

Une approche de génomique fonctionnelle pour l'étude de la formation du bois de tension chez le peuplier

LEPLE, Jean-Charles¹

DEJARDIN, Annabelle¹

COSTA, Guy¹

LAFARGUETTE, Florian¹

LESAGE-DESCAUSES, Marie-Claude¹

LAURANS, Françoise¹

MILLET, Nadège¹

ARMOUGOM, Fabrice¹

MARTIN, Carine¹

PILATE, Gilles¹

*INRA-CRO, Unité Amélioration, Génétique et Physiologie Forestière, Domaine de Limère,
BP20619 ARDON, 45166 OLIVET CEDEX, France :¹*

Jean-Charles.Leples@orleans.inra.fr

Après l'obtention du premier arbre transgénique en 1987¹, de la première carte génétique chez un feuillu en 1993², et plus récemment par la publication des premières séquences partielles de gènes exprimés³ (" Expressed Sequence Tags " :ESTs) chez un arbre, le peuplier s'est affirmé comme arbre modèle pour nombre d'approches biotechnologiques. Le séquençage du génome du peuplier actuellement en cours ne fait que confirmer son rang d'espèce pilote chez les arbres dans le domaine de la génomique (<http://www.ornl.gov/ipgc/sequencing.htm>). Récemment, nous avons également initié une approche de génomique fonctionnelle avec pour objectifs d'identifier et de caractériser des gènes importants pour la formation du bois de tension chez le peuplier⁴.

Le bois de tension se caractérise par la présence de fibres moins lignifiées, enrichies en cellulose, avec un angle des microfibrilles de cellulose très resserrées sur l'axe de la fibre⁵. Afin d'identifier des gènes impliqués dans la mise en place des composants biochimiques et ultrastructuraux spécifiques du bois de tension, nous avons construit différentes type de banques de séquences exprimées (cDNA). Plus de 10000 ESTs ont été séquencées. L'analyse comparée de ces ESTs ainsi que les premiers résultats des données d'expression de ces gènes (puce à ADN) nous ont permis de mettre en évidence des gènes dont l'expression est particulièrement affectée lors de la formation du bois de tension. Ces résultats seront présentés en mettant en perspectives les différentes approches envisagées pour caractériser la fonction de ces gènes.

[1] Fillatti, J.J., Sellmer, J., McCown, B., Haissig, B. Comai, L. Mol. Gen. Genet. 206 (1987) 192-199

[2] Liu, Z. & Furinier J. Hered. 84 (1993) 419-424

[3] Sterky, F., Regan, S., Karlsson, J., Hertzberg, M., Rohde, A., Holmberg, A., Amini, B., Bhalerao, R., Larsson, M., Villarroel, R., Van Montagu, M., Sandberg, G., Olsson, O., Teeri, T. T., Boerjan, W., Gustafsson, P., Uhlen, M., Sundberg, B., Lundeberg, J. Proc. Nat. Acad. Sci. 95 (1998) 13330-13335

[4] Déjardin A., Lafarguette F., Armougom F., Martin C., Lesage-Descauses M.-C., Laurans F., Boizot N., Costa G., Leples J.-C., Pilate G., 2003. Tree Biotechnology 2003, Umea, Suède, 7-12 Juin.

[5] Habrant, A., Laurans, F., Dejardin, A., Leples, J.-C., Pilate, G., Cathala, B., Chabbert, B. Journées du Réseau Français des Parois, Le Croisic, 6-7 Novembre 2003.