



INSTITUT DE FRANCE
Académie des sciences



La biologie végétale du XXI^e siècle Hommage à Michel Caboche

Mardi 15 mars 2022 de 10h00 à 17h00

**Grande salle des séances
de l'Institut de France**

23, quai de Conti, 75006 Paris

Nos connaissances sur la façon dont les plantes se développent, assurent leur alimentation, fleurissent, s'adaptent à leur environnement et rendent les services que l'on attend d'elles ont progressé d'une façon impressionnante ces vingt dernières années, principalement grâce à l'essor de la biologie cellulaire, moléculaire et de la génomique. Elles laissent augurer d'autres avancées spectaculaires pour ce 21^e siècle en amélioration des plantes et gestion de l'environnement et de la biodiversité.

Nombre de ces progrès sont dus à des travaux pionniers, comme ceux entrepris par Michel Caboche (1946-2021), qui ont profondément marqué la communauté scientifique française et internationale, jetant les bases d'une véritable révolution méthodologique en biologie végétale. Pendant cette séance, en évoquant brièvement sa carrière et son impact, nous rendrons hommage à un scientifique mondialement reconnu. Puis, pendant le reste de la journée les exposés scientifiques illustreront différents développements récents en biologie végétale. Ces présentations montreront comment, chez la plante modèle *Arabidopsis thaliana* et chez des plantes cultivées, on peut désormais mieux comprendre comment se développent les racines et les graines et sont assurées la nutrition azotée, la formation des parois cellulaires, la tolérance aux stress ou la qualité des fruits. Seront également évoquées les régulations épigénétiques et le rôle qu'elles jouent dans l'adaptation et l'évolution des plantes. Une discussion générale permettra d'aborder de nombreuses autres questions et perspectives.

Les organisateurs de la conférence-débat



Michel DELSENY

Directeur de recherche, université de Perpignan, membre de l'Académie des sciences

Michel Delseny est membre de l'Académie des sciences, directeur de recherche émérite au CNRS et à l'université de Perpignan *Via Domitia*, où il a dirigé le laboratoire Génome et développement des plantes. Ses principaux travaux ont porté sur la biologie de la formation et de la germination des graines, l'adaptation aux stress chez les plantes. Il a activement participé au séquençage, à l'analyse structurale et fonctionnelle des génomes de plantes et à l'étude de leur évolution. Il a été éditeur en chef des revues *Plant Science* et *Advances in Botanical Research*.



Georges PELLETIER

Directeur de recherche honoraire, Inrae, membre de l'Académie des sciences et de l'Académie d'agriculture de France

Les recherches de George Pelletier ont principalement porté sur des fonctions de la reproduction sexuée des plantes et sur la modification de leurs génomes cytoplasmiques ou nucléaires par des approches de biologie cellulaire et de biologie moléculaire. Il a, en particulier, découvert que lors des hybridations somatiques se produisent à haute fréquence des échanges entre les génomes des mitochondries des parents, phénomène qui lui a permis de mettre au point un système, désormais largement utilisé, de production de variétés hybrides chez les Brassicacées.

Michel Delseny et Georges Pelletier ont été aidés, pour l'organisation de cette journée, par Dominique Job, Michel Dron, Loïc Lepiniec, David Bouchez et Francis-André Wollman.

P programme

- 10:00** **Ouverture de la séance**
Patrick FLANDRIN, président de l'Académie des sciences
Antoine TRILLER, secrétaire perpétuel de l'Académie des sciences
Jean-Jacques HERVÉ, président de l'Académie d'agriculture de France
Constant LECOEUR, secrétaire perpétuel de l'Académie d'agriculture de France
- 10:10** **Introduction**
Michel DELSENY, directeur de recherche, université de Perpignan, membre de l'Académie des sciences
Georges PELLETIER, directeur de recherche honoraire, Inrae, membre de l'Académie des sciences et de l'Académie d'agriculture de France
- 10:30** **Brefs témoignages sur Michel Caboche**
Françoise VEDÈLE, directrice de recherche INRAE, ancienne directrice de l'unité de nutrition azotée des plantes, Institut Jean Pierre Bourgin
David BOUCHEZ, directeur de recherche INRAE, ancien directeur de l'Institut Jean-Pierre Bourgin
Paul VIALLE, ancien directeur général de l'INRA, membre de l'Académie d'agriculture de France
Margaret BUCKINGHAM, professeur honoraire, Institut Pasteur, membre de l'Académie des sciences
- 11:00** **Comprendre le développement des racines adventives, une étape clé de la multiplication végétative des plantes**
Catherine BELLINI, directrice de recherche, Institut Jean Pierre Bourgin et professeure, université d'Umeå
- 11:20** **Biologie des semences et génomique fonctionnelle d'*Arabidopsis thaliana***
Loïc LEPINIEC, directeur de recherche, membre de l'Académie d'Agriculture de France
- 11:50** **Réponse des plantes à la disponibilité de l'azote : transport et signalisation du nitrate**
Anna KRAPP, directrice de recherche, Institut Jean-Pierre Bourgin
- 12:15** Déjeuner libre

- 14:30 *The development of Arabidopsis as a major plant model*
Maarten KOORNNEEF, professeur, Wageningen et Max Planck Institute for Plant Research
- 14:55 **Les éléments transposables et leur variation épigénétique : une source unique de variation phénotypique pour l'adaptation ?**
Vincent COLOT, directeur de recherche, Institut de biologie de l'Ecole Normale Supérieure, CNRS
- 15:20 **Une plongée dans la paroi végétale avec l'Arabette**
Herman HOFTE, directeur de recherche, Institut Jean-Pierre Bourgin
- 15:45 **Aquaporines et transport d'eau, au cœur de la réponse des plantes aux contraintes de l'environnement.**
Christophe MAUREL, directeur de recherche CNRS, Laboratoire de Biochimie et physiologie moléculaire des plantes, INRAE - Sup-Agro - université de Montpellier
- 16:10 **Bases génétiques et génomiques de la qualité gustative des tomates : des consommateurs aux gènes, et retour !**
Mathilde CAUSSE, directrice de recherche, unité de recherche Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes
- 16:35 **Discussion générale et conclusion**



Résumés et biographies

Michel DELSENY, directeur de recherche, université de Perpignan, membre de l'Académie des sciences et **Georges PELLETIER**, directeur de recherche honoraire, Inrae, membre de l'Académie des sciences et de l'Académie d'agriculture de France

Introduction

Michel Caboche a fait toute sa carrière à l'INRA, au sortir de l'Ecole Polytechnique, d'abord en génétique animale à Toulouse, puis en biologie végétale, à Versailles, et enfin à Evry. Ses travaux lui ont valu une reconnaissance mondiale dans le domaine de la génétique végétale et dans l'essor de la génomique. Ses premiers travaux marquants ont porté sur la détermination des conditions de croissance des protoplastes à faible densité, approche qui lui a permis d'isoler, chez le tabac, des mutants pour une enzyme-clé du métabolisme azoté, la nitrate réductase, dont les gènes seront caractérisés dans son équipe. Il est parmi les premiers à développer des méthodes de transfert de gènes par fusion de protoplastes avec des liposomes. Le travail sur la nitrate réductase conduira à l'isolement et la caractérisation du premier élément transposable de type retrotransposon chez une plante. A la fin des années 80, il engage résolument son équipe dans la génomique de l'espèce modèle *Arabidopsis thaliana*, et crée en collaboration avec l'équipe de Georges Pelletier l'une des premières collections de mutants d'insertion, collection qui sera à l'origine de nombreux projets de biologie du développement, en particulier sur la croissance à l'obscurité, sur le rôle de la paroi végétale, la floraison, la biologie de la graine...

Conscient du retard pris dans le domaine des applications de la génomique à l'agriculture, il sera la cheville ouvrière du programme national Génoplante et créera l'unité de recherche en génomique végétale à Evry, dont il assurera la direction jusqu'à la retraite. Les exposés qui suivront cette évocation illustreront les développements récents de quelques uns des travaux qu'il a initié ou inspiré.

Bibliographie :

Michel Caboche, parcours scientifique d'un biologiste de l'INRA. Archorales (2019) 20, 128-171

Michel Caboche, an outstanding plant molecular and cell biologist. CR Biologies (2021) 344 (3) 209-218





Catherine BELLINI

directrice de recherche, Institut Jean Pierre Bourgin et professeure, université d'Umeå

Catherine Bellini est directrice de recherche à l'Institut Jean-Pierre Bourgin, INRAE Versailles, et professeure à l'université d'Umeå (Suède). Avec son équipe elle s'intéresse aux mécanismes génétiques et moléculaires qui contrôlent le développement des plantes. Plus spécifiquement, ses travaux portent sur le rôle des hormones végétales dans l'acquisition de l'identité cellulaire lors de l'initiation des racines adventives qui sont nécessaires à la multiplication végétative des plantes. Ces travaux pionniers ont permis d'identifier plusieurs gènes intervenant à l'intersection de différentes voies de signalisation hormonale.

Comprendre le développement des racines adventives, une étape clé de la multiplication végétative des plantes

Les racines adventives (RA) sont des racines qui se développent sur tout autre organe que les racines et sont nécessaires à la propagation végétative des plantes. Leur initiation et leur développement sont des étapes limitantes pour la propagation clonale de nombreuses espèces d'arbres économiquement importantes. Le développement des RA est un trait génétique quantitatif avec une plasticité phénotypique élevée due à de multiples facteurs régulateurs endogènes et environnementaux. L'initiation des RA se fait à partir de cellules différenciées d'organes végétaux aériens, et nécessite plusieurs étapes qui incluent la dédifférenciation, la reprogrammation, la division et la différenciation cellulaire. Nous avons utilisé *Arabidopsis* comme système modèle pour déchiffrer les interactions moléculaires qui contrôlent l'initiation des RA. Nous avons identifié des gènes régulateurs agissant à plusieurs niveaux, y compris des sous-unités du signalosome COP9 nécessaires à la dégradation des protéines, des gènes intervenant à l'intersection des voies de signalisation de plusieurs hormones dont l'auxine, le jasmonate et les cytokinines.

Bibliographie :

Lakehal A., Dob A., Rahnesan Z., Rej Nov Ak O., Escamez S., Alallaq S., Strnad M., Tuominen H., Bellini C. (2020). ETHYLENE RESPONSE FACTOR 115 integrates jasmonate and cytokinin signaling machineries to repress adventitious rooting in *Arabidopsis*. *New Phytologist*, 228 (5) 1611-1626

Lakehal A., Chaabouni S., Cavel E., Le Hir R., Ranjan A., Raneshan Z., Novák O., Pacurar D., Perrone I., Jobert F., Gutierrez L., Bako L., Bellini C. (2019). A molecular framework for the control of adventitious rooting by TIR1/AFB2-Aux/IAA-dependent auxin signaling in *Arabidopsis*. *Molecular Plant*, 12 (11), 1499-1514,

Sorin C., Bussell J., Camus I., Ljung K., Kowalczyk M., Geiss G., McKhann H., Garcion C., Vaucheret H., Sandberg G., Bellini C. (2005). Auxin and light control of adventitious rooting in *Arabidopsis* require ARGONAUTE1. *Plant Cell*, 17 (5), 1343-1359



Loïc LEPINIEC

Directeur de recherche, membre de l'Académie d'Agriculture de France

J'ai été recruté par Michel Caboche en 1995, pour développer l'étude des contrôles génétiques et moléculaires du développement et du métabolisme de la graine de la plante modèle *Arabidopsis thaliana*. Nous avons bénéficié à cette époque du formidable essor de la génomique (1^{er} génome végétal disponible en 2001) et de différents outils comme les banques de mutants d'insertion et la PCR. Nous avons ainsi pu contribuer à l'élucidation de différentes voies de régulation de l'expressions de gènes, qui contrôlent le développement ou le métabolisme des semences, bien conservées chez les plantes cultivées.



Biologie des semences et génomique fonctionnelle d'*Arabidopsis thaliana*

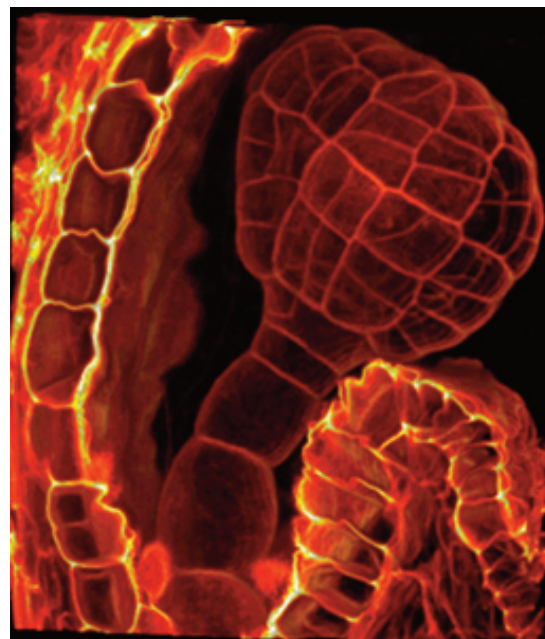
Les semences jouent un rôle clef dans l'évolution des plantes, pour l'agriculture et dans nos sociétés. Elles offrent aux plantes une forme de dissémination très efficace et sont un outil essentiel des pratiques agricoles et de la gestion des ressources génétiques. De plus, elles constituent directement ou indirectement une ressource majeure pour l'alimentation animale et humaine et la production de matières premières renouvelables. Dans le contexte global actuel, elles sont donc un outil essentiel pour le développement d'une agriculture durable et la préservation de la biodiversité et de l'environnement. La compréhension du déterminisme génétique et des mécanismes moléculaires qui contrôlent leur développement fournit des outils pour évaluer et adapter leurs qualités aux différents besoins et enjeux, que ce soit par des voies classiques de sélection ou biotechnologiques. J'illustrerai dans cette présentation les progrès récents réalisés dans le domaine de la biologie des semences, notamment grâce à l'essor de la génomique fonctionnelle et l'utilisation d'une plante modèle, *Arabidopsis thaliana*, et la contribution importante de Michel Caboche et de ses collègues à ce domaine.

Bibliographie :

Lepiniec L, Devic M, Roscoe TJ, Bouyer D, Zhou DX, Boulard C, Baud S, Dubreucq B. (2018) Molecular and epigenetic regulations and functions of the LAFL transcriptional regulators that control seed development. *Plant Reproduction* 31, 291-307.

Xu W, Dubos C, Lepiniec L. (2015) Transcriptional control of flavonoid biosynthesis by MYB-bHLH-WDR complexes, *Trends Plant Science*, 20, 176-185

Lepiniec L, Debeaujon I, Routaboul JM, Baudry A, Pourcel L, Nesi N and Caboche M (2006) Genetics and biochemistry of seed flavonoids. *Annu. Rev. Plant Biol.* 57, 405-30.





Anna KRAPP

Directrice de recherche, Institut Jean-Pierre Bourgin

J'ai commencé à m'intéresser à l'assimilation de l'azote lors d'un post-doc dans l'équipe de Michel Caboche. Depuis, recrutée à l'INRAE dans l'équipe de Françoise Daniel-Vedèle, nous avons étudié les réponses métaboliques et transcriptomiques d'*Arabidopsis* à la limitation en azote et mis en évidence des nouveaux transporteurs de nitrate essentiels pour la croissance sous limitation en azote. Suite à la découverte du rôle clef du facteur de transcription NLP7 pour la signalisation précoce du nitrate, nous poursuivons l'étude des réseaux moléculaires gouvernés par le nitrate.

Réponse des plantes à la disponibilité de l'azote : transport et signalisation du nitrate

L'azote est un macronutriment essentiel au développement et à la productivité des plantes. Les plantes s'adaptent constamment à la disponibilité fluctuante en azote pour optimiser leur croissance. L'assimilation du nitrate, la source d'azote principale dans les zones tempérées, ainsi que son transport sont finement régulés par la disponibilité en nitrate.

Le nitrate n'est pas qu'un élément nutritif mais joue également un rôle de signal. Les différents niveaux de régulation ainsi que les acteurs moléculaires et les réseaux de régulation seront discutés.

Les avancées scientifiques concernant la réponse moléculaire à la disponibilité en nitrate ouvriront entre autres de nouvelles voies pour améliorer l'efficacité de l'utilisation de l'azote par les plantes.

Bibliographie :

Krapp A. Plant nitrogen assimilation and its regulation: a complex puzzle with missing pieces. *Curr Opin Plant Biol.* 2015 Jun;25:115-22. doi: 10.1016/j.pbi.2015.05.010.

Marchive C, Roudier F, Castaings L, Bréhaut V, Blondet E, Colot V, Meyer C, Krapp A. Nuclear retention of the transcription factor NLP7 orchestrates the early response to nitrate in plants. *Nat Commun.* 2013;4:1713. doi: 10.1038/ncomms2650.

Krapp A, Berthomé R, Orsel M, Mercey-Boutet S, Yu A, Castaings L, Elftieh S, Major H, Renou JP, Daniel-Vedele F. *Arabidopsis* roots and shoots show distinct temporal adaptation patterns toward nitrogen starvation. *Plant Physiol.* 2011 Nov;157(3):1255-82. doi: 10.1104/pp.111.179838. Epub 2011 Sep 7. PMID: 21900481.



Marteen KOORNNEEF

Professeur, Wageningen et Max Planck Institute for Plant Research, Cologne

Maarten Koornneef obtained his PhD on plant hormones and photoreceptors in Arabidopsis using mutants, in Wageningen university in 1982. After his PhD, together with Dr Richard Kendrick, he isolated and characterized photoreceptor mutants of tomato. From the early nineties additional funding for Arabidopsis allowed him to work on Arabidopsis, using molecular genetics. As a result his group cloned several genes including one of the first genes, where epi-alleles due to the absence of DNA methylation caused a stable mutant phenotype. By the end of the nineties his research shifted to the use of natural variation in Arabidopsis. Using quantitative trait locus (QTL) analysis, he molecularly identified several loci including a major regulator of seed dormancy named DOG1. In 2004 he took a Director position at the Max Planck Institute in Koln, leading the Plant breeding department. He is currently active as scientific advisor in his former department at Wageningen University. He is member of the Royal Academy of Arts and Sciences of the Netherlands and foreign member of the National Academy of Sciences of USA.



The development of Arabidopsis as a major plant model

Arabidopsis thaliana was suggested to be a suitable model plant by the German scientist Friedrich Laibach in 1943, mainly because of its attractiveness for genetics studies. After its further development as genetic model in the nineteen fifties and nineteen sixties, its use collapsed thereafter until new developments in molecular genetics asked for a well-established genetic model, that could be used also in gene transfer studies. This led to a strong growth of the use of this species in plant biology. This was further stimulated by being the first higher plant of which its DNA was fully sequenced and by its efficient transformation, which also was used to generate knock-out mutants of almost every gene. New knowledge on gene-functions was often successfully translated to crop species.

Bibliographie :

Koornneef M and Meinke DW. 2010. The development of Arabidopsis as a plant model. Plant J. 61: 909-921

Koornneef M, 2021. A central role for genetics in plant biology Ann Rev Plant Biol 72: 1-16

Provart NJ, Alonso J, Assmann SM, Bergmann D, Brady SM, Brkljacic J et al. 2016. 50 years of Arabidopsis research: highlights and future directions. New Phytol. 209: 921-44





Vincent COLOT

Directeur de recherche, Institut de biologie de l'Ecole Normale Supérieure, CNRS

Vincent Colot est directeur de recherche au CNRS et dirige une équipe à l'Institut de biologie de l'Ecole Normale Supérieure (IBENS). Leurs travaux visent à déterminer l'étendue ainsi que les mécanismes moléculaires de la contribution des éléments transposables du génome à la génération des variations de caractères, en utilisant principalement pour cela la plante *Arabidopsis thaliana* comme modèle.

Vincent Colot est membre de l'EMBO et lauréat du Prix Jean Dufrenoy de l'Académie d'Agriculture de France ainsi que du Grand Prix Charles-Léopold Mayer de l'Académie des sciences de France.

Les éléments transposables et leur variation épigénétique : une source unique de variation phénotypique pour l'adaptation ?

Le génome de des plantes est souvent composé majoritairement de séquences dégénérées d'éléments transposables (ET). Nos travaux, initiés à l'URGV il y a 20 ans à l'invitation de Michel Caboche, visent à déterminer la contribution de cette composante aux différences phénotypiques entre individus, en s'appuyant sur les ressources inégalées du modèle *A. thaliana*. C'est ainsi que nous avons établi, par des approches de génétique et génomique quantitatives, que nombre de séquences d'ET peuvent être sujettes à des variations épigénétiques hérissables et engendrer de la sorte des différences phénotypiques également hérissables, sans variation nucléotidique. Par ailleurs, nous avons montré que les rares ET encore mobiles au sein du génome sont la source principale de mutations à effets majeurs et que le biais d'insertion qu'ils présentent favorise la création d'allèles potentiellement adaptatifs. Plus généralement, nos résultats remettent en question l'idée d'un processus mutationnel aveugle à ses conséquences et suggèrent un rôle unique de la transposition et de sa modulation épigénétique dans la réponse adaptative des plantes aux changements rapides et brutaux de l'environnement.

Bibliographie :

Baduel P; Leduque B, Ignace A, Gy I, Gil J, Loudet O, Colot V, Quadrana L (2021) Genetic and environmental modulation of transposition shapes the evolutionary potential of *Arabidopsis thaliana*. *Genome biology* 22: 1-26

Baduel P, Colot V (2021) The epiallelic potential of transposable elements and its evolutionary significance in plants. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 376 (1826) 20200123

Quadrana L, Etcheverry M, Gilly A, Caillieux E, Madoui MA, Guy J, Silveira AB, Engelen S, Baillet V, Wincker P, Aury JM, Colot V (2019) Transposition favors the generation of large effect mutations that may facilitate rapid adaption. *Nat Commun* 10, 3421



Herman HOFTE

Directeur de recherche, Institut Jean-Pierre Bourgin

Dr Herman Höfte received his PhD degree at the University of Ghent on the study of insecticidal crystal proteins from *Bacillus thuringiensis* and the generation of the first insect-resistant transgenic tobacco plants. As a post-doctoral fellow at the UC San Diego, he studied targeting of tonoplast membrane proteins. In 1992, he joined the National Institute of Agronomic Research (INRA) in Versailles where he is studying the synthesis and assembly of plant cell walls using molecular genetic approaches in the model plant *Arabidopsis*. He also coordinated the development of new sustainable lignocellulosic biomass crops.



Une plongée dans la paroi végétale avec l'Arabette

Plants have a cost-effective strategy to build their planar organs that serve as solar panels: they have a hydrostatic skeleton consisting of cells that are pressurized, made possible by the presence of a strong carbohydrate-rich cell wall. In this way, water and carbon, both readily accessible for plants, are the main structural elements.

The drawback of this strategy is that the growth of plant cells depends on a balancing act of extending the cell wall without succumbing to the stresses imposed by the cell's turgor pressure. How this is brought about is the object of our research.

At the time of my recruitment in the team of Michel Caboche in the early 1990's, very little was known on the metabolism of the cell wall. The use of the model plant *Arabidopsis thaliana* has turned out extremely prolific to gain insights into the inner workings of this cellular compartment.

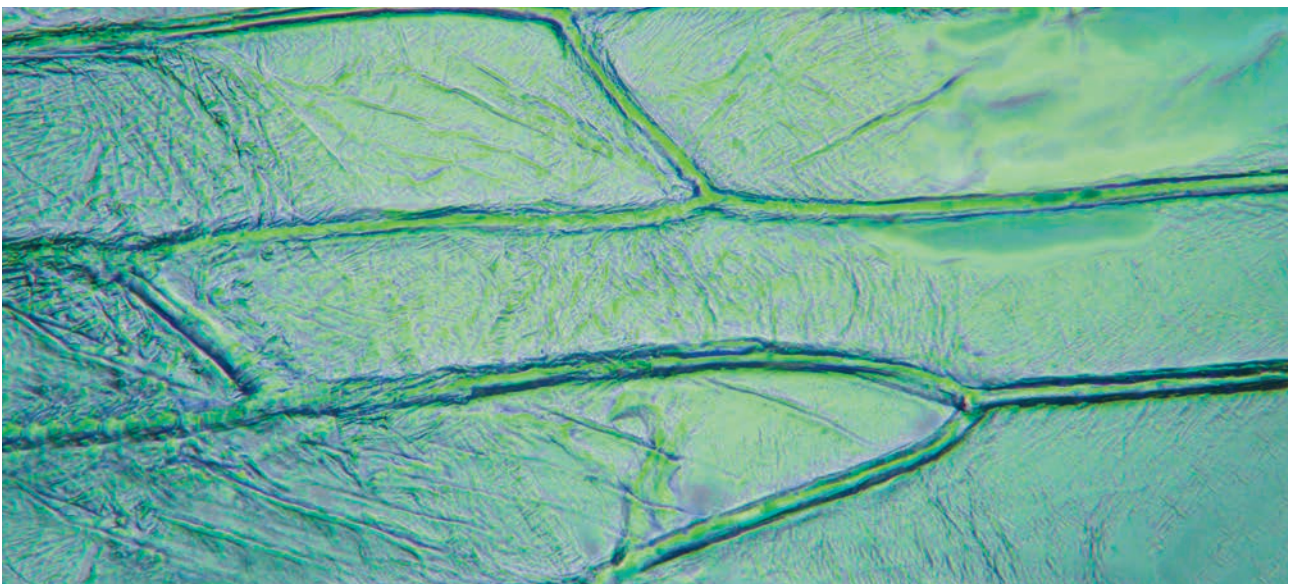
In this presentation, I will give an overview of the advances in our understanding of the molecular mechanisms underlying cell wall synthesis and cell expansion that were made possible using genetic approaches. I will also discuss how feedback signaling pathways control the integrity of the cell wall during growth. I will finally discuss new strategies to overcome the limitations of genetic approaches to study growth-related processes in plants.

Bibliographie :

Voxeur, A., Habrylo, O., Guénin, S., Miart, F., Soulié, M.-C., Rihouey, C., Pau-Roblot, C., Domon, J.-M., Gutierrez, L., Pelloux, J., Mouille, G., Fagard, M., Höfte, H., Vernhettes, S., 2019. Oligogalacturonide production upon *Arabidopsis thaliana*-*Botrytis cinerea* interaction. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 116. <https://doi.org/10.1073/pnas.1900317116>

Peaucelle, A., Wightman, R., Höfte, H., Höfte, H., 2015. The Control of Growth Symmetry Breaking in the *Arabidopsis* Hypocotyl. *Curr Biol* 25, 1746–1752. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2015.05.022>

Wolf, S., Hématy, K., Höfte, H., Hématy, K., Höfte, H., 2012. Growth control and cell wall signaling in plants. *Annu Rev Plant Biol* 63, 381–407. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042811-105449>





Christophe MAUREL

Directeur de recherche CNRS, Laboratoire de Biochimie et physiologie moléculaire des plantes, INRAE - Sup-Agro - université de Montpellier

Christophe Maurel s'intéresse depuis longtemps au transport de l'eau chez les plantes. Son groupe utilise des approches moléculaires et physiologiques pour étudier les modes de régulation du transport de l'eau au niveau d'aquaporines clonées, de membranes purifiées, de cellules vivantes ou d'organes comme des racines excisées. Des approches de génétique quantitative, de phénotypage racinaire et de modélisation mathématique sont combinées pour aborder la dynamique de croissance et l'hydraulique des racines, montrant comment celles-ci s'adaptent aux contraintes environnementales.

Aquaporines et transport d'eau, au cœur de la réponse des plantes aux contraintes de l'environnement

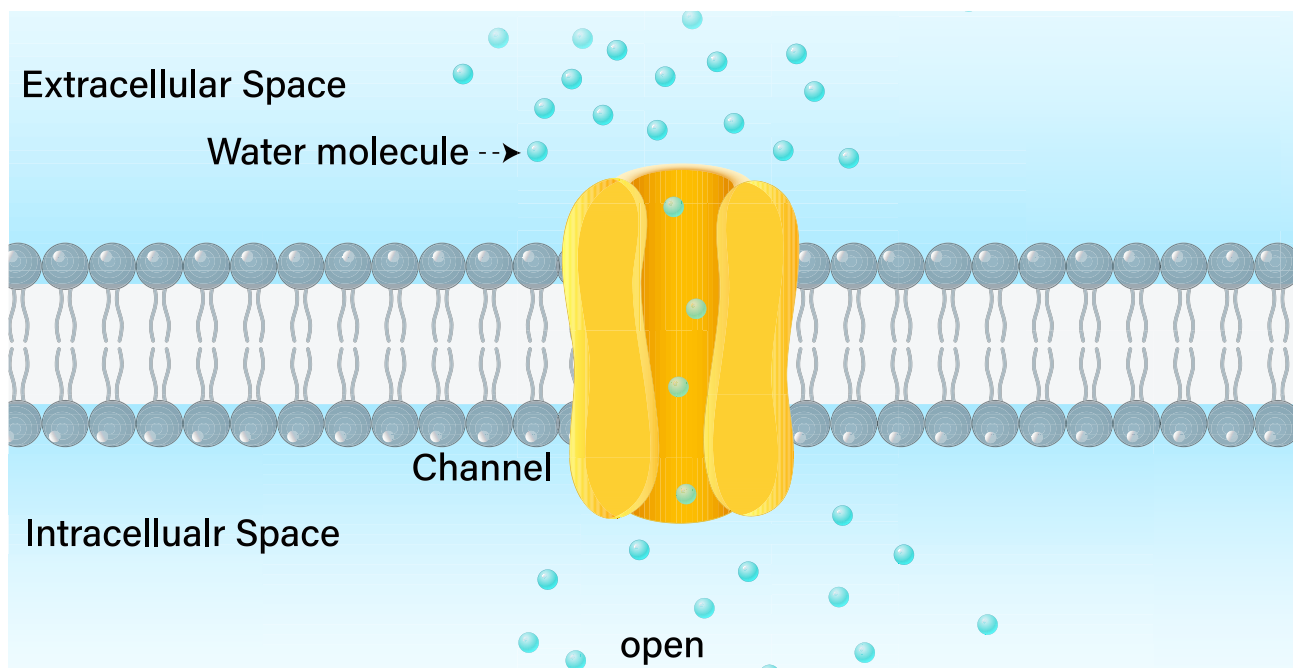
Le transport d'eau chez les plantes est un élément clé de leur croissance et de leur adaptation aux contraintes de l'environnement. Au cours de cet exposé, nous examinerons comment diverses approches de génétique ont permis de mieux comprendre les bases moléculaires de ces processus. Par exemple, la génétique inverse a permis de montrer que les aquaporines de la membrane plasmique (PIP) interviennent dans de multiples contrôles de l'hydraulique des tissus végétaux. Plus spécifiquement, l'aquaporine PIP2;1 contribue à l'émergence des racines latérales régulée par l'auxine et à la fermeture stomatique en réponse à l'acide abscissique. Dans ce dernier cas, l'aquaporine joue un double rôle, hydraulique et signalétique. Les bases moléculaires de l'hydraulique racinaire ont également été explorées par des approches de génétique quantitative chez *Arabidopsis* et le maïs. Ces études ont permis de découvrir de nouveaux mécanismes d'adaptation des plantes aux stress, comme une voie de signalisation combinatoire intégrant deux signaux du sol, la disponibilité en potassium et en oxygène.

Bibliographie :

Péret B, G Li, J Zhao, LR Band, U Voß, O Postaire, D Luu, O Da Ines, I Casimiro, M Lucas, DM Wells, L Lazzerini, P Nacry, JR King, OE Jensen, AR Schäffner*, C Maurel*, MJ Bennett* (2012) Auxin regulates aquaporin function to facilitate lateral root emergence. *Nature Cell Biol.*, 14: 991-998

Shahzad Z, M Canut, C Tournaire-Roux, A Martinière, Y Boursiac, O Loudet, C Maurel (2016) A potassium-dependent oxygen sensing pathway regulates plant root hydraulics. *Cell*, 167: 87-98.

Tang N, Z Shahzad, F Lonjon, O Loudet, F Vaillau, C Maurel (2018) Natural variation at XYLEM NAC DOMAIN 1 impacts root hydraulics and trade-off for stress responses in *Arabidopsis*. *Nat. Commun.* 9: 3884.



Mathilde CAUSSE

Directrice de recherche, Unité de recherche Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes

Mathilde Causse est directrice de recherche à INRAE. Après une thèse à l'ORSTOM et un postdoc à *Cornell University* (USA) sur le riz, elle a été recrutée à l'INRA en 1990. En 1995, elle a rejoint l'unité de génétique et amélioration des fruits et légumes à Avignon pour développer des recherches sur la génétique de la qualité des fruits chez la tomate. Ses recherches concernent la diversité génétique des caractères complexes et l'utilisation de marqueurs moléculaires et de la génomique pour l'amélioration des plantes. Elle est membre correspondante de l'Académie d'agriculture de France.



Bases génétiques et génomiques de la qualité gustative des tomates : des consommateurs aux gènes, et retour !

Depuis les années 1990, les consommateurs se plaignent de la qualité gustative des tomates. Afin d'aider les sélectionneurs dans l'amélioration de cette qualité, nous avons tenté d'élucider les bases génétiques et génomiques des composantes de la qualité des fruits. Après avoir recherché les critères pertinents à étudier, liés aux saveurs, aux arômes et à la texture, nous avons poursuivi des approches de génétique quantitative et identifié un certain nombre de régions génomiques importantes. Cela nous a permis d'identifier quelques gènes contrôlant la variation de ces paramètres. En parallèle, le génome de la tomate a été séquencé et de nombreuses accessions re-séquencées, permettant d'explorer la diversité présente dans les ressources génétiques sud-américaines et modernes, au niveau génomique et de composantes de la qualité. Aujourd'hui, nous évaluons les méthodes optimales de sélection pour ces critères au déterminisme relativement complexe et étudions comment réduire l'impact environnemental de cette culture.

Bibliographie :

Zhao JT, C Sauvage, J Zhao, F Bitton, G Bauchet, D Liu, S Huang, D Tieman, HJ Klee, and M Causse (2019) Meta-analysis of genome-wide association studies provide new insights into genetic control of tomato flavour. *Nature Communication* vol.10; <https://doi.org/10.1038/s41467-019-09462-w>

Bauchet G, S Grenier, N Samson, V Segura, A Kende, J Beekwilder, K Cankar, JL Gallois, J Gricourt, J Bonnet, C Baxter, L Grivet, M Causse (2017) Identification of major loci and genomic regions controlling acid and volatile content in tomato fruit and implications for flavor improvement. *New Phytologist* (doi: 10.1111/nph.14615)

Causse M, J Zhao, I Diouf, J Wang, V Lefebvre, B Caromel, M Génard and N Bertin (2020) Genomic Designing for Climate-Smart Tomato. In C. Kole (ed.), *Genomic Designing of Climate-Smart Vegetable Crops*, Springer Nature Switzerland https://doi.org/10.1007/978-3-319-97415-6_2

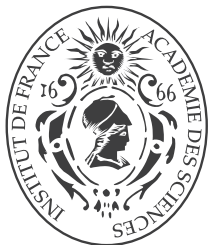


Notes

A series of 30 horizontal dotted lines spanning the width of the page, intended for writing notes.

Notes

A series of horizontal dotted lines for writing notes.



INSTITUT DE FRANCE
Académie des sciences

