

## APPREHENDER LA DIGESTIBILITE DU MAIS FOURRAGE PAR UNE APPROCHE TRANSCRIPTOMIQUE

GUILLAUMIE Sabine<sup>1 2</sup>; SAN CLEMENTE Helene<sup>2</sup>; PESQUET Edouard<sup>2</sup>; PROUST Jézabel<sup>2</sup>; BOSIO Michael<sup>3</sup>; ROUQUIE David<sup>4</sup>; DE ROSE Rick<sup>4</sup>; MARTINANT Jean-Pierre<sup>3</sup>; MURIGNEUX Alain<sup>3</sup>; BARRIERE Yves<sup>1</sup>; GOFFNER Deborah<sup>2</sup>; PICHON Magalie<sup>2</sup>

<sup>1</sup> INRA, Unité de Génétique et d'Amélioration des Plantes Fourragères, 86600 Lusignan, France

<sup>2</sup>UMR CNRS/UPS 5546, 24 chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet Tolosan, France

<sup>3</sup> Biogemma, Campus Universitaire des Cézeaux, 24 avenue des Landais, 63170 Aubière, France

<sup>4</sup> Rhobio, 2 rue Gaston Crémieux, BP 5707, 91057 Evry Cedex, France

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

La France, avec 1 700 000 ha cultivés, est le premier producteur européen de maïs fourrage destiné à l'alimentation des ruminants. L'amélioration de ces maïs repose sur la production de fourrage à haute valeur énergétique provenant de la dégradation des polyssacharides pariétaux et de l'amidon. Or la valeur alimentaire est un facteur complexe et multifactoriel directement lié à la présence dans les parois des cellules végétales de composés phénoliques et plus particulièrement des lignines.

De manière raisonnée, on peut supposer que tout gène qui régule la synthèse et la structure de la paroi/lignines est un bon candidat pour expliquer les variations de digestibilité du maïs fourrage. Pour aller au delà de nos connaissances actuelles de la synthèse pariétale, nous avons envisagé de développer une approche de génomique, à travers la construction d'un array thématique «paroi» constitué de GSTs (Gene Specific Tags) dessinés dans les parties 3' UTR de chacun des gènes étudiés. Couplées à des approches biochimiques (analyse de composés pariétaux) et histologiques (mesure de surface de tissus lignifiés) ces démarches devraient permettre d'appréhender les mécanismes de co-régulation géniques au sein d'une voie de biosynthèse et plus largement d'interactions entre voies participant à l'élaboration des différents constituants pariétaux. A terme nous espérons définir en terme d'expression génique l'idéotype d'un "bon" maïs ensilage.

En vue de la construction de l' array 3 réservoirs de gènes ont été constitués. Une première source contient des clones SSH enrichis en gènes pariétaux provenant d'un système de xylogénèse *in vitro* (*Zinnia elegans*). La deuxième source résulte d'une recherche systématique dans les bases de données de gènes ou protéines connues pour être impliqués dans la mise en place d'une paroi secondaire et plus largement dans le 'patterning vasculaire'. Le troisième réservoir est constitué d'ESTs issues du séquençage systématique d'une banque cDNA construite à partir de tissus de maïs en cours de lignification. Dans les deux premiers cas, la recherche «d'orthologues maïs» a été réalisée par blast dans les bases de données maïs regroupées dans Génoplante-info.

Une fois l'array construit, nous nous attacherons d'une part à suivre la dynamique d'expression des gènes pariétaux dans différents organes de maïs au cours du temps voire dans différents tissus lignifiés et d'autre part à appréhender la diversité d'expression des gènes pariétaux dans des lignées de maïs se caractérisant par des valeurs de digestibilité extrêmes soit dans des mutants ou transformants altérés dans la voie de biosynthèse des lignines et plus largement dans la synthèse pariétale.

Ces travaux s'inscrivent dans le cadre des programmes de recherche Génoplante