of OGA dimers over a period of several days. We observed that the extent to which egg box dimers were recognized by the antibody was dependent on temperature and duration of pre-incubation of the OGA. This suggests a “maturation” process of the egg-box structure that consists in a progressive increase in length of the junction sequences between two chains that slide along each other in order to form a maximum number of calcium bridges and dimer ends.

The maturation of egg boxes induced both a significant increase in their binding to Wall Associated Kinase 1 (WAK1) and an increased extracellular alkalinization when applied to *Arabidopsis thaliana* cell suspensions. Reduction of the reducing end of the oligogalacturonides largely diminished their eliciting activity but did not hinder neither dimerization nor binding of these end-reduced egg boxes to WAK1.

We conclude that there are at least two different perception systems for egg box dimers. One binds egg box junctions and the other one binds egg box ends. These results are relevant in terms of pectic signal perception and plant-pathogen interaction.



FONCTIONS D'UNE PECTINE METHYLESTERASE (PME) ET D'UN INHIBITEUR DE PME (PMEI) DANS LE FONCTIONNEMENT DU MERISTEME APICAL CAULINAIRE CHEZ ARABIDOPSIS

LOUVET Romain¹, PEAUCELLE Alexis², JOHANSEN Jorunn², MORIN Halima², RAYON Catherine¹, FOURNET Françoise¹, GRELET Johann¹, HÖFTE Herman², GILLET Françoise¹, LAUFS Patrick², MOUILLE Grégory², PELLOUX Jérôme¹

¹ Groupe de Génomique Fonctionnelle des Plantes, EA3900, Université de Picardie Jules Verne. 80039 Amiens, France

² Laboratoire de Biologie Cellulaire, Institut Jean-Pierre Bourgin (IJPB), INRA, 78026 Versailles, France

Les pectine méthylestérases (PME, EC 3.1.1.11) sont des enzymes impliquées dans la déméthylestérification des homogalacturonanes (HG) au sein de la paroi, conduisant à des modifications de la structure et de la charge des pectines. L'activité de ces enzymes peut être régulée par des inhibiteurs (PMEI), qui interagissent au niveau du site actif des PMEs. Si, chez Arabidopsis, les PMEs, comme les PMEIs, sont codées par des familles multigéniques, la fonction de chaque isoforme dans le développement est, pour le moment, loin d'être élucidée.

Dans le cadre d'une étude de l'expression des gènes *PMES* lors du développement de la silique, *At5g47500* a été identifiée comme étant fortement exprimée dans les bourgeons floraux [1]. L'analyse des données de microarrays montre que ce gène *PME* est coexprimé avec un gène *PMEI*, *At5g20740*, montrant la spécificité possible de couples PME-PMEI. Nous avons étudié, par fusion promoteur ::GUS, l'expression spatiale de *At5g47500* et *At5g20740*, montrant que l'activité des promoteurs était forte dans des zones très spécifiques du méristème apical caulinaire, suggérant que ces protéines pourraient avoir un rôle dans les modifications de la paroi lors du développement méristématique. L'étude de la fonction de la PME putative a été initiée par la caractérisation du mutant KO *At5g47500* dans un contexte sauvage et dans celui du mutant *bellringer (blr)*, qui présente une production anormale de primordia [2]. Ces résultats, et ceux obtenus par l'étude des surexpresses PME et PMEI ont permis de montrer que ces protéines jouent un rôle majeur dans le contrôle fin du degré de méthylestérification des HG conduisant à l'initiation des primordia.

Des résultats complémentaires concernant la localisation cellulaire de la PME et de la PMEI, la production des protéines en système hétérologue ainsi que l'interaction *in vitro* entre les deux protéines seront par ailleurs présentés et discutés.

[1] Louvet, *et al* 2006. *Planta*. 224: 782-791 ; [2] Byrne *et al.*, 2003. *Development*. 130 : 3941-3950

RELATION STRUCTURE-FONCTION DES ISOFORMES DE SCA

DANS L'ADHESION CELLULAIRE DES TUBES POLLINIQUES CHEZ LE LYS

CHAE Keun¹, ZHANG Kangling², ZHANG Li², MORIKIS Dimitrios³, KIM Suntae⁴, DE LA ROSA Noelle¹, MOLLET Jean-Claude⁵, Elizabeth M. LORD¹

¹ Center for Plant Cell Biology, ² Department of Chemistry & ³ Department of Bioengineering University of California, Riverside, CA, 92521, USA.

⁴ Environmental Biotechnology National Core Research Center, Gyeongsang National University, Jinju, 660-701, Corée du Sud.

⁵ Laboratoire de Glycobiologie et Transports chez les Végétaux, Université de Rouen, 76821 Mont Saint Aignan, France.

Au cours de la reproduction, les tubes polliniques du lys, dans le style, adhèrent sur la matrice extracellulaire des cellules épidermiques du tissu de transmission. Deux facteurs moléculaires, isolés de la paroi de ces cellules, ont été précédemment impliqués dans les mécanismes d'adhésion des tubes polliniques : SCA (Stigma/style Cysteine-rich Adhesin) et un polysaccharide pectique. SCA, une protéine de faible poids moléculaire (~ 9.4 kDa) et basique [Park *et al.*, 2000], interagit avec un polymère pectique faiblement estérifié pour former une matrice adhésive [Mollet *et al.*, 2000]. Récemment, trois isoformes de SCA ont partiellement été séparées (SCA1: 9370 Da, SCA2: 9384 Da, SCA3: 9484 Da) et deux d'entre elles (SCA1 et SCA3) ont été caractérisées par séquençage de fragments peptidiques. La modification de deux acides aminés entre SCA1 et SCA3 a été identifiée : Gly26/Arg26 et Gly71/Ala71. Les modèles de simulation en 3D indiquent que les deux isoformes de SCA ont une structure caractéristique des nsLTPs (non-specific lipid transfer proteins) de plantes : une forme globuleuse constituée de 4 hélices (H1-H4) stabilisée par 4 ponts disulfures, une longue queue dans la partie C-terminale et une cavité hydrophobe. Le remplacement de Gly26 dans SCA1 par Arg26 dans SCA3 induit l'apparition de 3 nouvelles liaisons hydrogènes avec l'Asp9 provoquant ainsi une diminution de la taille de l'hélice H1 et son rapprochement de l'hélice H2. Ce changement structural dans SCA3 induit une nette réduction du volume de la cavité hydrophobe, le rendant comparable à celui trouvé chez les nsLTPs capables d'interagir avec des lipides. La cavité dans SCA1 est ~7 fois plus grande que celle dans SCA3 et SCA1 présente une plus grande capacité, parmi les trois isoformes, à induire l'adhésion des tubes polliniques. Aucune différence dans la capacité des trois isoformes à interagir avec les polymères pectiques n'a pu être mise en évidence. Le fait que SCA1 possède une cavité hydrophobe plus large et que cette isoforme est la plus abondante dans le style laisse supposer une relation entre sa structure et son efficacité à induire l'adhésion des tubes polliniques.

Mollet J-C, Park S-Y, Nothnagel EA, Lord EM (2000) *Plant Cell* 12: 1737-1749.

Park S-Y, Jauh G-Y, Mollet J-C, Eckard KJ, Nothnagel EA, Walling LL, Lord EM (2000) *Plant Cell* 12: 151-163.

CELLULES DE BORDURE D'ARABIDOPSIS THALIANA: ORGANISATION ET ADHESION CELLULAIRE

DURAND Caroline, VICRE-GIBOUIN Maïté, DRIOUICH Azeddine

UMR CNRS 6037. IFRMP23. Plate-Forme de Recherche en Imagerie Cellulaire de Haute Normandie. Université de Rouen. 76821 Mont Saint Aignan, France

La coiffe de la racine est à l'origine de cellules métaboliquement actives capables de se détacher de celle-ci et de se disperser dans la rhizosphère. Chez *Arabidopsis thaliana*, ces cellules appelées « cellules apparentées aux cellules de bordure ou border-like cells (BLC) » ont un mode de détachement particulier. Elles ont la caractéristique d'être libérées sous forme de files de cellules superposées et adhérant les unes aux autres [1,2]. En aucun cas les cellules ne se dispersent en solution de façon individuelle comme les cellules de bordure d'autres espèces végétales telles que le pois [3]. Dans le but de caractériser l'organisation particulière des BLC nous avons, sur la base d'observation microscopique, criblé différents mutants de paroi présentant ou susceptibles de présenter des défauts d'adhésion cellulaire.

Ainsi, nous avons montré que les racines des mutants *qua1-1* et *qua2-1* (*quasimodo1* et 2, respectivement), affectées dans la synthèse des homogalacturonanes (HG) libèrent des BLC sous forme isolée, séparées les unes des autres. Ce résultat montre l'implication des pectines HG dans l'organisation particulière et la cohésion des BLC chez *A. thaliana*. De plus, la caractérisation détaillée de la composition pariétale des BLC par immunocytochimie montre que ces cellules sécrètent un épais mucilage (non observé chez le sauvage) constitué principalement de xylogalacturonanes et d'arabinogalactanes protéines.

[1] Vicré M, Santaella C, Blanchet S, Gateau A, and Driouich A (2005) *Plant Physiol.* 138: 998-1008.

[2] Driouich A, Durand C, and Vicré-Gibouin M (2007) *Trends Plant Sci.* 12(1): 14-19.

[3] Hawes M C, Brigham L A, Wen F, Woo H H, and Zhu Y (1998) *Annu. Rev. Phytopathol.* 36: 311-327.

FUNCTIONAL CHARACTERIZATION OF THE STRUCTURAL CELL WALL PROTEIN DOMAIN OF THE ARABIDOPSIS LRR-EXTENSIN PROTEIN LRX1

RINGLI Christoph

Institute of Plant Biology, University of Zurich, Zollikerst 107, 8008 ZURICH, SWITZERLAND

Extensins are a class of structural cell wall proteins that are characterized by a repetitive amino acid sequence containing the motif [Ser-Hyp₄]_n. They are often insolubilized in the cell wall, most likely to strengthen the cell wall. The exact mechanism of insolubilization of extensins has been studied *in vitro* but remains to be shown *in planta*. There is good evidence that tyrosine residues in extensins undergo oxidative crosslinking, resulting in linkages involving two to four tyrosines. It is not yet known whether the repetitive structure of extensins is crucial for their function.

We are functionally characterizing the extensin domain of LRX1 (LRR-extensin), an extracellular regulator of cell wall formation in Arabidopsis. *lrx1* mutants fail to properly develop root hairs. Complementation of the *lrx1* mutant by different modified versions of *LRX1* allows for the assessment of the activity of these proteins.

The LRX1 extensin domain consists of four different repetitive amino acid motifs. This domain is crucial for protein function since an LRX1 lacking the extensin moiety fails to complement the *lrx1* mutant. In a first step, we produced LRX1 deletion constructs in which the different repetitive extensin motifs were progressively removed. This analysis revealed that one short extensin repeat is sufficient to confer full activity to LRX1, i.e. to complement the *lrx1* mutant. Next, we assessed the importance of tyrosine residues in this “minimal extensin” domain, since tyrosines are thought to mediate cross-linking of extensin proteins. Our data indicate that LRX1 constructs lacking tyrosine residues in the extensin domain are impaired in their function. We are currently investigating the possible relationship between tyrosine residues, cross-linking, and activity of the protein in the cell wall.

Our experimental system allows characterizing the activity of an extensin domain *in planta* and provides a detailed insight into the sequence requirements for the function of a structural cell wall protein.

Baumberger N, Ringli C, Keller B, (2001) Genes & Dev 15:1128-39

Baumberger N, Steiner M, Ryser B, Keller B, Ringli C (2003) Plant J 35:71-81

EGMYB1: AN R2R3-MYB GENE INVOLVED IN THE REGULATION OF LIGNIN AND PHENYLPROPANOID BIOSYNTHESIS IN TRANSGENIC POPLAR

LEGAY^{1,2*} Sylvain, OUELLET² Mario, LEVASSEUR³ Caroline, TREMBLAY³ Laurence, GOICOECHEA¹ Monica, PAVY² Nathalie, LAPIERRE⁴ Catherine, SEGUIN³ Armand, MACKAY² John, GRIMA-PETTENATI¹ Jacqueline

1-UMR5546 CNRS-UPS, Signalisation Cellulaire chez les Végétaux, 24 Chemin du Borde Rouge, B.P. 17 Auzeville, 31326 CASTANET-TOLOSAN, France.

2- Centre d'Étude de la Forêt, Pavillon C.E. Marchand, Université LAVAL, QC, Canada.

3- Canadian Forest Service, 1055 Rue du PEPS, QC, Canada.

4- INRA-INAPG 78850 Thivernal-Grignon, France.

R2R3-Myb transcription factors have been shown to play important roles in regulating plant specific biological processes including the phenylpropanoid pathway. Indeed, the majority of the promoters of genes encoding phenylpropanoid and lignin biosynthesis enzymes contain Myb consensus binding sites.

We investigated the function of an R2R3-Myb isolated from *Eucalyptus gunnii* xylem (*EgMYB1*), which shows sequence similarity to several R2R3 MYB acting as negative transcriptional regulators of phenylpropanoid genes (*AtMYB4*, *AmMYB308/330*). In *Eucalyptus*, *EgMYB1* is strongly and preferentially expressed in the secondary xylem of both stems and roots, and moderately expressed in leaves. In order to gain insights into the role of *EgMYB1 in planta*, it was ectopically expressed in poplar, under the control of the CaMV 35S promoter. Several of the transgenic poplar lines showed decreased height growth and altered lignin content. In order to identify genes whose expression is modified in response to *EgMYB1's* overexpression, comparative transcript profiling of the vascular tissues (xylem/bark) from control and transgenic trees was conducted using a 3K custom poplar cDNA microarray. These results pointed out that several genes related to lignin biosynthesis were differentially expressed in the transgenic plants. The monolignol biosynthetic pathway was investigated in more detail by analysing the transcript level of all its known genes by quantitative RT-PCR. The results indicate that *EgMyb1* is a negative regulator of the phenylpropanoid pathway and alter lignin biosynthesis.

WHY SO MANY FASCICLIN-LIKE ARABINOGALACTAN PROTEINS IN POPLAR TENSION WOOD?

TAKEUCHI Miyuki^{1,2}, DEJARDIN Annabelle¹, LEPLÉ Jean-Charles¹, LAURANS Françoise¹, MILLET Nadège¹, MOREAU Alain¹, LESAGE-DESCAUSES Marie-Claude¹, BOIZOT Nathalie¹, AGUIE-BEGHIN Véronique², CHABBERT Brigitte², PILATE Gilles¹

1. INRA, Amélioration Génétique et Physiologie Forestières, Orléans, BP 20619 Ardon, 45166 Olivet, France

2. UMR 614, INRA-URCA Fractionnement des AgroRessources et Emballage (FARE), 2 Esplanade R. Garros, BP 224, 51686 Reims cedex 2 France

Tension wood develops on the upper side of leaning stems or branches in Angiosperm trees, in response to mechanical stress. In Poplar, it is mainly characterised by xylem fibers with an extra thick gelatinous secondary layer (G layer) in their lumen. This G layer contains almost exclusively cellulose microfibrils with very high cristallinity, oriented nearly parallel to the fiber axis. These specific features are thought to be involved in the particular mechanical properties of tension wood.

Our previous work showed that 10 poplar genes encoding fasciclin-like arabinogalactan-proteins (PopFLAs) were highly expressed in the xylem of tension wood [1,2]. These genes code for a specific class of arabinogalactan-proteins (AGPs) containing a fasciclin (FAS)-like domain surrounded by two AGP- like domains. The FAS domain is well conserved among the 10 genes, which can be however divided into two groups based on the AGP domain sequences. FAS is supposed to be important in protein-protein and/or protein-carbohydrate interactions. In addition, all 10 PopFLAs have a signal peptide for secretion, whereas a C-terminal signal for GPI-anchorage was found in 4 of them.

In order to unravel the function of these cell wall proteins during tension wood formation, we selected two PopFLAs (PopFLA1 and 8), differing in their AGP domains, and produced antibodies against the recombinant proteins. Detailed studies were performed at the protein level using both Western blot and immunocytochemistry techniques. They showed that PopFLA are very abundant proteins in tension wood xylem and developing G-layers were strongly labelled using anti-PopFLA antibodies. RNAi or over-expressing transgenic poplars were also produced for both *PopFLA1* and *8* genes. The impact of these genetic modifications on plant development and cell wall structures is currently under investigation, and will bring useful information on the putative function of PopFLAs.

[1] Déjardin A, Leplé JC, Lesage-Descauses MC, Costa G, Pilate G (2004) *Plant Biology* 6: 55-64

[2] Lafarguette F, Leplé JC, Déjardin A, Laurans F, Costa G, Lesage-Descauses MC, Pilate G (2004) *New Phytologist* 164: 107-121

INTERACTIONS BETWEEN PROCYANIDINS AND APPLE CELL WALLS : THE IMPACT OF OXIDATION

LE BOURVELLEC¹ Carine, GUYOT² Sylvain, RENARD¹ MGC Catherine

1- UMR A408 Sécurité et Qualité des Produits d'Origine Végétale, INRA, Université d'Avignon, 84000 Avignon, France. 2-INRA-Unité de Recherches Cidricoles, Domaine de la Motte, BP 35327, 35653 Le Rheu Cedex, France. carine.lebourvellec@avignon.inra.fr

Introduction : The complexation of polyphenols with polysaccharides plays an important role in regulating the phenolic pool in apple juice and cider but only little data is available on the quantitative aspects of this reaction. Procyanidins are oligo or polymeric polyphenols, and bind spontaneously and instantaneously to apple cell walls through H-bonds and hydrophobic interactions [1,2]. The amounts of bound procyanidins and the affinity constants are strongly influenced by their size. The intensity of the binding also depends on physico-chemical conditions and on the nature and state of the cell wall polymers [3,4]. We now investigate the influence of oxidation on the binding, and the behaviour of cell wall–procyanidin adducts in extraction of polysaccharides. Oxidation could modify the affinity of the molecules for cell walls, or quinones could form covalent bonds with cell wall polymers. To investigate both mechanisms, we chose to use two distinct procedures, in which the procyanidins were either oxidised (chemically) then brought in contact with the cell walls, or oxidised in presence of the cell walls.

Materials and Methods : Cell walls were isolated from fresh ripe apples using the phenol: buffer method [1]. Procyanidins were extracted from freeze-dried parenchyma of two apple cultivars (Avrolles and Marie Ménéard) by water: acetone after methanol pretreatment [1]. They were oxidised using the o-quinone of caffeoylquinic acid, at a molar ratio of 1 for 4 epicatechin units, in citrate / phosphate buffer pH 3.8 or in a suspension of apple cell walls (20 g/L) in the same buffer [5]. A blank (quinone with cell wall) was carried out. For non-covalent binding, native or oxidised tannins (5 g/L) were incubated for 1h with a cell wall suspension (20 g/L, in citrate/phosphate buffer pH 3.8) [1,2]. All cell wall / tannin complexes were collected by filtration on G3 sintered glass filters followed by rinsing with distilled water and freeze-drying. Polyphenols were analysed by HPLC-DAD after thioacidolysis [5]. Cell wall material and cell wall material / procyanidins complexes were sequentially extracted by ammonium oxalate, pectin lyase, and NaOH 4M.

Results and Discussion : The apple extracts contained 22 and 25% of flavan-3-ols with average degrees of polymerisation (DPn) of 13 (Marie Ménéard) and 55 (Avrolles); procyanidins represented > 95% of the polyphenols present. After incubation, weight gains of the cell walls were of 22% and 20% with native polyphenols of DPn 13 and 55, respectively, 24% and 25% with oxidised polyphenols, 28 and 29% when polyphenols were oxidised in presence of cell walls. Procyanidin contents of the cell walls varied between 139 and 84 mg/g; they were lower for the oxidised polyphenols, but after oxidation only ½ of the phenolic material present could be accounted for by thioacidolysis. The DPn of the bound procyanidins were higher than those of the initial material, as already seen for native procyanidins. In the presence of native procyanidins, less pectins could be extracted by oxalate, and their degree of methylation were also much lower. These effects were further enhanced for cell wall that have been pre-incubated with oxidized procyanidins, and also when procyanidins were oxidized during their incubation with cell wall material. The procyanidins adsorption on pectins limited their depolymerization by pectin lyase so that less pectins were extracted and they were more strongly methylated. The procyanidins affinity for pectins also led to an enrichment in pectins of the hemicellulosic fraction.

- 1- Renard C.M.G.C., Baron A., Guyot S., Drilleau J.-F. (2001). *Int. J. Biol. Macromol.*, 29 : 115-125.
- 2- Le Bourvellec C., Guyot S., Renard C.M.G.C. (2004). *Biochim Biophys Acta*, 1672 : 192-202.
- 3- Le Bourvellec C., Renard C.M.G.C. (2005). *Biochim Biophys Acta*, 1725 : 1-9.
- 4- Le Bourvellec C., Bouchet B., Renard C.M.G.C. (2005). *Biochim Biophys Acta*, 1725 : 10-18.
- 5- Le Bourvellec C., Le Quéré J.M., Sanoner P., Guyot S., Drilleau J.F. (2004). *J. Agric. Food Chem.*, 52 : 122-130.
- 6- Guyot S., Marnet N., Drilleau J.F. (2001). *J. Agric. Food Chem.*, 49 :14-20.

PAROIS VÉGÉTALES DES FEUILLES DE THÉ : INFLUENCE DURANT L'INFUSION ?

MOSSION^{1,2} Aurélie, POTIN-GAUTIER² Martine, BEHRA¹ Philippe

1 : Université de Toulouse - UMR1010 Chimie Agro-Industrielle, ENSIACET, INPT, INRA, 118 route de Narbonne, Toulouse, France

2 : Laboratoire de Chimie Analytique Bio-Inorganique et Environnement (LCABIE), UMR 5254 IPREM-UPPA/CNRS, Pau, France

Le thé, boisson la plus consommée après l'eau, est considéré comme possédant de nombreuses propriétés thérapeutiques. La composition chimique des eaux utilisées pour préparer les infusions, en particulier la dureté des eaux (notamment la concentration en calcium, magnésium), est connue pour modifier l'extraction des composés organiques [Spiro & Price, 1987] et minéraux [Moission *et al.*, 2008]. Les mécanismes physico-chimiques liés à ces modifications sont encore peu connus et font l'objet de cette étude.

Quatre thés noirs et deux thés verts ont été utilisés. Les liqueurs ont été préparées en utilisant quatre eaux : une eau ultra-pure (A), et trois eaux minérales naturelles (B, C et D, contenant 1,2 mg L⁻¹, 11,5 mg L⁻¹ et 202 mg L⁻¹ de calcium, respectivement). Les eaux ont été chauffées à 95 °C avec une durée d'infusion de 3 min. La composition en éléments minéraux (Al, Ca, Cu, Fe, Mn, Zn) des feuilles et des liqueurs a été, après minéralisation, mesurée par spectrométrie d'émission atomique à plasma induit (ICPAE). Le carbone organique dissous a été déterminé à l'aide d'un COT-mètre.

Le pH des infusions était soit acide (5,5) pour les eaux A, B et C, non tamponnées ou possédant un faible pouvoir tampon, soit neutre (7,5) pour l'eau D possédant un fort pouvoir tampon et une forte alcalinité. Nous avons observé que plus la teneur en calcium de l'eau est élevée plus l'extraction des éléments est faible. Par exemple, les concentrations en aluminium dans les infusions préparées avec l'eau D étaient presque deux fois plus faibles que celles obtenues avec l'eau A (1,0 mg L⁻¹ contre 1,8 mg L⁻¹). Par ailleurs, avec une eau fortement minéralisée, la teneur en calcium des infusions était inférieure d'environ 30 % à celle de l'eau initiale. Le calcium semble donc être retenu par les feuilles durant l'infusion par différents mécanismes, *e.g.* adsorption, absorption, complexation. Parmi les composés de la feuille, les pectines des parois pourraient être responsables de cette rétention. En effet, ces macromolécules possèdent une forte affinité pour cet élément. L'identification et la quantification de ces mécanismes restent à déterminer.

Moission, A., Potin-Gautier, M., Delerue, S., Le Hécho, I. & Behra, P. (2008) Effect of water composition on aluminium, calcium and organic carbon extraction in tea infusions *Food Chem.*, 106 (4): 1467-1475.

Spiro, M. & Price, W. E. (1987) Kinetics and equilibria of tea infusion. Part 6. The effects of salts and of pH on the concentrations and partition constants of theaflavins and caffeine in Kapchorua Pekoe Fannings *Food Chem.*, 24 (1): 51-61.

ORIGINE DE LA VARIABILITE PHYSICO-CHIMIQUE ET RHEOLOGIQUE DES ULVANES, POLYSACCHARIDES DE LA PAROI DES ALGUES VERTES

ROBIC Audrey^{1,2}, SASSI Jean-François¹, LAHAYE Marc²

¹CEVA, BP3, Pleubian, France

²INRA, BIA, BP 71627, 44316 Nantes, France

Les algues vertes appartenant aux genres *Ulva* et *Enteromorpha* sont communes à travers le monde. Elles sont récoltées pour la consommation comme algues alimentaires mais sont aussi localement à l'origine de proliférations sous la forme de « marées vertes ». Divers travaux sur la composition de ces algues ont montré leur richesse en polysaccharides offrant des perspectives de valorisation «Lahaye & Robic, 2007». Les ulvanes sont les principaux polysaccharides hydrosolubles. Leur structure complexe comprend des acides uroniques et des oses sulfatés distribués dans des motifs répétés. Les principaux motifs sont composés de α -L-rhamnose 3-sulfate lié à de l'acide β -D-glucuronique ou de l'acide α -L-iduronique « McKinnel & Percival, 1962 ; Quemener *et al.*, 1997 ».

Dans une perspective d'exploitation de la biomasse d'algues vertes pour la production d'ulvanes, nous nous sommes intéressés à l'impact de la période de collecte ainsi que du mode de stabilisation des Ulves sur les caractéristiques physico-chimiques et rhéologiques de ces polysaccharides. Le suivi saisonnier avait pour objectif d'évaluer l'impact de différents états de croissance et de reproduction des algues sur le rendement et les caractéristiques des ulvanes.

Des ulves (*U. armoricana*) ont été collectées chaque mois pendant une année et les algues d'une collecte ont subi différents traitements de conservation (traitements physiques : congélation et séchage, traitements chimiques : salage et saumurage). Les résultats indiquent que la saison et surtout le mode de stabilisation de la biomasse ont un impact sur les caractéristiques physico-chimiques et rhéologiques des ulvanes. L'effet de la saison sur des algues collectées dans la colonne d'eau est atténué par rapport à des algues accrochées à un substrat. Il concerne essentiellement le rendement en ulvanes et leurs caractéristiques macromoléculaires (distribution, viscosité, gel) plutôt que leur composition et structure. Un traitement de stabilisation rapide après la collecte des algues est nécessaire si des ulvanes développant des caractéristiques gélifiantes maximales sont recherchées. Toutefois, un compromis est nécessaire entre les caractéristiques rhéologiques et le rendement d'extraction. Ces résultats permettent d'émettre un certain nombre de recommandations pour l'exploitation de la biomasse d'*Ulva armoricana* comme source d'ulvanes.

Lahaye M, Robic A (2007) *Biomacromolecules* 8 (6) :1765-1774.

McKinnel J.P., Percival E (1962) *J. Chem. Soc.* 2082-2083.

Quemener B, Lahaye M, Bobin-Dubigeon C (1997) *J. Appl. Phycol.* 9 : 179-188.

AFFICHES

par ordre alphabétique

Le numéro accolé au titre correspond au numéro du poster.

1. CARACTERISATION DES FIBRES PHLOEMIENNES DE CHANVRE (*CANNABIS SATIVA*) EN VUE DE LEUR UTILISATION DANS DES MATERIAUX COMPOSITES

ABOT Audrey, THIBAUT Florence, LEMOINE Rémi, DEDALDECHAMP Fabienne

Laboratoire de Physiologie Moléculaire du Transport des Sucres chez les Végétaux, PhyMoTS, FRE 3091, Université de Poitiers, SFA, Bât. Botanique, 40 avenue du recteur Pineau, 86022 Poitiers cedex.

L'objectif de notre étude est d'évaluer les possibilités de remplacer les fibres synthétiques dans des matériaux composites par des fibres longues de chanvre (*Cannabis sativa*). Ces matériaux sont de plus en plus utilisés dans les industries du transport aéronautiques et nautiques, pour leur légèreté, leur rigidité et leurs bonnes résistances mécaniques. Les fibres de verre ou de carbone utilisées, actuellement, dans ces matériaux présentent de nombreux inconvénients en matière de respect de l'environnement et au niveau de leur éco-bilan. C'est pourquoi l'utilisation de fibres végétales présente un intérêt tout à fait particulier dans une optique de développement durable.

Optimiser la sélection des fibres longues est l'un des aspects de ce travail. Pour cela les fibres phloémiennes sont analysées en fonction de différents paramètres comme la zone de prélèvement, la période de récolte et une irrigation ou non des cultures. La répartition des fibres varie en fonction de la hauteur de la tige ; le nombre de fibres étant plus important à la base et réparti sur plusieurs anneaux. Une analyse de la composition des parois sera réalisée en fonction de la place des fibres *in planta* et sera mise en relation avec les propriétés mécaniques. Les résultats obtenus en FT-IR et en microscopie, notamment, confocale seront présentés.

Partenaires : Laboratoire de Mécanique et de Physique des Matériaux UMR CNRS 6617 ENSMA Chasseneuil/Futuroscope ; CRITT matériaux Rochefort ; VALAGRO Poitiers ; Provaleic et le Chanvre Mellois.

Financement : Région Poitou-Charentes, ADEME.

2. CARACTÉRISATION DE PLANTES DE LIN (*Linum usitatissimum* L.) SOUS-EXPRIMANT UNE BETA-XYLOSIDASE

ADDI¹ Mohamed, DAY¹ Arnaud, CRONIER² David, GREC¹ Sébastien, NEUTELINGS¹ Godfrey, CHABBERT² Brigitte, RIHOUEY³ Christophe, LEROUGE³ Patrice, HAWKINS¹ Simon

1 : UMR 1281, USTL-INRA Stress abiotiques et différenciation des végétaux cultivés, UFR de Biologie, Université des Sciences et Technologies de Lille, 59655 Villeneuve d'Ascq, France. 2 : UMR 614, INRA-URCA Fractionnement des AgroREssources (FARE), Equipe Structures et Propriétés des Parois secondaires, 2 Esplanade R.Garros, BP 224, 51686 Reims, France. 3 : UMR CNRS 6037, IFRMP23, Université de Rouen, Mont Saint Aignan 76821, France.

Les fibres externes (« bast fibers ») de lin (*Linum usitatissimum* L.) sont riches en cellulose, hypolignifiées, et possèdent de nombreuses qualités physico-chimiques et mécaniques ce qui explique leur utilisation traditionnelle dans l'industrie textile. Actuellement, des inquiétudes concernant l'épuisement des réserves pétrolières et le réchauffement de la planète sont responsables d'un intérêt renouvelé pour l'utilisation de fibres végétales dans l'élaboration des agro-matériaux (matériaux composites). Dans ce contexte, les propriétés physico-chimiques et mécaniques des fibres de lin présentent également un intérêt pour les agro-matériaux. Cependant, le développement des agro-matériaux performants (et l'amélioration de textiles utilisant des fibres naturelles) nécessite une meilleure compréhension des facteurs biologiques et environnementaux contrôlant la formation et le développement des fibres de lin. Pour répondre à ces questions, nous utilisons des approches de génomique globale (ESTs, micro-arrays) ainsi qu'une stratégie de génomique fonctionnelle. Ces approches nous ont permis d'identifier une séquence fortement représentée dans les ESTs et qui correspondra à un seul gène potentiellement codant une beta-xylosidase. Notre affiche présentera des analyses préliminaires de plantes de lin sous-exprimant le(s) gène(s) beta-xylosidase. Le rôle potentiel de l'enzyme correspondante dans l'élaboration de la paroi cellulaire chez le lin sera discuté.

3. MODÈLES DE STRUCTURE DES PAROIS LIGNO-CELLULOSIQUES

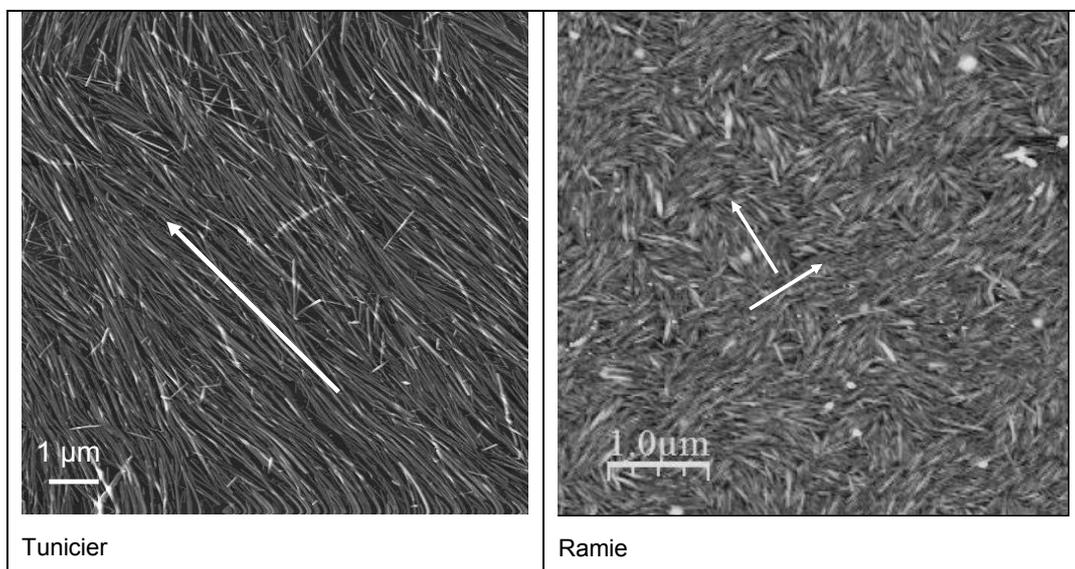
AGUIE-BÉGHIN Véronique¹, MOLINARI Michaël², FOULON Laurence¹, TAKEUCHI Miyuki¹, CRÔNIER David¹, DOUILLARD Roger¹, CHABBERT Brigitte¹

¹ UMR Fractionnement des Agro-Ressources et Environnement (INRA/URCA), CREA 2 Esplanade R. Garros, 51686 Reims

² LMEN Microscopies et Etude de Nanostructures, URCA, 21 Rue Clément Ader, 51685 Reims

Afin de décrire la structure et la réactivité des parois lignifiées et d'individualiser les mécanismes mis en jeu, deux approches modèles sont menées, l'une en système isotrope, l'autre en système bidimensionnel anisotrope. Cette dernière consiste à développer des monocouches de monocristaux de cellulose orientés, représentatives des strates successives de microfibrilles de cellulose dans la paroi secondaire. Les méthodologies mises en œuvre pour orienter les monocristaux dans la monocouche sont le champ électrique et la technique de Langmuir-Blodgett [1,2]. Certaines conditions étudiées ont permis d'obtenir une orientation des monocristaux sur des surfaces à l'échelle millimétrique et seront développées.

Ces monocouches de cellulose sont ensuite utilisées pour étudier à l'échelle moléculaire les interactions cellulose/autres polymères des parois tels que des hémicelluloses (galactanes, glucomannanes) et évaluer l'impact de l'orientation de la cellulose sur l'organisation et les propriétés de ces polymères amorphes. Les méthodologies actuellement mises en œuvre pour caractériser ces surfaces sont la réflectivité (ellipsométrie) et la microscopie à force atomique.



[1] Habibi, Y., Foulon, L., Aguié-Béghin, V., Molinari, M. and Douillard, R. (2007) Langmuir-Blodgett films of cellulose nanocrystals : preparation and characterization, *J. Coll. Interface Sci.*, 316, 388-397.

[2] Aguié-Béghin, V., Molinari, M., Hambardzumyan, A., Foulon, L., Habibi, Y., Heim T., Blossey R. and Douillard R. Development of oriented cellulose surfaces from nanocrystals (soumis).

4. LA SUR-EXPRESSION DE FACTEURS MYB D'*Eucalyptus* MODIFIÉ

LA FORMATION DES TISSUS VASCULAIRES

ET LA LIGNIFICATION CHEZ *Arabidopsis thaliana*

BAGHDADY^{1,2} Ahmad, BLERVACQ² Anne-Sophie, POLLET³ Brigitte, LAPIERRE³ Catherine, TACONNAT⁴ Ludivine, RENO⁴ Jean-Pierre, GRIMA-PETTENATI¹ Jacqueline, HAWKINS² Simon, SIVADON¹ Pierre

1: UMR 5546 Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux, Pôle de biotechnologie végétale, 24 chemin de Borde-Rouge, BP 42617, Auzeville-Tolosane, 31326 Castanet-Tolosan, France. 2: UMR USTL INRA 1281, Stress abiotiques et différenciation des végétaux cultivés, Université des Sciences et Technologies de Lille, Bâtiment SN2, F-59650 Villeneuve d'Ascq cedex, France. 3: Laboratoire de Chimie Biologique, INRA-Agro Paris Tech, 78850 Thiverval-Grignon, France. 4: Unité de Recherche en Génomique Végétale (URGV) ; UMR INRA 1165-CNRS 8114- UEVE ; 2 Rue Gaston Crémieux, 91057 Evry Cedex, France.

Le dépôt de lignines dans les parois végétales est un processus finement contrôlé dans l'espace et dans le temps. Il met en jeu une régulation transcriptionnelle des gènes de la voie de biosynthèse de ces polymères phénoliques. Afin d'approfondir nos connaissances sur les rôles des facteurs de transcription de type MYB dans le contrôle de la lignification, nous avons réalisé une étude fonctionnelle, chez *Arabidopsis thaliana*, de deux facteurs MYB (*EgMyb1*, *EgMyb2*) préférentiellement exprimés dans le xylème d'*Eucalyptus*. Des analyses histologiques et chimiques ont montré l'absence de xylème secondaire chez les plantes sur-exprimant le facteur *EgMyb1*, associée à i) l'absence de fibres interfasciculaires, ii) à la présence de cellules xylémiennes présentant un phénotype « irx » (irregular xylem), ainsi qu'à iii) une diminution de la quantité de lignine. En revanche, les mêmes analyses chez les plantes sur-exprimant le facteur *EgMyb2* ont révélé une diminution de la quantité de tissus parenchymateux, associée à une augmentation de la quantité de lignine dans les hampes florales de plantes âgées de 2 mois. Des analyses transcriptomiques par micro-arrays ont mis en évidence des modifications dans l'expression de plusieurs milliers de gènes. Un tri bioinformatique basé sur la représentativité des processus biologiques affectés (classification GO) a permis l'identification de 127 gènes (sur-expression *EgMyb1*) et 110 gènes (sur-expression *EgMyb2*) dont l'expression est modifiée d'une façon significative et qui peuvent être mis en rapport avec les phénotypes observés. L'ensemble de ces résultats conforte les rôles proposés d'activateur transcriptionnel de la voie de biosynthèse des lignines pour *EgMyb2* et de répresseur pour *EgMyb1*.

5. ETUDE COMPARATIVE DU METABOLISME PARIETAL CHEZ DES LIGNEES DE POIS AU COURS DE L'ACCLIMATATION AU FROID

⁽¹⁾ BALDWIN Laëtitia, ⁽²⁾ LUCAU Anca, ⁽¹⁾ GILLET Françoise, ⁽¹⁾ RAYON Catherine, ⁽¹⁾ PELLOUX Jérôme, ⁽²⁾ LEJEUNE-HENAUT Isabelle

⁽¹⁾ Groupe de Génomique Fonctionnelle des Plantes, EA3900, Biologie des Plantes et Contrôle des Insectes Ravageurs, Université de Picardie Jules Verne, 80039 Amiens.

⁽²⁾ UMR USTL/INRA 1281 Stress Abiotiques et Différenciation des Végétaux Cultivés, Université des Sciences et Technologies de Lille 1, 59655 Villeneuve d'Ascq. INRA, Estrées-Mons, BP 50136, 80203 Peronne

Les parois des cellules végétales jouent un rôle essentiel au cours du développement de la plante mais aussi en réponse à des stress biotiques ou abiotiques tels que le froid. Si les effets du froid sur le métabolisme des plantes ont été abordés à plusieurs niveaux (photosynthèse, membranes, sucres solubles...), les travaux concernant la réponse du métabolisme pariétal à cette contrainte sont au contraire peu développés. Ceci est d'autant plus surprenant que la paroi constitue la première barrière de la cellule vis-à-vis de l'environnement.

Nous nous sommes intéressés à étudier de manière globale les effets du froid sur la structure et la composition de la paroi chez le pois. Une approche multidisciplinaire (chimie, biologie, biologie moléculaire, cytologie, génétique quantitative) est menée sur des lignées de pois (*Pisum sativum* : Champagne, Térése) ayant des tolérances au gel contrastées après une période d'acclimatation au froid. L'échantillonnage des plantes est réalisé à différents stades de développement au cours de deux expérimentations comparatives, avec vs sans période d'acclimatation au froid avant le gel. Des résultats préliminaires d'analyses du transcriptome, en utilisant les microarrays du programme européen GLIP, sur les deux lignées de pois révèlent une régulation de certains gènes codant des enzymes pariétales en réponse au froid. Ces résultats nous ont conduits à étudier les effets du froid sur l'activité de certaines enzymes pariétales telles que les polygalacturonases, les pectine méthylestérases, les xyloglucanes endotransglucosylases. L'analyse de la composition pariétale en monosaccharides neutres, réalisée par chromatographie en phase gazeuse, est en cours sur Champagne et Térése. Des dosages de la teneur en résidus uroniques et le degré de méthylesterification des pectines seront aussi réalisés.

Toutes ces données permettront d'appréhender d'un point de vue global, à un niveau quantitatif et qualitatif, les effets du froid sur la paroi végétale chez le pois. Les paramètres les plus discriminants entre les deux lignées seront retenus dans une stratégie de cartographie de QTL. Ces approches aboutiront à la recherche de gènes candidats « paroi » impliqués dans le déterminisme de l'acclimatation au froid chez cette espèce.

6. IDENTIFICATION ET CARACTERISATION DE LACCASES POTENTIELLEMENT IMPLIQUEES DANS LA LIGNIFICATION CHEZ ARABIDOPSIS

BERTHET¹ Serge, THEVENIN¹ Johanne, CAULET¹ Nathalie, POLLET² Brigitte, LAPIERRE² Catherine, JOUANIN^{1*} Lise

¹Biologie Cellulaire, INRA, Route de saint Cyr, 78026 Versailles, France

²Chimie Biologique, INRA-AgroParisTech, 78850 Thiverval-Grignon, France

La lignine est un biopolymère phénolique complexe formé principalement de trois alcools hydroxycinnamyliques, les monolignols. Ces monolignols sont transportés à la paroi où ils subissent une polymérisation oxydative. Des peroxidases et/ou des laccases sont responsables de cette polymérisation. Les laccases sont des phénol oxydases oxygène dépendantes. Chez Arabidopsis, elles constituent une famille multigénique de 17 gènes.

L'établissement des profils d'expression dans les différents organes d'Arabidopsis ont permis d'identifier 8 gènes codant pour des laccases fortement exprimés dans la tige florale.

Des mutants par insertion de l'ADN-T, homozygotes nuls pour ces gènes (*LAC2*: At2g29130, *LAC4*: At2g38080, *LAC5*: At2g40370, *LAC6*: At2g46570, *LAC10*: At5g01190, *LAC11*: At5g03260, *LAC12*: At5g05390, *LAC17*: At5g60020), ont été identifiés dans les différentes collections (Versailles, SALK, GABI). Ces mutants n'ont pas de phénotype en serre et présentent peu de modifications significatives de leurs lignines au niveau quantité et composition.

L'activité laccase (utilisation de ABTS comme substrat) a été déterminée dans des extraits protéiques de tiges d'Arabidopsis partiellement purifiés (après colonne d'affinité Concanavaleine A et colonne échangeuse d'ions CM-sépharose). Cette activité est réduite chez certains mutants.

Dans l'hypothèse de la redondance des gènes laccases, des croisements entre mutants montrant une activité réduite ont été réalisés. Les caractéristiques des lignines des double mutants homozygotes pour 2 mutations seront déterminées. De plus, des lignées d'Arabidopsis surexprimant *LAC4* sous le contrôle du promoteur 35S du CaMV sont en cours d'obtention. L'objectif de ce travail est de purifier une laccase afin de vérifier sa capacité à polymériser des monolignols in vitro.

Ces différentes expériences devraient permettre de déterminer l'importance des laccases dans la lignification.

7. DYNAMICS AND REGULATION OF CELLULOSE SYNTHESIS MACHINERY

CROWELL¹ Elizabeth, BIOT^{1,2} Eric, BISCHOFF¹ Volker, DESPREZ¹ Thierry, MAURIN² Yves, ANDREY² Philippe, HOFTE¹ Herman, GONNEAU¹ Martine, VERNHETTES¹ Samantha

¹ - Laboratoire de Biologie Cellulaire, Institut Jean-Pierre Bourgin, INRA, Route de St Cyr, 78026 Versailles, France

² - AMIB, INRA, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas, France

Cellulose is an essential component of the plant cell wall and is synthesized by high molecular weight complexes present in the plasma membrane. The deposition of cellulose microfibrils is precisely regulated and plays a key role in growth and development through modification of the mechanical properties of the cell wall. Genetic and biochemical studies have shown that three non-redundant cellulose synthase catalytic subunits (CESA), CESA1, CESA3, and CESA6-like, are required components of the primary cell wall cellulose synthesis complex (reviewed by Somerville 2006). However, their organization in the complex, their cellular and developmental dynamics, and the mechanisms that regulate their activity are poorly understood. The role of other proteins essential for cellulose synthesis, namely the membrane-bound endo- β -1,4-glucanase KORRIGAN1 (KOR1) (Nicol et al., 1998), also remains to be defined. We have generated Arabidopsis plants expressing functional GFP-CESA3, GFP-CESA6 and GFP-KOR1 fusion proteins, allowing the intracellular distribution and movement of cellulose synthase complexes and KOR1 to be observed in vivo for the first time (Desprez et al., 2007, Robert et al., 2005). In order to explore the role of phosphorylation in the activity of KOR1 and the CESA6-like isoform CESA5, we have also generated Arabidopsis plants expressing GFP-KOR1 and CESA5 mutated in highly conserved phosphorylation sites identified through phosphoproteomics (Nühse et al., 2004). In order to explore the developmental and environmental regulation of GFP-tagged CESA and KOR1, we are developing novel quantitative image analysis software (Free-D) to model their intracellular distribution and trafficking. Together, these studies should provide a first glimpse of the complex regulatory system controlling cellulose deposition in the plant primary cell wall.

Nicol et al. (1998) EMBO J. 17, 5563-5576.

Robert et al (2005) Plant Cell 17, 12, 3378-3389

Somerville (2006) Annu. Rev. Cell. Dev. Biol. 22, 53-78.

Desprez et al (2007) PNAS 104, 39, 15572-15577.

8. IDENTIFICATION DU REGULATEUR DE REPONSE AU XYLANE ET DE SES DERIVES CHEZ LA BACTERIE PHYTOPATHOGENE *XANTHOMONAS CAMPESTRIS PV. CAMPESTRIS.*

DEJEAN Guillaume¹, BLANVILLAIN Servane¹, BOULANGER Alice¹, LAUTIER Martine^{1,2}, ZISCHEK Claudine¹, LAUBER Emmanuelle¹, ARLAT Mathieu^{1,2}

1 : Laboratoire des Interactions Plantes-Microorganismes (LIPM), INRA-CNRS, Chemin de Borde Rouge, BP 52627, 31326 CASTANET-TOLOSAN Cedex, France

2 : Université Paul Sabatier, Toulouse III, Toulouse, France

Les récepteurs TonB-dépendants (TBDRs) sont des protéines de la membrane externe classiquement impliquées dans le transport du fer et de la vitamine B12 chez les bactéries à Gram négatif. Ces protéines sont sur-représentées chez les espèces de *Xanthomonas* (72 TBDRs chez *Xanthomonas campestris pv. campestris* (*Xcc*)) et chez des bactéries capables de dégrader des polysaccharides complexes de végétaux et de crustacés. Chez *Xcc*, deux TBDRs sont induits par le xylane et le xylose. Les gènes codant pour ces TBDRs sont localisés dans deux *loci* potentiellement impliqués dans l'utilisation de ce composant des parois des cellules végétales. Un de ces *loci* contient, outre un TBDR, une xylanase, un transporteur de la membrane interne et une xylosidase.

L'expression des gènes de ces deux loci est sous le contrôle du même régulateur, XCC4101, qui appartient à la famille des répresseurs de type Lacl. Il semble que le xylose ne soit pas le meilleur effecteur de ce répresseur, mais que ce soit plutôt les xylo-oligosaccharides (du dimère au tétramère).

Les résultats obtenus nous permettent de proposer l'existence d'un CUT système (Carbohydrate Utilization containing TBDR) impliqué dans l'utilisation du xylane et de ses dérivés. Cependant, il existe très certainement d'autres voies d'entrée du xylose et des xylo-oligosaccharides.

L'implication des TBDRs dans l'utilisation de molécules de la paroi de la cellule végétale représente un aspect tout à fait nouveau dans l'aptitude qu'ont les bactéries à exploiter leur hôte et suggère donc l'existence de mécanismes actifs et très spécifiques pour le transport des nutriments au travers de la membrane externe.

9. L'ALTERATION DE LA PAROI CELLULAIRE CHEZ LE MUTANT *nod21-1* D'A. *THALIANA* LUI CONFERE UNE TOLERANCE ACCRUE AUX AGENTS PATHOGENES

DENANCE¹ Nicolas, HOFFMANN¹ Laurent, RANOCHA¹ Philippe, AUBERT¹ Yann, MARCO² Yves, GOFFNER¹ Deborah

¹ Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux (SCSV), UMR CNRS - Université Paul Sabatier, Chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France

² Laboratoire des Interactions Plantes Microorganismes (LIPM), UMR INRA - CNRS, Chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France

Notre objectif est d'identifier des facteurs de plantes hôtes impliqués dans leur relation avec des microorganismes, tels que des facteurs de sensibilité nécessaires à la croissance de l'agent pathogène, des facteurs manipulés par l'agent pathogène pour inactiver les défenses des plantes, ou des régulateurs négatifs de défense. Nous décrivons la caractérisation de la mutation, chez *Arabidopsis*, de *NOD21*, un homologue du gène *MtN21* codant une protéine membranaire sans cible connue, mais qui contient deux domaines DUF6 reliant la protéine à la superfamille des "Drug/métabolite transporter". D'un point de vue du développement, un des phénotypes les plus marquants observé chez le mutant *nod21-1* est la rigidité de sa tige par comparaison à celle d'une plante sauvage Col-0. On note également une hypolignification des fibres interfasciculaires plus ou moins prononcée chez le mutant. Par ailleurs, nous avons montré que la mutation du gène *NOD21* confère une tolérance accrue vis-à-vis de l'agent pathogène *Ralstonia solanacearum*, responsable du flétrissement bactérien chez de nombreuses espèces d'importance agronomique (tomate, tabac, pomme de terre, banane...). Une étude plus approfondie des mécanismes sous-jacents à la tolérance observée chez le mutant *nod21-1* a été entreprise. A ce jour, nous avons pu montrer que la mutation provoque une diminution de la multiplication bactérienne chez *nod21-1* par rapport à Col-0. Afin d'évaluer l'implication des voies de signalisation (acide jasmonique, acide salicylique, éthylène) dans l'établissement de la tolérance à *R. solanacearum*, le mutant *nod21-1* a été croisé avec différents mutants affectés dans ces voies de signalisation (*jar1-1*, *coi1-1*, *sid2-1*, *ein2*) et avec le transgène *NahG*. Pour l'instant, la réponse à une inoculation avec une souche virulente a seulement été étudiée pour le double mutant *nod21-1 jar1-1*. Les résultats indiquent que la tolérance accrue de *nod21-1* est indépendante de la voie de signalisation de l'acide jasmonique. Par ailleurs, des analyses transcriptomiques ont permis d'identifier un groupe de gènes surexprimés chez le mutant, notamment des gènes de défense codant des peptides aux propriétés antibiotiques. Ce résultat indique que l'altération de l'intégrité de la paroi secondaire par l'inhibition du gène *NOD21* pourrait contribuer à la production d'un milieu enrichi en composés antimicrobiens, hostile pour l'agent pathogène. De façon intéressante, l'étude du mutant *nod21-1* en réponse à d'autres agents pathogènes, tels que *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* et *Plectosphaerella cucumerina*, suggère que la tolérance accrue du mutant semble spécifique aux agents pathogènes vasculaires. Par conséquent, la protéine *NOD21* pourrait être un facteur de sensibilité ayant une action spécifique dans les tissus vasculaires.

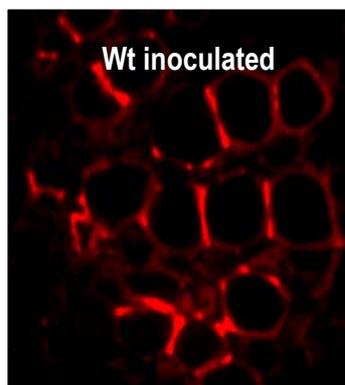
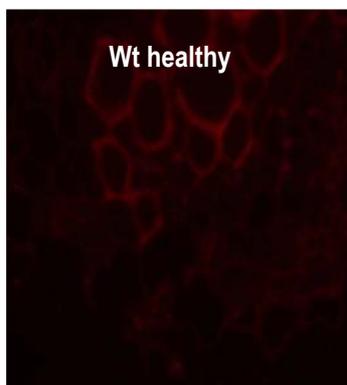
10. INVOLVEMENT OF CELL WALL *NtLRPs* IN TOBACCO-*PHYTOPHTHORA PARASITICA* INTERACTION

FOURRE Sandra¹, MARAIS Antoine¹, INDUSTRI Benoît¹, GALIANA Eric¹, MARION Didier²,
PONCHET Michel¹

1- UMR1064 Interactions Plantes-Microorganismes et Santé Végétale INRA-Université Nice Sophia-Antipolis-CNRS F 06903 Sophia Antipolis Cedex, France

2- Unité de recherches Biopolymères, Interactions, Assemblages La Géraudière BP 71627, 44316 Nantes cedex, France

TLRPs (Tyrosine and Lysine-Rich Proteins) are structural plant cell wall glycine-rich proteins which are important components of plant defenses, especially against pathogens. To bring a new insight in the function of these proteins during plant-oomycete interactions, we have first developed an *in situ* and *in silico* study in tobacco. Eight TLRPs transcripts were characterized showing high nucleotidic identity (60 to 85%). Real time PCR and immunohistological analyses clearly indicated that in response to *Phytophthora parasitica* inoculation, *NtTLRPs*, are activated (or repressed according to the development stages analyzed) while the proteins are deposited at the cell wall of xylem vessels. The involvement of *NtTLRPs* in tobacco resistance to *P. parasitica* is suggested by the higher pathogen susceptibility in *NtTLRP*-silenced lines when compared to wild-type and control plants. The silencing of *NtTLRPs* did not interfere with salicylic acid-dependant expression of defense genes such as *PR-1a* and *PR-2*. Thus, *NtTLRPs* function appears different of that of *AtGRP3*, one *Arabidopsis* orthologue, which is involved in response to pathogen. We rather propose that *NtTLRP* mainly reinforce cell walls by their high ability to be peroxidatively crosslinked with other electrophilic matrices (protein tyrosines, esterified phenolics...). In addition, we have shown that a recombinant purified TLRP strongly inhibits *P. parasitica* zoospore germination *in vitro*. Thus, these results establish that the evolutionary sophistication of plant defense system in Solanaceae and Brassicaceae likely involve the same proteins but with different extracellular functions.



Immunodetection of *NtTLRPs*
in cell walls of infected leaves

11. LA GDP-MANNOSE-3,5-EPIMERASE, CARREFOUR ENTRE LA VOIE DE BIOSYNTHESE DE LA VITAMINE C ET DES PAROIS

GILBERT^a Louise, ALHAGDOW^a Mofteh, QUEMENER^b Bernard, GUILLON^b Fabienne, LAHAYE^b Marc, ROTHAN^a Christophe, BALDET^a Pierre

^a UMR 619 Biologie du Fruit, IBVM, INRA de Bordeaux & Universités Bordeaux, 71 Av. Edouard Bourlaux, 33883 Villenave d'Ornon Cedex, France

^b UBIA, INRA de Nantes, Rue de la Géraudière, BP 71627, 44316 Nantes Cedex 3, France

La vitamine C ou acide L-ascorbique joue un rôle fondamental dans la croissance et le développement de la plante. La GDP-mannose-3,5- épimérase (GME) est une enzyme clé de la voie de biosynthèse de la vitamine C chez les plantes [Wheeler *et al.*, 1998]. Une étude fonctionnelle ciblant par stratégie RNAi les deux gènes *SIGME1* et *SIGME2* présents chez la tomate (*Solanum lycopersicum*) a été réalisée. Les lignées de transformants notées $P_{35S}:\text{Slgme}^{\text{RNAi}}$ présentent une réduction importante des transcrits *GME* et une diminution (40-60%) de la teneur en ascorbate au niveau des feuilles et des fruits par rapport aux plantes sauvages, effet qui peut être corrélée avec la réduction de croissance des plantes et des fruits. L'analyse cytologique démontre que les processus de division et d'expansion cellulaire sont affectés chez ces transformants. De plus, les lignées les plus affectées présentent une décoloration des feuilles associée à une diminution de la chlorophylle et un taux d'oxydation des tissus révélé par une teneur élevée en H₂O₂, ce qui affecte l'efficacité photosynthétique des plantes.

Le phénotype le plus remarquable est la fragilité accrue des tiges des plantes $P_{35S}:\text{Slgme}^{\text{RNAi}}$ ainsi que des fruits. Cette particularité nous a conduit à analyser la structure et la composition des parois cellulaires de ces plantes. En effet, le GDP-D-mannose et GDP-L-galactose, respectivement substrat et produit de la réaction catalysée par la GME sont des précurseurs pour la synthèse de polysaccharides pariétaux et glycoprotéines [Reiter et Vanzin, 2001]. Toutes les techniques utilisées (dosage des sucres, empreintes enzymatiques, immunolocalisation) révèlent une augmentation significative du mannose et par conséquent des mannanes. La composition en divers polysaccharides pariétaux et la structure des parois sont également modifiées chez les plantes $P_{35S}:\text{Slgme}^{\text{RNAi}}$. Ces bouleversements majeurs au sein de la paroi pourraient expliquer la fragilité des lignées $P_{35S}:\text{Slgme}^{\text{RNAi}}$ [Reiter *et al.*, 1993]. L'ensemble des données démontrent le rôle clé de la GME chez la tomate dans l'élaboration de la qualité du fruit : nutritionnelle par son rôle dans la biosynthèse de la vitamine C et dans l'accumulation de certains sucres, et sensorielle en relation avec la texture du fruit par son rôle dans la biosynthèse de certains composés de la paroi cellulaire.

Wheeler GL, Jones MA, Smirnov N (1998) *Nature* 393(6683):365-9

Reiter WD, Vanzin GF (2001) *Plant Mol Biol* 47(1-2):95-113

Reiter WD, Chapple CC, Somerville CR (1993) *Science* 261(5124):1032-1035

12. LA MODIFICATION DE LA STRUCTURE PARIÉTALE GOUVERNE LA GERMINATION DES GRAINES CHEZ *MEDICAGO TRUNCATULA*

GIMENO-GILLES Christine¹, VIAU Laure¹, LELIEVRE Eric¹, LEDUC Nathalie², LIMAMI Anis¹

¹ UMR 1191 (Université d'Angers / INRA / INH), Physiologie Moléculaire des Semences, 2 bd Lavoisier, 49045 Angers cedex 01, ² UMR SAGAH A-462, (Université d'Angers / INRA / INH), 2 bd Lavoisier, 49045 Angers cedex 01.

Le relâchement de la contrainte pariétale soumise à la pression de turgescence des cellules est l'évènement clé de la germination des graines chez *Medicago truncatula*. La germination se définit comme une phase transitoire entre quiescence et croissance où le statut de plantule succède à celui d'embryon. Chez certaines variétés de *Medicago*, le tournesol, la laitue, et chez de nombreuses espèces ligneuses comme le pommier, la dormance empêche momentanément cette transition et l'interdiction est levée lorsque les conditions décisives sont remplies. Toutefois, la fonctionnalité des mécanismes impliqués dans l'afflux d'eau ainsi que les activités métaboliques recouverts après l'imbibition sont semblables chez toutes les graines d'une même espèce, qu'elles soient ou non dormantes. La différence fondamentale entre graines dormantes et non-dormantes réside dans l'affaiblissement des structures pariétales qui cèdent à la pression de turgescence, autorisant l'allongement cellulaire et conduisant à la percée de la radicule. C'est l'inhibition des mécanismes menant à l'affaiblissement des parois qui semble être en cause pour l'absence de germination des graines dormantes.

La dormance est contrôlée par un équilibre hormonal interne sur lequel l'acide abscissique exerce l'influence prépondérante. L'apport exogène de cette hormone est aussi capable de bloquer la germination de graines non dormantes. Ceci implique une inhibition par l'acide abscissique de la relaxation de la paroi. Cette inhibition est forte au niveau de la transcription de gènes codant pour certaines protéines importantes comme la cellulose synthase, la β -1,3 glucanase, l'expansine, la XET et AGPs. La description qualitative et quantitative de l'évolution des parois au cours de la phase germinative apporte des éléments nouveaux à l'étude de ce processus physiologique.

13. ANATOMIE ET HISTOLOGIE DES TIGES ET DES FEUILLES DE L'ARGANIER D'ALGERIE (*Argania spinosa* (L.) Skeels)

HACHEM Kadda, ERROUANE Kheira, KAID-HARCHE Meriem

Faculté des Sciences. Université des Sciences et de la Technologie d'Oran - ALGERIE

L'arganier, *Argania spinosa* (L.) Skeels, appartient à une famille tropicale, celle des sapotacées, qui comprend environ 10 genres et 600 espèces. C'est une espèce d'une longévité de plus de 300 ans. De nombreux travaux ont montré que la paroi secondaire est hétérogène, elle est subdivisée en trois strates appelées S1, S2 et S3 (Keer et Bailey, 1934 ; Roland, 1980). Elle apparaît lorsque la cellule a achevé sa croissance. Elle est constituée de polysaccharides et est enrichie en composés phénoliques : lignine (pour renforcer la rigidité), ou lipidiques : cutine et subérine (pour l'imperméabiliser). Cette différenciation s'observe pour les cellules conductrices de sève du xylème (le bois) et pour différents tissus de soutien (sclérenchyme) ou de protection (liège).

La présente contribution a pour objectif d'étudier les caractères anatomiques et histochimiques des différents organes de cette espèce (rameaux et feuilles), ainsi que la mise en évidence des lignines par des réactions spécifiques (phloroglucinol chlorhydrique et Maûle). La différenciation des tissus et leur étude cytologique et l'activité subéro-phellodermique ont été également suivies.

Les lignines se déposent entre les constituants polysaccharidiques des parois des cellules spécialisées dans les fonctions de soutien et de conduction. Elles affectent en premier lieu, la paroi primaire dans des coins de dépôt de cellulose, puis elles progressent dans la lamelle moyenne et propagent ensuite dans la paroi secondaire (Robert et Roland, 1998)

L'étude cytochimique de cette espèce révèle la dominance des lignines à radicaux syringyls, au niveau de toutes les parois des tissus lignifiés sauf le xylème primaire où les parois sont riches en lignines à radicaux coniféryls (chez tous les organes étudiés). Cette étude met également en évidence l'hétérogénéité de la répartition des lignines à radicaux coniféryls dans le xylème secondaire ; elles s'accumulent dans les parois des vaisseaux. De plus, au niveau de ces parois, ces lignines sont dominantes par comparaison aux celles des autres tissus lignifiés. Ce-ci peut être expliqué par une particularité liée à l'arganier.

14. CELL WALLS OF ETIOLATED HYPOCOTYLS OF *ARABIDOPSIS THALIANA*: COMPARATIVE PROTEOMIC AND TRANSCRIPTOMIC APPROACHES

IRSHAD Muhammad¹, CANUT Hervé¹, BORDERIES Gisèle¹, ROUJOL David¹, SAN CLEMENTE Hélène¹, SOUBIGOU-TACONNAT Ludivine², RENOUE Jean-Pierre², PONT-LEZICA Rafael¹, JAMET Elisabeth¹

¹UMR 5546 CNRS-UPS Toulouse III, 24 chemin de Borde Rouge, F-31326 Castanet-Tolosan

²UMR INRA 1165 - CNRS 8114 – UEVE, 2 rue Gaston Crémieux, CP 5708, F-91057 Evry

Cell walls of higher plants are complex dynamic entities that perform a variety of functions [1]. Cell wall proteins (CWPs) play vital roles in cell elongation [2]. Etiolated hypocotyls make the most suitable material for the study of cell walls of elongating organs, because of their rapid and polar elongation, about 100-fold their original size with no cell division [3]. We have studied the proteomes and transcriptomes of elongating (5-day-old) and fully-elongated (11-day-old) etiolated hypocotyls of *A. thaliana*. The proteome analysis was performed according to [4, 5]. It revealed 136 CWPs including proteins acting on cell wall carbohydrates, oxido-reductases, proteases, proteins having domains of interaction with CWPs or polysaccharides, signalling proteins, structural proteins, proteins related to lipid metabolism, and proteins of unknown function. Eighty-four proteins were common to both stages of development and the overall patterns of CWPs were not very different between them. However, CWPs of the same multigene families were more abundant at one stage of development (e.g. XTHs, PMEAs, expansins, peroxidases). It suggests that such proteins could play different roles during cell wall extension or at the time of growth arrest. In the CATMA (Complete Arabidopsis Transcriptome Microarray) analyses, the level of transcripts of 807 genes encoding either intracellular proteins involved in the synthesis of cell wall components, or CWPs was studied. Genes encoding proteins involved in the modification of cell wall polysaccharides were the most represented among genes having high levels of transcripts. Comparison of transcriptomes and proteomes revealed that (i) only 25 out of the 152 genes having high levels of transcripts showed the corresponding CWPs, (ii) about 22% of the genes identified through proteomics had levels of transcripts below background. It means that post-transcriptional levels of regulation of CWP-encoding genes are important during elongation in the dark.

[1] Pennell R (1998) *Cur Opin Plant Biol* 1: 504-510

[2] Nicol F, Höfte H, (1998) *Cur Opin Plant Biol* 1: 12-17

[3] Gendreau E, Traas J, Desnos T, Grandjean O, Caboche M, Höfte H (1997) *Plant Physiol* 114: 295-305

[4] Irshad M, Feiz L, Pont-Lezica R-F, Canut H and Jamet E (2006) *Plant Methods* 2:10

[5] Jamet E, Albenne C, Boudart G, Irshad M, Canut H, Pont-Lezica R (2008) *Proteomics* (in press)

15. IDENTIFICATION AND CHARACTERIZATION OF A CLASS III PEROXIDASE INVOLVED IN LIGNIFICATION IN ARABIDOPSIS

JOUANIN¹ Lise, CAULET¹ Nathalie, MIR DERIKVAND¹ Mohammad, BUFFARD¹ Dominique, POLLET² Brigitte, MECHIN² Valérie, LAPIERRE² Catherine

¹Biologie Cellulaire, INRA, Route de Saint Cyr, 78026 Versailles, France

²Chimie Biologique, INRA-AgroParisTech, 78850 Thiverval-Grignon, France

Lignin is a major component of the secondary cell wall. This complex phenolic biopolymer is derived mainly from three hydroxycinnamyl alcohol monomers named monolignols. After transport of the monolignols to the cell wall, lignin is formed through dehydrogenative polymerization of these precursors. Peroxidases and laccases are thought to be responsible for this polymerization. They belong to multigenic families of 73 and 17 members in Arabidopsis respectively and therefore the involvement of specific genes in lignification is difficult to demonstrate.

Four peroxidases were identified among *N*-glycosylated proteins isolated from Arabidopsis mature stems using affinity chromatography on Concanavalin A Sepharose and 2D electrophoresis. Two of the corresponding genes (*PRX33*: At3g49110 and *PRX34*: At3g49120) are located in tandem on chromosome 3.

By RT-PCR analysis, the *PRX34* gene was shown to be highly expressed in stems whereas *PRX33* expression was low.

T-DNA mutants of each gene (*prx33* and *prx34*) were identified in the Versailles and SALK collections and characterized. The total peroxidase activity was reduced by 20% in a knockout *prx34* mutant whereas no reduction was observed in a knockout *prx33* mutant. Chromatographic purification of peroxidase activity on CM-sepharose led to two peroxidase-containing peaks. One peak was greatly reduced in *prx34* and not in *prx33*. In addition, this peak was increased in a *PRX34* overexpressing line and in the *prx34* line complemented with the *PRX34* cDNA under the control of the CaMV 35S promoter.

In the *prx34* knockout mutant, lignin deposition was reduced in fibers of young stems as shown by Wiesner staining. Klason and thioacidolysis analysis showed decreased lignin content in young stems of this mutant but not in mature stems.

Purified *PRX34* was able to oxidize coniferyl alcohol *in vitro* to produce oligomeric products.

Taken together, these results suggest that *PRX34* is involved in lignin polymerization whereas *PRX33* is not involved in this process. However, *PRX34* is only one of the oxidases responsible for the polymerization of monolignols, and other peroxidases and/or laccases need to be identified. Characterization of laccases expressed in the Arabidopsis stems is underway in order to identify new enzymes involved in lignification.

16. VARIABILITE HISTOLOGIQUE ET DE COMPOSITION PARIETALES DANS TROIS VARIETES DE POMMES A TEXTURE CONTRASTEE

LAHAYE Marc¹, LOOTEN Rachelle¹, DEVAUX Marie Françoise¹, QUEMENER Bernard¹,
LAURENS François²

¹INRA, UR1268 BIA, BP 71624, 44316, Nantes, France

²INRA, UMR 1259 GenHort, 42 Georges Morel, 49071 Beaucouze, France

La texture des fruits et légumes est un critère important orientant le choix des consommateurs, mais sa maîtrise est difficile car seule la fermeté est quantifiable par des mesures mécaniques. La perception de la texture se décline en un certain nombre de descripteurs sensoriels positifs comme juteux, fondant ou négatif comme la farinosité. Des mesures instrumentales de ces descripteurs sont actuellement recherchées afin de faciliter les travaux d'amélioration variétale, d'itinéraires agronomiques et post-récoltes.

La texture des fruits et légumes résulte d'un ensemble de facteurs complexes. Au niveau de la paroi cellulaire, la structure des polysaccharides pariétaux et leur assemblage détermine la rigidité des parois et l'adhésion entre cellules. Au niveau des tissus, la taille, la forme et la distribution de cellules affectent les propriétés mécaniques des organes. Dans ce contexte, nous cherchons à identifier et quantifier la variabilité de la pomme à ces deux échelles et à en établir l'impact sur la perception de texture. Deux approches méthodologiques sont développées. La première est basée sur l'analyse de la composition osidique et de la structure des polysaccharides pariétaux par méthodes chimiques et par des dégradations enzymatiques spécifiques couplées à de la chromatographie par HPAEC. La seconde consiste en l'application de méthodes d'analyse d'image de sections de 5 x 5 mm² de pomme.

Trois variétés de pommes à texture contrastée: Silken (farineuse), Red Star (farineuse) et Pink Lady (ferme) ont été utilisées. L'échantillonnage différenciait les régions soleil/ombre et était réalisé à trois différentes profondeurs dans le péricarpe : l'exocarpe (sous la peau), le mésocarpe (zone centrale) et l'endocarpe proche des carpelles.

Pink Lady s'est révélée significativement différente par l'analyse chimique sur la base d'une teneur plus importante en galactane et arabinane pectique et un teneur plus faible en homogalacturonane. Les trois variétés se distinguaient les unes des autres sur la base des fragments issus de l'hydrolyse enzymatique de leurs parois. En particulier, les oligosaccharides issus de l'endo-mannanase étaient les plus discriminants. La région du parenchyme et l'exposition au soleil ont un effet sur la composition et la structure des polysaccharides en fonction de la variété. Toutefois, à partir de ces trois variétés, la variabilité chimique des polysaccharides au sein de chacune d'elle était plus faible que la variabilité entre variétés.

La variabilité histologique a été mesurée sur les mêmes régions. La distribution en taille de cellule a été mesurée par des algorithmes issus de la morphologie mathématique en utilisant des éléments structurants perpendiculaires et parallèles à l'épiderme. Les cellules les plus grandes sont situées proche de l'épiderme et les plus petites, proche des carpelles. La taille des cellules dépend de la variété : Silken avait des cellules plus grandes que les deux autres variétés. La différence se situe principalement dans la région proche de l'épiderme. L'exposition au soleil n'a aucun impact sur l'histologie.

La validation du pouvoir discriminant de ces mesures est en cours sur des collections plus importantes de variétés et de lignées génétiques. Ces résultats permettront d'évaluer la coexistence de QTL de texture (instrumentale et sensorielle), d'histologie et/ou de composition des polysaccharides pariétaux.

17. LA MUTATION DANS LE GENE CODANT POUR UNE UDP DEHYDROGENASE CHEZ LE MAÏS ENTRAINE UNE DIMINUTION DE LA TENEUR EN XYLOSE ET DES MODIFICATIONS DE LA MORPHOLOGIE CELLULAIRE

LEGLAND David*, MARQUIS Mélanie*, GUILLON Fabienne*, CHEVALIER Thérèse*,
MARTINANT Jean PIERRE**, BARRIERE Yves***, POLLET Brigitte****, MECHIN Valérie****,
LAPIERRE Catherine***, SAULNIER Luc*

*INRA, UR1268 Biopolymères Interactions Assemblages, F-44300 Nantes, France, **BIOGEMMA, Campus universitaire des Cézaux, Aubière, France, *** INRA, UR4 Génétique et d'Amélioration des Plantes Fourragères, 86660 Lusignan, France, **** INRA-INAPG, UMR 206 Chimie Biologie, 78850 Thivernal-Grignon, France.

Les xylanes sont les constituants majeurs des hémicelluloses des graminées. Ils peuvent représenter 50 % des composés lignocellulosiques. Ils sont souvent associés à lignine et sont généralement peu fermentescibles. Moduler la teneur ou structure des xylanes est une piste pour améliorer la dégradabilité du matériel lignocellulosique. L'UDP glucose déhydrogénase est une enzyme impliquée dans l'une des deux voies possibles de formation de l'UDP Glucuronate qui est un précurseur de la synthèse des xylanes (Karkonen *et al.*, 2005 and Karkonen *et al.*, 2006). Dans le cadre de ce travail, nous avons étudié l'impact d'une mutation d'insertion dans un gène codant pour une UDP D-glucose déhydrogénase sur l'histologie et la teneur en xylanes des tiges de maïs. L'analyse histologique a porté sur une dizaine de plantes. Nous avons réalisé des coupes dans le bas, le milieu et haut de l'entre-noeud sous épis de plantes sauvages et mutantes. Des images ont été acquises par macrovision et traitées par analyses d'images pour extraire des informations sur la taille des cellules du parenchyme, la taille et distribution des faisceaux. La composition en oses a été caractérisée. Nous avons ensuite étudié la distribution des xylanes et des composés phénoliques associés par immunocytochimie en microscopies photonique et à transmission électronique.

Les plantes mutantes sont plus petites et comportent des entre-noeuds plus courts mais de diamètre plus important. L'analyse globale des oses montre une plus faible teneur en xylose. L'étude immunocytochimique ne met pas en évidence de différence dans la distribution des xylanes entre le mutant et le sauvage. Ils sont présents dans tous les types cellulaires mais moins abondants dans les parois du phloème. L'acide férulique sous forme estérifiée est plus abondant chez le sauvage. Il est détecté en plus forte concentration dans les parois du sclérenchyme, les parois de la gaine des faisceaux et les méats des cellules des phloème.

La mutation touchant les sucres précurseurs des polymères pariétaux a un impact fort sur la structure de la plante. Elle affecte également globalement la teneur en xylose mais ne semble pas cibler sur un type cellulaire en particulier.

Karkonen A, Murigneux A, Martinant JP, Pepey E, Tatout C, Dudley BJ, Fry SC (2005), *Biochemical Journal*, 391: 409-415. Karkonen A, Fry SC (2006), *Planta*, 223: 858-870.

Travail réalisé dans le cadre du projet MaizeWall-GénoPlante

18. MICROARRAY ANALYSES DISTINGUISH GENES INVOLVED IN CELL REACTIVATION FROM GENES INVOLVED IN MORPHOGENESIS PATTERNS DURING *IN VITRO* INDUCTION OF *CICHORIUM* LEAVES

LUCAU-DANILA¹ Anca, LABORDE¹ Laurent, HUOT² Ludovic, COUILLEROT¹ Jean-Paul, HOT² David, HILBERT¹ Jean-Louis, HAWKINS Simon, BLERVACQ¹ Anne-Sophie

1: UMR USTL INRA 1281, Stress abiotiques et différenciation des végétaux cultivés, Université des Sciences et technologies de Lille, Bâtiment SN2, F-59650 Villeneuve d'Ascq cedex, France

2: UMR 8161 - IFR 142, Plateforme Biopuces, Laboratoire d'Etudes Transcriptomiques et Génomiques Appliquées, Institut Pasteur de Lille, 1, rue du Professeur Calmette, 59019 Lille cedex, France

In *Cichorium intybus*, histological modifications are during de- and re-differentiation events. These modifications are correlated with transcriptome analyses. Two chicory genotypes belonging to the Hungarian landrace Koospol (K), were tested: K59 is considered as a responsive genotype, as it undergoes cell de- and re-differentiation that leads to three *in vitro* morphogenetic patterns : somatic embryogenesis, nodular callogenesis and organogenesis. C15 that is considered as an unresponsive genotype, unable to express any of these morphogenetic patterns. To better understand the cell reactivation and morphogenesis events, a Yariv treatment was applied in order to precipitate ArabinoGalactan Proteins (AGPs) *in muro* and to block the *in vitro* cell differentiation processes. Microscopy, biochemical and transcriptome analyses showed that *in vitro* morphogenesis in chicory is blocked during Yariv treatment but cell reactivation still occurs. Consequently, AGPs seem to be only important in morphogenesis commitment. We hypothesize that the Yariv reagent triggers ethylene-like effects on chicory. These effects 1) determine wound- and pathogen-like responses and 2) influence *in vitro* cell morphogenesis. Our results suggest that proteasome and more specifically the 26S proteasome regulatory particle is intimately involved in chicory *in vitro* morphogenetic determination. Remorin and a specific AGP (DT212818) were also found to play a key role in chicory's ability to undergo *in vitro* morphogenesis. Chromatin remodelling mechanisms, together with certain RING domain-containing proteins are probably mainly involved in cell de-differentiation and cell reactivation precocious events in chicory.

**19. CHARACTERISATION OF A NATURALLY OCCURRING MUTANT
DEMONSTRATES THAT β -D-GALACTOSIDASE ACTIVITY CAN INCREASE
THE HYDROPHILIC POTENTIAL
OF RHAMNOGALACTURONAN I IN SEED MUCILAGE.**

MACQUET^a Audrey, RALET^b Marie-Christine, LOUDET^c Olivier, KRONENBERGER^a Jocelyne, BOTRAN^a Lucy, MOUILLE^d Gregory, MARION-POLL^a Annie, NORTH^a M. Helen

^a Laboratoire de Biologie des Semences, UMR 204 INRA, AgroParisTech, Institut Jean-Pierre Bourgin, F-78026 Versailles Cedex, France,

^b Unité Biopolymères, Interactions, Assemblages, INRA, rue de la Géraudière, B.P. 71627, F-44316 Nantes Cedex 03, France,

^c Station de Génétique et Amélioration des Plantes, INRA, Institut Jean-Pierre Bourgin, F-78026 Versailles Cedex, France,

^d Laboratoire de Biologie Cellulaire, INRA, Institut Jean-Pierre Bourgin, F-78026 Versailles Cedex, France

Pectinaceous mucilage is secreted from *Arabidopsis* seeds on imbibition. The role of seed mucilage is unknown, but it may be involved in seed germination or dispersion. Mucilage is synthesized and extruded from the outer cell layer of the seed coat and its synthesis involves a complex differentiation program. A detailed analysis has been undertaken of the structure and composition of seed mucilage and results will be presented which show that it is composed of two structurally distinct layers, with rhamnogalacturonan I (RG-I) the major constituent of both.

In order to identify new elements involved in the formation of mucilage liberating cells, a screen of *Arabidopsis* accessions has been carried out and four naturally occurring mutants that did not liberate seed mucilage on imbibition were identified. All four accessions originated from the same region in central Asia. One accession, Shahdara, was shown to be defective at the *MUM2* locus. Map-based cloning showed that the *MUM2* gene encodes the putative β -D-galactosidase BGAL6. To determine the role of this protein in mucilage production and secretion physiological, biochemical and cytological analyses were employed. These show that *MUM2* is in effect a β -D-galactosidase required for the maturation of RG-I in seed mucilage by the removal of galactan branches, thus increasing its hydrophilic potential. Analysis of the other mucilage-modified accessions showed that two of them also contained mutations in the *MUM2* gene, but these were different mutant alleles to Shahdara. The identification of four independent mutation events that affect seed mucilage production or liberation, indicate a strong selective pressure in this geographical region against mucilage release. The analysis of the different mutant accessions in relation to the environmental constraints to which they are subjected could help unravel the role of mucilage in their natural habitat.

20. ANALYSES TRANSCRIPTOMIQUE ET PROTEOMIQUE COMPAREES DU MUTANT BROWN MIDRIB 2 DE MAIS AVEC SON ISOGENIQUE NORMAL

MECHIN Valérie¹, GUILLAUMIE Sabine^{2, 4}, MBAREK Tamasloukht², PICHON Magalie², CORTI Hélène³, BALLIAUD Thierry³, VALOT Benoit³, ZIVY Michel³, GOFFNER Deborah², BARRIERE Yves⁴

¹: UMR206 Chimie Biologique, INRA, AgroParisTech, F-78850 Thiverval-Grignon. ²: UMR5546, UPS, CNRS, Chemin de Borde Rouge, F-31326 Castanet-Tolosan. ³: UMR de Génétique Végétale, INRA, Univ. Paris-Sud, CNRS, AgroParisTech, Ferme du Moulon, F-91190 Gif-sur-Yvette. ⁴: INRA, Unité de Génétique et d'Amélioration des Plantes Fourragères, F-86600 Lusignan

Dès les années 60, les mutants brown midrib (bm) de maïs sont devenus des modèles très utilisés dans les études génétiques et biochimiques relatives à la lignification et à la digestibilité. A ce jour, les gènes responsables des mutations bm2 et bm4 restent inconnus [Vermerris and Boon, 2001].

L'hybridation des transcrits de jeunes tiges, extraits au stade 20 jours après germination dans le fond génétique F2, sur une puce spécifique paroi [Guillaumie et al., 2007a] a permis de montrer que la mutation spécifique de chacun des mutants bm induit des profils d'expression très différents. Les données transcriptomiques obtenues pour le mutant bm2 soulignent que seuls deux gènes codants des régulateurs/facteurs de transcription, orthologues avec les gènes *Monopteros* et *Argonaute* d'*Arabidopsis thaliana*, étaient sous-exprimés uniquement chez bm2 [Guillaumie et al., 2007b].

La comparaison des protéomes de F2 et F2bm2 sur ces mêmes échantillons a permis de mettre en évidence 25 spots protéiques sous-exprimés chez F2bm2 et 21 sur-exprimés. 20 de ces 46 spots ont été prélevés et identifiés par LC-MS/MS. 3 spots très fortement dérégulés (Figure 1)

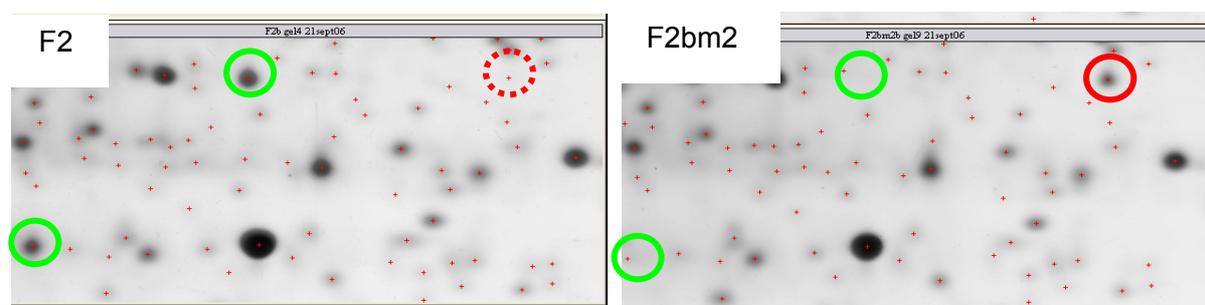


Figure 1 : comparaison de l'expression protéique chez F2 et F2bm2 pour 3 spots très dérégulés.

nous permettent d'émettre des hypothèses quant à la mutation bm2 et à ses effets sur la mise en place des parois en relation avec le profil biochimique du mutant bm2.

Vermerris W, Boon JJ (2001), J Agric Food Chem 49 : 721–728.

Guillaumie S, San-Clemente H, Deswarte C, Martinez Y, Lapierre C, Murigneux A, Barrière Y, Pichon M, Goffner D (2007a), Plant Physiol 43 (1) 339-363.

Guillaumie S, Pichon M, Martinant JP, Bosio M, GoVner D, Barrière Y (2007b), Planta 226 (1) : 235-250.

21. LIGNIFICATION ET ORGANISATION PARIETALE DE MUTANTS D'ARABIDOPSIS

THALIANA DEFICIENTS EN ACTIVITE CINNAMYL-COA-RÉDUCTASE 1

MIR DERIKVAND Mohammad¹, JOUANIN Lise¹, DO Cao-Trung¹, THEVENIN Johanne¹, BERRIO SIERRA Jimmy^{2,3}, POLLET Brigitte², LAPIERRE Catherine², JOSELEAU Jean-Paul³, RUEL Katia³

¹ Biologie Cellulaire, INRA, IJPB, 78026 Versailles cedex, France

² UMR 206 Chimie Biologique AgroParisTech-INRA, 78850 Thiverval-Grignon, France

³ CERMAV-UPR5301 CNRS, BP53, 38041 Grenoble, France

L'étude de plantes perturbées dans leur lignification informe sur l'implication des lignines dans l'assemblage et les propriétés des parois lignifiées. Dans ce contexte, *A. thaliana* joue un rôle important, en dépit de caractéristiques anatomiques qui ne prédestinaient pas cette petite plante à l'étude de la lignification. La cinnamyl-CoA réductase 1 (CCR1, gène At1g15950) participe à la lignification constitutive d'*A. thaliana*. Dans ce travail, nous avons examiné les conséquences d'une mutation affectant le gène *CCR1* sur la lignification d'*A. thaliana*. L'étude a été conduite sur deux mutants nuls (*ccr1g* et *ccr1s*) au phénotype nain et à la sénescence retardée. A maturité, leurs tiges sont moins lignifiées (diminution relative de 25 à 35%) et leurs lignines sont appauvries en unités liées seulement par liaisons éthers labiles (motifs structuraux « non condensées ») [1]. Les tiges de ces mutants sont enrichies en esters féruliques et en féruloyl malate. En outre, l'acide férulique est incorporé dans les lignines sous forme d'un nouveau motif structural qui accentue le taux de branchement des lignines [2] et pourrait restreindre leurs capacités d'interaction avec les polysaccharides [3]. Enfin, nous apportons la 1^{ère} démonstration que les esters féruliques servent de site d'initiation de la lignification des tiges d'*A. thaliana* [1], situation jusqu'alors considérée comme spécifique des graminées. A l'échelle ultrastructurale, la microscopie électronique révèle que la mutation désorganise les parois secondaires et altère la capacité des microfibrilles de cellulose à s'assembler dans les couches S2 des fibres interfasciculaires et des vaisseaux. L'immunomarquage des structures non condensées des lignines confirme que la mutation provoque un effondrement de la fréquence de ces épitopes, ce qui suggère que ces motifs structuraux ont un rôle dans l'assemblage et la cohésion des parois secondaires lignifiées. Enfin, nous avons mis en œuvre la technique de microdissection laser et réalisé l'analyse des polymères pariétaux des fibres interfasciculaires et des faisceaux vasculaires ainsi isolés. Nous avons ainsi établi que, pour la plante témoin, la fréquence des unités syringyles est deux fois plus élevée dans les lignines des fibres que dans les vaisseaux et que cet écart est moins marqué chez le mutant *ccr1g*, ce qui souligne que les impacts de la mutation sont tissu-spécifiques.

1. Mir Derikvand M, Berrio Sierra J, Ruel K, Pollet B, Do CT, Thévenin J, Buffard D, Jouanin L, Lapierre C. (2008). *Planta*, doi:10.1111/j.1365-313X.2007.03345.x

2. Ralph J, Kim H, Lu F, Grabber JH, Leplé J-C, Berrio-Sierra J, Derikvand MM, Jouanin L, Boerjan W, Lapierre C (2008) *Plant J.* 53: 368-379.

3. Besombes S., Mazeau K. 2005 *Plant Physiol. Biochem.*, 43, 277-286.

Remerciements : nous remercions très sincèrement l'INRA, le GDR AMV et l'Union Européenne pour le cofinancement de la thèse de J. Berrio-Sierra ainsi que F. Legée (AgroParisTech), L. Cézard (INRA UMR CB) et C. Gofron (INRA Versailles) pour l'analyses des lignines et la culture des plantes en serre.

22. PEROXIDASES ET LIGNIFICATION CHEZ LE LIN (*Linum usitatissimum*)

NOLIN^{1,2} Frédérique, HABRANT¹ Anouck, CRONIER¹ David, NEUTELINGS² Godfrey, HAWKINS² Simon, CHABBERT¹ Brigitte

1-UMR 614, INRA-URCA Fractionnement des AgroRessources (FARE), 2 Esplanade R.Garros, BP 224, 51686 Reims, France

2-UMR 1281, USTL-INRA Stress Abiotiques et Différenciation des Végétaux Cultivés, Université des Sciences et Technologies de Lille, 59655 Villeneuve d'Ascq, France

La dernière étape de lignification fait intervenir un mécanisme de polymérisation dehydrogénative de radicaux phénoxyyles par voie non enzymatique. Ces radicaux résultent de l'oxydation des monolignols via l'action probable de peroxydases (PODs) en présence d'H₂O₂ comme catalyseur [1]. La contribution des peroxydases pariétales a fait l'objet de nombreux travaux toutefois le rôle précis des différentes isoformes demeure encore inconnu. Quelques études ont montré que les peroxydases anioniques seraient impliquées dans la lignification [2-3]. Cependant il a été proposé que les isoformes cationiques seraient principalement responsables de l'assemblage pariétal et de la lignification [4-5]. Dans la tige de lin, la lignine représente environ 25 % des polymères pariétaux du xylème alors que de faibles quantités sont déposées dans les fibres périphloémiennes [6]. Afin de mieux appréhender les processus sous-tendant l'hétérogénéité tissulaire de la lignification chez le lin, nous avons abordé deux aspects liés à la polymérisation des monolignols : la localisation de l' H₂O₂ et l'activité des peroxydases pariétales dans les tissus de la tige (xylème et fibres périphloémiennes).

- Au stade floraison, l'eau oxygénée est détectée par cytochimie dans le xylème aux deux niveaux de tiges sélectionnés (« snap-point », partie basale). Dans les fibres périphloémiennes, l'H₂O₂ est présent uniquement au niveau du « snap-point ».
- Les peroxydases pariétales du lin seraient principalement des formes cationiques (xylème et fibres périphloémiennes) et peuvent oxyder *in vitro* à la fois l'alcool sinapylique et l'alcool coniférylique. L'oxydation de l'alcool coniférylique par les peroxydases pariétales des fibres périphloémiennes conduit des structures semblables aux DHP classiquement obtenus avec une peroxydase commerciale.

L'étude comparative de l'efficacité catalytique des formes purifiées des peroxydases pariétales devrait apporter des éléments de compréhension de la lignification chez le lin au regard de la disponibilité en eau oxygénée dans les tissus caulinaires.

1-Piontek, K. (2002). New insights into lignin peroxidase 0376-4710, 41 (1) : 46-53. ; 2-Christensen et al (2001). Plant Molecular Biology, 47 : 581-593. 3-Li et al (2003) Journal of Plant Research, 116: 175-182. (2003). 4-Sasaki and al (2004). FEBS Letters, 562 : 197-201. ;5- Koutaniemi and al (2005). Plant Molecular Biology, 58 : 141-157. ; 6-Day and al, (2005). Planta, 222 : 234-245.

23. FUNCTIONAL STUDY OF *CIS*-ELEMENTS OF *EgCAD2* AND *EgCCR* PROMOTERS IN TOBACCO

RAHANTAMALALA¹ Anjanirina, RECH² Philippe, CHAUBET-GIGOT¹ Nicole, PACQUIT¹ Valérie, MARTINEZ¹ Yves, GRIMA-PETTENATI¹ Jacqueline

¹UMR UPS-CNRS 5546, Pôle de Biotechnologie Végétale, 24 chemin de Borde Rouge, BP 42617 Auzeville, 31326 Castanet-Tolosan, ² Université Paris 6, Laboratoire de Cytologie Expérimentale et Morphogénèse Végétale, EA3494, 3 Rue Galilée F-94200 Ivry sur Seine.

Cinnamoyl-CoA-reductase (CCR) and Cinnamyl alcohol dehydrogenase (CAD) catalyse the last two steps of the lignin biosynthetic pathway. The promoters of *EgCAD2* [1] and *EgCCR* [3] were cloned from a *Eucalyptus gunnii* genomic library. Promoter deletion experiments performed in tobacco allowed the identification of essential *cis*-regulatory regions for vascular expression: *EgCAD2*, [- 203-129] [4] and *EgCCR* [- 119 -70] [3]. Both regulatory regions contained AC-rich *cis*-acting elements known to be bound by MYB transcription factors. EMSAs showed that the MYB site in the *EgCCR* promoter is important to bind specifically nuclear proteins [3]. Footprinting experiments revealed two MYB sites in the *EgCAD2* promoter (called MYB A and MYB B). Taken together, these data suggest that common MYB sites may provide a mechanism by which different steps of monolignols metabolism are coordinately regulated. To verify this hypothesis, we have functionally characterized these MYB *cis*-elements using a mutagenesis approach. Histochemical analyses of tobacco transformed with *EgCCR*::GUS construct in which MYB site has been mutated showed a reduced vascular activity. Similar results were obtained with *EgCAD2* promoter. Gel shift assays performed with tobacco protein extracts and mutated *EgCAD2* or *EgCCR* regulatory regions as probes, highlighted the role of MYB sites. In parallel, we performed co-infiltration experiments in tobacco leaves using these mutated promoter constructions (*EgCAD2*::GUS and *EgCCR*::GUS) and EgMYB2 transcription factor, previously shown to activate both *EgCAD2* and *EgCCR* expression [2]. When MYB sites were mutated, EgMYB2 was no more able to trans-activate these genes. Taken together, our data suggest the importance of MYB factors in the transcriptional regulation of these two lignin biosynthetic genes.

[1] Feuillet C *et al.* (1995) *Plant. Mol. Biol.*, 27: 651-667.

[2] Goicoechea M *et al.* (2005). *Plant J.*, 43: 553-567

[3] Lacombe E, Van Doorselaere, J (2000). *Plant. J.*, 23: 663-676.

[4] Lauvergeat V, Rech R (2002). *Plant. Mol. Biol.*, 50: 497-509.

24. CHARACTERIZATION OF *AT3G14310*, AN ARABIDOPSIS GENE ENCODING A PUTATIVE PECTIN METHYLESTERASE

RAYON Catherine, LOUVET Romain, PELLOUX Jérôme, DOMON Jean-Marc, VAN WUYTSWINKEL Olivier, FOURNET Françoise, GUENIN Stéphanie, ROSIAU Emeline, GUERINEAU François, GILLET Françoise

Groupe de Génomique Fonctionnelle des Plantes, EA3900, Biologie des Plantes et Contrôle des Insectes Ravageurs, Université de Picardie Jules Verne, 80039 Amiens.

Pectin is one of the main constituents of the primary cell wall in plants. During plant development, pectin is modified by pectin methylesterases (PME) to give different properties to the wall. Here, we report the expression pattern of the *At3g14310* gene, an Arabidopsis encoding a pectin methyl esterase and the cell wall targeting and activity of the PME it encodes.

Quantitative real-time PCR experiments showed that *At3g14310* mRNA is most abundant in leaves, roots, floral buds and young siliques.

Transgenic Arabidopsis plants expressing a promoter GUS reporter construct revealed expression in the vascular tissues. It is known that many plant PME genes encode so called pre-pro-proteins that are subsequently cleaved into active proteins. Although several functions for the pro-region have been suggested, including intra-cellular targeting, there are few supporting data.

To assess the function of the pro-region of the PME encoded by *At3g14310* in cell wall targeting, sub-cellular localization experiments were performed using GFP-fusion proteins. Several constructs harbouring either the full-length *At3g14310* cDNA, the N-terminal pro-sequence or only the cDNA fragment encoding the catalytic site fused to GFP were expressed in tobacco plants. Our results will provide insights into the mechanism by which PMEs are targeted to the wall. A recombinant full-length PME containing six histidine residues was also overexpressed in tobacco plants and BY2 cells. The His-tag allows purification of this particular PME from various cell fractions after which its specificity can be assayed. All these experimental data will provide a better understanding of the PME function in Arabidopsis.

25. UDP-GLUCOSE DEHYDROGENASE: AN IMPORTANT ENZYME FOR PLANT CELL WALL BIOSYNTHESIS

REBOUL¹ Rebecca, TENHAKEN¹ Raimund, LÜTZ-MEINDL¹ Ursula

¹Department of Cell Biology, Plant Physiology, University of Salzburg, Hellbrunnerstraße 34, 5020 Salzburg, Austria

The enzyme UDP-glucose dehydrogenase synthesizes a key nucleotide-sugar for the primary plant cell wall formation. This enzyme oxidizes UDP-glucose to UDP-glucuronic acid (UDP-GlcA), precursor for numerous UDP-sugars (UDP-arabinose, -apiose, -galacturonic acid), which account for half of the biomass of a typical Arabidopsis leaf cell wall. The gene encoding the UDP-glucose dehydrogenase belongs to a small gene family named *Ugd*, composed of four isoforms and a pseudogene. Arabidopsis T-DNA mutants for all isoforms have already been isolated, and two double mutants were established through crossings. Phenotypes of these double knock-outs are particularly interesting: in comparison with wildtype plants. The mutant *ugd1ugd4* is bigger than wildtype and shows thinner, stretched cell walls. The other double mutant, *ugd2ugd3*, has as a dwarf plant phenotype, with dark green leaves, reduced root-lengths, longer life cycles and low reproduction rates. The monomer composition of plant cell walls was determined by HPAEC-PAD. The HPLC profile for *ugd2ugd3* cellwall extracts displays a significant reduction of galacturonic acid, xylose and arabinose, In contrast, the cellwall composition of the *ugd1ugd4* shows only minor changes compared to wildtype plants. We conclude that the proper network of cellwall matrix polysaccharides is important for normal cell differentiation and cell growth. The individual phenotypes of the different *ugd*-mutants suggest a distinct role of each UGD-isoform for regular plant development. Immunofluorescence using monoclonal antibodies against cell wall substructures, transmission and scanning electron microscopy are being done to get a better idea of the particularities of these mutants.

1. Seitz B, Klos C, Wurm M, Tenhaken R (2000) *The Plant Journal* 21:537-546
2. Klinghammer M., Tenhaken R. (2007) *Journal of Experimental Botany* 13:3609-3621

26. EFFET DE DIFFERENTES CONCENTRATIONS D'OZONE SUR LA LIGNIFICATION ET PROPRIETES DU BOIS DE JEUNES PEUPLIER (*Populus tremula x alba*)

RICHET Nicolas¹, HUBER Françoise², POLLET Brigitte³, BANVOY Jacques¹, DIZENGREMEL Pierre¹, LAPIERRE Catherine³, PERRE Patrick², CABANE Mireille¹

¹Equipe Ecophysiologie Cellulaire et Moléculaire, UMR 1137 INRA-UHP Nancy 1, Ecologie et Ecophysiologie Forestières, BP 239, 54506 Vandœuvre-lès-Nancy, France

²Laboratoire d'Etudes et de Recherche sur le Matériau Bois (LERMAB), Unité Mixte de Recherche ENGREF-INRA-Université Nancy I (Henri Poincaré), 14 rue Girardet, CS 4216, 54042 Nancy CEDEX, France.

³Laboratoire de Chimie Biologique, UMR 206 INRA-INA-PG, Institut National Agronomique, 78850 Thiverval-Grignon, France.

Dans le cadre des changements climatiques globaux, l'intérêt pour le devenir de nos forêts s'accroît. L'ozone, l'un des polluants majeurs de notre atmosphère, est responsable de dommages importants sur les plantes. Il jouerait un rôle prépondérant dans la diminution de la croissance des forêts. Cependant les dommages causés par l'ozone sur le bois sont encore peu étudiés. L'objectif principal de ce travail est d'analyser l'effet de différentes doses d'ozone sur le bois de jeunes peupliers (*Populus tremula x alba*), plus particulièrement au niveau de la biosynthèse des lignines.

De jeunes peupliers (3 mois) ont été fumigués pendant 46 jours avec différentes doses d'ozone (50, 100, 200, 300 ppb) durant la période de jour en chambres phytotroniques. Les arbres ont été inclinés à 45° dans le but de contrôler la formation du bois de tension.

La lignification a été analysée sur le bois de tension et le bois opposé à différentes hauteurs de la tige. Les activités et les taux de transcrits de plusieurs enzymes impliquées dans la voie métabolique des lignines ont été mesurés. La cinnamyl alcool déshydrogénase (CAD), enzyme qui catalyse la formation des monolignols, la phénylalanine ammonia-lyase (PAL), première enzyme de la voie des phénylpropanoïdes et la shikimate déshydrogénase ont été étudiées. De plus, la quantité et la qualité des lignines ont été déterminées. Les résultats sur les lignines sont mis en relation avec différentes propriétés du bois et l'anatomie.

27. IDENTIFICATION OF A GLYCOSYLTRANSFERASE REQUIRED FOR EARLY EMBRYO DEVELOPMENT

ROLLAND Aurélie¹, JOHANSEN Jorunn¹, GESHI Naomi², SCHELLER Henrik², HÖFTE Herman¹, MOUILLE Grégory¹

¹Laboratoire de Biologie Cellulaire, Institut Jean-Pierre Bourgin, INRA centre Versailles/Grignon, Route de St Cyr, 78026 Versailles, France ² Department of Plant Biology, University of Copenhagen, DK

Glycosyltransferases (GTs) belong to a huge family of enzymes involved in various mechanisms such as protein glycosylation and cell wall polysaccharide biosynthesis. Many actors in protein glycosylation have been identified but most of the GTs involved in cell wall biosynthesis remains to be identified.

Reverse genetics is a promising approach for the functional analysis of GTs and many mutants already have been identified. Unfortunately, most of them do not show an obvious phenotype and hence do not provide insights in the function of these enzymes. Our strategy for the identification of new GTs involved in plant development was based on transcriptome analysis of public databases. Using a web based tool (ExpressionAngler). We identified GTs showing similar expression pattern as PENNYWISE (PNY); a transcription factor involved in shoot apical meristem development. The gene *At1g32930*, encoding a GT31 is highly co-expressed with PNY.

The corresponding T-DNA insertion mutant shows an embryo-lethal phenotype. Complementation of the embryo-lethal phenotype through the use of cDNA::GFP fusion confirmed the role of this gene during early embryo development. Subcellular localisation of the protein and expression pattern of the gene will be presented as well as preliminary phenotyping and characterisation of the over-expressor lines and *in vitro* activity of the enzyme specificity.

These results led to the identification of a GT playing a key role in the development of embryo development.

28. PLASMA MEMBRANE - CELL WALL CONTACTS : LECTIN RECEPTOR KINASES AS LINKERS OR/AND SENTINELS

SOURIAC Camille^{1,2}, GOUGET Anne^{1,2}, ROUJOL David¹, JAMET Elisabeth¹, PONT-LEZICA Rafael¹, ROBY Dominique², BALAGUE Claudine², CANUT Hervé¹

¹ Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux, UMR CNRS UPS 5546

² Laboratoire des Interactions Plantes Microorganismes (LIPM), UMR CNRS INRA 2594/441
24 Chemin de Borde-Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France

Cell walls do surround and separate cells through life. Based on their physical properties and their dynamic polysaccharide and protein contents, cell walls play essential roles in plant pathology and development. Cell walls and cells must interact to influence each other in order to ensure cell functions. Some of these interactions involve physical linkages that can be revealed by plasmolysis, where masses of cytoplasm and plasma membrane remained attached to wall.

In plasmolysed cells of *Arabidopsis thaliana*, the cell wall-plasma membrane contacts are disrupted in the presence of RGD (Arg-Gly-Asp)-containing peptides. We showed that *A. thaliana* exhibits high affinity RGD-binding sites at the plasma membrane. Molecular approaches have identified a receptor-like protein kinase (At5g60300 named LecRK79) that contains an extracellular legume-lectin domain at its N-terminus as a candidate to mediate contacts through protein-protein interactions. This legume-lectin produced as a recombinant protein is able to interact with RGD-containing peptides or proteins [1]. The RGD-containing protein secreted by the plant pathogen *Phytophthora infestans* is recognized by this putative receptor *via* its RGD-motif [1].

Recent results using two *LecRK79*-null mutants revealed a partial loss of resistance in response to virulent and avirulent strains of *Pseudomonas syringae*, suggesting a role for LecRK79 in non-self recognition events. In addition, transgenic tobacco cell lines constitutively expressing the lectin domain of LecRK79 showed many cells with characteristic death morphology. In particular, a cytoplasmic retraction of the protoplast with a visible gap between the cell wall and plasma membrane was observed.

Cell wall proteomics and genome analysis revealed several candidates as potential ligands and partners of LecRK79, i.e. extracellular and plasma membrane RGD-containing proteins [2]. Identification of ligands (proteins and polysaccharides) and partners of LecRK79 will be crucial in understanding its functions either in plasma membrane-cell wall contacts, or as sentinels for microorganism perception.

[1] Gouget A, Senchou V, Govers F, Sanson A, Barre A, Rougé P, Pont-Lezica R, Canut H (2006) *Plant Physiol* 140: 81-90.

[2] Jamet E, Albenne C, Boudart G, Irshad M, Canut H, Pont-lezica R (2008) *Proteomics* (in press).

29. CELL WALL GENE EXPRESSION IN EARLY MAIZE RECOMBINANT INBRED LINES DIFFERING IN PARENTAL ALLELES AT MAJOR LIGNIN QTL POSITIONS

THOMAS Justine^{1,2}, GUILLAUMIE Sabine^{1,2}, DENOUE Dominique¹, PICHON Magalie²,
BARRIERE Yves^{1*}

¹ INRA, Unité de Génétique et d'Amélioration des Plantes Fourragères, BP6, 86600 Lusignan, France.

² Université Paul Sabatier, UMR 5546, Chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France.

Four quantitative trait loci (QTL) for cell wall digestibility and lignin content has been shown in the recombinant inbred lines RIL progeny descended in the cross between the two early dent lines of contrasted cell wall digestibility F288 and F271, out of which one located in bin 6.06 explaining 20% and 40% of the phenotypic variation for lignin content and cell wall digestibility, respectively [Roussel et al., 2002]. Expression of genes related to cell wall and lignin biosynthesis was investigated with the MaizeWall macro-array in two RIL having favorable alleles for low lignin content and high cell wall digestibility, except in bin 6.06 where RIL39 and RIL99 had the unfavorable and favorable alleles, respectively. In the lignin pathway, two PAL, 4CL1, ZmCCR1, COMT, and ZmCAD2 genes were under-expressed in RIL99 in comparison to RIL39. In addition, two cytochrome P450, ZmCHS c2, and a ZmCHI genes were simultaneously under-expressed while two OMT ZRP4-like were under-expressed. None of these genes were mapped in bin 6.06. Four regulation factor were also over-expressed, but the map positions were either unknown or not in bin 8.07 for the cov1 gene. Conversely, another cov1 homologous gene, not present on the MaizeWall Macro-array, was mapped 0.5 cM downstream the QTL position and could thus be considered as a probable candidate gene. The over-expression of a cov1-like gene in RIL99 could correspond to a higher inhibition of vascular and/or lignified tissue formation. Other candidate genes have been considered, according to their expressions, map positions in bin 6.06, or map position in the chromosome 5 rice ortholog areas.

Roussel V, Gibelin C, Fontaine S, Barrière Y (2002) *Maydica* 47:9-20.

30. PRODUCTION ET CARACTERISATION D'ANTICORPS MONOCLONAUX A L'ENCONTRE DE L'ACIDE P COUMARIQUE

TRANQUET Olivier, SAULNIER Luc, GUILLON Fabienne

INRA UR1268 Biopolymères, Interactions et Assemblages, Nantes, France.

Les acides hydroxycinnamiques, principalement, l'acide férulique et l'acide -p coumarique sont des composés répandus chez les graminées. Ces composés sont impliqués dans les processus de lignification et peuvent former des pontages covalents ester-éther entre les polysaccharides et les lignines. Ils interviennent sur les propriétés mécaniques de la paroi et sa biodégradabilité. L'immunolocalisation des composés phénoliques peut apporter des informations complémentaires de l'analyse chimique sur les processus de lignification et réticulation des polymères au sein des parois. Récemment nous avons produit un anticorps à l'encontre de l'acide férulique estérifié en O5 de l'arabinose [Philippe et al., 2007]. Dans ce résumé, nous décrivons la production et la caractérisation de deux anticorps monoclonaux contre l'acide p coumarique.

Le motif 5-O-Cou-Ara (1->5)Xyl a été synthétisé par voie chimique puis conjugué à une protéine porteuse. La liaison de l'arabinose en O5 du xylose est une liaison absente chez les xylanes. Ce dimère sert de bras "espaceur" pour une meilleure présentation du motif d'intérêt, l'acide p coumarique estérifié en O5 de l'arabinose, lors de l'immunisation. Le conjugué 5-O-Cou-Ara(1->5)Xyl-ovalbumine a été utilisé pour la production de l'anticorps alors que le conjugué 5-O-Cou-Ara (1->5)Xyl-BSA a été retenu comme antigène pour les ELISA. Sept clones ont été isolés, et après leur titration, deux clones ont été sélectionnés pour une caractérisation plus poussée par ELISA compétitif. La spécificité de ces anticorps a été évaluée en utilisant différents oligosaccharides et composés phénoliques apparentés à l'acide p coumarique.

Le premier anticorps INRACOU1 reconnaît spécifiquement l'acide p coumarique qu'il soit estérifié ou non. Il ne réagit pas avec les autres acides hydroxycinnamiques et autres composés phénoliques présents dans les plantes. Le second anticorps INRACOU2 reconnaît l'acide p-coumarique sous forme estérifiée et ne réagit pas avec l'acide p-coumarique non estérifié. Une faible réactivité croisée avec l'acide férulique estérifié en O5 de l'arabinose a été notée. Ces anticorps ont été utilisés pour étudier la localisation de l'acide pcoumarique dans les différents organes, grain, paille, racine de blé et entrenoeud de maïs. Il est présent dans les parois de types de secondaire. Dans le grain en particulier, l'acide p coumarique est uniquement détecté dans les parois de la couche à aleurone.

L'utilisation des anticorps décrits dans ce résumé ainsi que ceux disponibles à l'encontre de l'acide férulique estérifié et des xylanes constituent des outils utiles pour progresser dans la compréhension de l'organisation et construction des parois de graminées.

Philippe S, Tranquet O, Utile J.-P., Saulnier L., Guillon F. ·Planta (2007) 225:1287–1299

31. CHEMICAL IMAGING OF ROOT GROWTH USING FOURIER TRANSFORM INFRARED SPECTROSCOPY

URBAIN Aurélie¹, LEBARBIER Emilie², DAUDIN Jean-Jacques², HÖFTE Herman¹, MOUILLE Grégory¹.

¹Laboratoire de Biologie cellulaire, IJPB, INRA Centre de Versailles, Route de St Cyr 78026 Versailles.

²AgroParisTech, MMIP Department, 16 rue Claude Bernard F, 75 231 Paris Cedex 05

We have previously shown that FT-IR spectroscopy is a powerful tool to detect a wide range of cell wall modifications in various mutant backgrounds (Mouille et al, 2003). The purpose of the work presented here is to better define the cell wall modifications that occurred during cell elongation in the root. We acquired Infra-red spectra along the root elongation axis from the root tip to the first root hair. Then, we developed new statistical tools to identify zones in the root where specific changes of the spectra occurred. This approach allowed us to define specific diagnostic wavenumbers of the cellular differentiation stage in the root. A few growth conditions were tested and the various growth patterns deduced from the Infra-Red spectra will be discussed.

32. CRIBLAGE DE MUTANTS D'*ARABIDOPSIS THALIANA* AFFECTES DANS LA STRUCTURE DU RHAMNOGALACTURONANE II

VOXEUR¹ Aline, RIHOUEY¹ Christophe, SEVENO¹ Martial, RALET² Marie Christine, MARCHANT³ Alan, DELMAS⁴ Frédéric, CHEVALIER⁴ Christian, LEROUGE¹ Patrice

(1) Laboratoire de Glycobiologie et Transports chez les végétaux, UMR CNRS 6037, Institut Fédératif de Recherche Multidisciplinaire sur les Peptides 23, Université de Rouen, 76821 Mont-Saint-Aignan cedex, France.

(2) UR1268 Biopolymères Interactions Assemblages, 44300 Nantes, France.

(3) School of Biological Science, University of Southampton, UK

(4) UMR 619, Physiologie et Biotechnologie Végétales, Institut de Biologie Végétale Moléculaire, Centre de Recherche Institut National de la Recherche Agronomique-Bordeaux, BP 81, 33883 Villenave d'Ornon cedex, France.

Le Rhamnogalacturonane II (RG-II), polysaccharide hautement conservé dans de nombreuses espèces végétales, est un méga-oligosaccharide pectique complexe. Ce polymère est présent principalement dans la paroi sous une forme dimérisée *via* une liaison diester de borate. Or, il a été montré que la dimérisation du RG-II serait un processus fondamental dans la croissance de la plante (O'Neill *et al.*, 2001). Pouvoir disposer de mutants affectés au niveau de la structure de RG-II est une des voies les plus attractives d'étude des fonctions physiologiques de ce polymère pariétal complexe. Cependant, l'étude du RG-II est délicate puisqu'il ne représente que 4 % des composés pariétaux et qu'il possède une structure très complexe. Dans ce contexte, notre objectif consiste à mettre en oeuvre et valider un protocole de criblage de mutants d'*Arabidopsis thaliana* présentant des défauts de structure du RG-II. Après purification du RG-II, celui-ci est hydrolysé en conditions acides douces et les fragments générés sont analysés par spectrométrie de masse MS¹ et MS² (ESI, Q-TRAP). Les spectres obtenus constituent l'« empreinte acide » du RG-II. Cette stratégie a été développée sur du RG-II purifié de pectines de citron puis appliqués à des mutants potentiels d'*Arabidopsis*.

33. ASSEMBLAGE ET DEGRADATION DES PAROIS DE MAIS : DE LA PLANTE ENTIERE A L'ECHELLE CELLULAIRE

WONG QUAI LAM Mary, MARTINEZ Yves, JAUNEAU Alain, BARRIERE Yves, O'DONOHUE Mickaël, SAULNIER Luc, GUILLON Fabienne, GOFFNER Deborah, PICHON Magalie

UMR5546 CNRS/UPS, 31326 Castanet Tolosan , France (WQL.M, M.Y, J.A G.D, P.M), INRA Unité de Génétique et d'Amélioration des Plantes Fourragères, 86660 Lusignan, France (B.Y), INSA-INRA Toulouse, France (O.M), Unité de Recherche INRA « Biopolymères, interactions assemblages », 44 316 Nantes Cedex 03, France (S.L, G.F).

Jusqu'à présent, la dégradabilité des parois d'un génotype de maïs a toujours été considérée à l'échelle de la plante entière. Les travaux antérieurs menés dans l'équipe sur la biologie moléculaire des parois chez les graminées sont pionniers dans le domaine (Guillaumie et al., 2007) et on conduit à l'élaboration d'une base de données (MAIZEWALL) et d'un array thématique paroi. A l'heure actuelle il nous paraît essentiel de considérer la formation et la dégradabilité des parois à l'échelle cellulaire. En effet, il existe chez le maïs une très grande diversité de types cellulaires à paroi lignifiée non seulement entre différents organes, mais également au sein de chaque organe. Nous nous proposons donc d'identifier les programmes génétiques propres à chaque type cellulaires lignifiés.

Pour cela les objectifs et les démarches, de ce projet, sont les suivants :

- Identifier les gènes clés conditionnant les caractéristiques physico-chimiques propres à chaque type cellulaire lignifié par laser capture microdissection (LCM) et hybridation sur l'array paroi et la puce Affymetrix.

- Déterminer *in situ* la composition/structure chimique des parois des différents types cellulaires lignifiées par microdosages des constituants pariétaux et immunolocalisation à l'aide des anticorps dirigés contre différents structures /composants de la paroi.

- Déterminer le degré de dégradabilité des différents types cellulaires par digestion aménagée avec différents enzymes microbiennes recombinantes.

Au delà des aspects cognitifs, les résultats de ces travaux auront une répercussion importante dans des stratégies de sélection du maïs fourrage dans l'avenir.

Guillaumie et al. (2007) *Plant Physiology* 143:339-363

Co-financement UPS-CNRS-ASSEDIS SO (Euralis, Syngenta, Maïsador, Limagrain, Caussade semences, RAGT).

PARTICIPANTS

ABOT Audrey

Physiologie Moléculaire du Transport des Sucres chez
les Végétaux
FRE 3091 Université Poitiers-CNRS
40 avenue du Recteur Pineau
86022 POITIERS cedex
audrey_abot@hotmail.com

AFIF Dany

Ecologie et Ecophysiologie Forestières
UMR 1137 INRA-UHP Nancy I
Rue Amance
54280 CHAMPENOUX
Dany.Afif@scbiol.uhp-nancy.fr

ALBENNE Cécile

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
albenne@scsv.ups-tlse.fr

ALBOUY Marie-Ange

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
albouy@scsv.ups-tlse.fr

AMELOT Nicolas

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
amelot@scsv.ups-tlse.fr

ARLAT Mathieu

Laboratoire des Interactions Plantes/Microorganismes
UMR 441-2594 INRA-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 52627 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
arlat@toulouse.inra.fr

BADREDDINE Ilham

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
badreddine@scsv.ups-tlse.fr

BAG Rahime

Fractionnement des AgroRessources et Emballage
(FARE)
UMR 614 INRA-URCA
2, esplanade Roland Garros
BP 224
51686 REIMS cedex 2
rahime.bag@reims.inra.fr

BALDET Pierre

Biologie du Fruit
UMR 619 INRA-Université Bordeaux
71, avenue Edouard Bourlaux
BP 81
33883 VILLENAVE D'ORNON cedex
baldet@bordeaux.inra.fr

BALDWIN Laetitia

Génomique Fonctionnelle des Plantes
EA 3900 – Université Picardie Jules Vernes
33, rue Saint-Leu
80039 AMIENS cedex 1
laetitia.baldwin@u-picardie.fr

BARBIER Odile

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
barbier@scsv.ups-tlse.fr

BARRIERE Yves

Unité de Génétique et d'Amélioration des Plantes
Fourragères - INRA
Route de Saintes
BP 6
86600 LUSIGNAN
yves.barriere@lusignan.inra.fr

BAUMBERGER Stéphanie

Chimie Biologique
UMR 206 INRA-Agro ParisTech
78850 THIVERVAL-GRIGNON
baumberg@grignon.inra.fr

BEAUGRAND Johnny

Fractionnement des AgroRessources et Emballage
(FARE)
UMR 614 INRA-URCA
2, esplanade Roland Garros
BP 224
51686 REIMS cedex 2
beaugran@reims.inra.fr

BEHRA Philippe

Chimie Agro-Industrielle
UMR 1010 ENSIACET-INPT-INRA
118, route de Narbonne
31077 TOULOUSE cedex
philippe.behra@ensiacet.fr

BERTHET Serge

Biologie cellulaire
UR 501 INRA
Route de Saint-Cyr
78026 VERSAILLES cedex
serge.berthet@versailles.inra.fr

BOUKARI Imen

Fractionnement des AgroRessources et Emballage
(FARE)
UMR 614 INRA-URCA
2, esplanade Roland Garros
BP 224
51686 REIMS cedex 2
imen.boukari@reims.inra.fr

BOULANGER Alice

Laboratoire des Interactions Plantes/Microorganismes
UMR 441-2594 INRA-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 52627 AUZEVILLE
31326 Castanet-Tolosan FRANCE
boulanger@toulouse.inra.fr

BOUSCAUT Jérôme

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
bouscaut@scsv.ups-tlse.fr

BRETON Christelle

CERMAV-CNRS
Domaine Universitaire de Grenoble St Martin d'Hyères
601, rue de la Chimie - BP 53
38041 Grenoble cedex 9
breton@cermav.cnrs.fr

BULONE Vincent

Royal Institute of Technology (KTH)
School of Biotechnology
Alba Nova University Centre
SE-106 91 STOCKHOLM - SUEDE
vincent.bulone@biotech.kth.se

CABANE Mireille

Ecophysiologie Cellulaire et Moléculaire
UMR 1137 INRA-UHP Nancy I
BP 239
54506 VANDOEUVRE LES NANCY cedex
cabane@scbiol.uhp-nancy.fr

CANUT Hervé

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
canut@scsv.ups-tlse.fr

CARROUCHE Audrey

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
carrouche@scsv.ups-tlse.fr

CHAA Lahouari

Glycobiologie et Physiologie Végétale
Faculté des Sciences Jean Perrin - Université d'Artois
Rue Jean Souvraz – SP 18
62307 LENS cedex
lahouari.chaa@univ-artois.fr

CHABANNES Matthieu

Laboratoire des Interactions Plantes Microorganismes
UMR 441-2594 INRA -CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 52627 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
matthieu.chabannes@toulouse.inra.fr

CHABBERT Brigitte

Fractionnement des AgroRessources et Emballage
(FARE)
UMR 614 INRA-URCA
2, esplanade Roland Garros
BP 224
51686 REIMS cedex 2
chabbert@reims.inra.fr

CHEVALIER Christian

Biologie du Fruit
UMR 619 INRA-Université Bordeaux
71, avenue Edouard Bourlaux
BP 81
33883 VILLENAVE D'ORNON cedex
chevalie@bordeaux.inra.fr

CRONIER David

Fractionnement des AgroRessources et Emballage
(FARE)
UMR 614 INRA-URCA
2, esplanade Roland Garros
BP 224
51686 REIMS cedex 2
cronier@reims.inra.fr

DEJARDIN Annabelle

INRA., Centre de recherche d'Orléans
2163, avenue de la Pomme de Pin
BP 20619 Ardon
45166 OLIVET cedex

dejardin@orleans.inra.fr

DEJEAN Guillaume

Laboratoire des Interactions Plantes Microorganismes
UMR 441-2594 INRA-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 52627 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
guillaume.dejean@toulouse.inra.fr

DENANCE Nicolas

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR UPS-CNRS 5546
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
denance@scsv.ups-tlse.fr

DEYTIEUX Christelle

Faculté d'œnologie
Université Bordeaux 2
351, cours de la Libération
33405 TALENCE
oenobioc@oenologie.u-bordeaux2.fr

DIGONNET Catherine

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
digonnet@scsv.ups-tlse.fr

DOCO Thierry

Sciences pour l'œnologie (SPO)
UMR AGRO M/INRA/UM I
2, place Viala
34060 MONTPELLIER cedex 1
thierry.doco@supagro.inra.fr

DOMON Jean Marc

Génomique Fonctionnelle des Plantes
EA-3900 – Bio PI – Université Picardie Jules Vernes
33, Rue Saint-Leu
80039 AMIENS cedex 1
jean-marc.domon@u-picardie.fr

DRIOUICH Azeddine

Glycobiologie et Transports chez les Végétaux
UMR 6037 CNRS-Université Rouen
76821 MONT SAINT AIGNAN cedex
azeddine.driouich@univ-rouen.fr

DURAND Caroline

Glycobiologie et Transports chez les Végétaux
UMR 6037 CNRS/Université Rouen
76821 MONT SAINT AIGNAN cedex
caroline.durand1@etu.univ-rouen.fr

ESQUERRE-TUGAYE Marie-Thérèse

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
esquerre@scsv.ups-tlse.fr

FAURE Régis

Ingénierie des systèmes Biologiques et des Procédés
UMR INSA/INRA 792
INSA
135, avenue de Ranguetil
31077 TOULOUSE cedex
regis.faure@insa-toulouse.fr

GALIANA Eric

Interactions Biotiques et Santé Végétale (IBSV)
UMR 1301 INRA-CNRS-Université Nice Sophia
Antipolis
400, route des Chappes BP 167
06903 SOPHIA ANTIPOLIS
galiana@sophia.inra.fr

GIELEN Jan

SYNGENTA Seeds S.A.S.
12, chemin de l'hobit
BP 27
31790 SAINT SAUVEUR
jan.gielen@syngenta.com

GILBERT Louise

Biologie du Fruit
UMR 619 INRA-Université Bordeaux
71, avenue Bourlaux
BP 81
33883 VILLENAVE D'ORNON cedex
louise.gilbert@bordeaux.inra.fr

GILLET Françoise

Biologie des Plantes et Contrôle des Insectes
Ravageurs
EA 3900 Université Picardie Jules Vernes
33 rue Saint Leu
80039 AMIENS cedex 1
francoise.gillet@u-picardie.fr

GIMENO-GILLES Christine

Physiologie Moléculaire des Semences
UMR 1191 Université d'Angers-INRA-INH
2, boulevard Lavoisier
49045 ANGERS cedex 1
christine.gimeno@univ-angers.fr

GOFFNER Deborah

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
goffner@scsv.ups-tlse.fr

GRIMA PETTENATI Jacqueline

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
grima@scsv.ups-tlse.fr

GUILLOIN Fabienne

UR 1268 BIA
INRA
Rue de la Géraudière
BP 71627
44316 NANTES cedex 3
guillon@nantes.inra.fr

HACHEM Kadda

Université des Sciences et de la Technologie d'Oran
BP 1505 EI M'NAOUAR
31000 ORAN - ALGERIE
kadda46@hotmail.com

HAWKINS Simon

Stress Abiotiques et Différenciation des Végétaux
Cultivés
UFR Biologie
UMR 1281 USTL-INRA
Bât SN2
59655 VILLENEUVE D'ASCQ
simon.hawkins@univ-lille1.fr

HOFFMANN Laurent

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR UPS-CNRS 5546
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
hoffmann@scsv.ups-tlse.fr

IRSHAD Muhammad

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR UPS-CNRS 5546
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
irshad@scsv.ups-tlse.fr

JAMET Elisabeth

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR UPS-CNRS 5546
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
jamet@scsv.ups-tlse.fr

JAUNEAU Alain

IFR40 CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
jauneau@scsv.ups-tlse.fr

JOSELEAU Jean Paul

CERMAV-CNRS
Domaine Universitaire de Grenoble St Martin d'Hyères
601, rue de la Chimie - BP 53
38041 Grenoble cedex 9
joseleau@cermav.cnrs.fr

JOUANIN Lise

Biologie cellulaire
UR 501 INRA
Route de Saint-Cyr
78026 VERSAILLES cedex
lise.jouanin@versailles.inra.fr

KUREK Bernard

Fractionnement des AgroRessources et Emballage
(FARE) UMR 614 INRA-URCA
2, esplanade Roland Garros
BP 224
51686 REIMS cedex 2
bernard.kurek@reims.inra.fr

LADOUCE Nathalie

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR UPS-CNRS 5546
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
ladouce@scsv.ups-tlse.fr

LAHAYE Marc

INRA -UR 1268 BIA
Rue de la Géraudière
BP 71627
44316 NANTES cedex 3
lahaye@nantes.inra.fr

LAPIERRE Catherine

Chimie Biologique
UMR 206 INRA-Agro ParisTech
78850 THIVERVAL-GRIGNON
lapierre@grignon.inra.fr

LAUBER Emmanuelle

Laboratoire des Interactions Plantes/Microorganismes
UMR 441-2594 INRA-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 52627 AUZEVILLE
31326 Castanet-Tolosan FRANCE
elauber@toulouse.inra.fr

LE BOURVELLEC-SAMOUR Carine

Sécurité et Qualité des Produits D'Origine Végétale
UMR A408 INRA - Université d'Avignon
Domaine Saint Paul
84914 AVIGNON cedex 9
carine.lebourvellec@avignon.inra.fr

LEGAY Sylvain

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
legay@scsv.ups-tlse.fr

LEGLAND David

INRA UR 1268 BIA
Rue de la Géraudière
BP 71627
44316 NANTES cedex 3
legland@nantes.inra.fr

LEPLE Jean Charles

INRA., Centre de recherche d'Orléans
2163, avenue de la Pomme de Pin
BP 20619 Ardon
45166 OLIVET cedex
leple@orleans.inra.fr

LEROUGE Patrice

Glycobiologie et Transports chez les Végétaux
UMR 6037 CNRS-Université Rouen
76821 MONT SAINT AIGNAN cedex
patrice.lerouge@univ-rouen.fr

LUCAU-DANILA Anca

Stress Abiotiques et Différenciation des Végétaux
Cultivés
UFR Biologie
UMR 1281 USTL-INRA
Bât SN2
59655 VILLENEUVE D'ASCQ
anca.Lucau@univ-lille1.fr

MARTINEZ Yves

IFR 40 CNRS
24, chemin de Borde-Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
martinez@scsv.ups-tlse.fr

MECHIN Valérie

Chimie Biologique
UMR 206 INRA-Agro ParisTech
78850 THIVERVAL-GRIGNON
mechin@grignon.inra.fr

MOISE Adeline

INRA -UR 1268 BIA
Rue de la Géraudière,
BP 71627
44316 NANTES cedex 3
adeline.moise@nantes.inra.fr

MOLLET Jean Claude

Glycobiologie et Transports chez les Végétaux
UMR 6037 CNRS-Université Rouen
76821 MONT SAINT AIGNAN cedex
jean-claude.mollet@univ-rouen.fr

MOSSION Aurélie

Chimie Agro-Industrielle
UMR 1010 ENSIACET-INPT-INRA
118, route de Narbonne
31077 TOULOUSE cedex
aurelie.mossion@ensiacet.fr

MOUILLE Grégory

Biologie cellulaire
UR 501 INRA
Route de Saint-Cyr
78026 VERSAILLES cedex
gmouille@versaille.inra.fr

NEUTELINGS Godfrey

Stress Abiotiques et Différenciation des Végétaux
Cultivés UFR Biologie
UMR 1281 USTL-INRA
Bât SN2
59655 VILLENEUVE D'ASCQ
godfrey.neutelings@univ-lille1.fr

NOLIN Frédérique

Fractionnement des AgroRessources et Emballage
(FARE)
UMR 614 INRA-URCA
2, esplanade Roland Garros
BP 224
51686 REIMS cedex 2
fnolin@reims.inra.fr

PACQUIT Valérie

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
pacquit@scsv.ups-tlse.fr

PELLOUX Jérôme

Génomique Fonctionnelle des Plantes
EA 3900 Université de Picardie Jules Vernes
33, rue Saint-Leu
80039 AMIENS cedex 1
jerome.pelloux@u-picardie.fr

PICHON Magali

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR UPS-CNRS 5546
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
pichon@scsv.ups-tlse.fr

PILATE Gilles

UAGPF, INRA-Orléans,
2163 Avenue de la Pomme de Pin,
BP20619, Ardon
45166 OLIVET
pilate@orleans.inra.fr

POLLET Brigitte

Chimie Biologique
UMR 206 INRA-Agro ParisTech
78850 THIVERVAL-GRIGNON
pollet@grignon.inra.fr

PONCHET Michel

Interactions Biotiques et Santé Végétale (IBSV)
UMR 1301 INRA-CNRS-Université Nice Sophia
Antipolis
400, route des Chappes
BP 167
06903 SOPHIA ANTIPOLIS
michel.ponchet@sophia.inra.fr

PONT LEZICA Rafael

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
lezica@scsv.ups-tlse.fr

POTIN-GAUTIER Martine

LCABIE-IPREM
Avenue de l'Université
64000 PAU
martine.potin@univ-pau.fr

QUEMENER Bernard

INRA -UR 1268 BIA
Rue de la Géraudière
BP 71627
44316 NANTES cedex 3
quemener@nantes.inra.fr

RAHANTAMALALA Anjarina

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR UPS-CNRS 5546
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
rahantamalala@scsv.ups-tlse.fr

RAYON Catherine

Génomique Fonctionnelle des Plantes
EA-3900 – Bio PI – Université Picardie Jules Vernes
33, Rue Saint-Leu
80039 AMIENS cedex 1
catherine.rayon@u-picardie.fr

REBOUL Rebecca

Department of Cell Biology
Plant Physiology
University of Salzburg
Hellbrunnerstrasse 34
5020 SALZBURG – AUTRICHE
rebecca.reboul@gmail.com

RIBOULET Cédric

Pionner Génétique
Z.A. de la Teillais
10, rue Jean Baptiste Guérin
35740 PACE
cedric.riboulet@pioneer.com

RICHET Nicolas

Ecophysiologie Cellulaire et Moléculaire
UMR 1137 INRA-UHP Nancy I
Faculté des Sciences
BP 239
54506 VANDOEUVRE LES NANCY
Nicolas.Richet@scbiol.uhp-nancy.fr

RIHOUEY Christophe

Glycobiologie et Transport chez les Végétaux
UMR 6037 CNRS/Université de Rouen
76821 MONT SAINT AIGNAN cedex
christophe.rihouey@univ-rouen.fr

RINGLI Christoph

Institute of Plant Biology
Université de Zurich
Zollikerstrasse 107
8008 ZURICH SUISSE
chringli@botinst.uzh.ch

ROBERT Paul

INRA - UR 1268 BIA
Rue de la Géraudière
BP 71627
44316 NANTES cedex 3
robert@nantes.inra.fr

ROBIC Audrey

CEVA Maison de l'Algue
Presqu'île de Pen Lan
BP 3
22610 PLEUBIAN
audrey.robic@ceva.fr

ROUJOL David

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux
UMR 5546 UPS-CNRS
24, chemin de Borde Rouge
BP 42617 Auzeville
31326 CASTANET-TOLOSAN
roujol@scsv.ups-tlse.fr

RUEL Katia-Catherine

CERMAV-CNRS

Domaine Universitaire de Grenoble St Martin d'Hyères

601, rue de la Chimie - BP 53

38041 Grenoble cedex 9

ruel@cermav.cnrs.fr

SADO Pierre-E

INRA -UR 1268 BIA

Rue de la Géraudière

BP 71627

44316 NANTES cedex 3

sado@nantes.inra.fr

THOMAS Justine

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux

UMR UPS-CNRS 5546

24, chemin de Borde Rouge

BP 42617 Auzeville

31326 CASTANET-TOLOSAN

thomas@scsv.ups-tlse.fr

VAN CUTSEM Pierre

Unité de Recherche en Biologie Cellulaire et Végétale

Facultés universitaires de Notre Dame de la Paix

Rue de Bruxelles 61

5000 NAMUR – BELGIQUE

pierre.vancutsem@fundp.ac.be

VERNHETTES Samantha

Biologie cellulaire

UR 501 INRA

Route de Saint-Cyr

78026 VERSAILLES cedex

vernhatt@versailles.inra.fr

VOXEUR Aline

Glycobiologie et Transports chez les Végétaux

UMR 6037 CNRS-Université Rouen

76821 MONT SAINT AIGNAN cedex

aline.voxeur@etu.univ-rouen.fr

WONG QUAI LAM Mary-Sarah-Jane

Surfaces Cellulaires et Signalisation chez les Végétaux

24, chemin de Borde Rouge

UMR UPS-CNRS 5546

BP 42617 Auzeville

31326 CASTANET-TOLOSAN

wongquai@scsv.ups-tlse.fr

ZHENG Dan

Chimie Biologique

UMR 206 INRA - Agro ParisTech

78850 THIVERVAL-GRIGNON

mingyuzheng@hotmail.com