

Contrôle transcriptionnel du développement de la graine des légumineuses. Caractérisation fonctionnelle du gène LEC1-LIKE



La qualité nutritionnelle des graines des légumineuses constitue un enjeu économique important face aux besoins croissants en protéines végétales destinées à l'alimentation animale et humaine. Cependant, certains caractères, tels que la teneur en protéines des graines, peuvent être améliorés. Les facteurs de transcription (TFs), qui sont une composante majeure de la régulation de l'expression des gènes, interviennent dans le contrôle transcriptionnel de l'accumulation des protéines de réserve des graines. Ce travail a tout d'abord consisté (i) à définir un cadre d'étude du développement de la graine, (ii) à identifier des facteurs de transcription potentiellement impliqués dans la phase de remplissage, (iii) à ensuite valider leur rôle chez la légumineuse modèle *Medicago truncatula* et enfin leur influence sur la qualité de la graine de pois (*Pisum sativum*). Dans un premier temps, une vision globale de l'expression de 51k gènes pendant le développement de la graine a permis de mettre en évidence les stades clefs du développement de la graine et les processus moléculaires associés. Sept stades de développement ont ainsi été choisis pour suivre l'expression de 712 facteurs de transcription (TFs) par qRT-PCR. Les 170 TFs montrant une expression différentielle pendant le développement de la graine ont été répartis dans des groupes associés à l'embryogénèse tardive, à la transition embryogénèse-remplissage, à la synthèse des vicilines, des légumine A, des légumine K et enfin à la dessiccation. Neuf facteurs de transcription candidats potentiellement impliqués dans la phase de remplissage de la graine ont été sélectionnés. L'isolement de mutants pour ces gènes a été réalisé pour valider fonctionnellement leur rôle. Dans un deuxième temps, le rôle du facteur de transcription LEAFY COTYLEDON1-LIKE (L1L) a été étudié chez *M. truncatula* et *P. sativum*. Les résultats obtenus ont montré que, chez ces espèces, le gène L1L s'exprimait préférentiellement dans la graine au stade de déclenchement de la synthèse des protéines de réserve. L'analyse des mutants EMS et des transformants RNAi indique un rôle négatif de ce gène dans l'accumulation des protéines de réserve. Les résultats obtenus et ceux publiés chez *A. thaliana* suggèrent que L1L pourrait jouer un rôle antagoniste à celui de LEC1 dans la régulation du processus d'accumulation des protéines de réserve et ainsi influencer la teneur en protéines des graines. Un polymorphisme de séquence du gène PsL1L corrélé à un caractère d'intérêt agronomique, le poids de 1000 grains, a également été mis en évidence confortant notre hypothèse que L1L est un gène fondamental dans le développement de la graine et particulièrement dans l'élaboration de la qualité de la graine chez les légumineuses. The nutritional quality of legume seeds is an important economic issue in the light of the growing demand for vegetable protein for livestock consumption and humans. Some traits involved, such as seed protein content are targets for improvement. Certain transcription factors (TFs) play an important role in the transcriptional regulation of different seed storage proteins. The goal of this study has been (i) to define a framework of seed development, (ii) to identify transcription factors potentially involved in the filling phase, (iii) and to validate their role with the model legume *Medicago truncatula* and evaluate their influence on the pea seed quality (*Pisum sativum*). Firstly, an overview of the expression of 51k genes during seed development allowed us to identify key stages of seed development and corresponding molecular processes. Seven key stages of seed development have been chosen for the profiling of 712 transcription factors (TFs) using qRT-PCR. Out of these, 170 TFs showed differential expression during seed development. These have been divided into functional groups associated with late embryogenesis, the transition between embryogenesis and seed filling, the synthesis of vicilin, legumin A, legumin K and finally the desiccation processes. Nine candidate TFs potentially involved in the seed filling phase have been chosen and mutants have been identified for these genes, in order to validate their functional role. Secondly, we focused on the role of the transcription factor, LEAFY COTYLEDON1-LIKE (L1L) in legumes. Our results showed that in *M. truncatula* and *P. sativum*, L1L genes were expressed preferentially at the onset of seed storage protein synthesis. Mutant analyses in both species indicated a negative role of this gene in seed storage protein accumulation of the mature seed. According to our results in *M. truncatula* and from studies in *A. thaliana* on the role of LEC1 gene during seed development, L1L could play an antagonistic role to that of LEC1 in regulating storage proteins accumulation, and finally influencing seed protein content. A sequence polymorphism of PsL1L correlated with the agronomic trait of the 1000 grain weight, suggesting the fundamental role of the gene L1L in determining legume seed quality.

Auteurs du document : Verdier, Jérôme

Mots clés : MEDICAGO TRUNCATULA;SEED;TRANSCRIPTION FACTORS;SEED STORAGE PROTEINS ;LEC1- LIKE, légumineuse, graine, développement végétal, caractère génétique, expression génique, embryogénèse, facteur de transcription, protéine végétale, protéine, remplissage de la graine, génomique fonctionnelle, pcr, qualité nutritionnelle, plante modèle

Thème (issu du Text Mining) : BIOCHIMIE - CHIMIE

Date : 2008

Format : text/xml

Source : Contrôle transcriptionnel du développement de la graine des légumineuses. Caractérisation fonctionnelle du gène LEC1-LIKE, Université de Bourgogne(2008)

Langue : Inconnu

Droits d'utilisation : <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/>

Télécharger les documents : <http://prodinra.inra.fr/ft/8D27AE55-7D80-4B92-AD88-88FFE61E5578>

<http://prodinra.inra.fr/record/22130>

Permalien : <https://www.documentation.eauetbiodiversite.fr/notice/controle-transcriptionnel-du-developpement-de-la-graine-des-legumineuses-caracterisation-fonctionnel0>

Evaluer cette notice:



Ce portail, créé et géré par l'Office International de l'Eau (OIEau), est géré avec l'appui de l'Office français de la biodiversité (OFB)

