

FsoV



RemoBlé : améliorer la remobilisation de l'azote pour augmenter la concentration en protéines du blé

Fabien CHARDON, Emmanuelle BANCEL, Catherine RAVEL, Anne MARMAGNE, Manon LARDOS, Céline MASCLAUX-DAUBRESSE, Séverine ROUGEOL, Amélie BRESSON, Esther RODRIGUEZ de HARO, Lilian FAURIE, David ALVAREZ, Sibille PERROCHON, Katia BEAUCHENE, Aida ROUAHI, Valérie HERTEMAN, Pierre MARTRE, Pierrick VARENNE, Jean-Charles DESWARTE, Jacques LE GOUIS



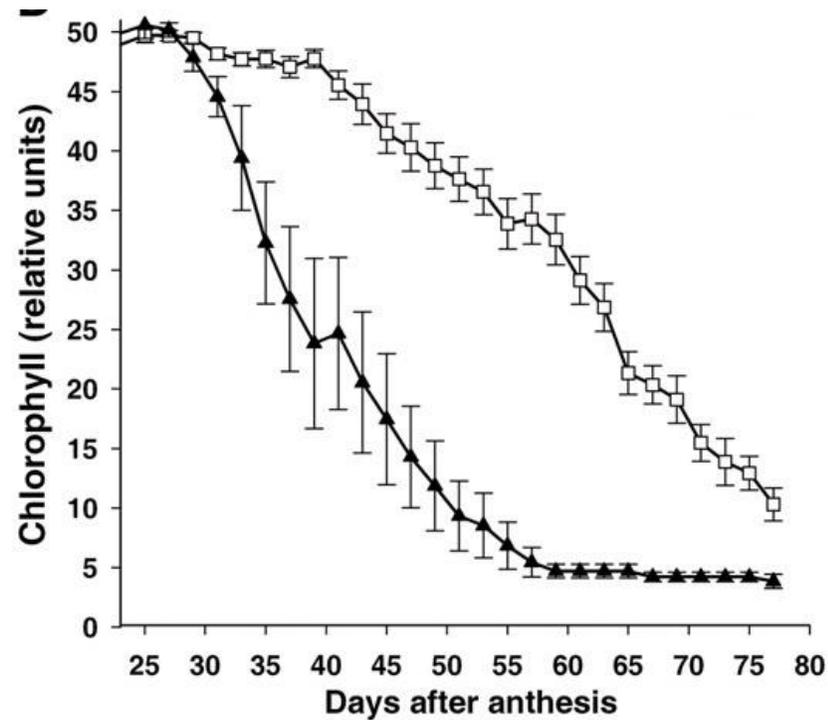
NAM-B1 (GPC-B1), un locus clé dérégulant la senescence et la concentration en protéines chez le blé



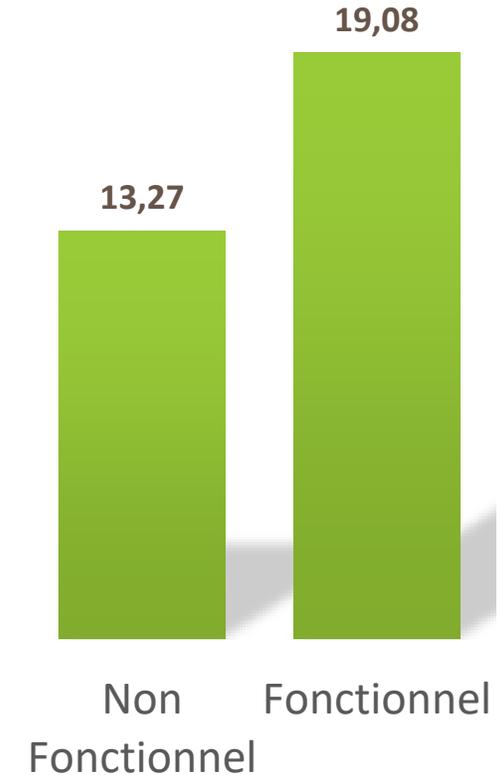
NAM-B1
non-
fonctionnel

NAM-B1
fonctionnel

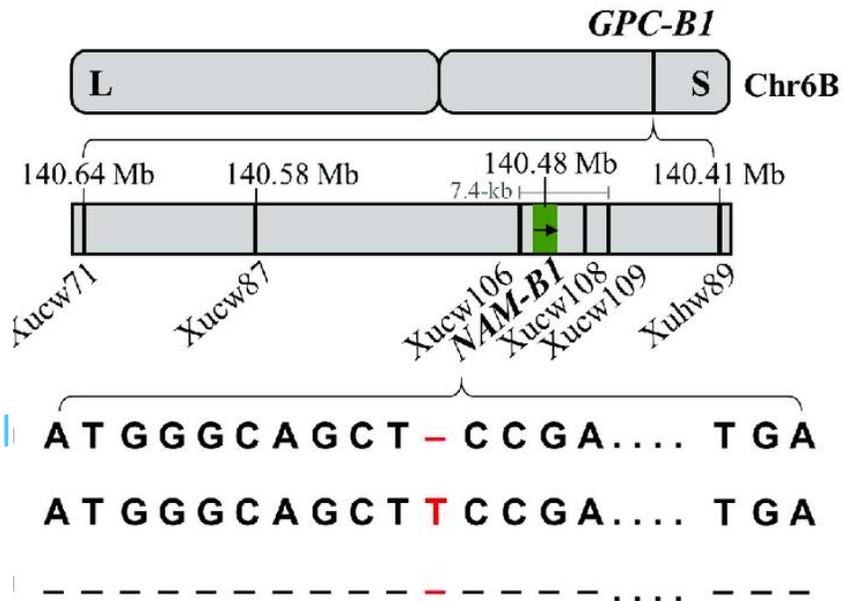
- NAM-B1 fonctionnel
- ▲ NAM-B1 non-fonctionnel



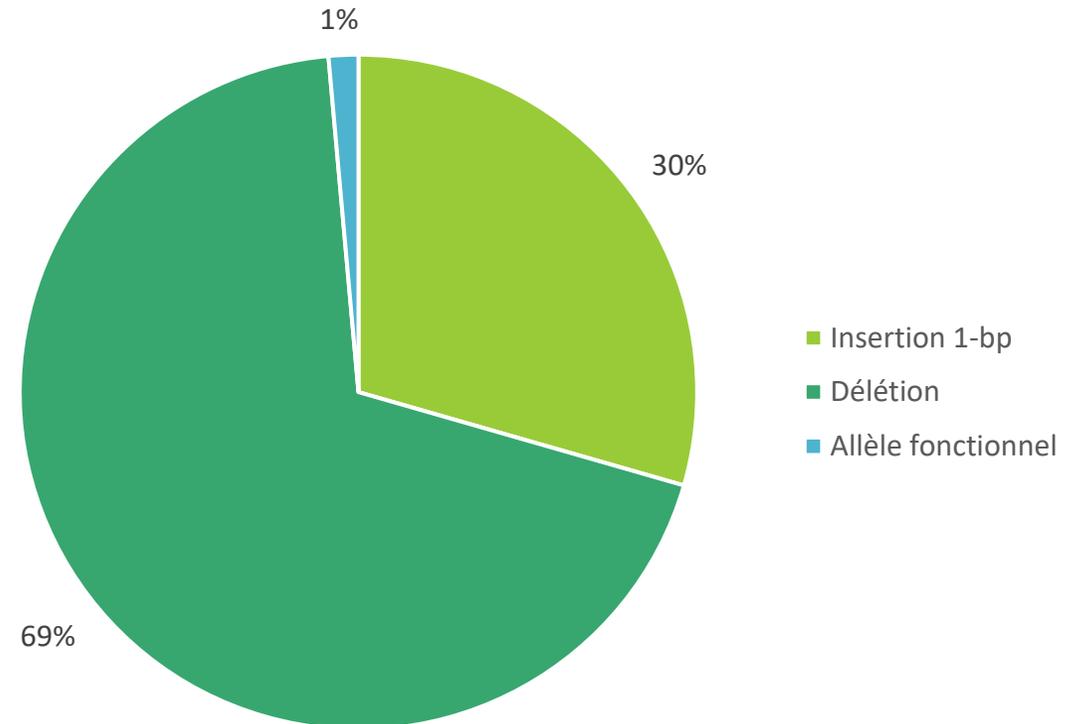
GPC (%)



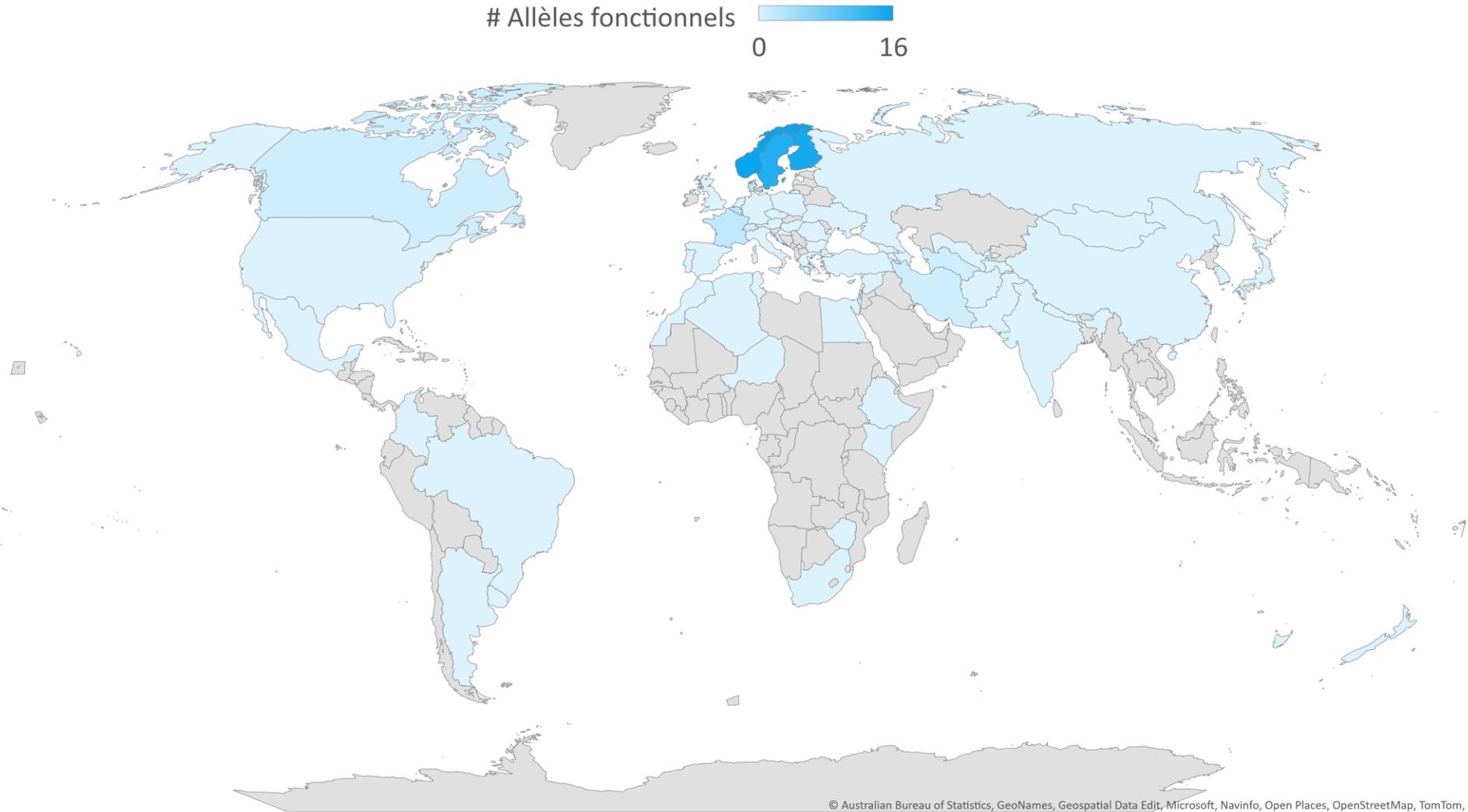
Mutation / Allèle non-fonctionnel



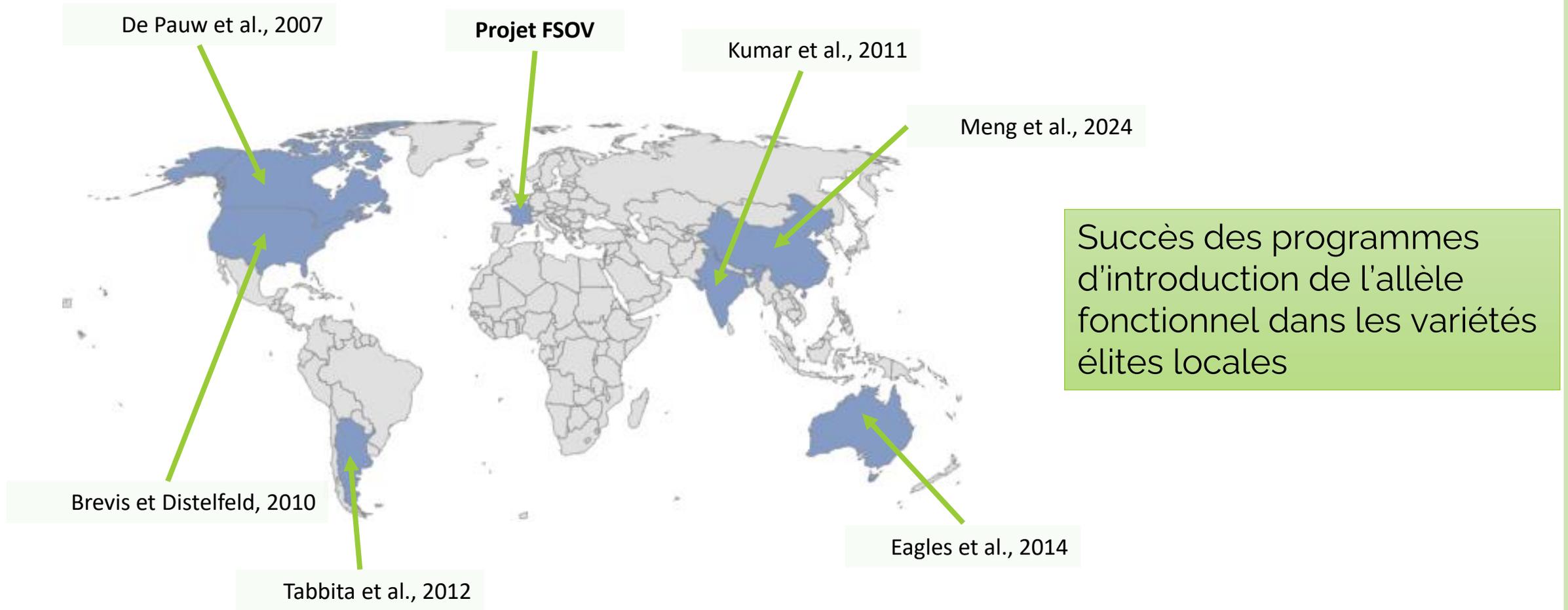
Polymorphisme NAM-B1 – Core collection
INRAE mondiale de blé tendre



Distribution des allèles fonctionnels de NAM-B1



Allèle fonctionnel de NAM-B1 est rare chez le blé tendre



Objectifs du projet Remoblé



- Quels sont les effets du locus NAM-B1 sur le rendement et la teneur en protéines des grains dans des lignées de blé d'hiver ?
- Quel est son impact sur l'initiation de la sénescence et la remobilisation de l'azote des feuilles vers le grain ?
- Peut-on identifier des marqueurs moléculaires associés à la sénescence et à la remobilisation de l'azote pour une sélection plus efficace des variétés de blé tendre ?



Quels sont les effets du locus NAM-B1 sur le rendement et la teneur en protéines des grains dans des lignées de blé d'hiver ?



Expérimentations aux champs



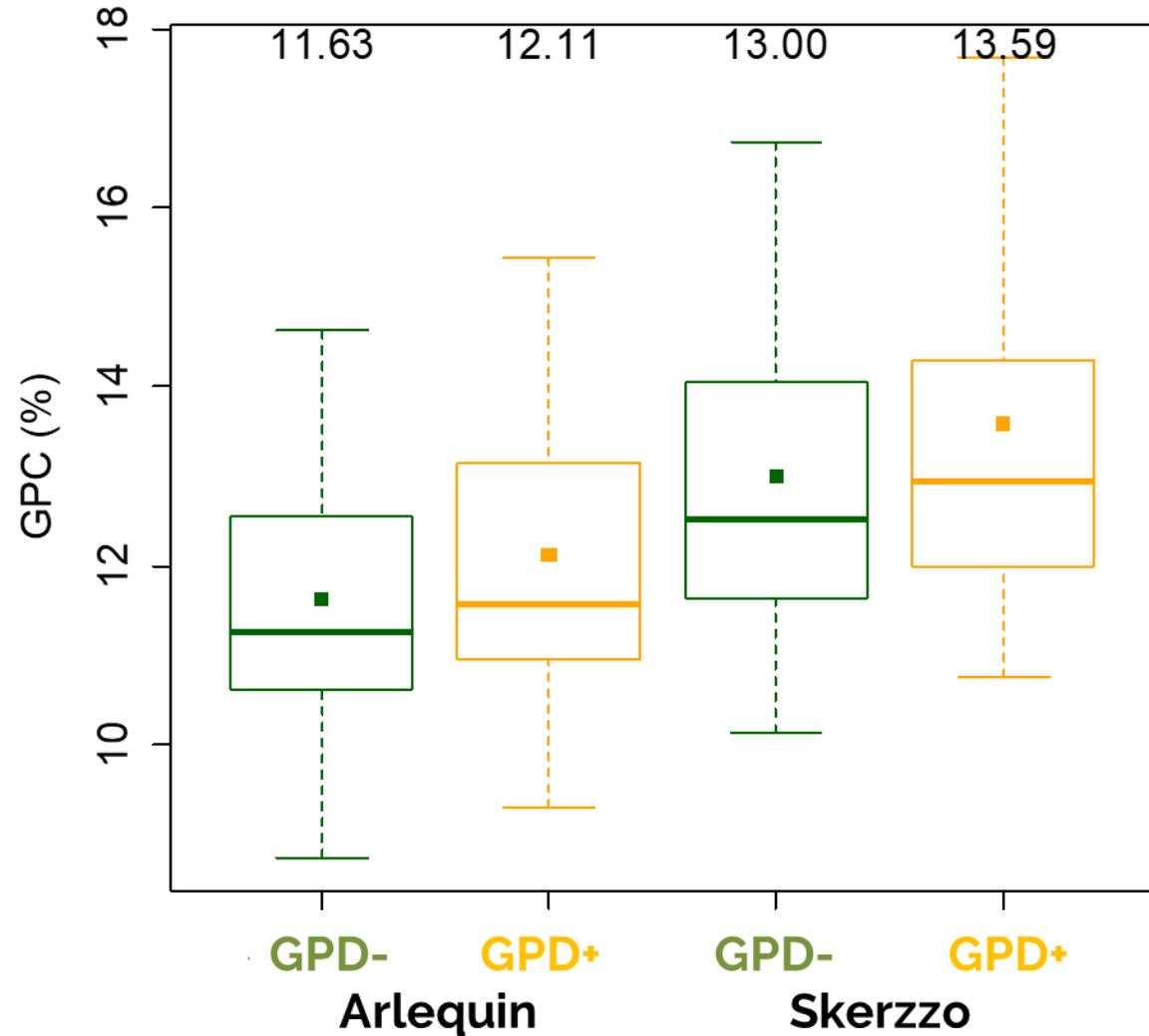
Les lignées quasi-isogéniques de **Skerzzo** et **Arlequin** sont cultivées pendant deux ans dans un réseau d'essais combinant différents niveaux de fertilisation azotée et disponibilité en eau

GPD- = lignées avec l'allèle non fonctionnel de *NAM-B1* (formes parentales)
GPD+ = lignées avec l'allèle fonctionnel de *NAM-B1* (formes introgressées)



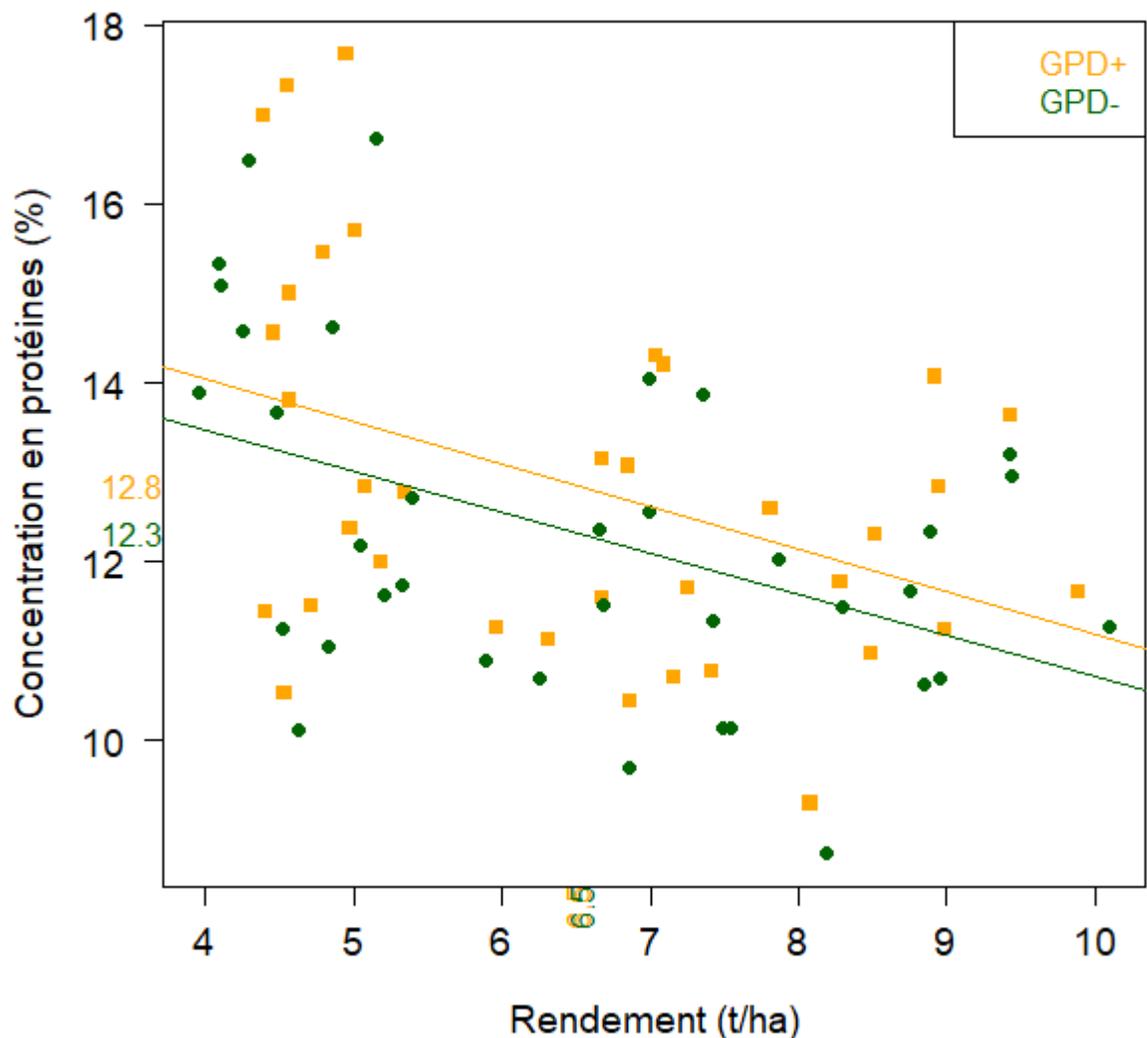
Teneur en protéines dans le grain

En moyenne, dans les deux fonds, l'allèle fonctionnel de NAM-B1 **augmente la concentration en protéines** du grain de +0.53 point



Relation entre la concentration en protéines et le rendement

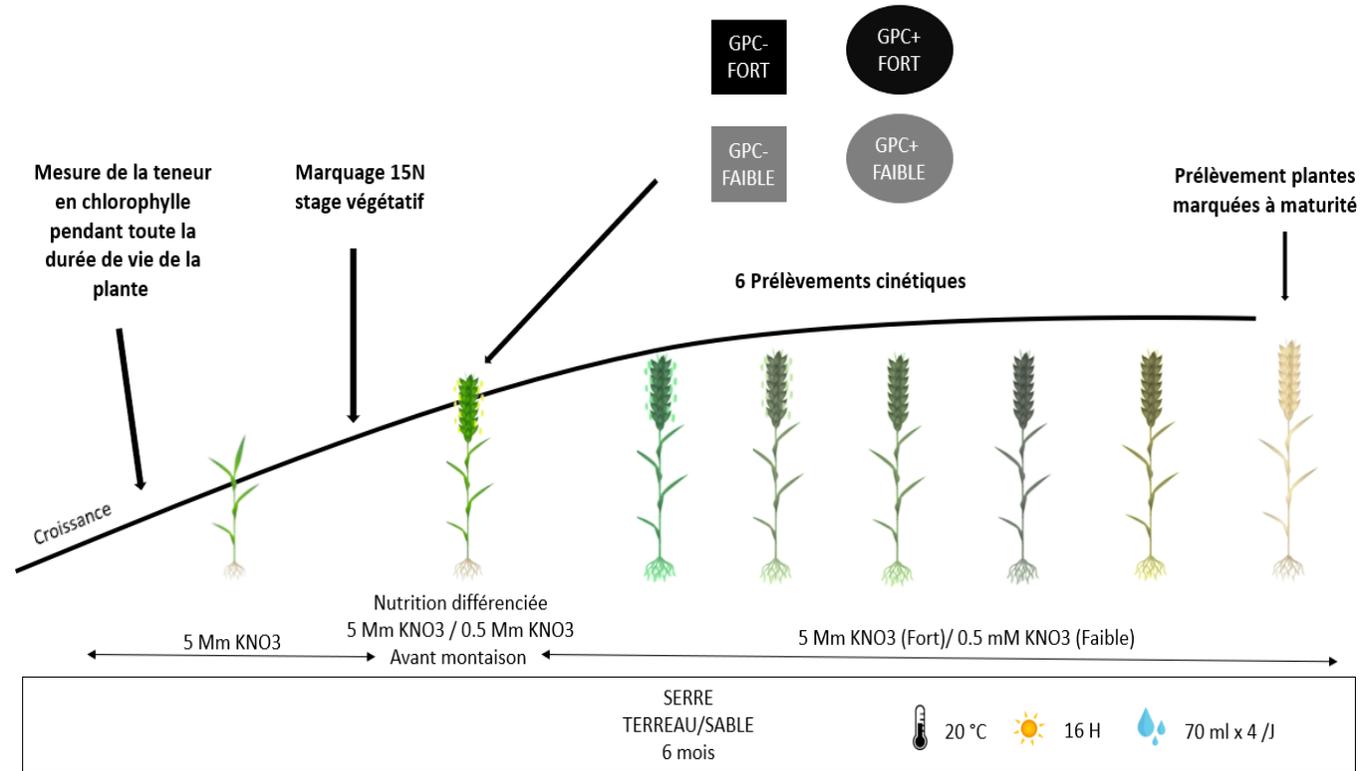
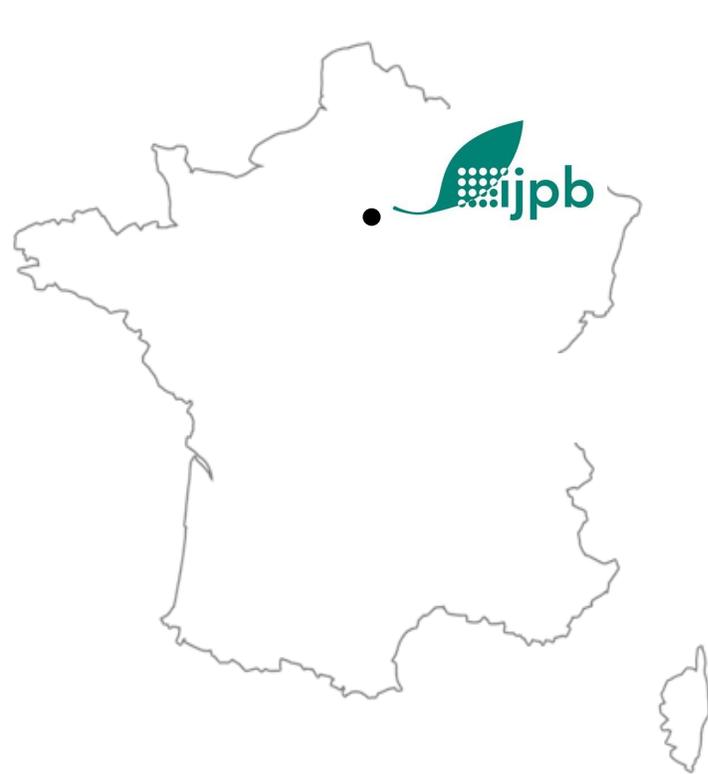
Cette augmentation est **indépendante du rendement en grains** qui est très proche en moyenne entre les deux allèles



Quel est l'impact du locus sur l'initiation de la sénescence et la remobilisation de l'azote des feuilles vers le grain ?



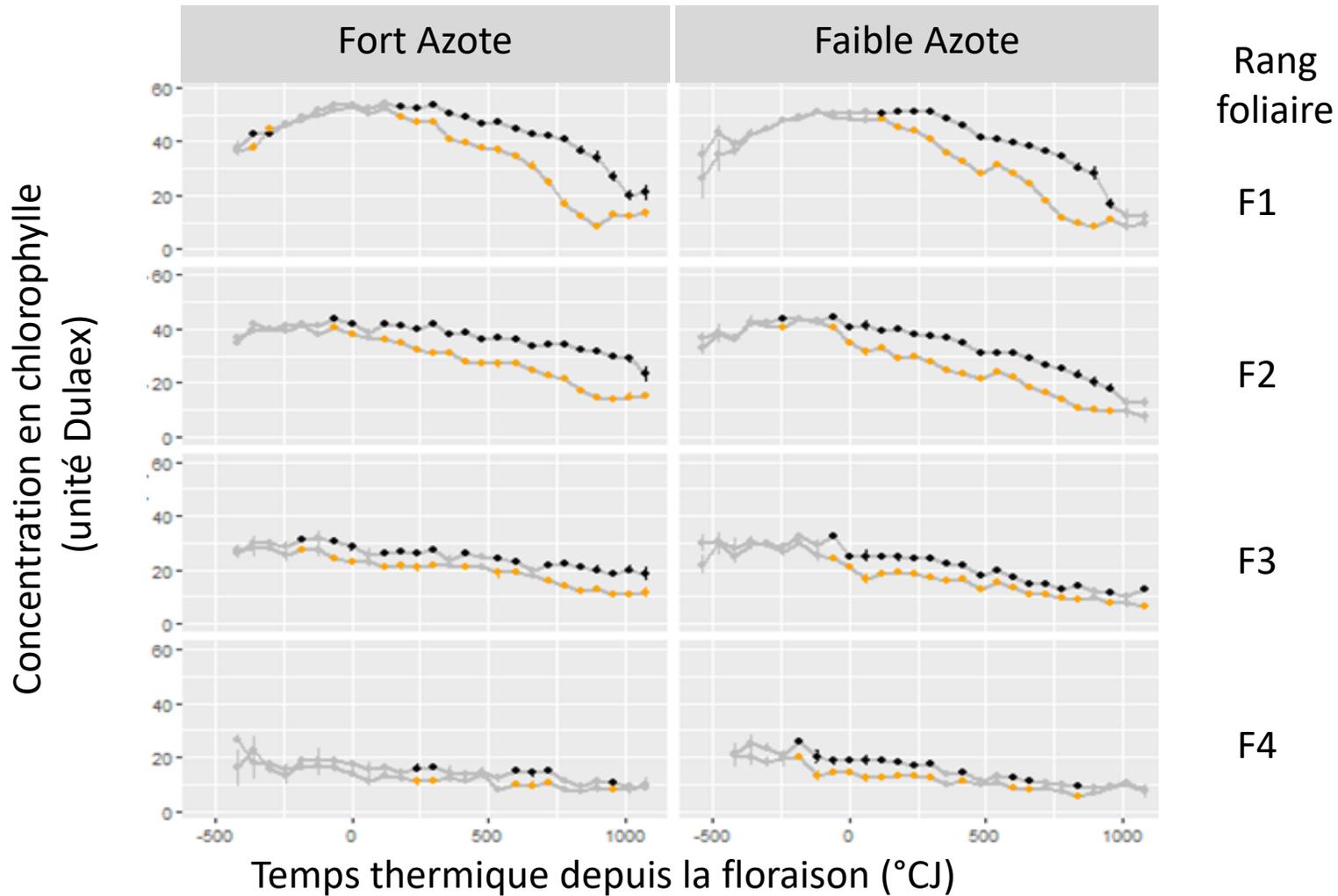
Expérimentations en conditions contrôlées



En serre, les lignées quasi-isogéniques, Skerzzo et Arlequin NAM-B1 sont cultivées avec une **forte** (5 mM KNO₃⁻) **ou faible** (0,5 mM KNO₃⁻) **disponibilité en azote** du sol après la montaison



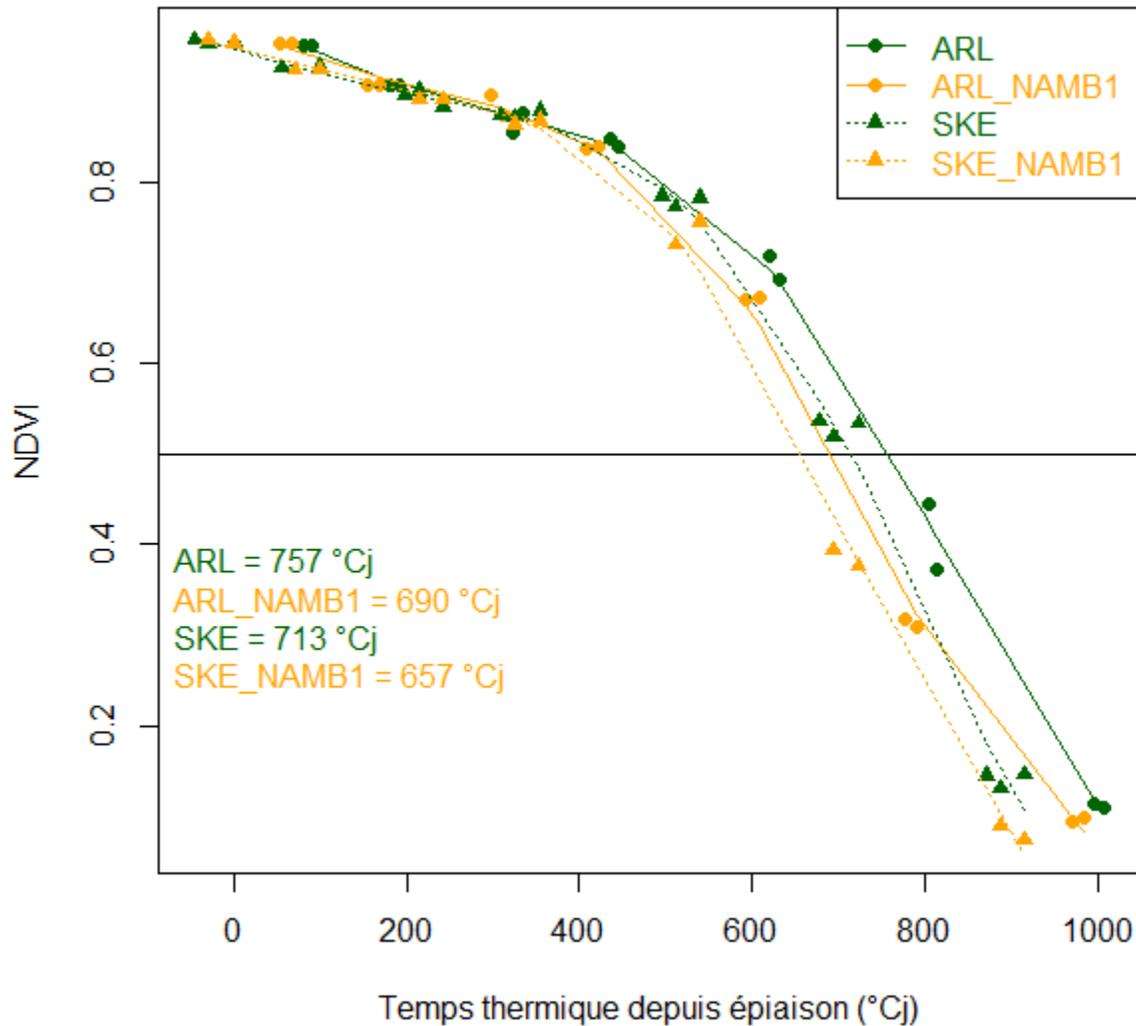
Sénescence des plantes



NAM-B1 est responsable d'une **sénescence précoce des feuilles** proches de l'épi



Sénescence des plantes au champ



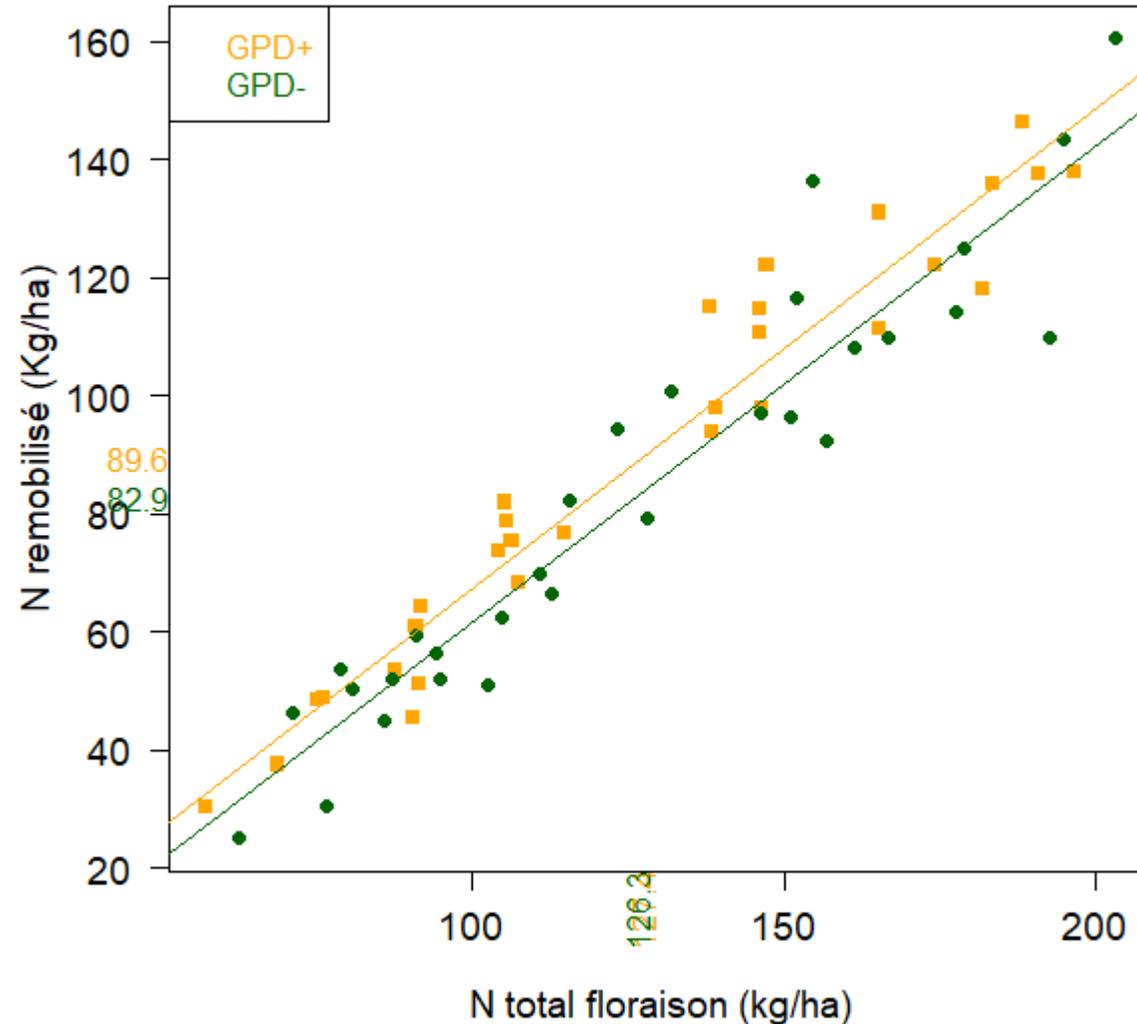
Sénescence au champ dans l'essai
Limagrain 2029 à fort niveau d'azote (HN)

NAM-B1 est responsable d'une **diminution de la couverture du sol par le couvert**, d'une sénescence précoce.

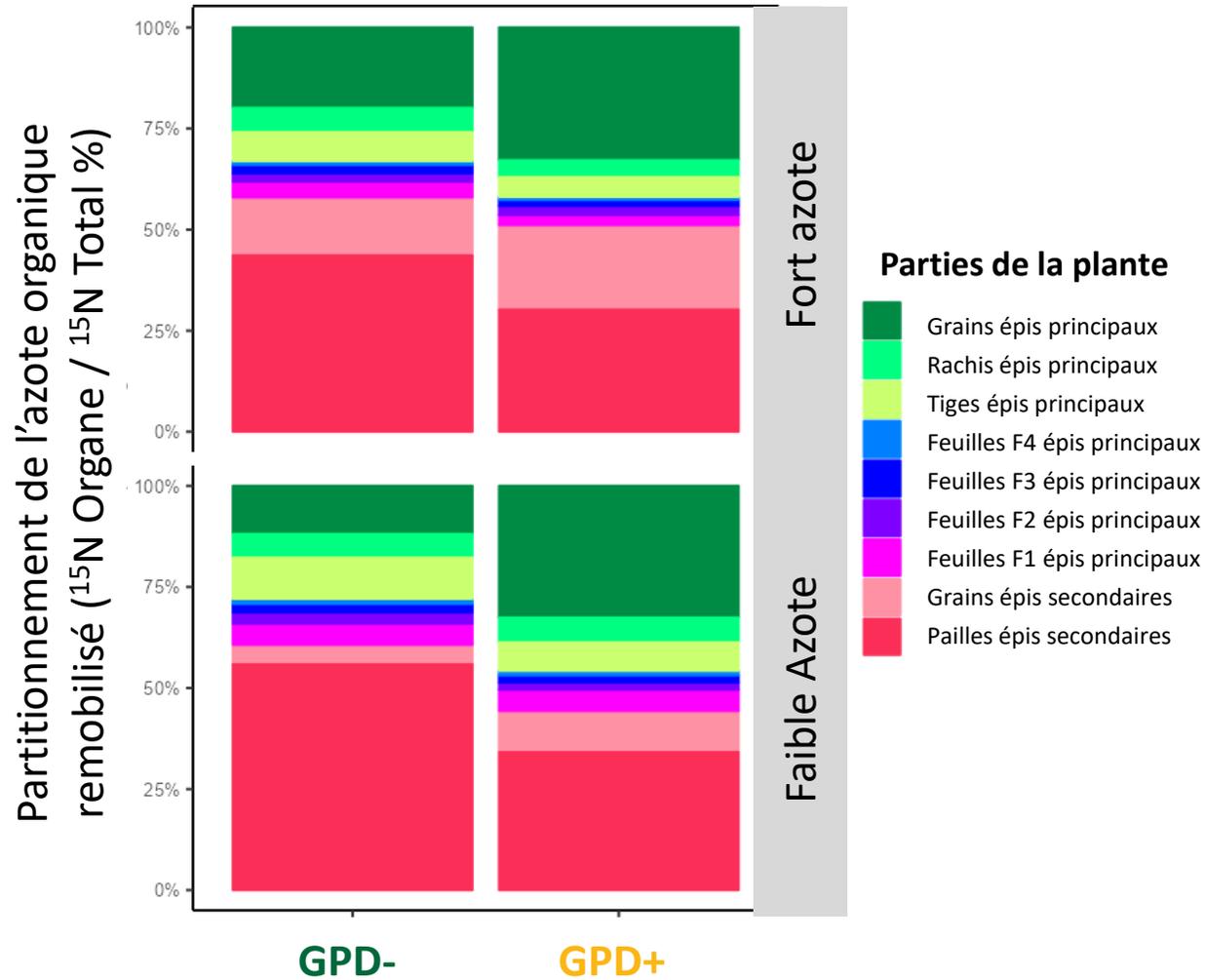


Remobilisation de l'azote vers le grain

L'allèle fonctionnel de NAM-B1 entraîne une **meilleure efficacité de remobilisation de l'azote** (66% vs 60%) quelle que soit la quantité d'azote absorbée à la floraison



Remobilisation de l'azote vers le grain



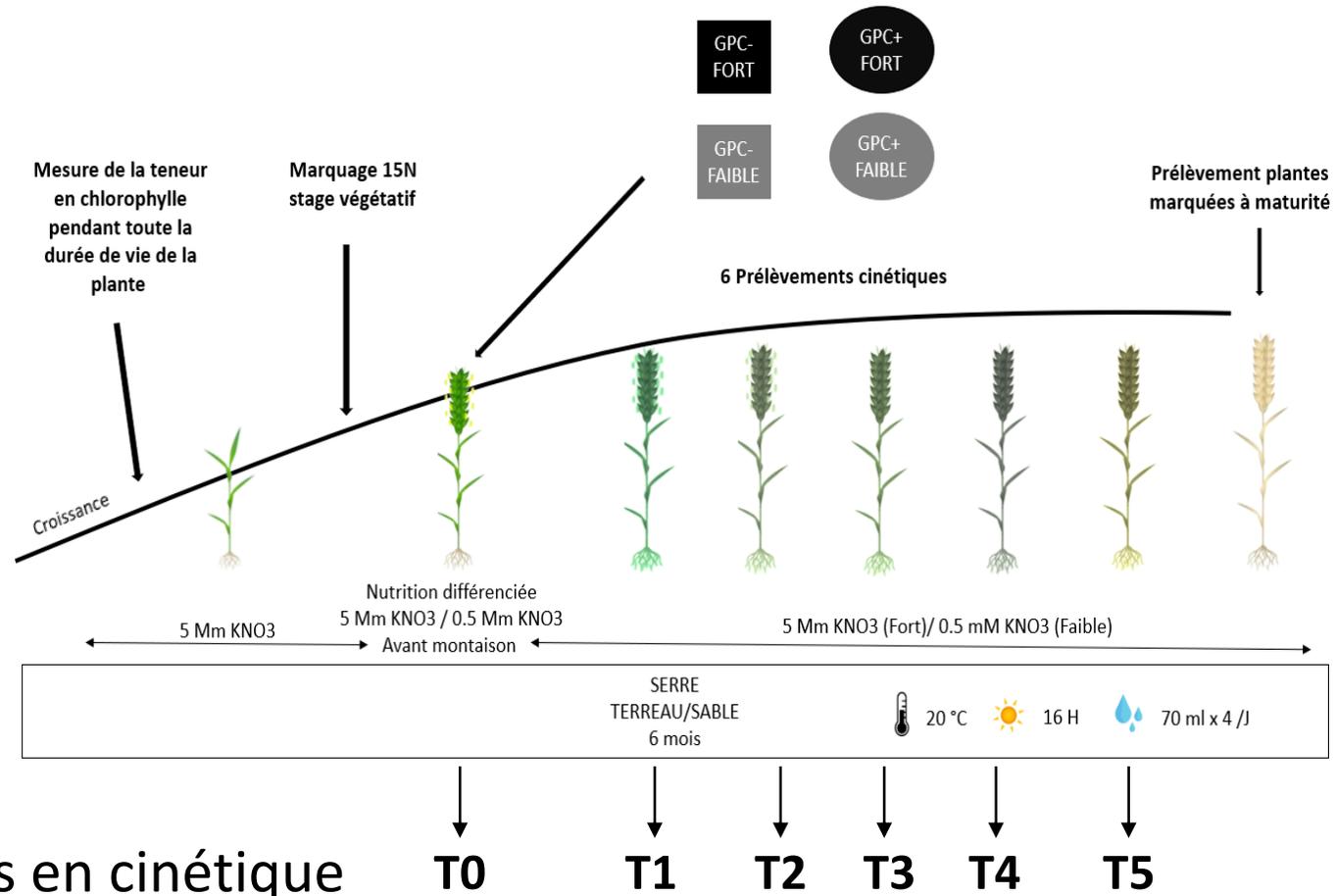
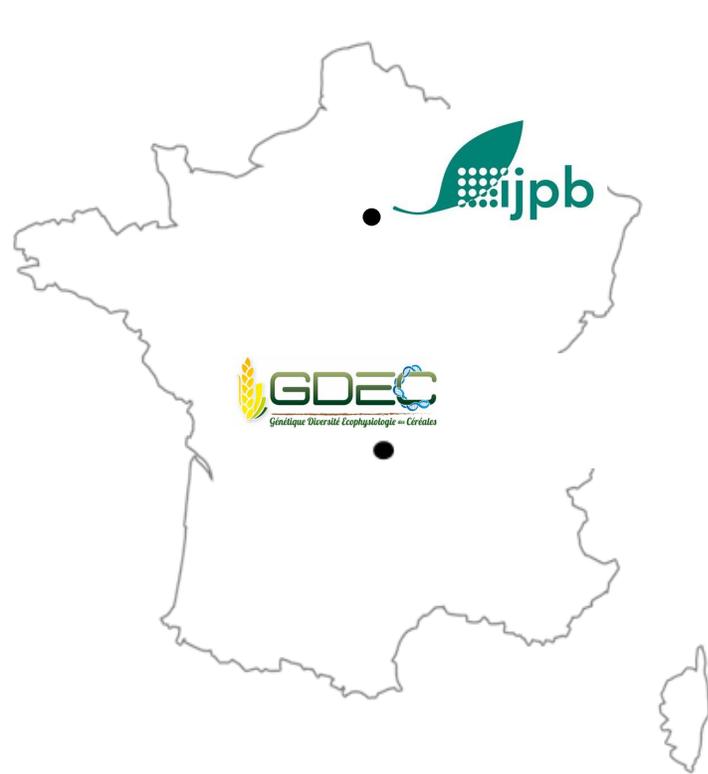
La senescence précoce s'accompagne d'une meilleure remobilisation de l'azote des feuilles vers les grains



Peut-on identifier des marqueurs moléculaires associés à la sénescence et à la remobilisation de l'azote pour une sélection plus efficace des variétés de blé ?



Prélèvement en cinétique des feuilles et des grains



Prélèvements en cinétique

T0

T1

T2

T3

T4

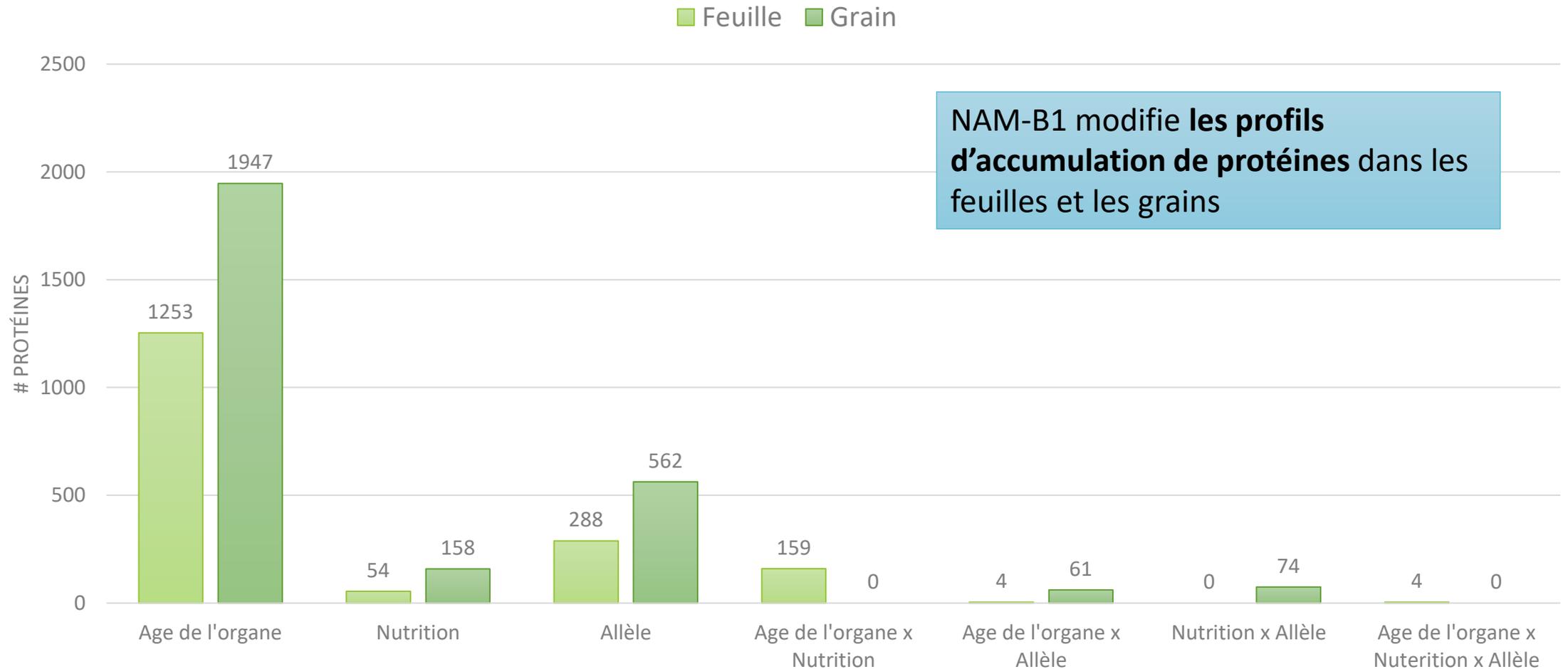
T5

Analyse protéomique des échantillons par la plateforme PAPPSO



Effet de NAM-B1 sur la quantité de protéines

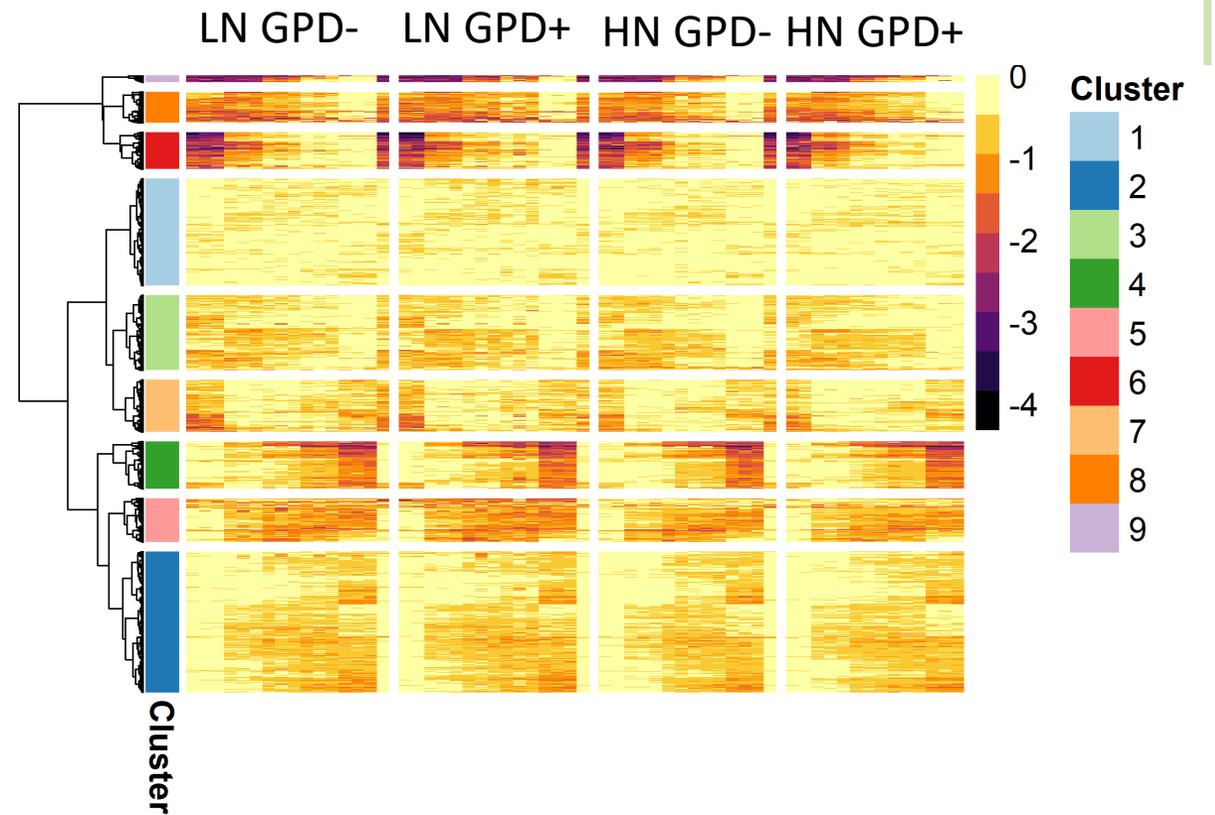
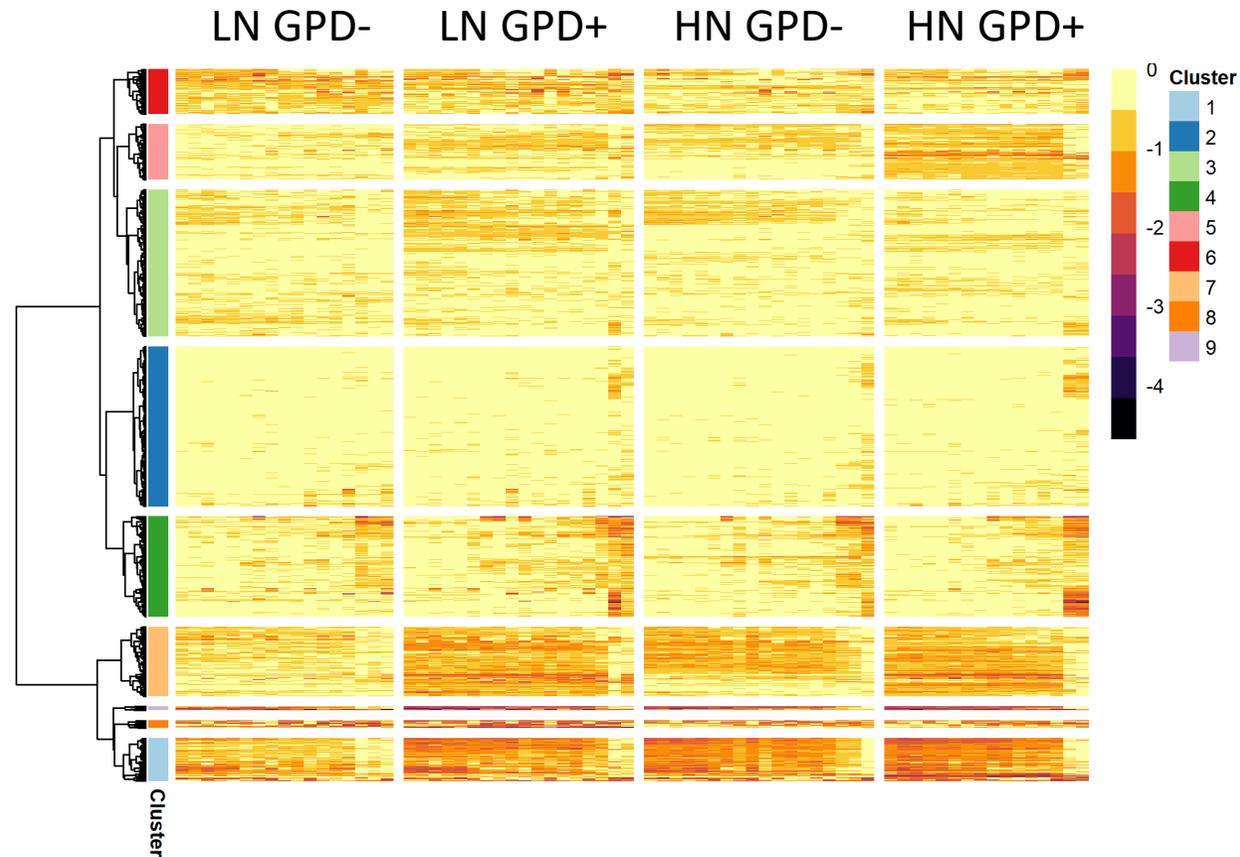
Résultats des ANOVA sur la quantité de protéines dans les organes



Analyse en cinétique des données protéomiques

Feuilles

Grains

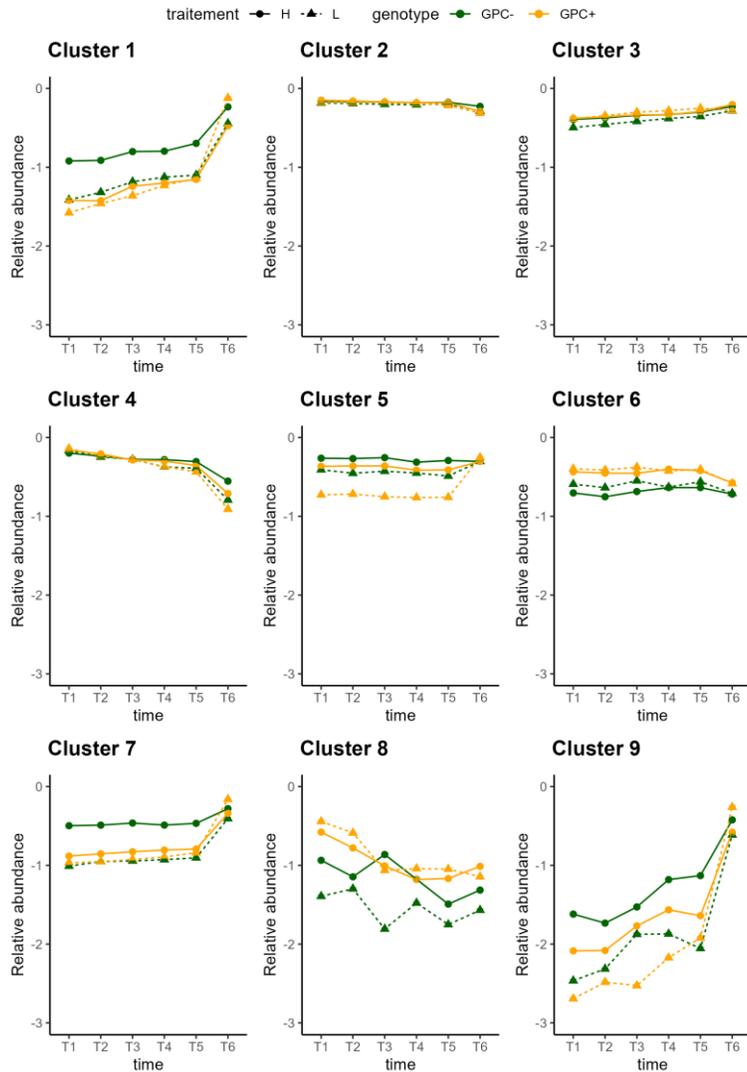


Clustering Hiérarchique des abondances des échantillons normalisées sur les valeurs maximales

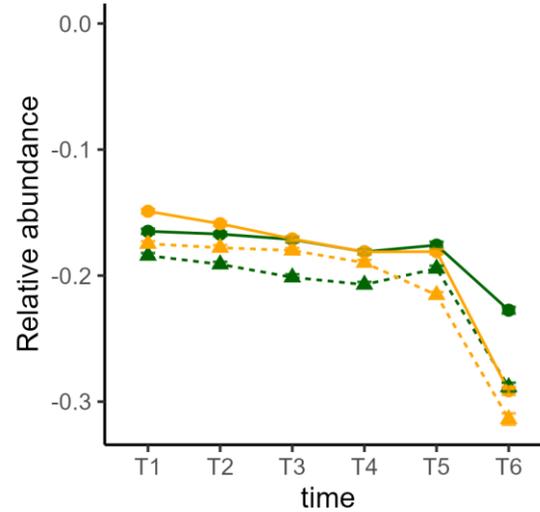


NAM-B1 modifie la photosynthèse et la traduction des protéines

Clusters des données de feuilles



Cluster 2 (n=526)



GO Enrichissement (FDR)

Génotype

● GPC-

● GPC+

traitement

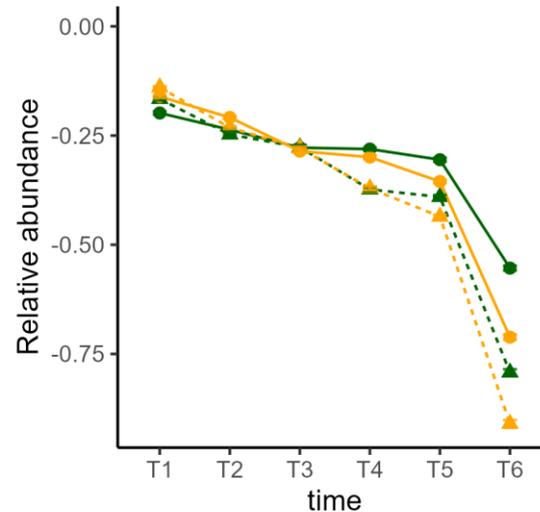
● H

▲ L

Thylakoid (3.6E-14)

Cytosolic ribosome (1.3E-07)

Cluster 4 (n=330)



Génotype

● GPC-

● GPC+

traitement

● H

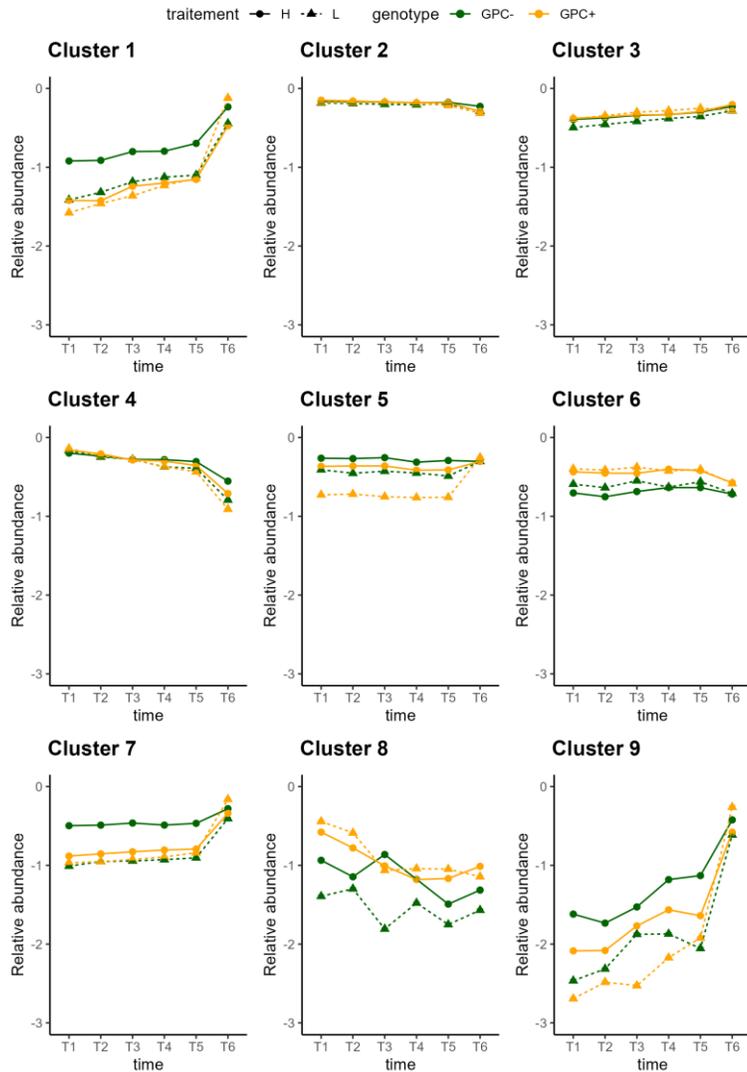
▲ L

Photosynthesis (2.0E-08)

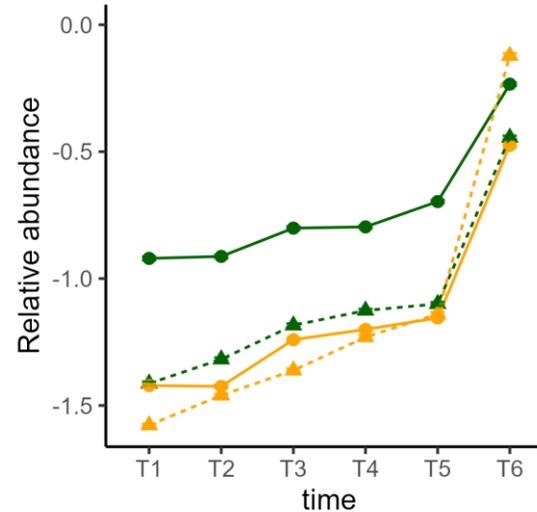
Ribosomal subunit (5.6E-06)

NAM-B1 régule les activités catalytiques dans les feuilles

Clusters des données de feuilles



Cluster 1 (n=142)



Génotype

● GPD-
○ GPD+

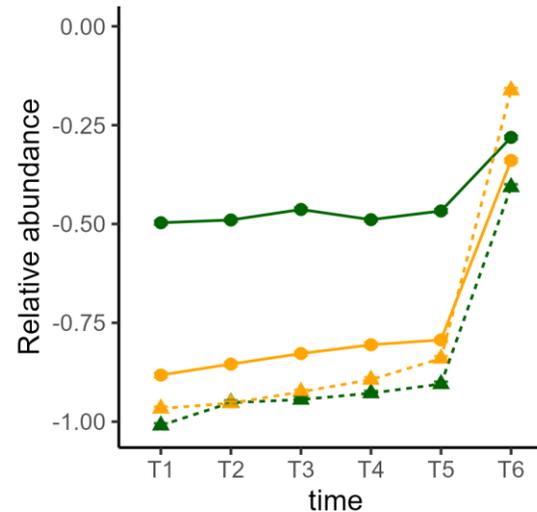
traitement

● H
▲ L

GO Enrichissement (FDR)

Serine carboxypeptidase
(1.6E-05)

Cluster 7 (n=228)



Génotype

● GPD-
○ GPD+

traitement

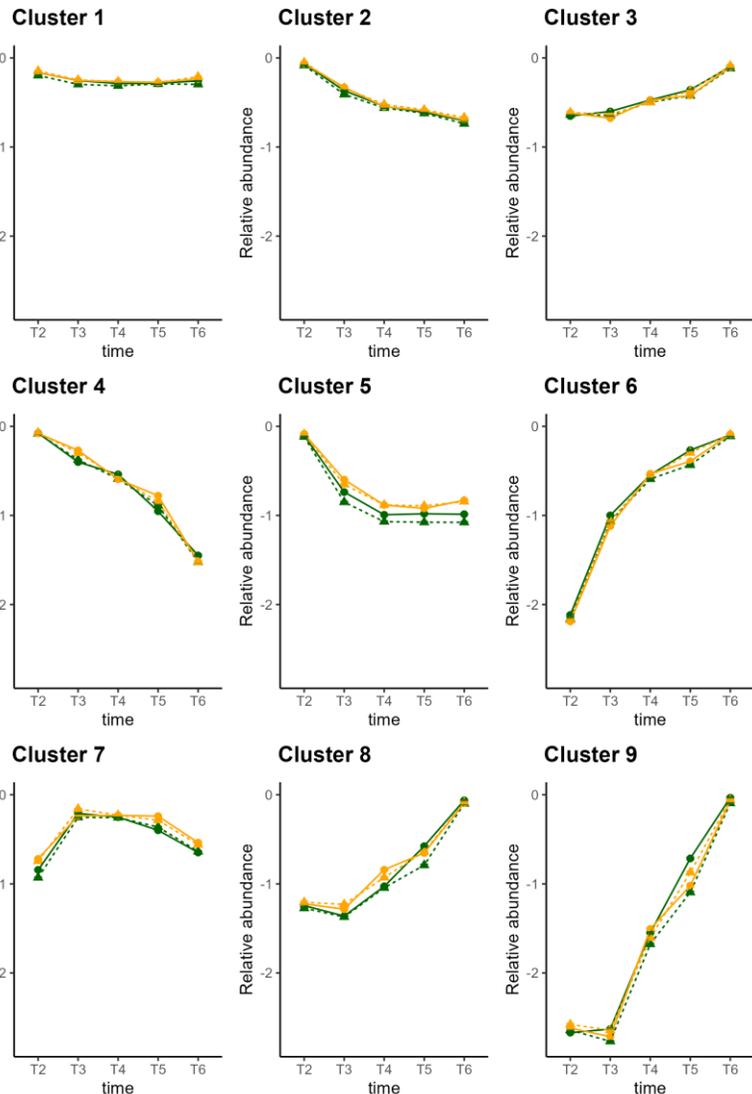
● H
▲ L

Proteasome component (PCI)
domain (4.2E-04)
Secretory vesicle (1.0E-03)
Outer mitochondrial membrane
protein complex (1.0E-03)
Chitinase class I (3.4E-03)

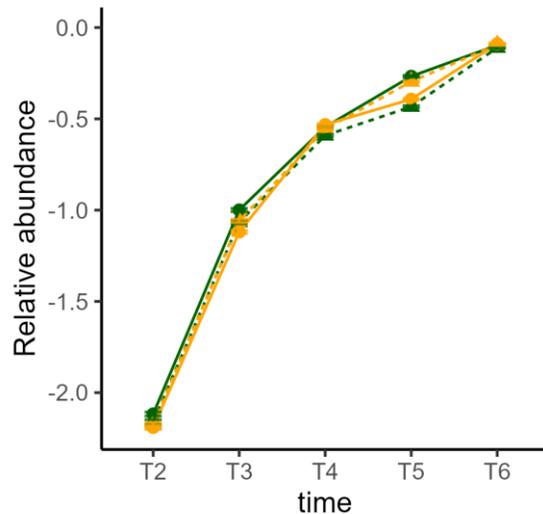
Au niveau du grain, pas d'effet sur la cinétique d'accumulation des protéines de réserve

Clusters des données des grains

traitement ● H ▲ L genotype ● GPC- ○ GPC+



Cluster 6 (n=140)



Génotype

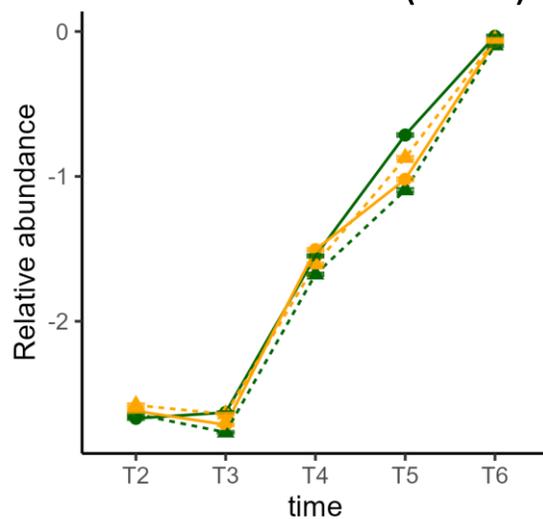
- GPC-
- GPC+

traitement

- H
- ▲ L

Cys-rich Gliadin N-terminal (1.5E-06)
Endopeptidase inhibitor activity (2.3E-06)

Cluster 9 (n=26)



Génotype

- GPC-
- GPC+

traitement

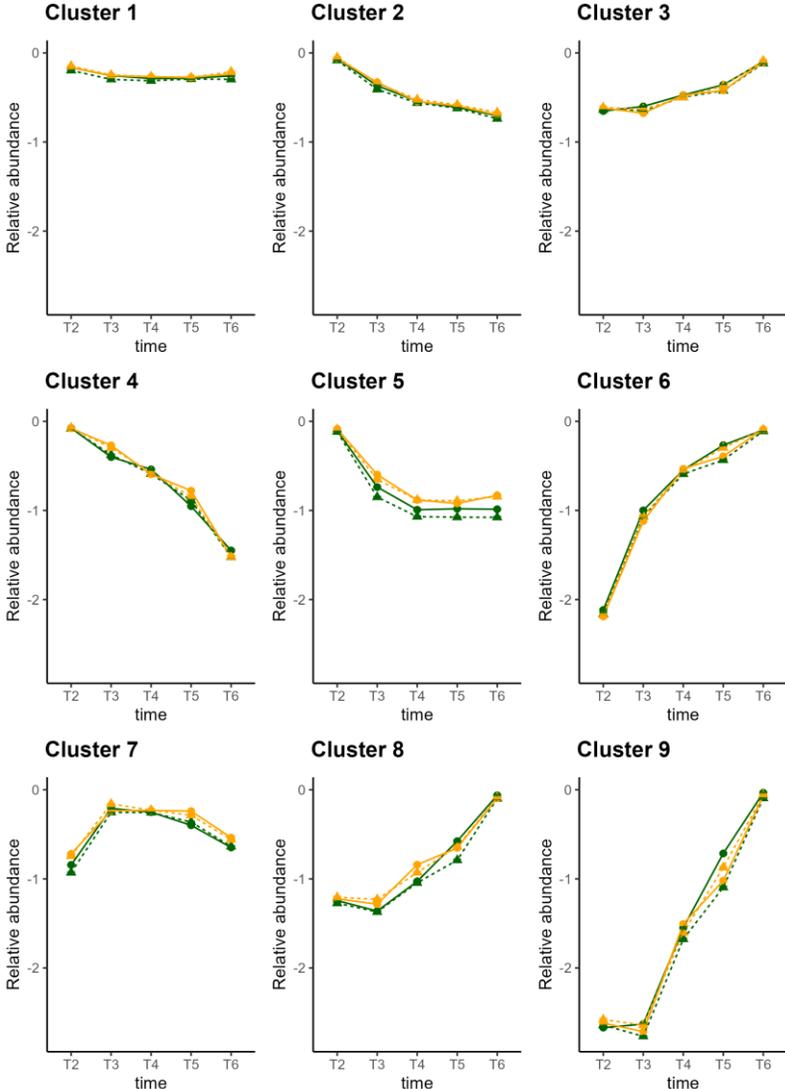
- H
- ▲ L

Cupin (2.7E-04)

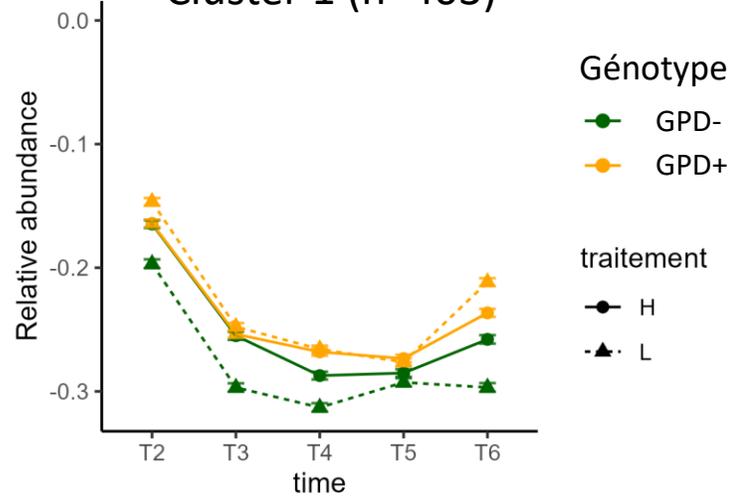
Effet sur le métabolisme du carbone dans le grain

Clusters des données des grains

traitement ● H ▲ L genotype ● GPC- ● GPC+



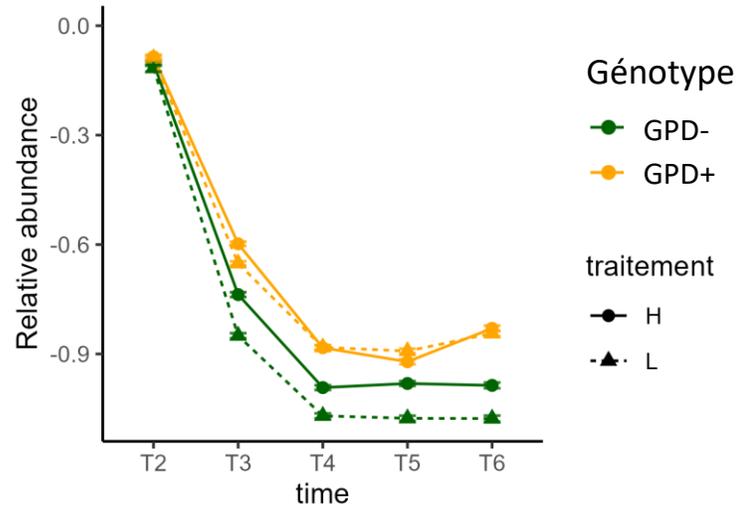
Cluster 1 (n=403)



GO Enrichissement (FDR)

Glycolytic process (1.2E-07)
Purine ribonucleotide metabolic process (4.1E-11)

Cluster 5 (n=166)

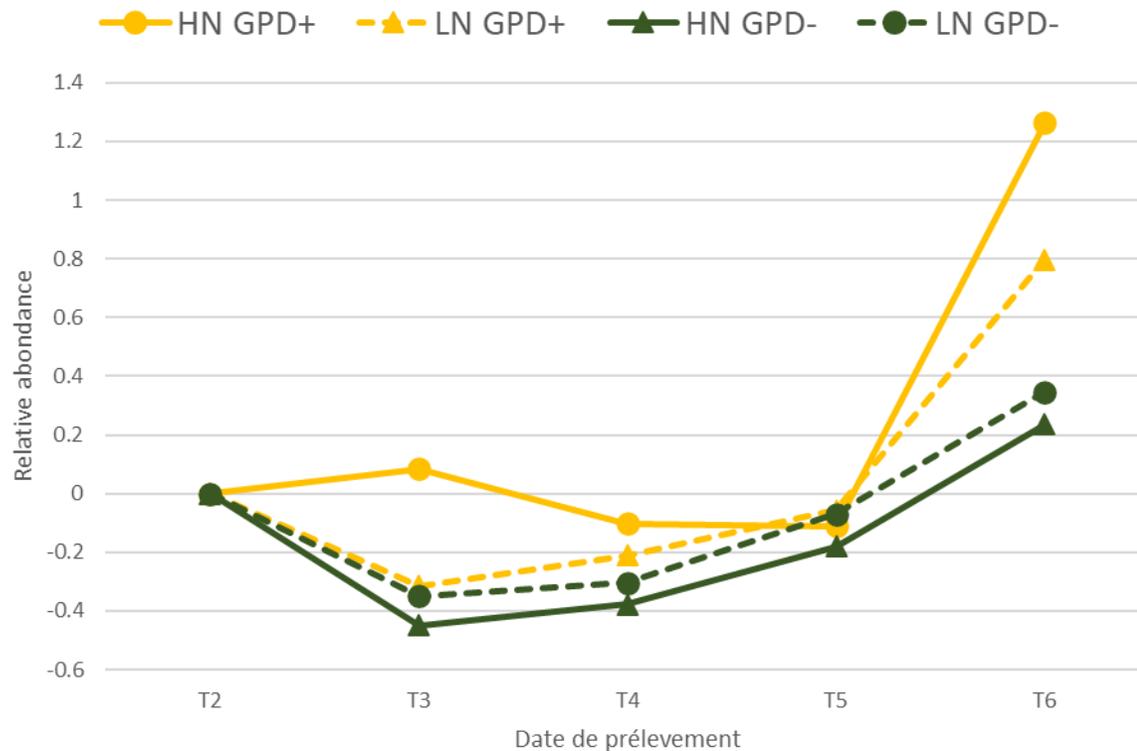


DEK, C-terminal (4.2E-03)
Carbohydrate metabolism (4E-03)



Gènes candidats en association

A0A3B5Y043 - Nitrogen regulatory protein P-II



Un homologue de la protéine PII s'accumule dans les grains en présence de l'allèle fonctionnel de NAM-B1



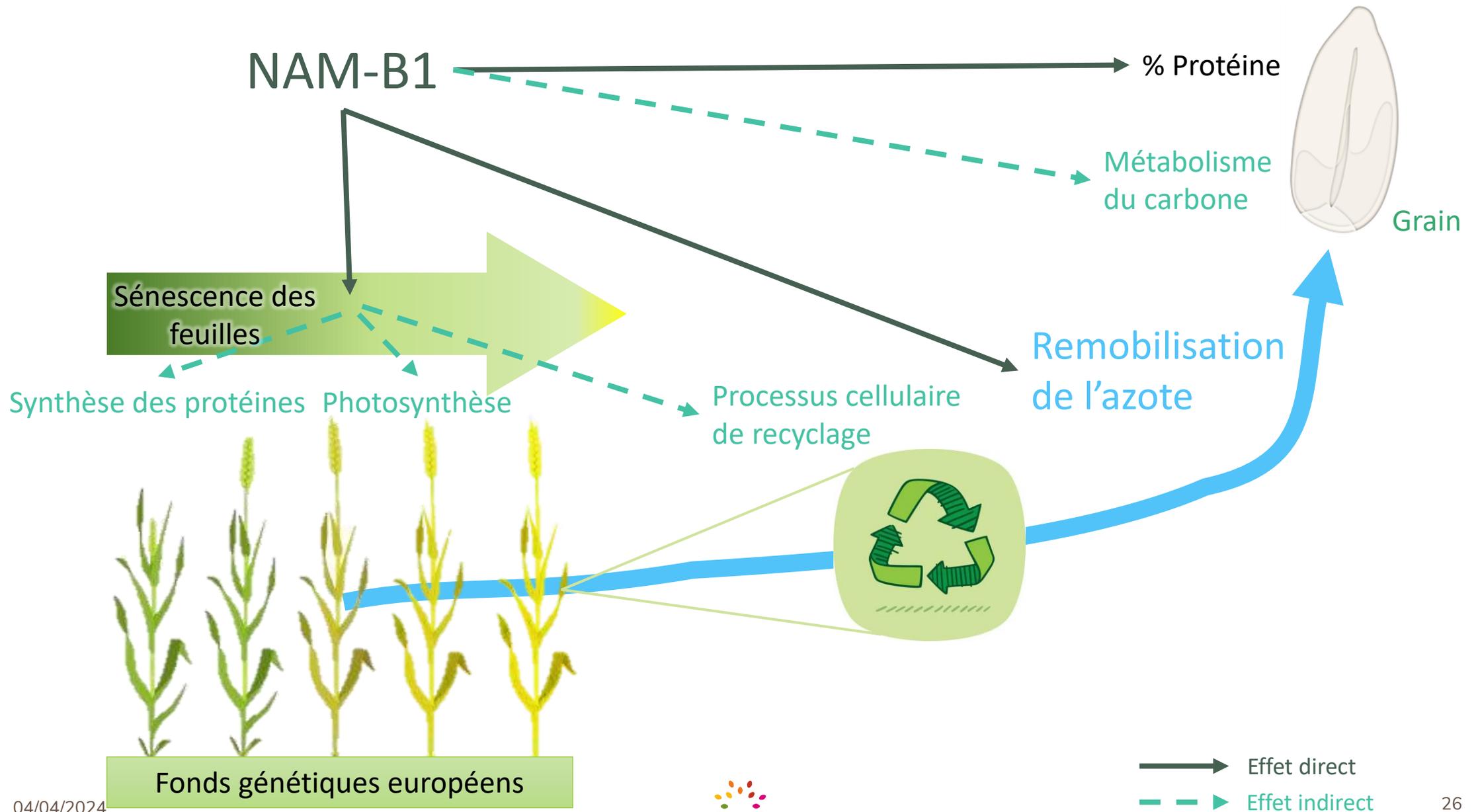
Les polymorphisme du gène codant pour la protéine A0A3B5Y043 est en association avec les variations de teneur en protéines du grain dans une collection n'ayant pas d'allèle fonctionnel de NAM-B1



A0A3B5Y043 est un marqueur du remplissage des grains



Conclusions



Fabien CHARDON, Emmanuelle
BANCEL, Catherine RAVEL, Anne
MARMAGNE, Manon LARDOS, Céline
MASCLAUX-DAUBRESSE, Séverine
ROUGEOL, Amélie BRESSON, Esther
RODRIGUEZ de HARO, Lilian FAURIE,
David ALVAREZ, Sibille PERROCHON,
Katia BEAUCHENE, Aida ROUAHI,
Valérie HERTEMAN, Pierre MARTRE,
Pierrick VARENNE, Jean-Charles
DESWARTE, Jacques LE GOUIS



merci



04/04/2024



LEPSE
PLANT ADAPTATION
TO CLIMATE CHANGE

