



Communiqué de presse – 12 juin 2017

## **Exploiter la diversité génétique du maïs : de l'intérêt de la composition métabolique des feuilles durant le remplissage des grains**

Largement cultivée de par le monde, le maïs est une céréale possédant de nombreux atouts agronomiques, parmi lesquels une forte capacité de production. Examinant l'existence d'un lien potentiel entre la physiologie des feuilles et la production de grains, des chercheurs de l'Inra, du CNRS, des universités d'Angers et Paris-Sud, ont mis en évidence que différents marqueurs du métabolisme foliaire reflètent la diversité génétique du maïs. Ces travaux ouvrent la voie à une sélection de variétés à fort rendement en grains. Ils viennent d'être publiés dans la revue *Plant Cell*.

Première céréale cultivée dans le monde, le maïs, *Zea mays* L., représente plus de 40% de la production céréalière mondiale, soit un million de tonnes en 2015-2016 dévolues à l'alimentation animale et humaine et plus récemment aux marchés non alimentaires comme celui des biocarburants. Originaire d'Amérique du Sud où elle a été domestiquée il y a plus de 7 000 ans, cette plante a été introduite par la suite en Europe où son adaptation aux conditions climatiques tempérées a permis d'étendre sa culture à de nombreuses régions.

C'est donc un challenge à la fois agronomique et scientifique qui a conduit les chercheurs à s'intéresser aux facteurs clés impliqués dans des processus biologiques complexes comme l'élaboration du rendement et la production de biomasse chez le maïs.

Ils ont comparé les profils métaboliques et les activités enzymatiques des feuilles de 19 lignées de maïs génétiquement éloignées provenant d'Europe et d'Amérique, dans le but de déterminer s'il existe un lien entre la variabilité génétique de la plante et la physiologie de ses feuilles.

### ***Profils métaboliques et activités enzymatiques varient selon le stade de développement et les caractéristiques génétiques de la plante***

Les scientifiques ont ainsi mis en évidence que les profils métaboliques des feuilles de maïs varient de façon considérable selon le stade de développement de la plante et selon sa diversité génétique, en grande partie liée à son origine géographique.

Ils ont ainsi identifié quelques 155 métabolites, principalement des glucides (57 %) parmi lesquels le saccharose, des acides organiques (32 %) surtout représentés par l'aconitate et des acides aminés (9%), notamment l'alanine, auxquels s'ajoutent des molécules diverses - lipides, vitamines, métabolites secondaires et d'autres composés encore non identifiés.

La nature de certains de ces métabolites diffère selon la lignée étudiée. Leurs quantités relatives varient de manière très importante entre la phase de développement végétatif et celle correspondant au remplissage des grains, reflétant le passage d'une feuille qui accumule l'azote et le carbone nécessaires à la croissance de la plante, à une feuille qui exporte les métabolites carbonés et azotés vers le grain en formation.

Les chercheurs ont également montré que les activités de nombreuses enzymes impliquées dans le métabolisme de l'azote et du carbone ou dans la photosynthèse de type C<sub>4</sub><sup>1</sup>, varient selon le stade de développement et la lignée de la plante. Comme pour les métabolites, ces variations illustrent la transition qui s'opère au sein des feuilles, entre l'assimilation du carbone et de l'azote durant le stade de développement végétatif et la remobilisation des ressources lors du remplissage des grains.

### ***Composition métabolique des feuilles et diversité génétique***

Explorant le lien entre physiologie et diversité génétique des lignées, les chercheurs ont mis en évidence que, pendant la phase de remplissage du grain, la composition métabolique des feuilles semble être un marqueur fiable, qui permet de proposer une classification de ces mêmes lignées en fonction de leurs caractéristiques génétiques.

Au cours de la même période, ils ont observé une corrélation significative entre la distance génétique des lignées et les activités des enzymes impliquées dans le métabolisme du carbone, notamment la glycolyse. Bien que de grandes différences aient été observées en matière de flux métaboliques au sein des feuilles, ces différences ne sont cependant pas liées à la variabilité génétique des lignées.

### ***Vers une variété de maïs à fort potentiel de rendement***

Des études de corrélation et des analyses de réseaux métaboliques ont permis aux scientifiques de proposer une variété de maïs adaptée à un environnement donné – on parle d'idéotype - possédant un fort potentiel de rendement en grain. Celui-ci se caractérise par une faible accumulation d'acides aminés libres et de glucides dans les feuilles et par une activité plus élevée des enzymes impliquées dans la photosynthèse de type C<sub>4</sub> et dans la biosynthèse des acides aminés dérivés du glutamate.

A la faveur de l'identification conjointe des mécanismes physiologiques qui sous-tendent la variabilité génétique de plantes d'intérêt agronomique et de leur régulation, un certain nombre de marqueurs métaboliques et d'activités enzymatiques peuvent donc être potentiellement utilisés à des fins de sélection végétale.

## **Référence**

---

Exploiting the Genetic Diversity of Maize using a Combined Metabolomic, Enzyme Activity Profiling, and Metabolic Modelling Approach to Link Leaf Physiology to Kernel Yield

Rafael A Cañas, Zhazira Yesbergenova-Cuny, Margaret Simons, Fabien Chardon, Patrick Armengaud, Isabelle Quilleré, Caroline Cukier, Yves Gibon, Anis M. Limami, Stéphane D Nicolas, Lénaïg Brulé, Peter J. Lea, Costas D. Maranas and Bertrand Hirel.

Advance Publication April 10, 2017, doi: <http://dx.doi.org/10.1105/tpc.16.00613> *The Plant Cell* April 10, 2017 tpc.00613.2016

---

<sup>1</sup> La photosynthèse transforme l'énergie solaire en sucres à partir du gaz carbonique et de l'eau. Il y a trois mécanismes connus de fixation du CO<sub>2</sub> au cours de ce processus, C<sub>3</sub>, C<sub>4</sub> et CAM, qui diffèrent par le nombre d'atomes de carbone de la molécule organique formée lors de la fixation du CO<sub>2</sub>.

**Contact scientifique**

---

Bertrand Hirel, directeur de recherche CNRS : [bertrand.hirel@inra.fr](mailto:bertrand.hirel@inra.fr) - Tel 01 30 83 30 89

Institut Jean-Pierre Bourgin (Inra, AgroParisTech, ELR CNRS)

Département scientifique Biologie et amélioration des plantes

Centre Inra Ile-de-France-Versailles-Grignon

**Contact presse :**

---

Inra service de presse : [presse@inra.fr](mailto:presse@inra.fr) – T. 01 42 75 91 86