

# IDENTIFICATION DE NOUVEAUX GENES IMPLIQUES DANS LA DIFFERENTIATION DU SYSTEME VASCULAIRE ET L'ACTIVITE CAMBIALE CHEZ *ARABIDOPSIS THALIANA*.

PINEAU Christophe<sup>1</sup>, TEILLET Alice<sup>1</sup>, RANOCHA Philippe<sup>1</sup>, JAUNEAU Alain<sup>1</sup>, JOUANIN Lise<sup>2</sup>, TURNER Simon<sup>3</sup>, BOUDET Alain-Michel<sup>1</sup>, GOFFNER Deborah<sup>1</sup>, PICHON Magalie<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>UMR CNRS/UPS 55-46, 24 chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet Tolosan, France

<sup>2</sup>Biologie cellulaire INRA, route de Saint-Cyr, 78026 Versailles, France

<sup>3</sup>School of Biological Sciences, University of Manchester, Oxford Road, Manchester M13 9PT, UK

[pichon@smcv.ups-tlse.fr](mailto:pichon@smcv.ups-tlse.fr)

Afin d'étudier la différenciation et l'organisation du système vasculaire chez les végétaux nous avons entrepris de rechercher parmi la collection de mutants d'insertion (T-DNA) d'*Arabidopsis thaliana* de l'INRA de Versailles soit des mutants présentant des défauts d'organisation des tissus conducteurs soit des lignées exprimant le gène *gus* dans le cambium. A l'issue de ce criblage une lignée nommée HCA (high cambial activity) ainsi que 4 lignées GUS positives ont été identifiées.

A la différence de la plante sauvage, les cellules du xylème et du phloème de *hca* sont organisées en anneau continu indiquant un fonctionnement anormal du cambium. Associées aux altérations vasculaires *hca* présente des anomalies morphologiques du système aérien tel que des feuilles gaufrées, un retard notable de croissance et une taille réduite. Comme ce mutant n'était pas étiqueté par un T-DNA nous avons entrepris une approche de clonage positionnel. A l'aide de marqueurs SSLP (Simple Sequence Length Polymorphisms) et marqueurs CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequence), la mutation *hca* a été positionnée dans une zone de 200 Kb sur le bras long du chromosome IV. Une complémentation systématique à l'aide de TAC (Transformation-competent Artificial Chromosomes) a ensuite été entreprise. La complémentation de plantes mutantes a été réalisée et les graines issues des transformations sont en cours d'analyse. Pour appréhender l'ensemble des modifications engendrées par la mutation *hca* et situer son intervention parmi les gènes impliqués dans le processus de différenciation vasculaire une analyse comparative du transcriptome entre le mutant *hca* et une plante de type sauvage a été réalisée. Parallèlement, ayant émis l'hypothèse que le gène *hca* pouvait être directement ou indirectement impliqué dans la voie de signalisation médiée par les hormones végétales nous avons étudié le comportement du mutant en présence de différentes phytohormones.

La caractérisation moléculaire des 4 lignées exprimant le gène GUS dans le cambium vasculaire a été réalisée. Pour les 4 lignées nous avons détecté la présence de 1,5 ou 2,5 T-DNA insérés en un seul locus. Le séquençage des FSTs (Flanking Sequence Tag) coté RB (Right Border), a permis de mettre en évidence pour 2 des lignées la présence d'un ADN-T tronqué plaçant le gène *gus* fusionné à un promoteur 35S en orientation inverse. Ces 4 lignées ne présentent pas par ailleurs d'altérations phénotypiques visibles.

*Ces travaux sont réalisés dans le cadre des programmes de recherche Génoplante*