

ETUDE DES MODIFICATIONS DE TEXTURE LORS DE LA MATURATION DE LA TOMATE PAR DES APPROCHES DE GENOMIQUE FONCTIONNELLE

David PAGE, Line TICHIT, Isabelle MARTY

*INRA UMR "Qualité et Sécurité des Produits d'Origine Végétale
Domaine Saint-Paul - Site Agroparc
84914 Avignon Cedex 9
marty@avignon.inra.fr*

De nombreuses modifications physiologiques sont observées chez les fruits charnus au cours de leur maturation. Notamment, une dégradation partielle et programmée de la paroi cellulaire est observée, entraînant une modification de la texture de la chair du fruit et conduisant à une perte de fermeté. Cette dégradation est due notamment à l'action de différentes enzymes hydrolytiques dont un grand nombre de gènes sont actuellement connus et accessible dans les banques de données (TIGR). En revanche, la modulation de leur niveau d'expression ne suffit pas à expliquer les phénomènes de modification de texture et de ramollissement des fruits [1].

L'objectif de notre recherche consiste à identifier des gènes dont l'expression est liée aux modifications de texture intervenant au cours de la maturation de la tomate sur plant ou après récolte. Notre démarche consiste à cribler un grand nombre de gènes (approches sur le transcriptome) avec des lignées de tomates à texture contrastée issues d'un programme de sélection assistée par marqueurs [2]. Ces lignées génétiquement contrôlées ont intégré des QTL (de 1 à 5 QTL) liés à différentes caractéristiques de texture (gain de fermeté, perte de farinosité).

Une des approches a consisté à cribler des gènes de fonctions connues. Un premier criblage de puces à ADNc (150 gènes) a permis d'identifier des gènes dont l'expression est modulée en fonction des QTL. Un deuxième criblage est actuellement entrepris sur puces à oligos représentant 450 gènes, qui devrait conduire à identifier des clusters de gènes avec des profils d'expression similaires et pouvant être impliqués dans des structures cellulaires communes. Une deuxième approche est développée et consiste à identifier de nouveaux gènes à fonction connue ou inconnue qui seraient dépendants des QTL de texture (SSH - soustraction sélective d'ARN). La contribution des gènes « candidats » dans les modifications de texture sera ensuite appréhendée par des approches complémentaires de biochimie (activité enzymatique...), de génétique (cartographie, marqueurs QTL), de physiologie moléculaire et cellulaire (transgènes antisens, mutant, localisations tissulaire-cellulaire...) et de physique (propriétés mécaniques..).

Cette approche couplée de génétique et de génomique fonctionnelle, ainsi que les approches physiques et mécaniques (cf communication AK. Sadoudi) menées en parallèle au laboratoire, devraient permettre d'émettre de nouvelles hypothèses sur les mécanismes cellulaires mis en place lors des modifications de texture chez les fruits.

[1] D. A. Brummell & M. H. Harpster. *Plant. Mol. Biol.* **47** (2001) 311-340.

[2] V. Saliba-Colombani, Causse M., Langlois D., Philouze J. & M. Buret. *Theor. Appl. Genet.* **102** (2001) 259-272.