



Construction du grain de sorgho : une feuille de route transcriptomique ciblant la teneur et digestibilité des protéines

SENE Mamadou

Sene M, Berger A, Calatayud C, Rios M, Bonicel J, Morel MH, Mameri H, Pot D, Terrier N

CIRAD, UMR AGAP Institut, F-34398 Montpellier, France

Colloque Graines 2023, 7-9 novembre, INRAE, Versailles



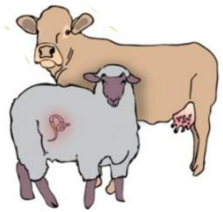
Le sorgho, céréale émergente, potentiel contributeur à l'offre de protéine en conditions de changements climatiques



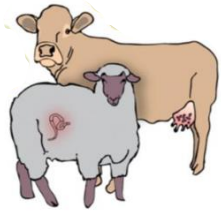
Le sorgho, céréale émergente, potentiel contributeur à l'offre de protéine en conditions de changements climatiques



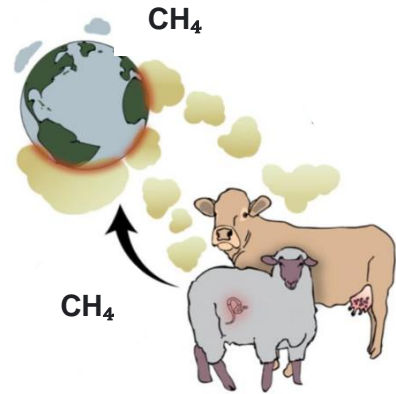
Le sorgho, céréale émergente, potentiel contributeur à l'offre de protéine en conditions de changements climatiques



Le sorgho, céréale émergente, potentiel contributeur à l'offre de protéine en conditions de changements climatiques



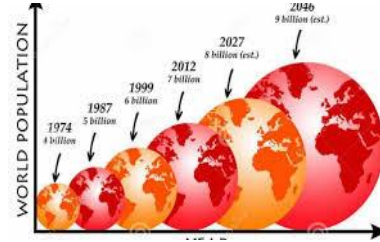
Le sorgho, céréale émergente, potentiel contributeur à l'offre de protéine en conditions de changements climatiques



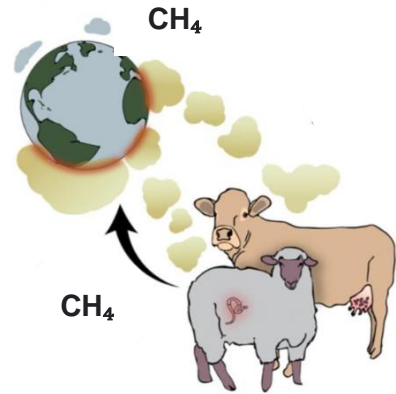
Le sorgho, céréale émergente, potentiel contributeur à l'offre de protéine en conditions de changements climatiques



ET



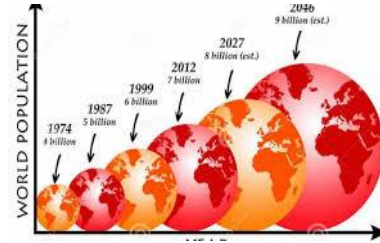
- 9 milliard d'individus en 2050
- Céréales assurent 30% des apports protéiques



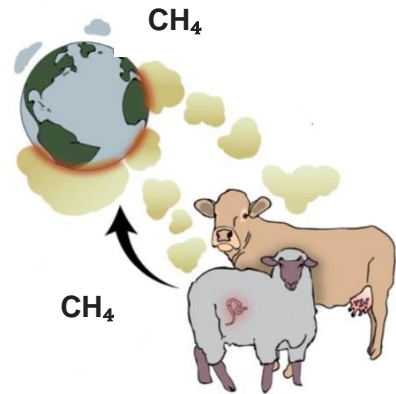
Le sorgho, céréale émergente, potentiel contributeur à l'offre de protéine en conditions de changements climatiques



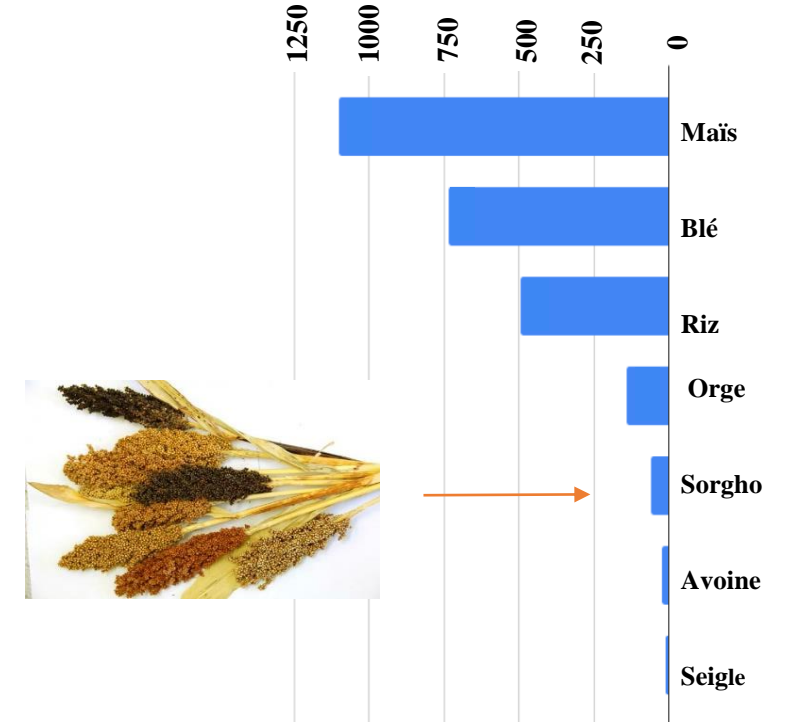
ET



- 9 milliard d'individus en 2050
- Céréales assurent 30% des apports protéiques



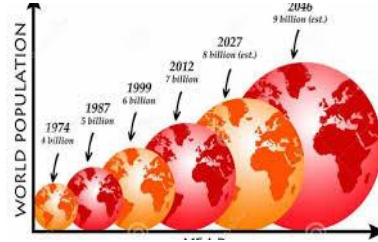
Production de céréales en 2018/2019 (MT)



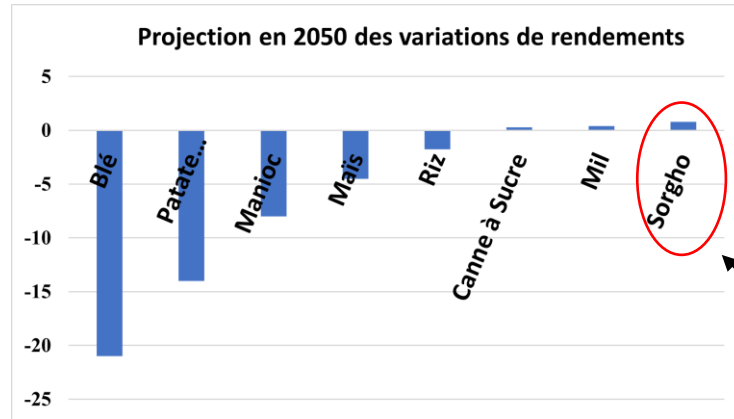
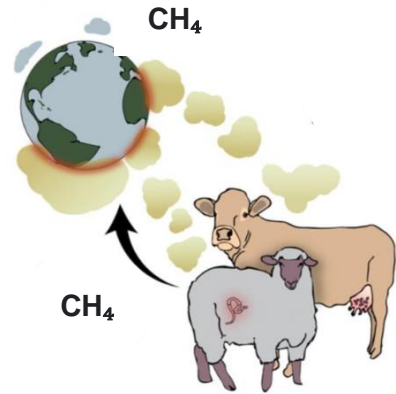
Le sorgho, céréale émergente, potentiel contributeur à l'offre de protéine en conditions de changements climatiques



ET

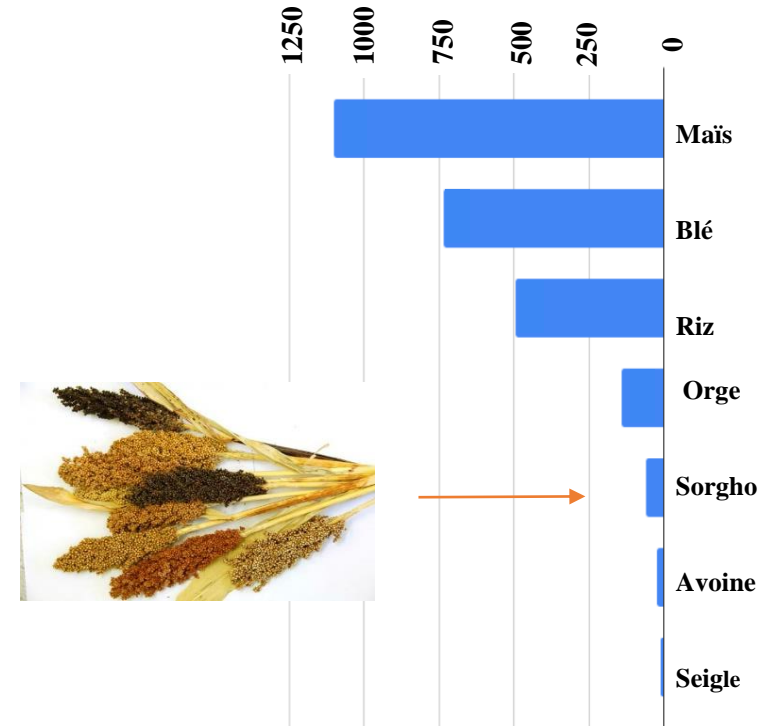


- 9 milliard d'individus en 2050
- Céréales assurent 30% des apports protéiques



Teferra et Awika, 2019

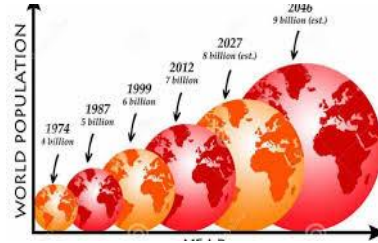
Production de céréales en 2018/2019 (MT)



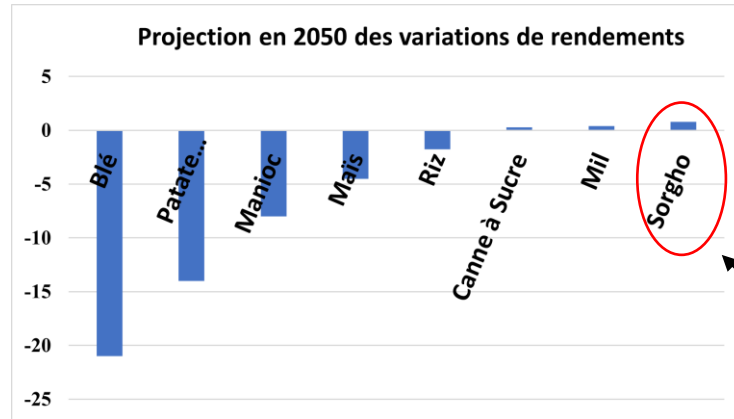
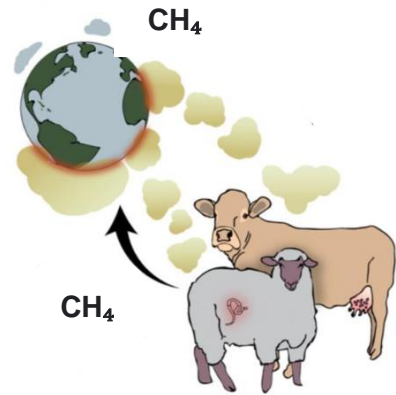
Le sorgho, céréale émergente, potentiel contributeur à l'offre de protéine en conditions de changements climatiques



ET

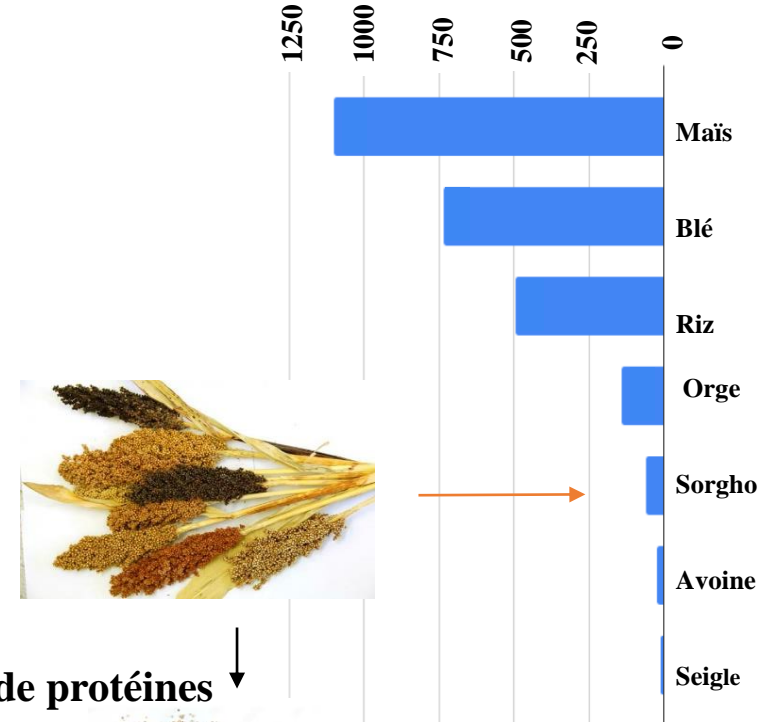


- 9 milliard d'individus en 2050
- Céréales assurent 30% des apports protéiques



Teferra et Awika, 2019

Production de céréales en 2018/2019 (MT)



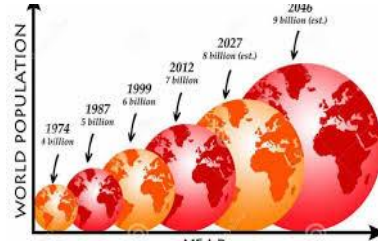
6 % à 18 %, de protéines
(Lasztity 1996)



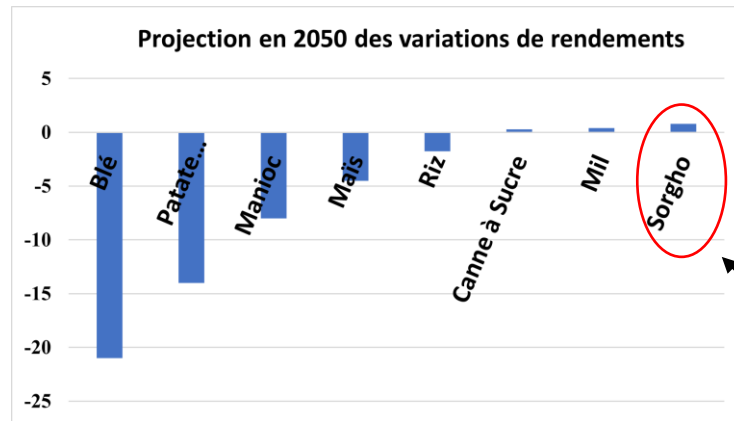
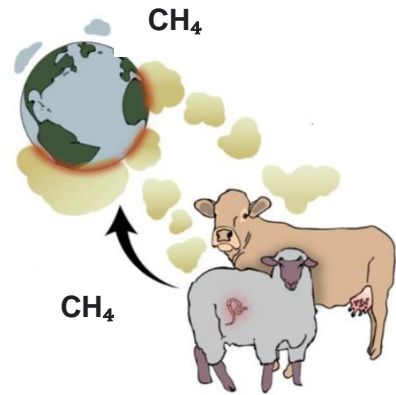
Le sorgho, céréale émergente, potentiel contributeur à l'offre de protéine en conditions de changements climatiques



ET

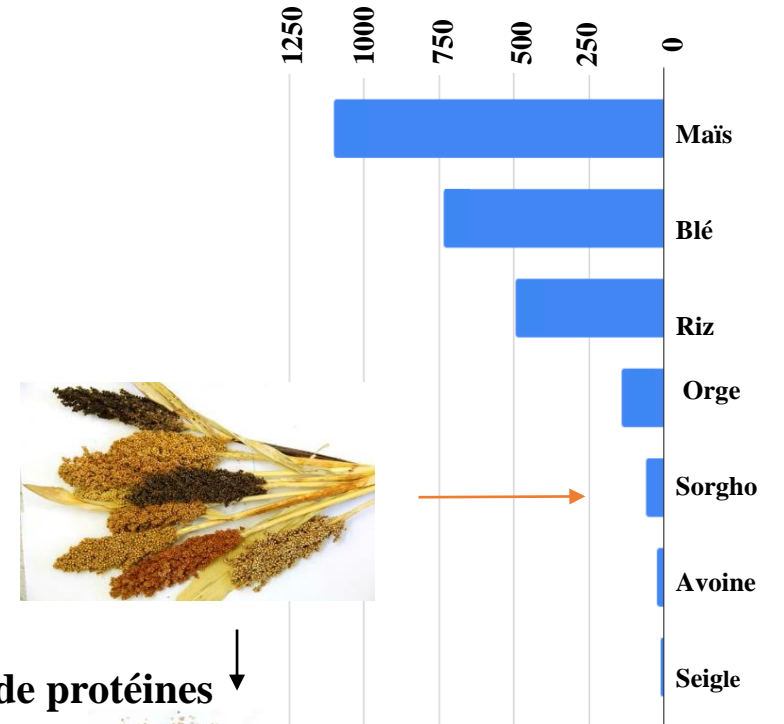


- 9 milliard d'individus en 2050
- Céréales assurent 30% des apports protéiques



Teferra et Awika, 2019

Production de céréales en 2018/2019 (MT)



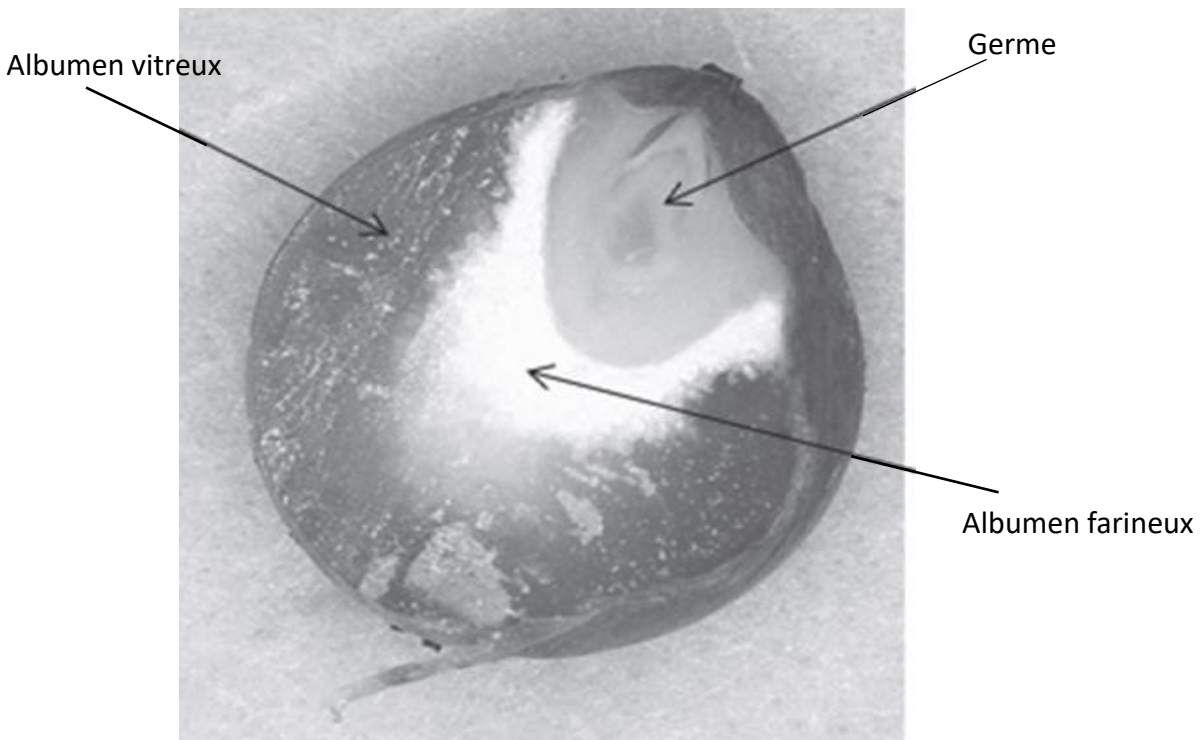
6 % à 18 %, de protéines
(Lasztity 1996)



Kafirines principales protéines de stockage du sorgho, à digestibilité faible

Kafirines = principales protéines du sorgho

- ✓ protéines de stockage
- ✓ localisées dans l'albumen (77 % à 82 %)



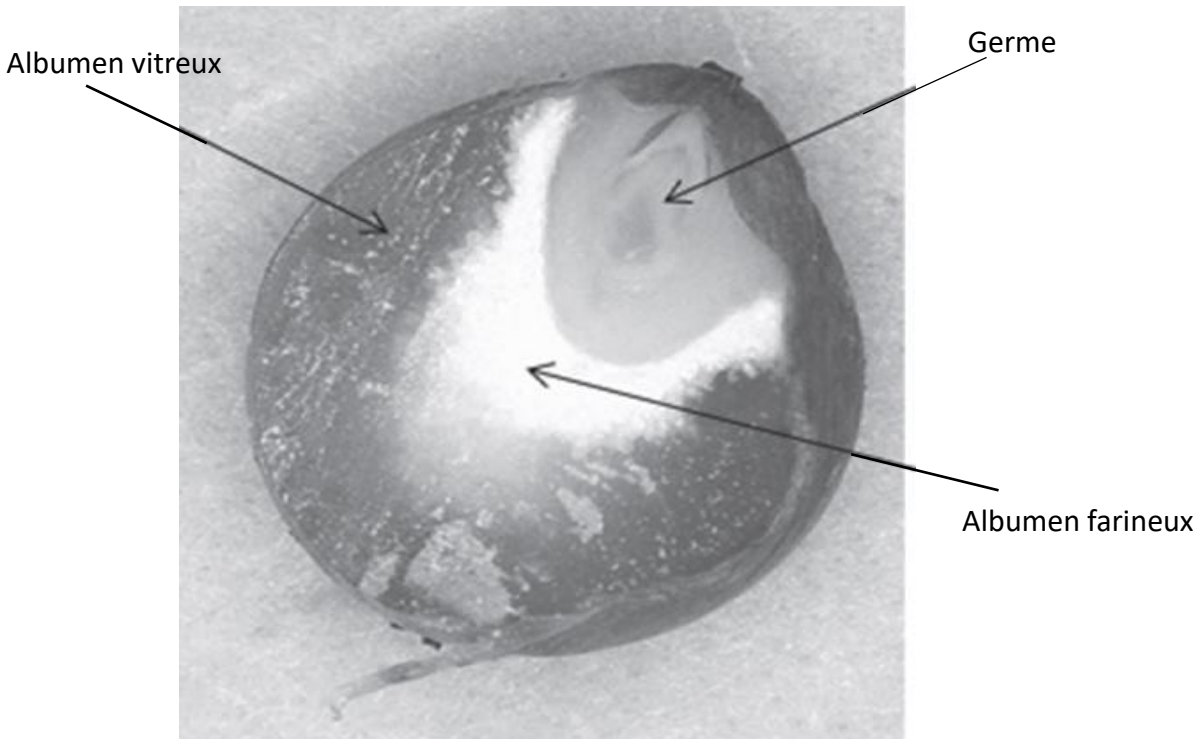
Adaptée de Bean et al., 2019



Kafirines principales protéines de stockage du sorgho, à digestibilité faible

Kafirines = principales protéines du sorgho

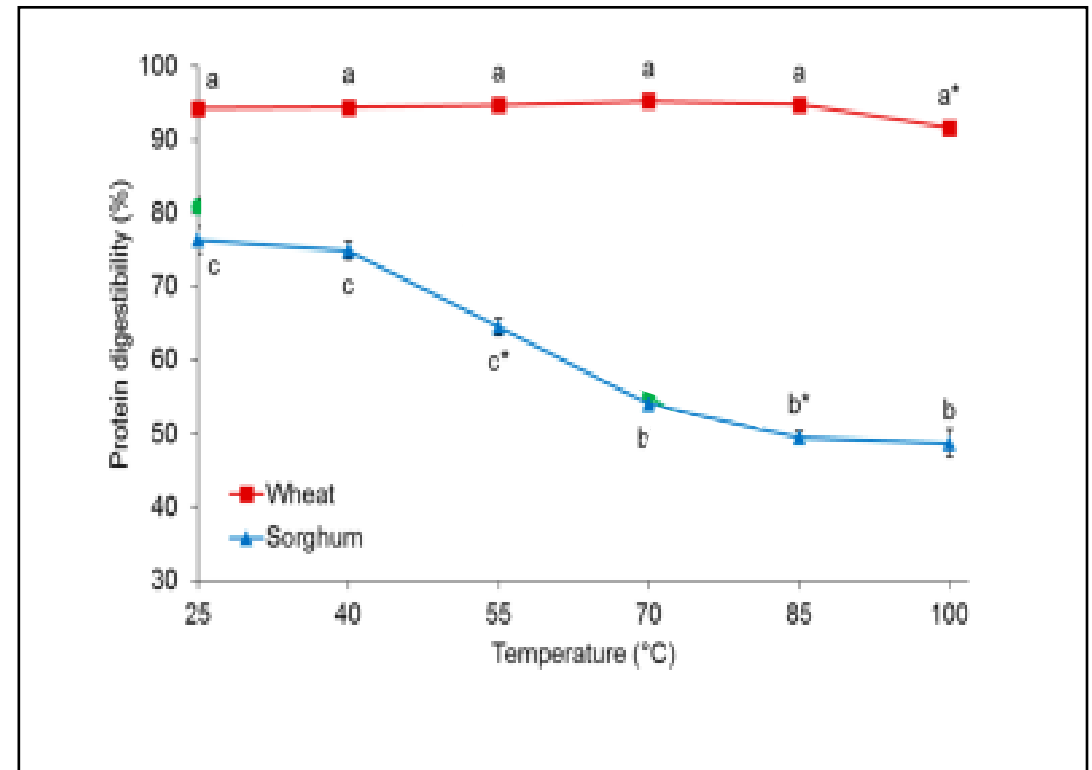
- ✓ protéines de stockage
- ✓ localisées dans l'albumen (77 % à 82 %)



Adaptée de Bean et al., 2019

Limites pour une utilisation dans l'alimentation

- ✓ déséquilibre en acide aminé (faible teneur en lysine)
- ✓ **faible digestibilité (diminue en cuisson)**



Gulati et al., 2017



Quelles sont les causes de cette faible digestibilité des kafirines ?

Interactions entre les protéines et autres composant du grain :

- ✓ tanins
- ✓ amidon
- ✓ composants de la paroi cellulaire



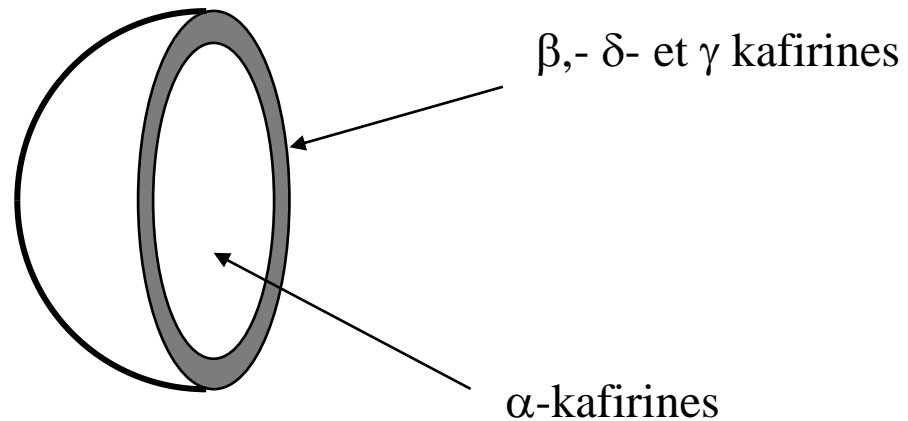
Quelles sont les causes de cette faible digestibilité des kafirines ?

Interactions entre les protéines et autres composant du grain :

- ✓ tanins
- ✓ amidon
- ✓ composants de la paroi cellulaire

Structure de stockage des protéines :

- ✓ Formes de stockage des kafirines dans l'albumen



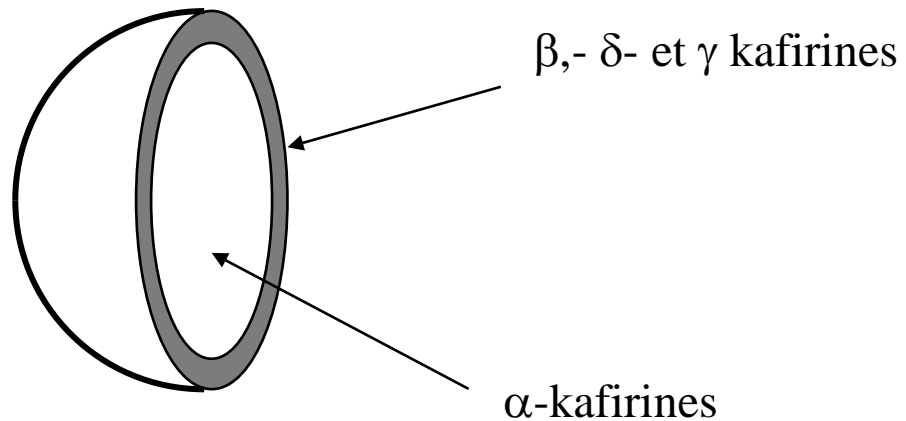
Quelles sont les causes de cette faible digestibilité des kafirines ?

Interactions entre les protéines et autres composant du grain :

- ✓ tanins
- ✓ amidon
- ✓ composants de la paroi cellulaire

Structure de stockage des protéines :

- ✓ Formes de stockage des kafirines dans l'albumen



- ✓ Apparition de ponts disulfures supplémentaires pendant le développement du grain et la cuisson



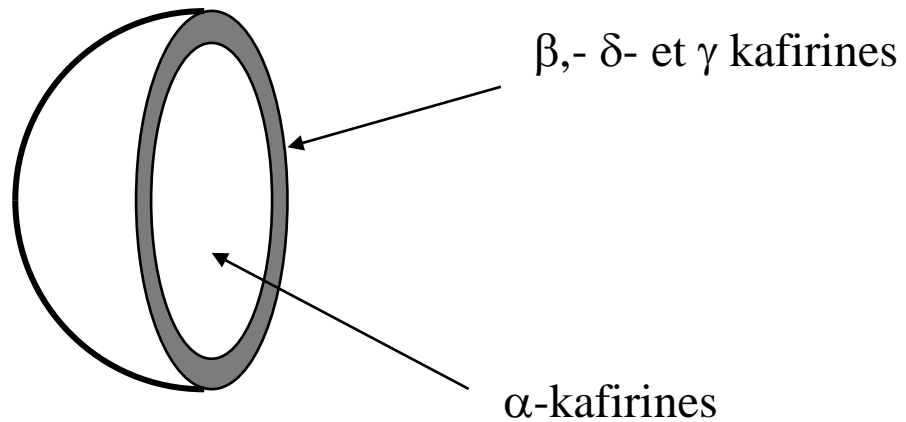
Quelles sont les causes de cette faible digestibilité des kafirines ?

Interactions entre les protéines et autres composant du grain :

- ✓ tanins
- ✓ amidon
- ✓ composants de la paroi cellulaire

Structure de stockage des protéines :

- ✓ Formes de stockage des kafirines dans l'albumen



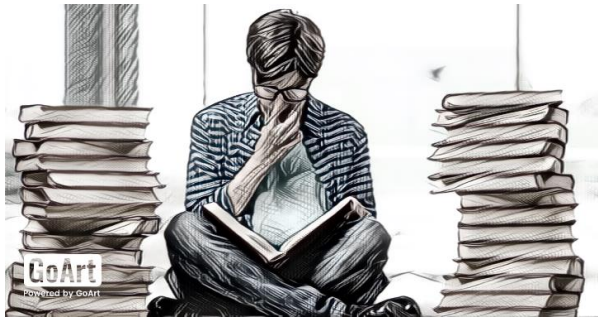
- ✓ Apparition de ponts disulfures supplémentaires pendant le développement du grain et la cuisson

Quels sont les acteurs impliqués dans l'établissement et la modification du corps protéiques ?

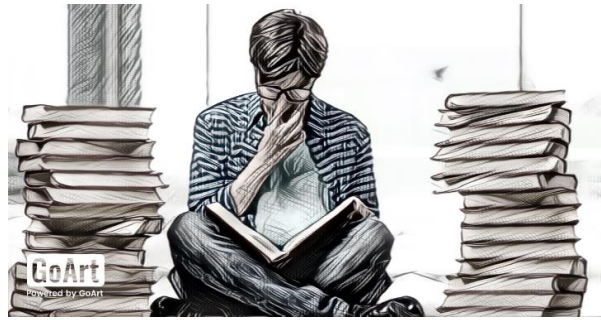


Acteurs clés dans la régulation des protéines de stockage et leur digestibilité chez le sorgho

**Aucune connaissance
disponible sur les facteurs
régulateurs de l'accumulation
des protéines du grain et leur
digestibilité**

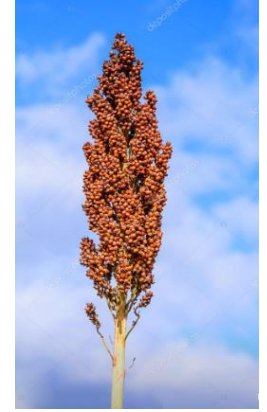


Acteurs clés dans la régulation des protéines de stockage et leur digestibilité chez le sorgho



Aucune connaissance disponible sur les facteurs régulateurs de l'accumulation des protéines du grain et leur digestibilité

Plusieurs connaissances disponibles sur les facteurs régulateurs de l'accumulation des protéines du grain



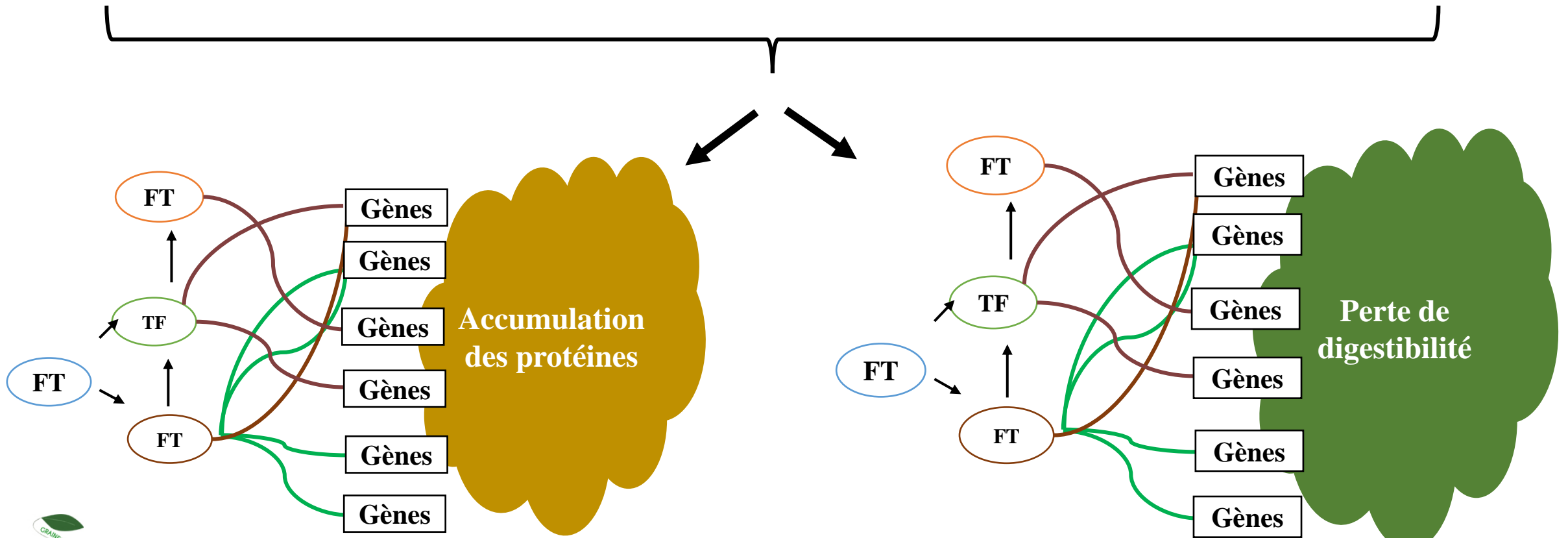
Objectifs

Générer des connaissances sur les **mécanismes moléculaires impliqués** dans **l'accumulation des protéines du grain** de sorgho et leur **faible digestibilité**

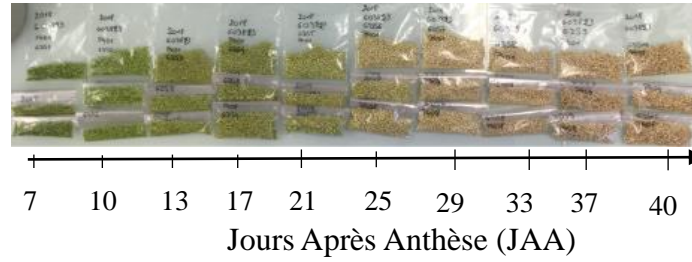


Objectifs

Générer des connaissances sur les **mécanismes moléculaires impliqués** dans **l'accumulation des protéines** du grain de sorgho et leur **faible digestibilité**



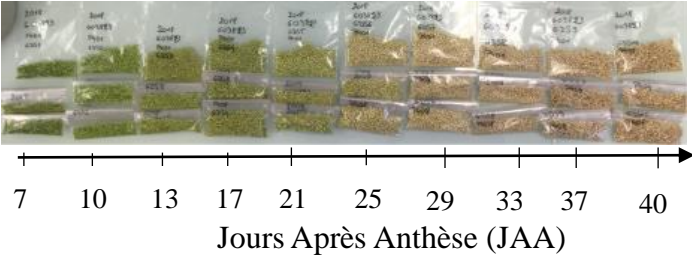
Données RNAseq et Traits étudiés



- Genotype **Macia**
- 2 années (2017, 2018)
- 3 réplicas biologiques/année
- 10 stades de développement (Anthèse+7 à Anthèse+40)



Données RNAseq et Traits étudiés

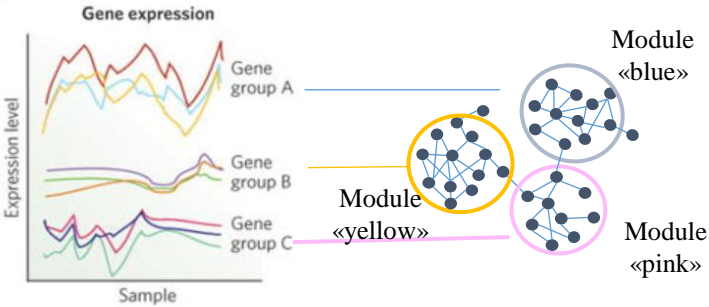


- Genotype **Macia**
- 2 années (2017, 2018)
- 3 répliques biologiques/année
- 10 stades de développement (Anthèse+7 à Anthèse+40)

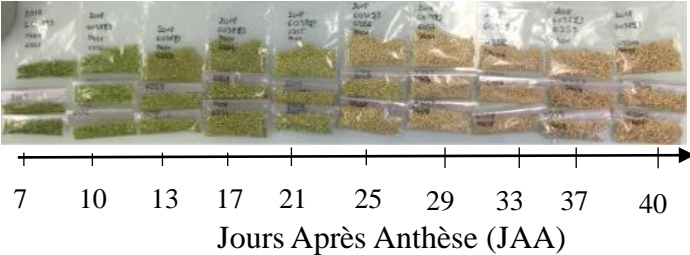
RNAseq = 60 échantillons, 37325 gènes



Analyse de reseau de gènes (WGCNA, Cytoscape)



Données RNAseq et Traits étudiés



- Genotype **Macia**
- 2 années (2017, 2018)
- 3 répliques biologiques/année
- 10 stades de développement (Anthèse+7 à Anthèse+40)

RNAseq = 60 échantillons, 37325 gènes



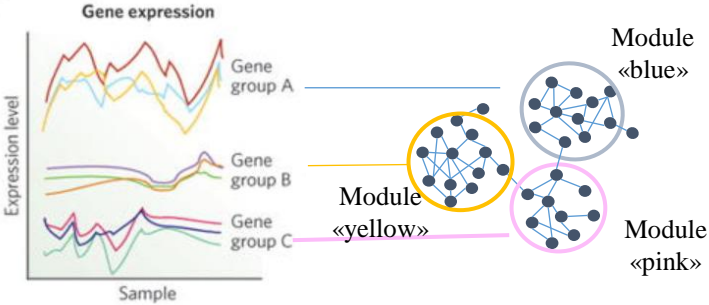
turbidité



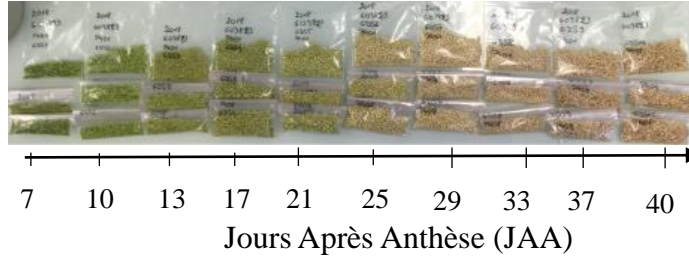
pepsin

- ✓ Protéines (µg/grain)
- ✓ Digestibilité des protéines (%)

Analyse de reseau de gènes (WGCNA, Cytoscape)



Données RNAseq et Traits étudiés

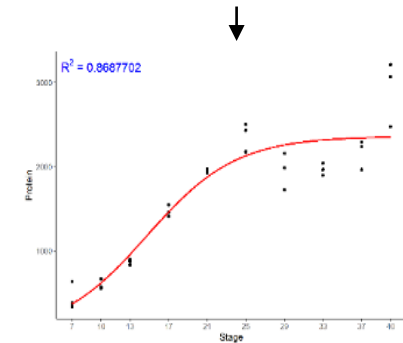


- Genotype **Macia**
- 2 années (2017, 2018)
- 3 réplicas biologiques/année
- 10 stades de développement (Anthèse+7 à Anthèse+40)

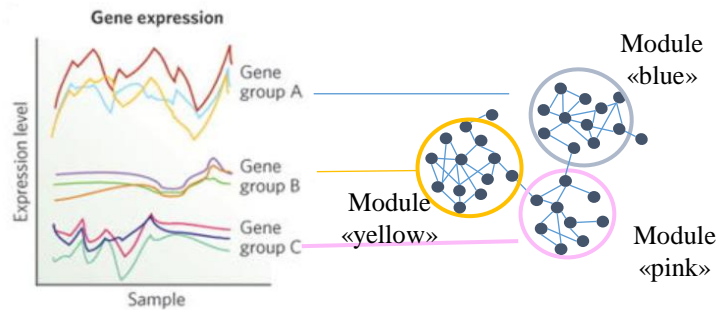
RNAseq = 60 échantillons, 37325 gènes



- ✓ Protéines ($\mu\text{g}/\text{grain}$)
- ✓ Digestibilité des protéines (%)



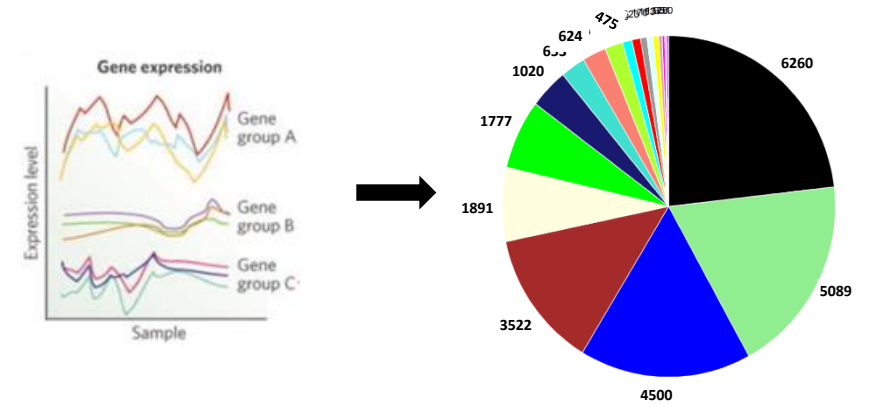
Analyse de réseau de gènes (WGCNA, Cytoscape)



- ✓ **Vitesse d'accumulation des protéines (V.A.Protéines)**
- ✓ **Vitesse de perte de digestibilité (V.P.Digestibilité)**



Liens entre les modules, vitesse d'accumulation des protéines et la vitesse de perte de digestibilité

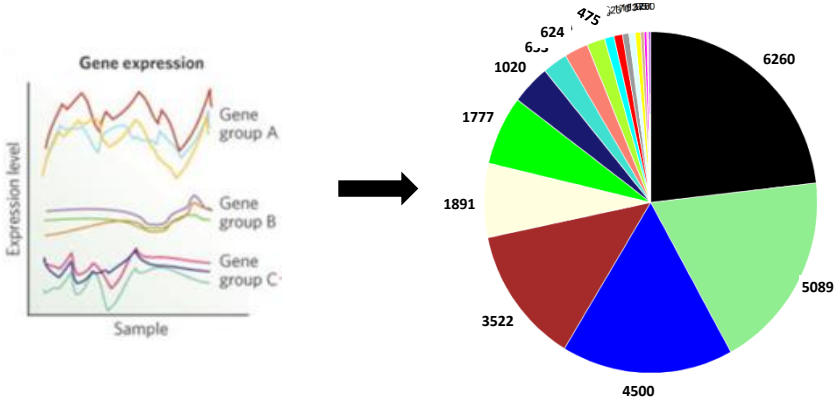
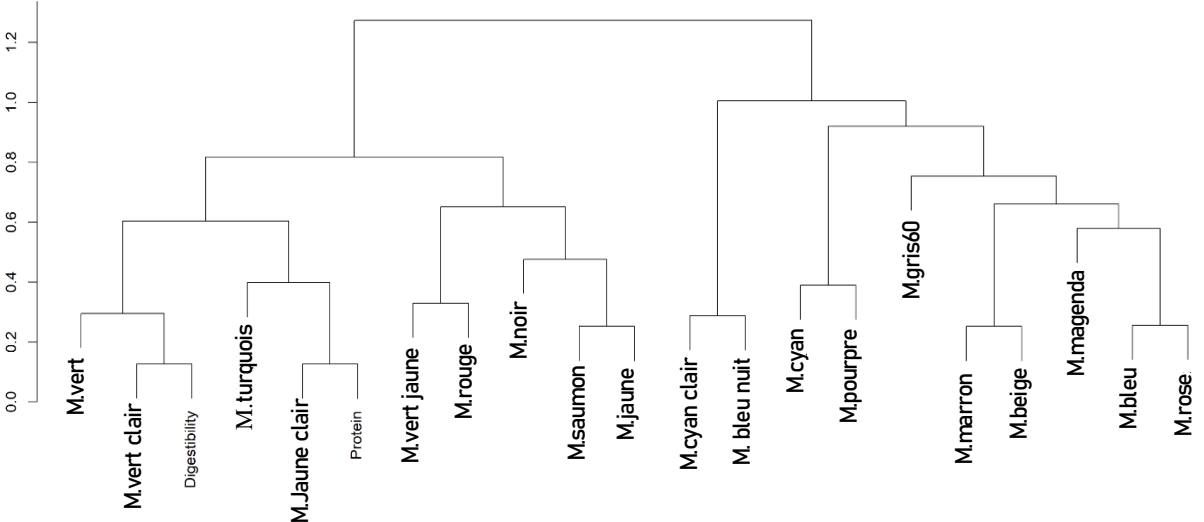


✓ Identification de 19 modules de co-expressions

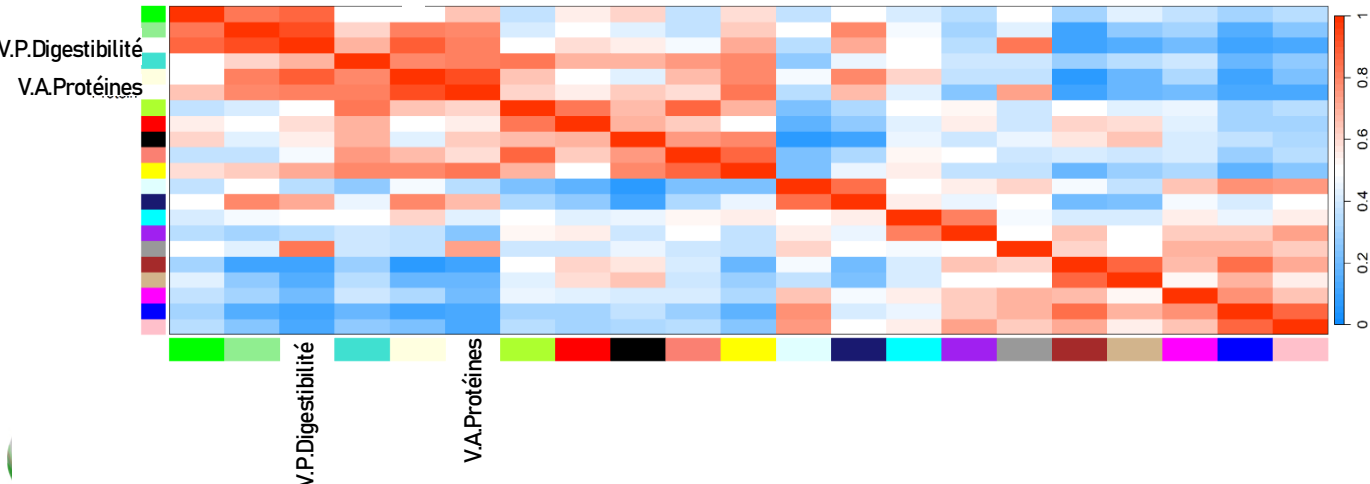


Liens entre les modules, vitesse d'accumulation des protéines et la vitesse de perte de digestibilité

Liens entre modules, V.A.Protéines et V.P.Digestibilité

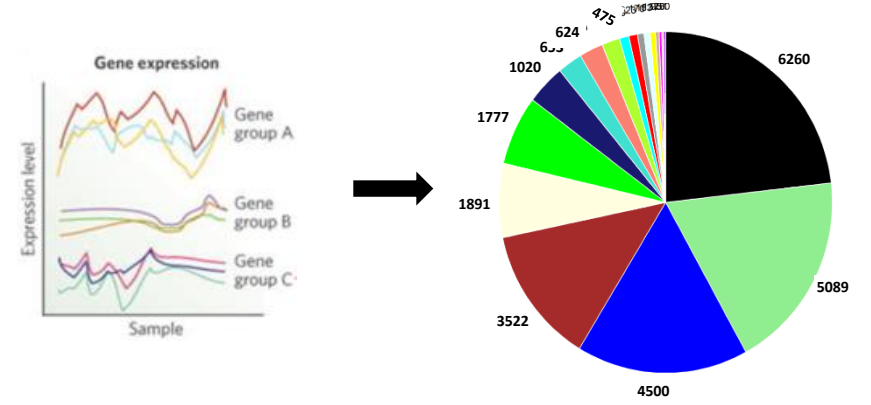
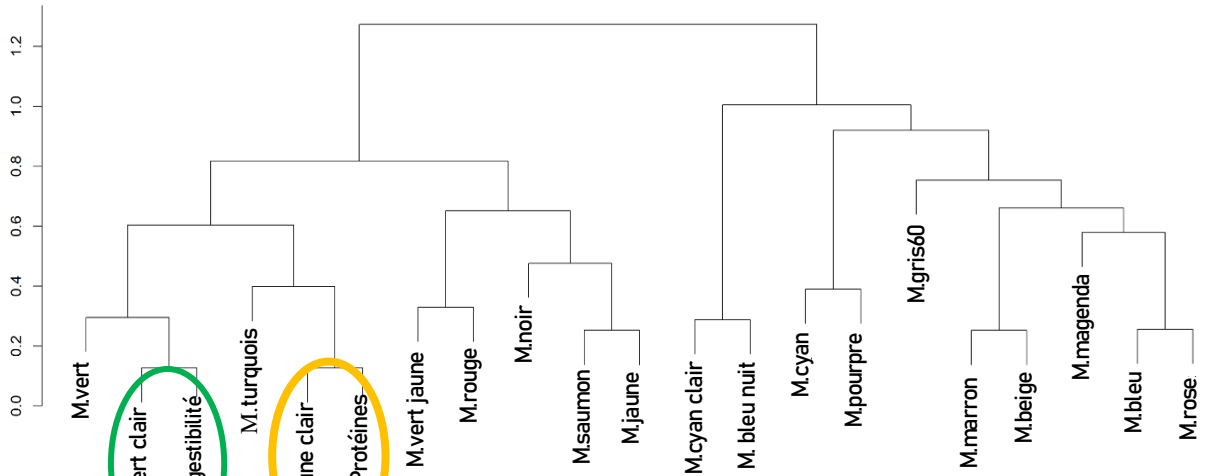


✓ Identification de 19 modules de co-expressions

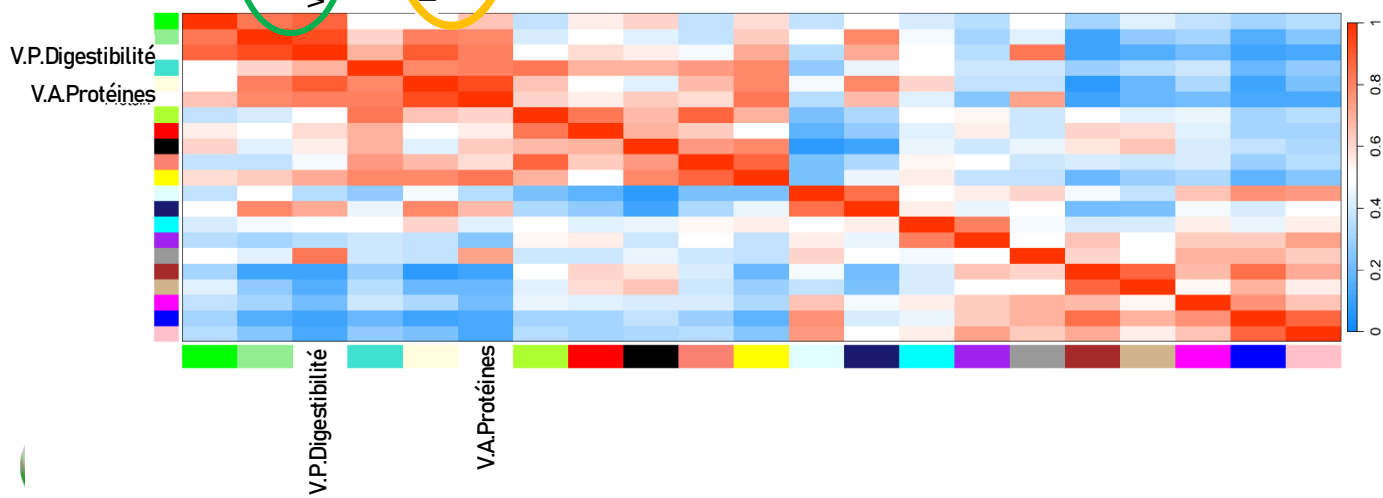


Liens entre les modules, vitesse d'accumulation des protéines et la vitesse de perte de digestibilité

Liens entre modules, V.A.Protéines et V.P.Digestibilité

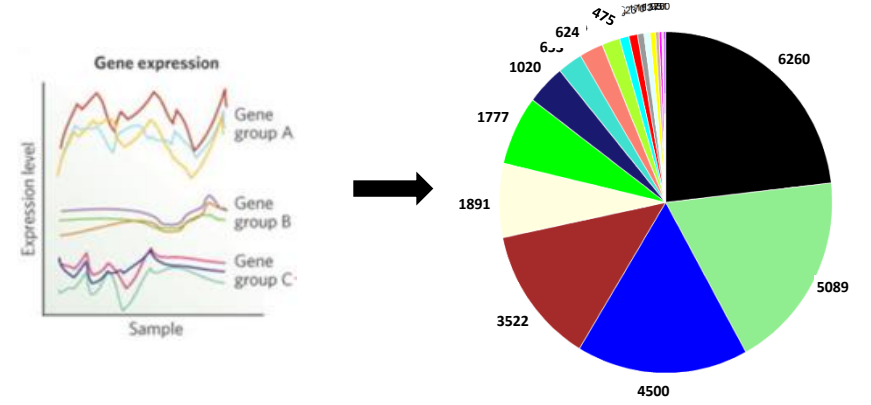


- ✓ Identification de 19 modules de co-expressions
- ✓ Forte corrélation entre le module jaune clair et V.A.Protéines
- ✓ Forte corrélation entre le module vert clair et la V.P.Digestibilité

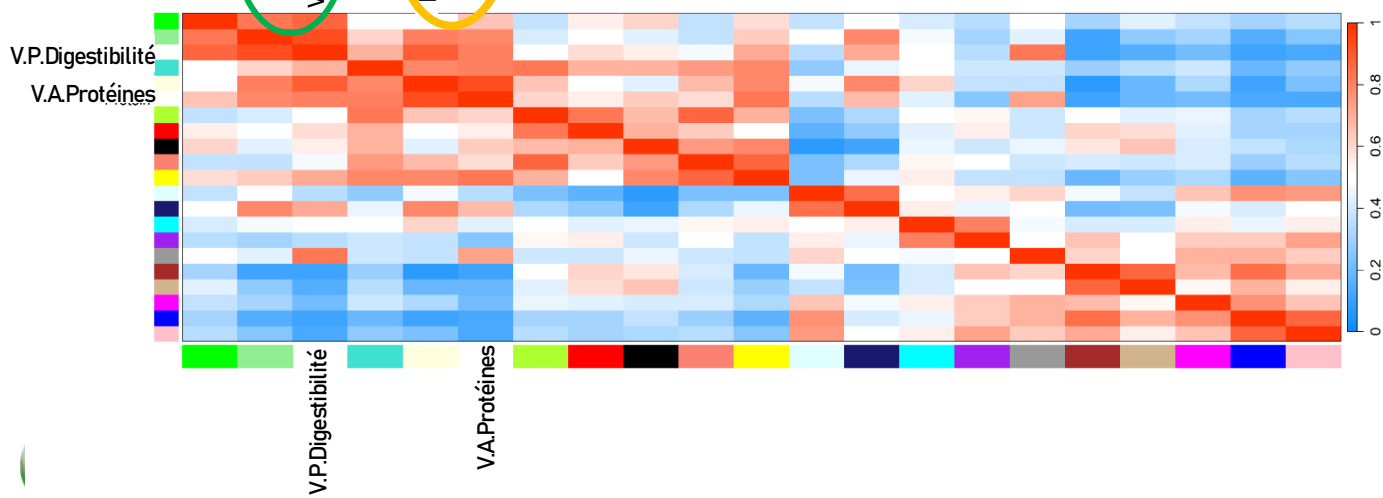


Liens entre les modules, vitesse d'accumulation des protéines et la vitesse de perte de digestibilité

Liens entre modules, V.A.Protéines et V.P.Digestibilité



- ✓ Identification de 19 modules de co-expressions
- ✓ Forte corrélation entre le module jaune clair et V.A.Protéines
- ✓ Forte corrélation entre le module vert clair et la V.P.Digestibilité



- ✓ Explorer
 - gènes clés dans l'accumulation des protéines
 - gènes clés dans la perte de digestibilité

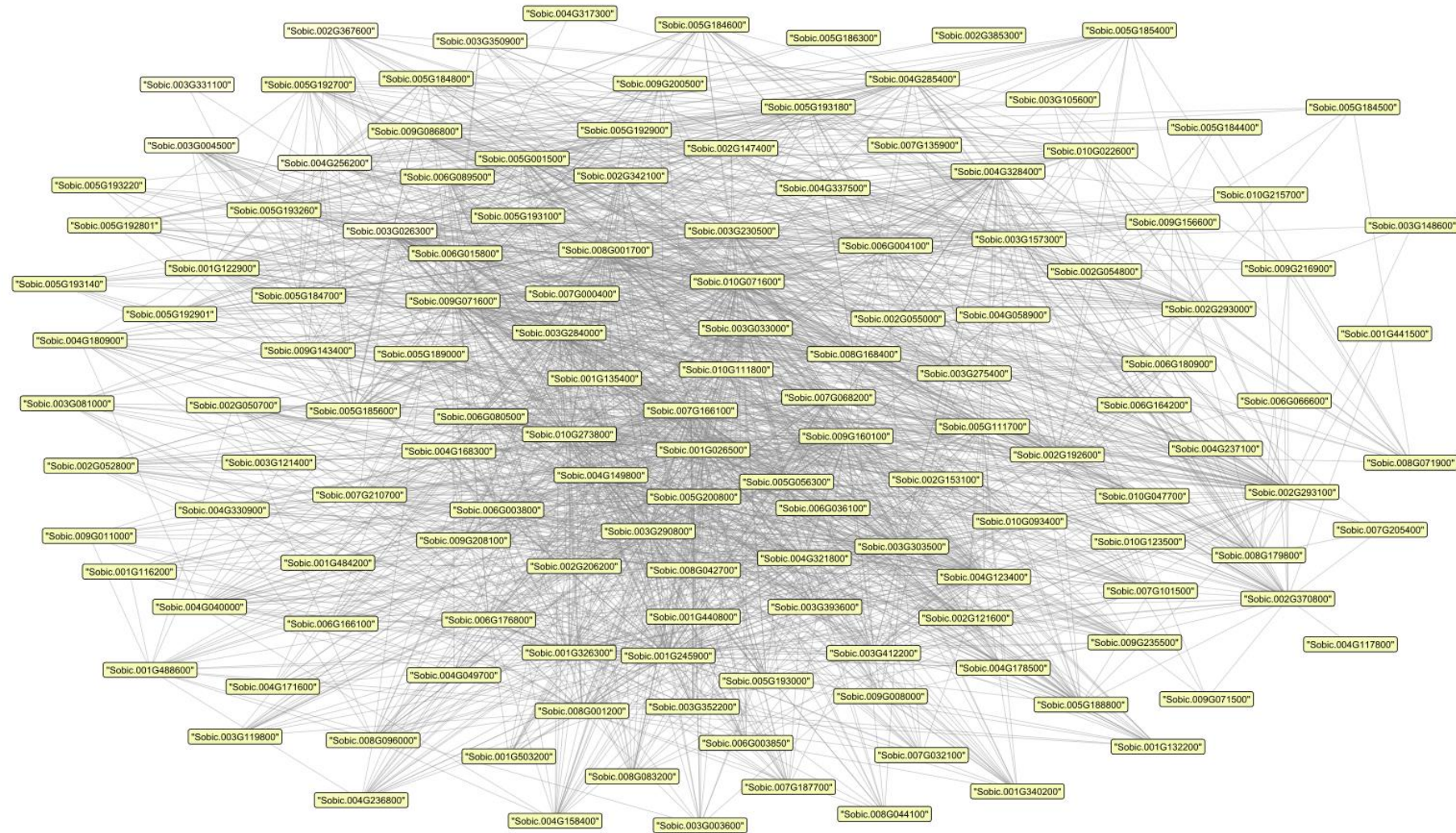
Gènes clés impliqués dans l'accumulation des protéines

✓ Module jaune clair



Gènes clés impliqués dans l'accumulation des protéines

✓ Module jaune clair



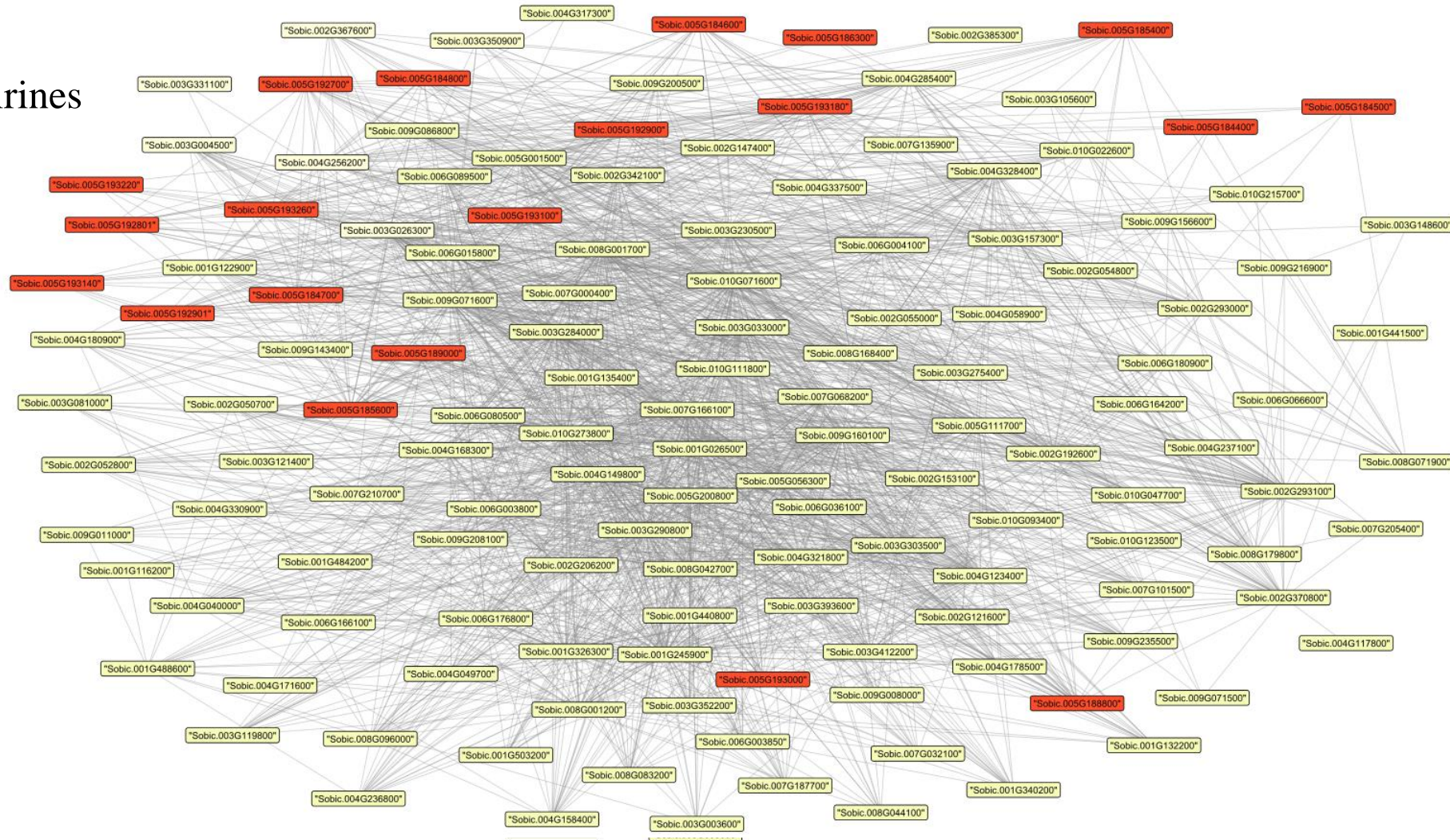
Visualisation du réseau de co-expression du module jaune clair avec *Cytoscape*



Gènes clés impliqués dans l'accumulation des protéines

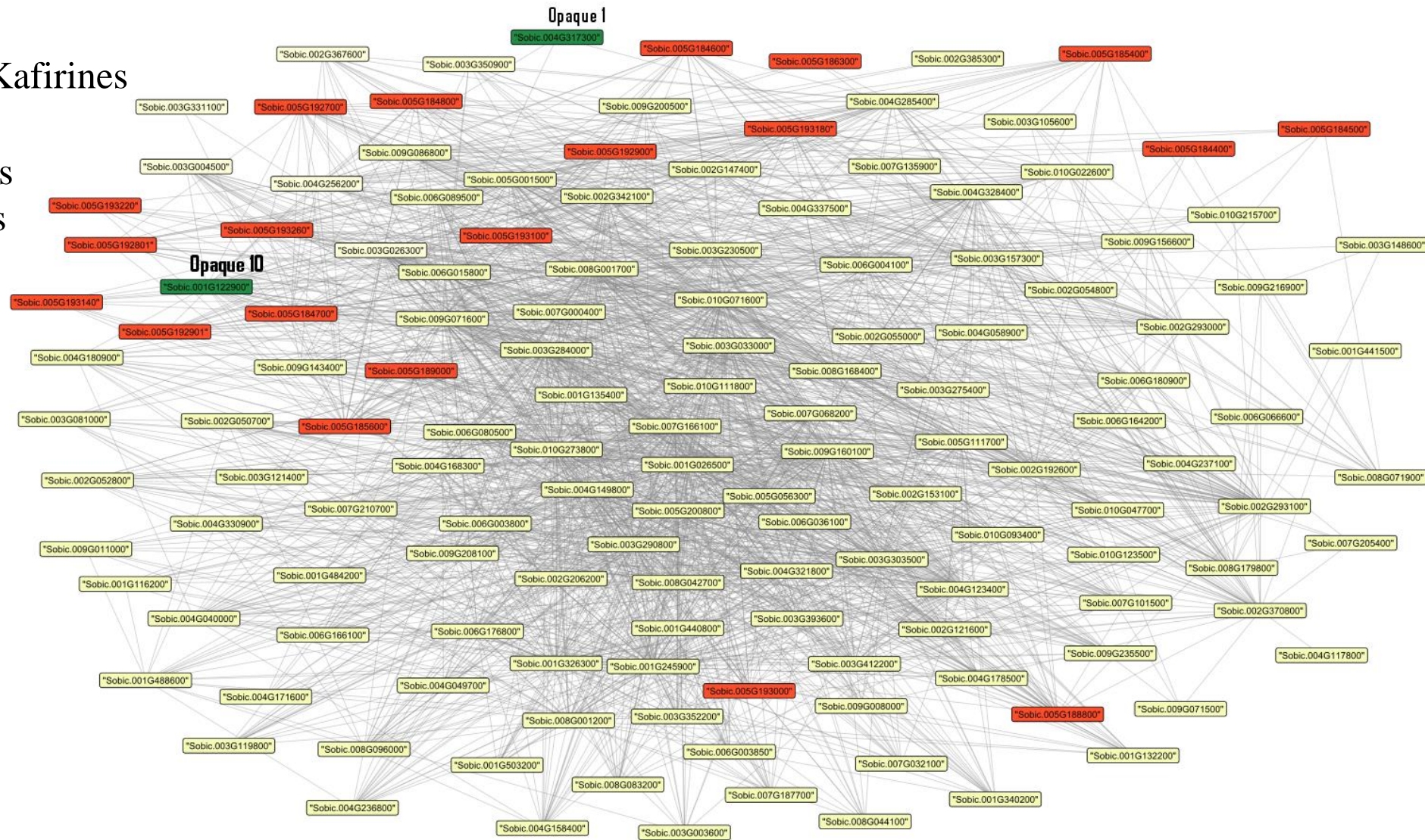
✓ Module jaune clair

✓ 20/23 des gènes connus d' α -Kafirines



Gènes clés impliqués dans l'accumulation des protéines

- ✓ Module jaune clair
- ✓ 20/23 des gènes connus d' α -Kafirines
- ✓ Orthologues de gènes de maïs dont les mutants sont affectés dans l'accumulation des protéines

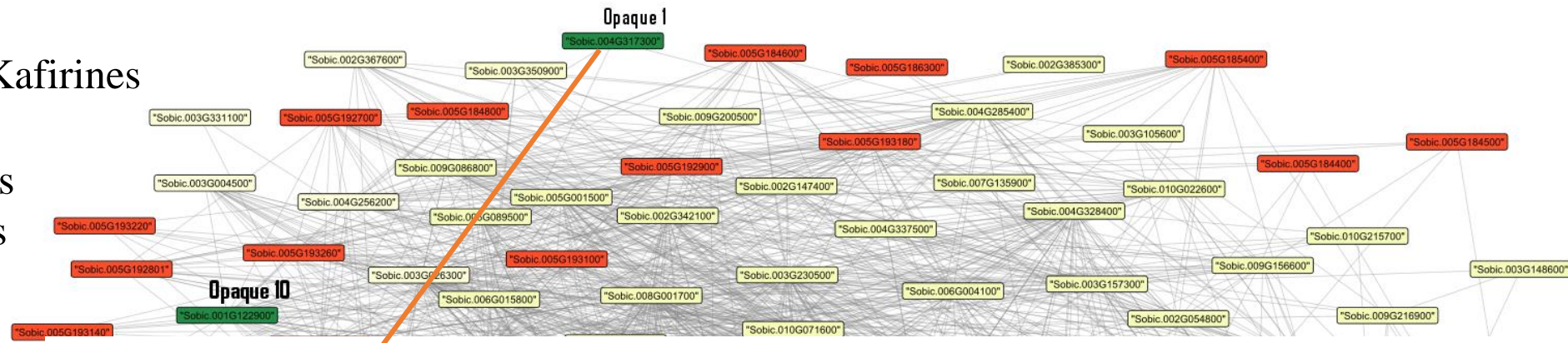


Visualisation du réseau de co-expression du module jaune clair avec *Cytoscape*



Gènes clés impliqués dans l'accumulation des protéines

- ✓ Module jaune clair
- ✓ 20/23 des gènes connus d' α -Kafirines
- ✓ Orthologues de gènes de maïs dont les mutants sont affectés dans l'accumulation des protéines



[Plant Cell](#). 2012 Aug; 24(8): 3447–3462.

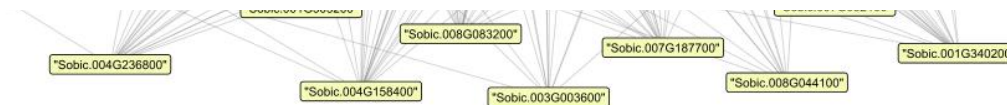
Published online 2012 Aug 14. doi: [10.1105/tpc.112.101360](https://doi.org/10.1105/tpc.112.101360)

PMCID: PMC3462643

PMID: [22892319](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22892319/)

Opaque1 Encodes a Myosin XI Motor Protein That Is Required for Endoplasmic Reticulum Motility and Protein Body Formation in Maize Endosperm^{[C][W][OA]}

[Guifeng Wang](#), [Fang Wang](#), [Gang Wang](#), [Fei Wang](#), [Xiaowei Zhang](#), [Mingyu Zhong](#), [Jin Zhang](#), [Dianbin Lin](#), [Yuanping Tang](#), [Zhengkai Xu](#), and [Rentao Song](#)¹

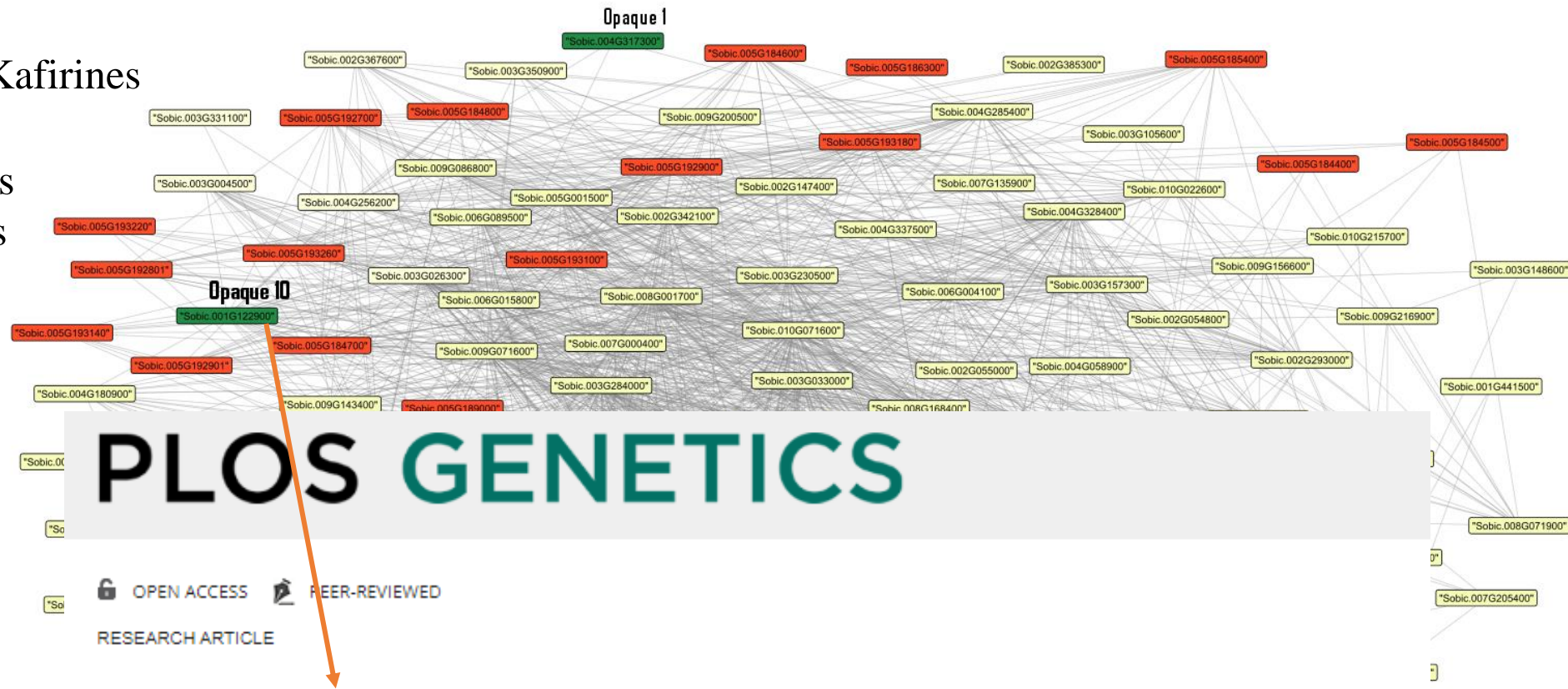


Visualisation du réseau de co-expression du module jaune clair avec *Cytoscape*



Gènes clés impliqués dans l'accumulation des protéines

- ✓ Module jaune clair
- ✓ 20/23 des gènes connus d' α -Kafirines
- ✓ Orthologues de gènes de maïs dont les mutants sont affectés dans l'accumulation des protéines



Maize *opaque10* Encodes a Cereal-Specific Protein That Is Essential for the Proper Distribution of Zeins in Endosperm Protein Bodies

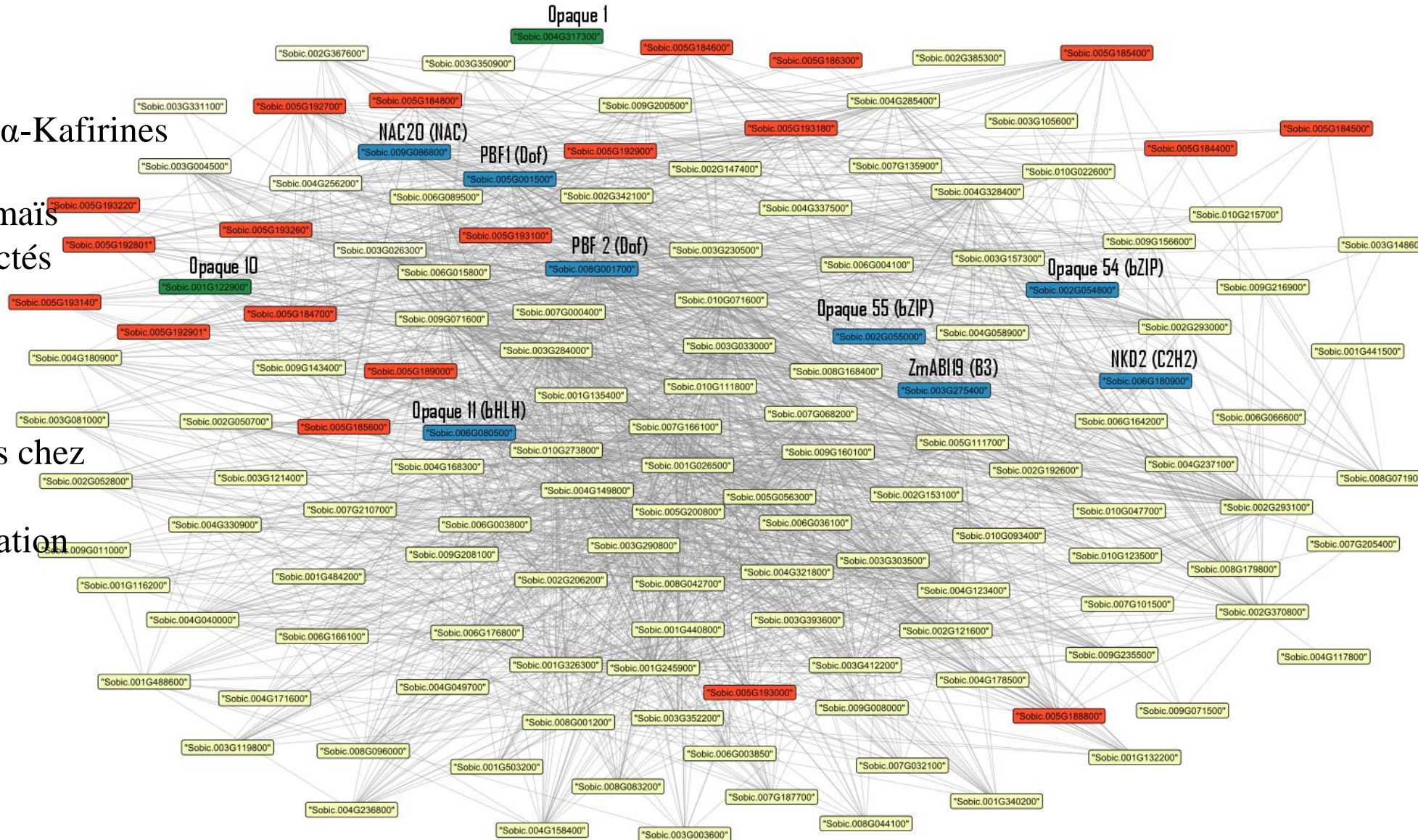
Dongsheng Yao, Weiwei Qi, Xia Li, Qing Yang, Shumei Yan, Hailing Ling, Gang Wang, Guifeng Wang, Rentao Song

Published: August 19, 2016 • <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1006270>



Gènes clés impliqués dans l'accumulation des protéines

- ✓ Module jaune clair
- ✓ 20/23 des gènes connus d' α -Kafirines
- ✓ Orthologues de gènes de maïs dont les mutants sont affectés dans l'accumulation des protéines
- ✓ Orthologues de FT connus chez le maïs ou le riz, comme impliqués dans l'accumulation des protéines

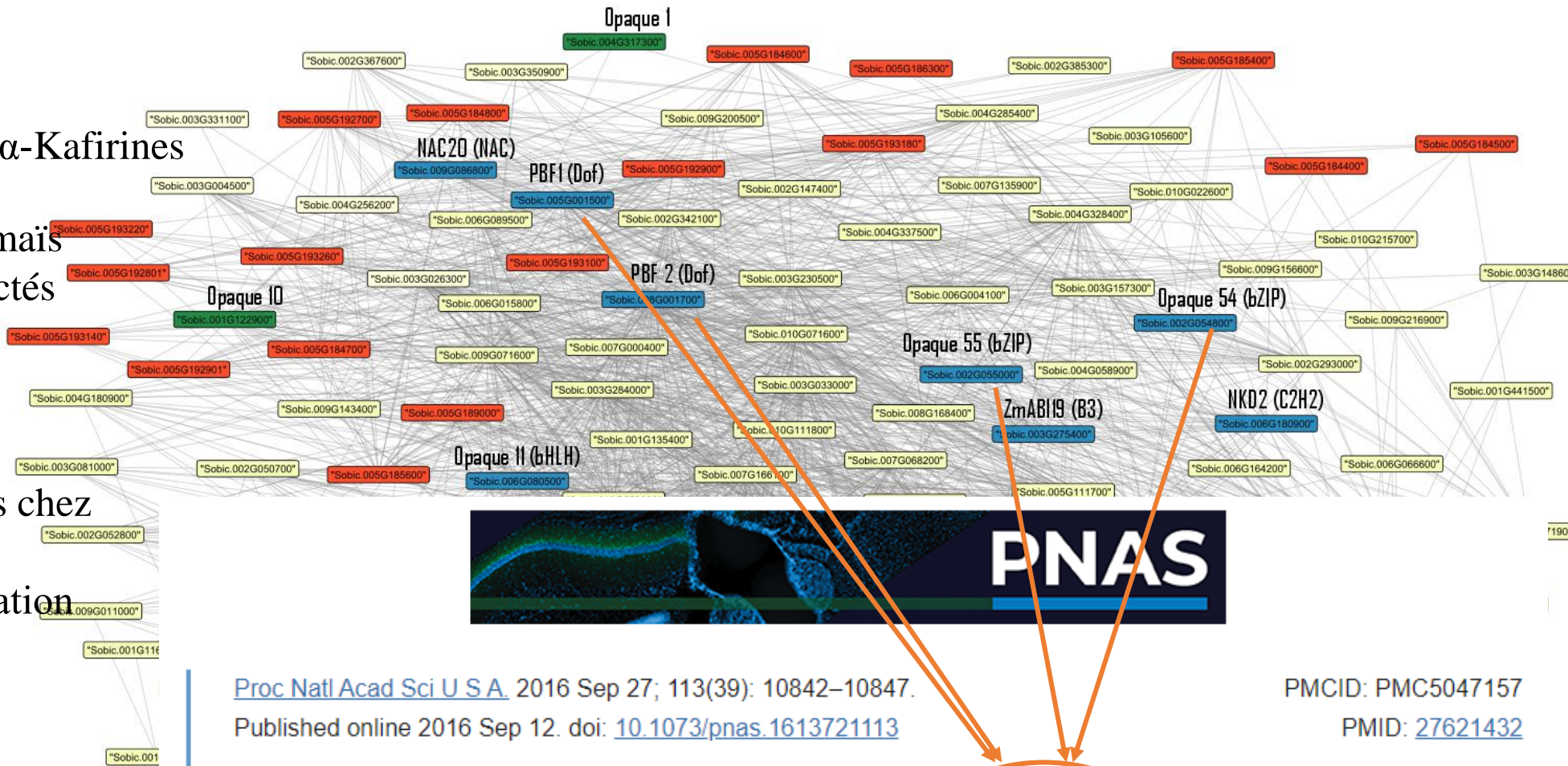


Visualisation du réseau de co-expression du module jaune clair avec *Cytoscape*



Gènes clés impliqués dans l'accumulation des protéines

- ✓ Module jaune clair
- ✓ 20/23 des gènes connus d' α -Kafirines
- ✓ Orthologues de gènes de maïs dont les mutants sont affectés dans l'accumulation des protéines
- ✓ Orthologues de FT connus chez le maïs ou le riz, comme impliqués dans l'accumulation des protéines



[Proc Natl Acad Sci U S A. 2016 Sep 27; 113\(39\): 10842–10847.](https://doi.org/10.1073/pnas.1613721113)
 Published online 2016 Sep 12. doi: [10.1073/pnas.1613721113](https://doi.org/10.1073/pnas.1613721113)

PMCID: [PMC5047157](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27621432/)
 PMID: [27621432](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27621432/)

Maize endosperm-specific transcription factors O2 and PBF network the regulation of protein and starch synthesis

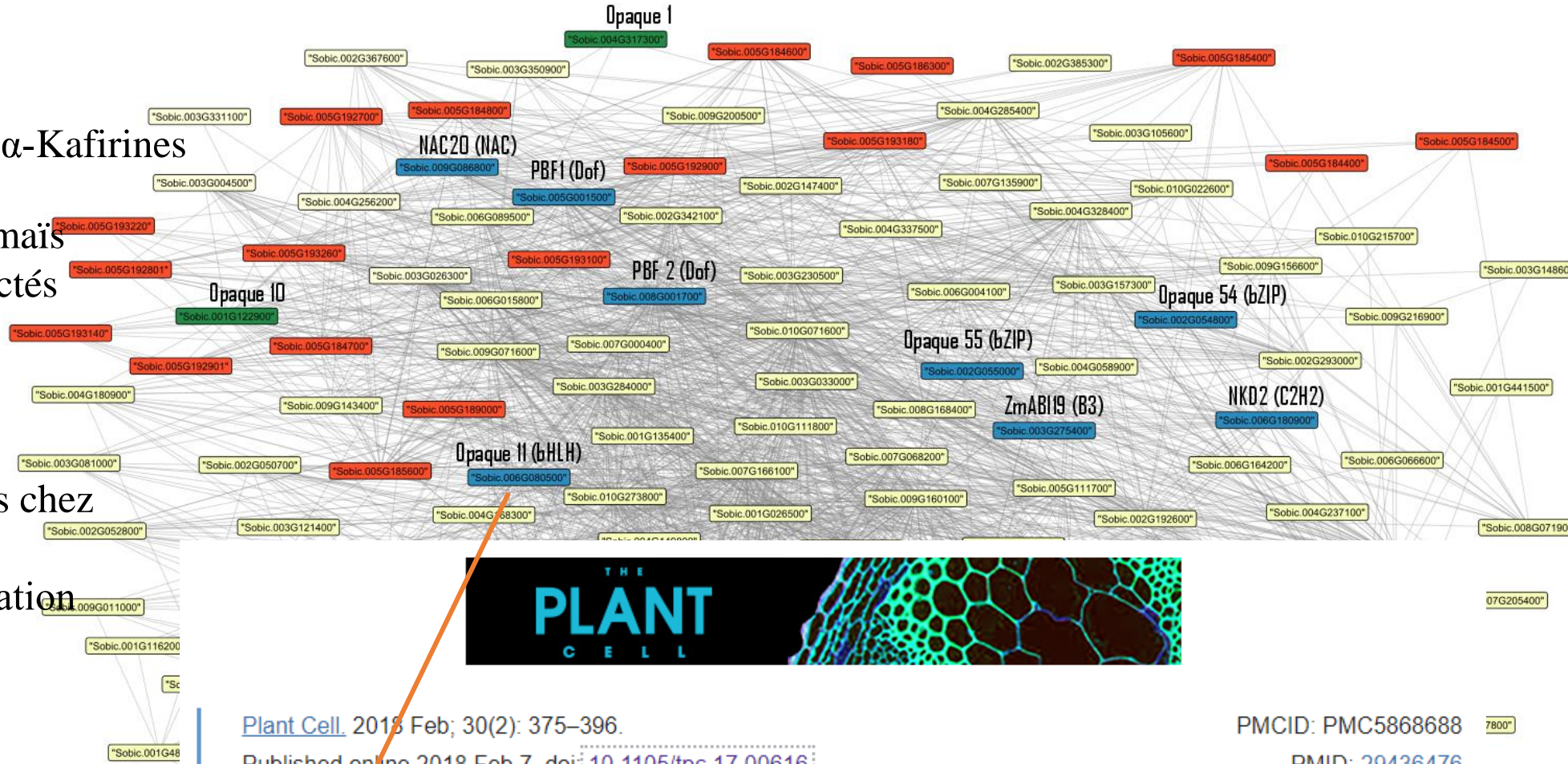
Zhiyong Zhang,^{a,b} Xixi Zheng,^a Jun Yang,^a Joachim Messing,^{b,1} and Yongrui Wu^{a,1}

Visualisation du réseau de co-expression du module jaune clair avec *Cytoscape*³⁷



Gènes clés impliqués dans l'accumulation des protéines

- ✓ Module jaune clair
- ✓ 20/23 des gènes connus d' α -Kafirines
- ✓ Orthologues de gènes de maïs dont les mutants sont affectés dans l'accumulation des protéines
- ✓ Orthologues de FT connus chez le maïs ou le riz, comme impliqués dans l'accumulation des protéines



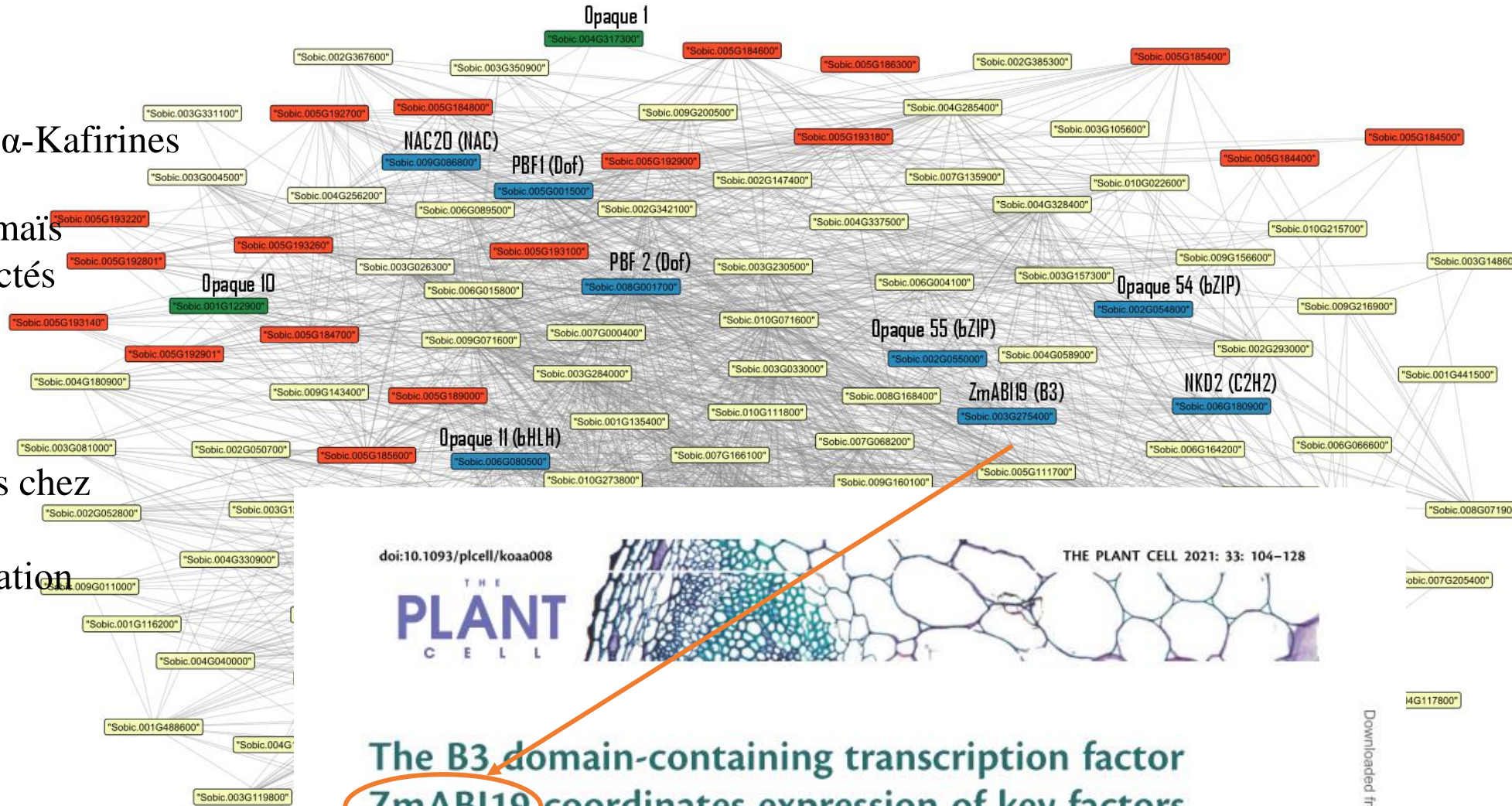
OPAQUE11 Is a Central Hub of the Regulatory Network for Maize Endosperm Development and Nutrient Metabolism^[OPEN]

Fan Feng,^a Weiwei Qi,^a Yuanda Lv,^b Shumei Yan,^a Liming Xu,^a Wenyao Yang,^a Yue Yuan,^a Yihan Chen,^a Han Zhao,^b and Rentao Song^{a,c,1}



Gènes clés impliqués dans l'accumulation des protéines

- ✓ Module jaune clair
- ✓ 20/23 des gènes connus d' α -Kafirines
- ✓ Orthologues de gènes de maïs dont les mutants sont affectés dans l'accumulation des protéines
- ✓ Orthologues de FT connus chez le maïs ou le riz, comme impliqués dans l'accumulation des protéines



doi:10.1093/plcell/koaa008

THE PLANT CELL

THE PLANT CELL 2021: 33: 104–128

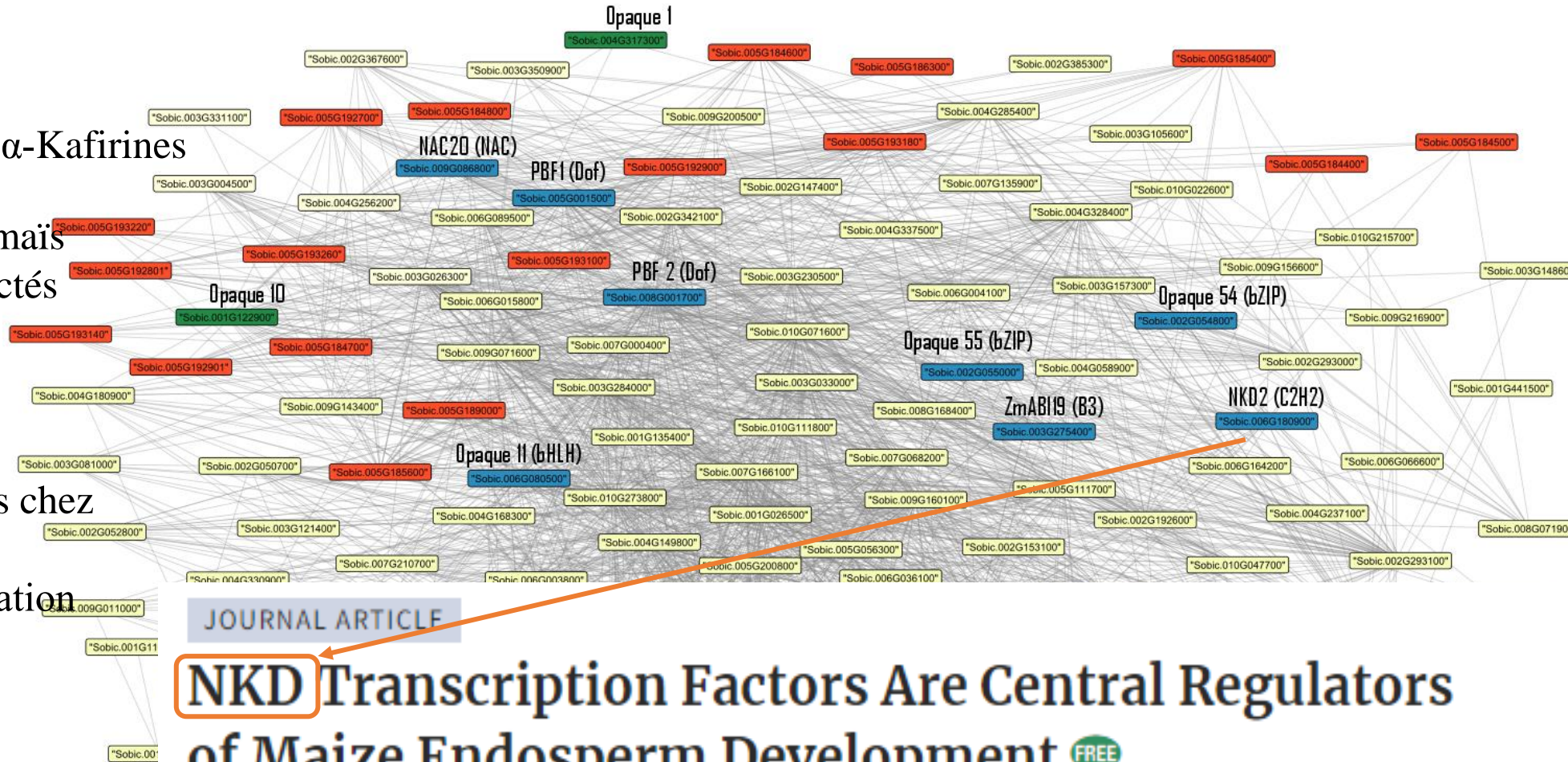
The B3 domain-containing transcription factor ZmABI19 coordinates expression of key factors required for maize seed development and grain filling

Tao Yang ,^{1,+} Liangxing Guo ,^{1,2,+} Chen Ji ,^{1,2} Haihai Wang ,¹ Jiechen Wang ,¹ Xixi Zheng ,^{1,2} Qiao Xiao ,^{1,2} and Yongrui Wu ,^{1,*}



Gènes clés impliqués dans l'accumulation des protéines

- ✓ Module jaune clair
- ✓ 20/23 des gènes connus d' α -Kafirines
- ✓ Orthologues de gènes de maïs dont les mutants sont affectés dans l'accumulation des protéines
- ✓ Orthologues de FT connus chez le maïs ou le riz, comme impliqués dans l'accumulation des protéines



JOURNAL ARTICLE

NKD Transcription Factors Are Central Regulators of Maize Endosperm Development FREE

Bryan C. Gontarek, Anjanasree K. Neelakandan, Hao Wu, Philip W. Bercraft

Author Notes

The Plant Cell, Volume 28, Issue 12, December 2016, Pages 2916–2936,



Identification des Facteurs de transcription clés dans la biosynthèse des kafirines

FT les plus liés aux gènes de α -kafirines



Identification des Facteurs de transcription clés dans la biosynthèse des kafirines

FT les plus liés aux gènes de α -kafirines

FT	Sobic_Name	Fréquence
PBF_2 (Dof)	Sobic.008G001700	17
PBF_1 (Dof)	Sobic.005G001500	14
NAC75 (NAC)	Sobic.009G071600	16
PTF1 (bHLH)	Sobic.010G071600	16
CO_like	Sobic.004G256200	14
DD7 (C2H2)	Sobic.002G293000	13
DD4 (C2H2)	Sobic.002G293100	13
DD4 (C2H2)	Sobic.004G285400	13
RGA (GRAS)	Sobic.008G168400	12
GATA16 (GATA)	Sobic.003G157300	11
BRZ1 (BES1)	Sobic.003G026300	10
ZmABI19 (B3)	Sobic.003G275400	10
NAC75 (NAC75)	Sobic.006G004100	10
OsNAC20 (NAC)	Sobic.009G086800	10
OsNAC20 (NAC)	Sobic.002G192600	9
MYB3R4 (MYB)	Sobic.004G123400	7
OsSPL6 (SBP)	Sobic.001G026500	6
C3H	Sobic.005G111700	6
G2_like	Sobic.002G147400	5
NKD2 (C2H2)	Sobic.006G180900	5
Opaque54 (bZIP)	Sobic.002G054800	4
HD_ZIP	Sobic.003G303500	4
NAC	Sobic.007G166100	4
NF_YC	Sobic.008G071900	4



Identification des Facteurs de transcription clés dans la biosynthèse des kafirines

FT les plus liés aux gènes de α -kafirines

Connus dans l'accumulation des protéines

FT	Sobic_Name	Fréquence
PBF_2 (Dof)	Sobic.008G001700	17
PBF_1 (Dof)	Sobic.005G001500	14
NAC75 (NAC)	Sobic.009G071600	16
PTF1 (bHLH)	Sobic.010G071600	16
CO_like	Sobic.004G256200	14
DD7 (C2H2)	Sobic.002G293000	13
DD4 (C2H2)	Sobic.002G293100	13
DD4 (C2H2)	Sobic.004G285400	13
RGA (GRAS)	Sobic.008G168400	12
GATA16 (GATA)	Sobic.003G157300	11
BRZ1 (BES1)	Sobic.003G026300	10
ZmABI19 (B3)	Sobic.003G275400	10
NAC75 (NAC75)	Sobic.006G004100	10
OsNAC20 (NAC)	Sobic.009G086800	10
OsNAC20 (NAC)	Sobic.002G192600	9
MYB3R4 (MYB)	Sobic.004G123400	7
OsSPL6 (SBP)	Sobic.001G026500	6
C3H	Sobic.005G111700	6
G2_like	Sobic.002G147400	5
NKD2 (C2H2)	Sobic.006G180900	5
Opaque54 (bZIP)	Sobic.002G054800	4
HD_ZIP	Sobic.003G303500	4
NAC	Sobic.007G166100	4
NF_YC	Sobic.008G071900	4



Identification des Facteurs de transcription clés dans la biosynthèse des kafirines

FT les plus liés aux gènes de α -kafirines

Connus dans l'accumulation des protéines

FT	Sobic_Name	Fréquence
PBF_2 (Dof)	Sobic.008G001700	17
PBF_1 (Dof)	Sobic.005G001500	14
NAC75 (NAC)	Sobic.009G071600	16
PTF1 (bHLH)	Sobic.010G071600	16
CO_like	Sobic.004G256200	14
DD7 (C2H2)	Sobic.002G293000	13
DD4 (C2H2)	Sobic.002G293100	13
DD4 (C2H2)	Sobic.004G285400	13
RGA (GRAS)	Sobic.008G168400	12
GATA16 (GATA)	Sobic.003G157300	11
BRZ1 (BES1)	Sobic.003G026300	10
ZmABI19 (B3)	Sobic.003G275400	10
NAC75 (NAC75)	Sobic.006G004100	10
OsNAC20 (NAC)	Sobic.009G086800	10
OsNAC20 (NAC)	Sobic.002G192600	9
MYB3R4 (MYB)	Sobic.004G123400	7
OsSPL6 (SBP)	Sobic.001G026500	6
C3H	Sobic.005G111700	6
G2_like	Sobic.002G147400	5
NKD2 (C2H2)	Sobic.006G180900	5
Opaque54 (bZIP)	Sobic.002G054800	4
HD_ZIP	Sobic.003G303500	4
NAC	Sobic.007G166100	4
NF_YC	Sobic.008G071900	4

Connus dans l'accumulation des protéines

Connus dans l'accumulation des protéines



Identification des Facteurs de transcription clés dans la biosynthèse des kafirines

FT les plus liés aux gènes de α -kafirines

Connus dans l'accumulation des protéines

Non connus dans l'accumulation des protéines

Connus dans l'accumulation des protéines

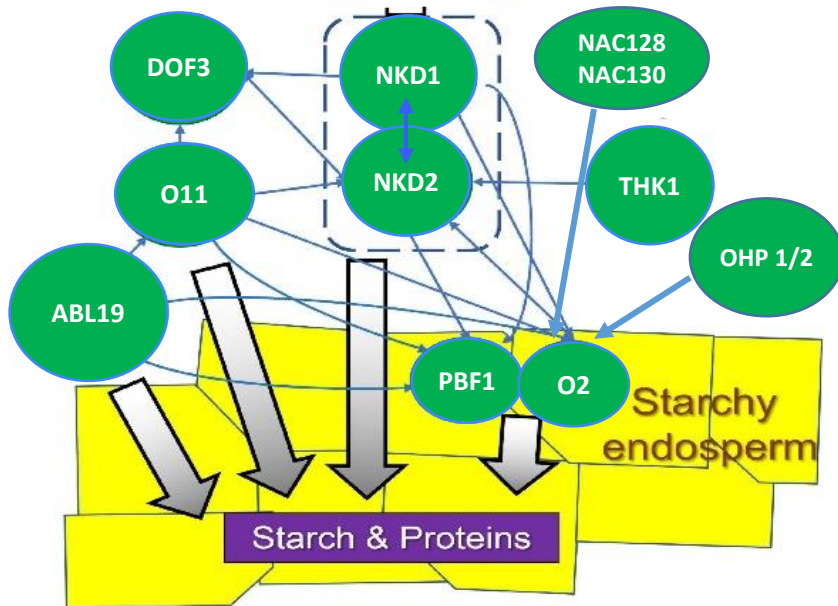
Connus dans l'accumulation des protéines

FT	Sobic_Name	Fréquence
PBF_2 (Dof)	Sobic.008G001700	17
PBF_1 (Dof)	Sobic.005G001500	14
NAC75 (NAC)	Sobic.009G071600	16
PTF1 (bHLH)	Sobic.010G071600	16
CO_like	Sobic.004G256200	14
DD7 (C2H2)	Sobic.002G293000	13
DD4 (C2H2)	Sobic.002G293100	13
DD4 (C2H2)	Sobic.004G285400	13
RGA (GRAS)	Sobic.008G168400	12
GATA16 (GATA)	Sobic.003G157300	11
BRZ1 (BES1)	Sobic.003G026300	10
ZmABI19 (B3)	Sobic.003G275400	10
NAC75 (NAC75)	Sobic.006G004100	10
OsNAC20 (NAC)	Sobic.009G086800	10
OsNAC20 (NAC)	Sobic.002G192600	9
MYB3R4 (MYB)	Sobic.004G123400	7
OsSPL6 (SBP)	Sobic.001G026500	6
C3H	Sobic.005G111700	6
G2_like	Sobic.002G147400	5
NKD2 (C2H2)	Sobic.006G180900	5
Opaque54 (bZIP)	Sobic.002G054800	4
HD_ZIP	Sobic.003G303500	4
NAC	Sobic.007G166100	4
NF_YC	Sobic.008G071900	4



Choix des FT à tester pour étudier leur rôles dans l'accumulation des protéines

O2 et **PBF1** des hubs qui coordonnent la régulation de l'accumulation des zéines

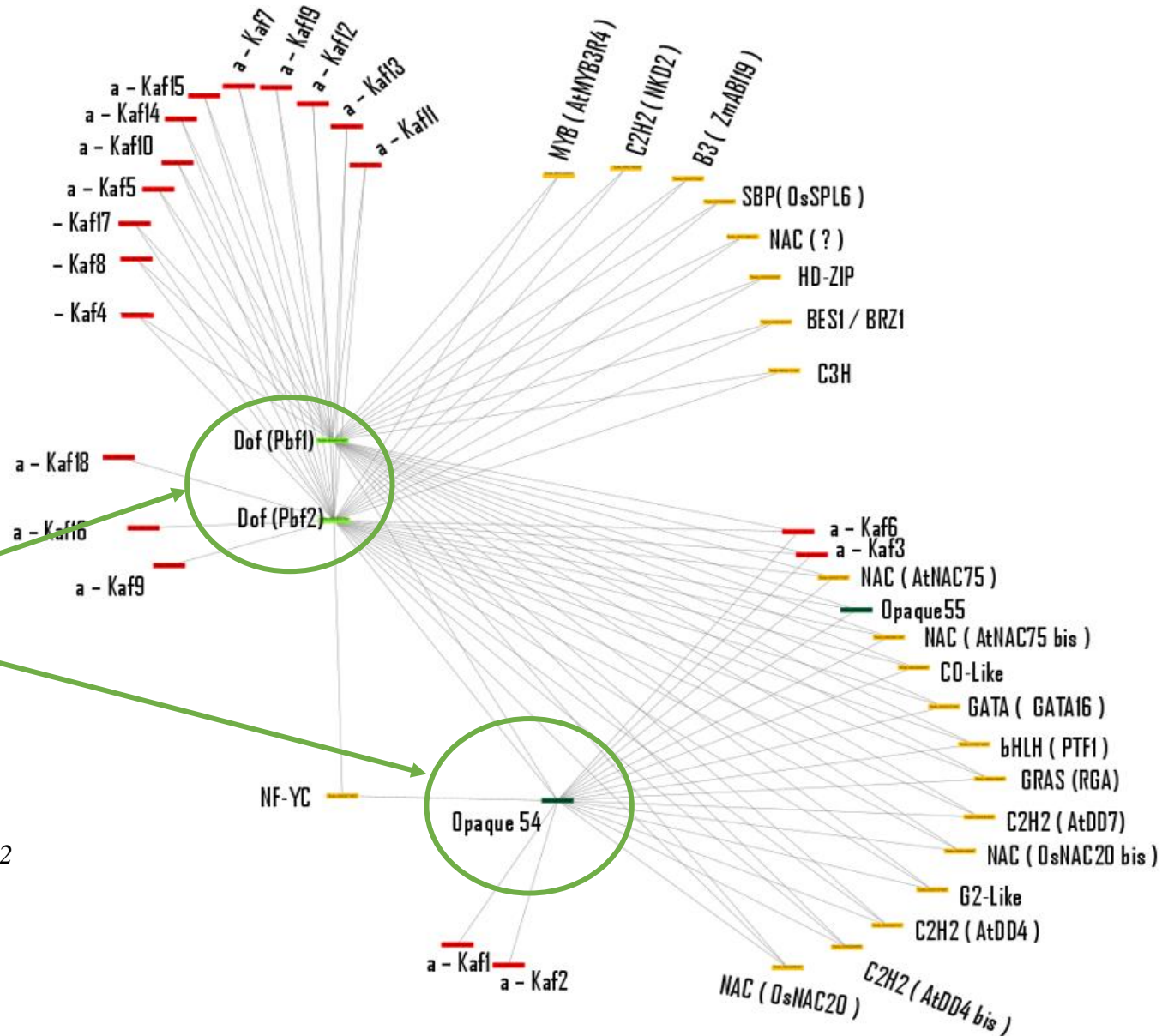
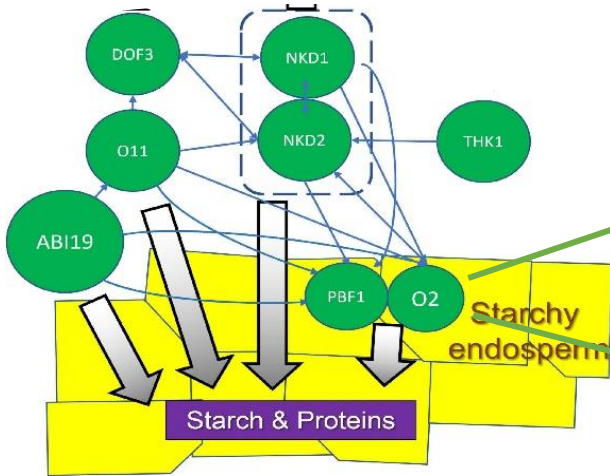


Adaptée de Wu et al., 2022. *Front. Plant Sci.*, 2022



Choix des FT à tester pour étudier leur rôles dans l'accumulation des protéines

O2 et PBF1 des hubs qui coordonnent la régulation de l'accumulation des zéines

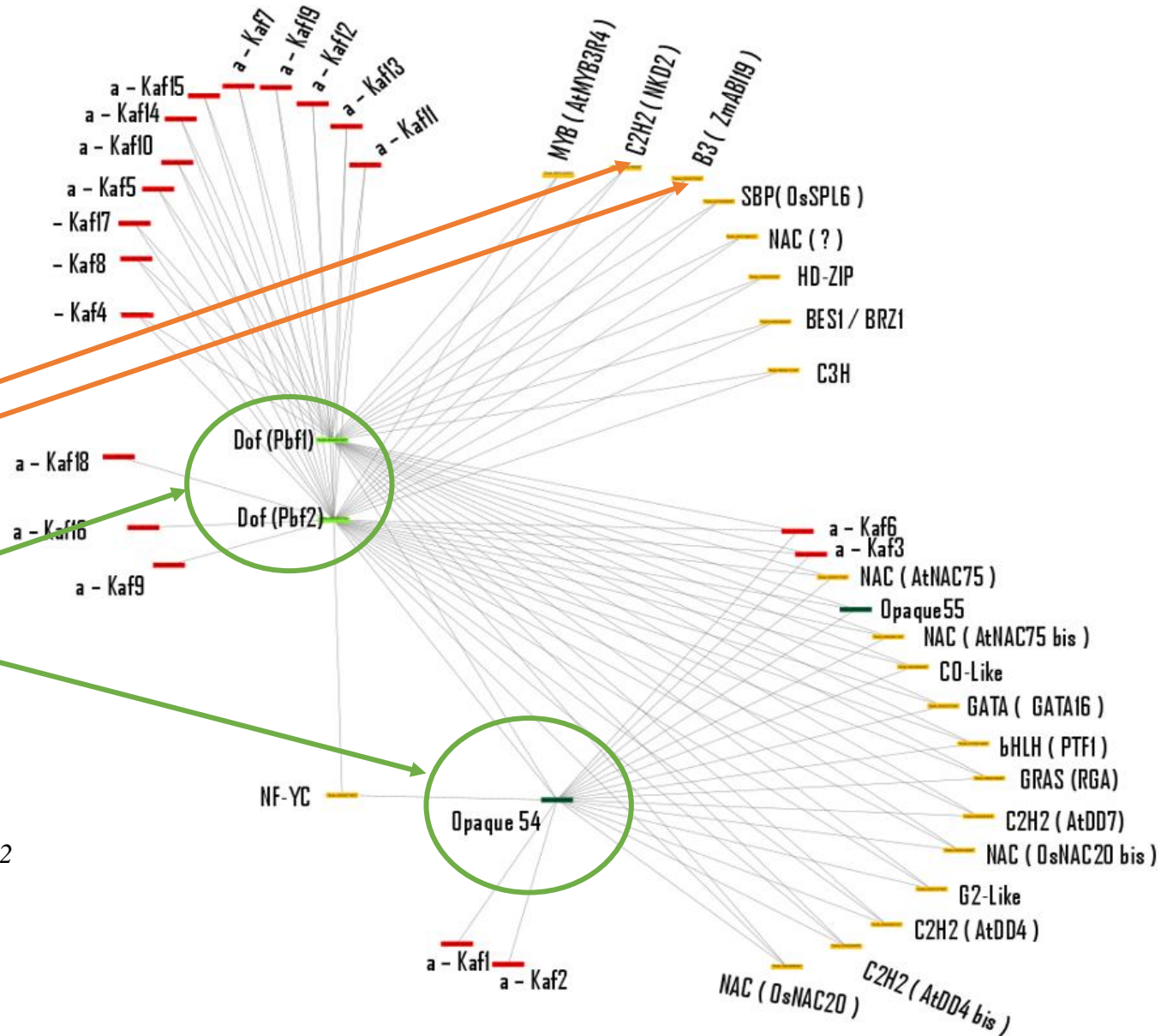
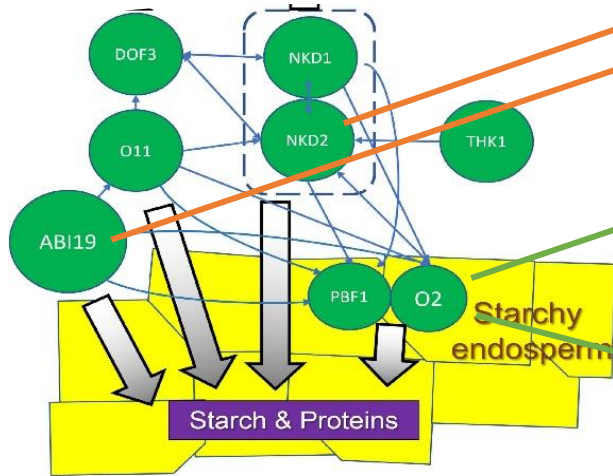


Adaptée de Wu et al., 2022. *Front. Plant Sci.*, 2022



Choix des FT à tester pour étudier leur rôles dans l'accumulation des protéines

O2 et **PBF1** des hubs qui coordonnent la régulation de l'accumulation des zéïnes

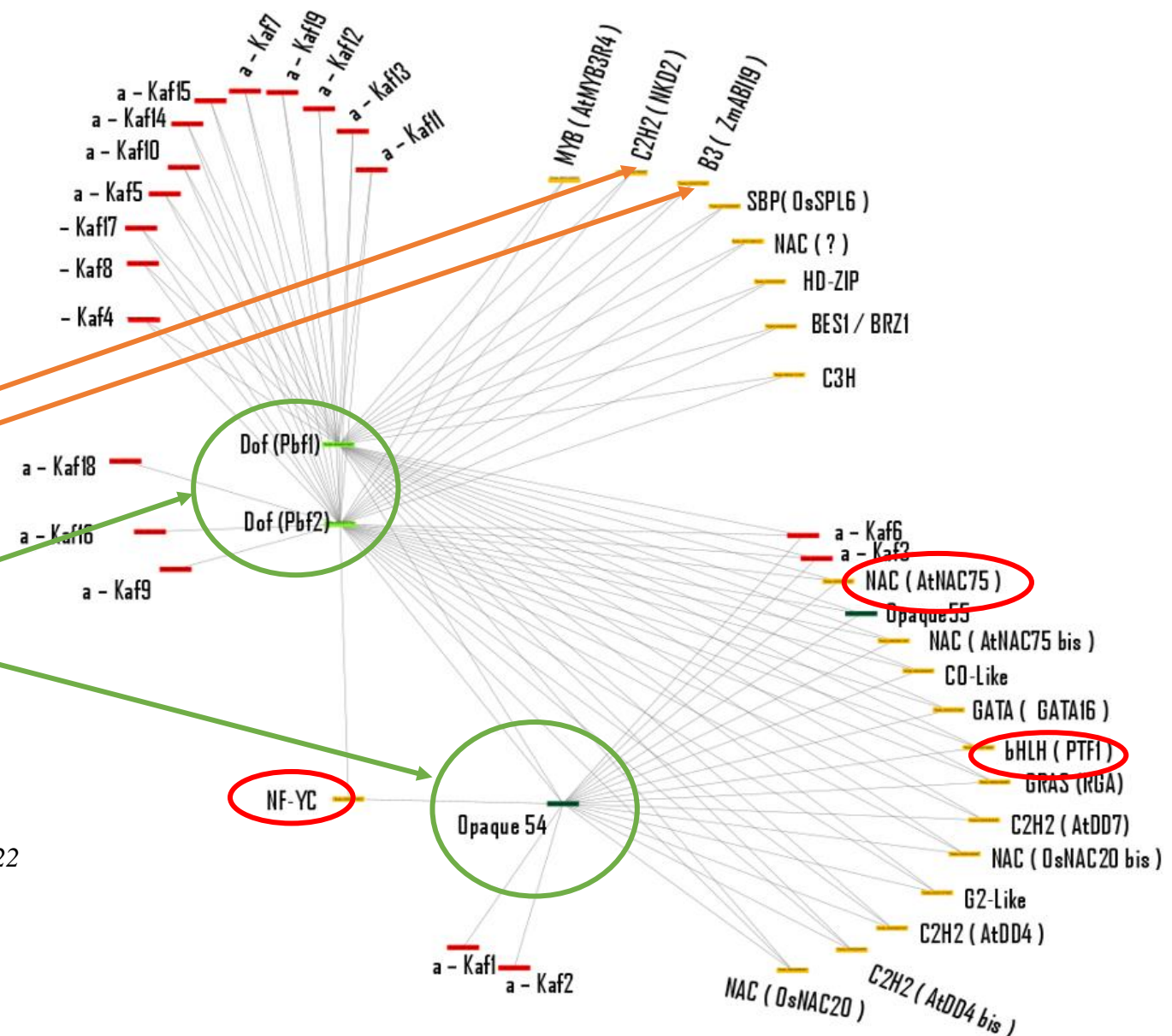
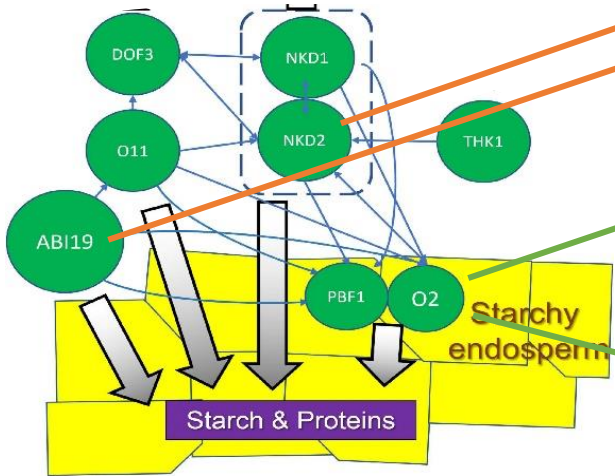


Adaptée de Wu et al., 2022. Front. Plant Sci., 2022



Choix des FT à tester pour étudier leur rôles dans l'accumulation des protéines

O2 et PBF1 des hubs qui coordonnent la régulation de l'accumulation des zéines

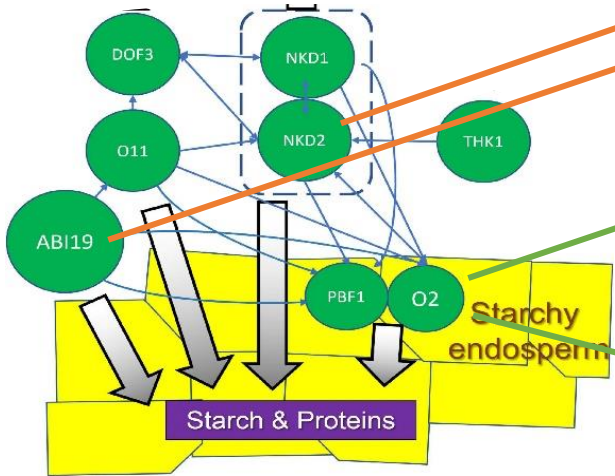


Adaptée de Wu et al., 2022. Front. Plant Sci., 2022

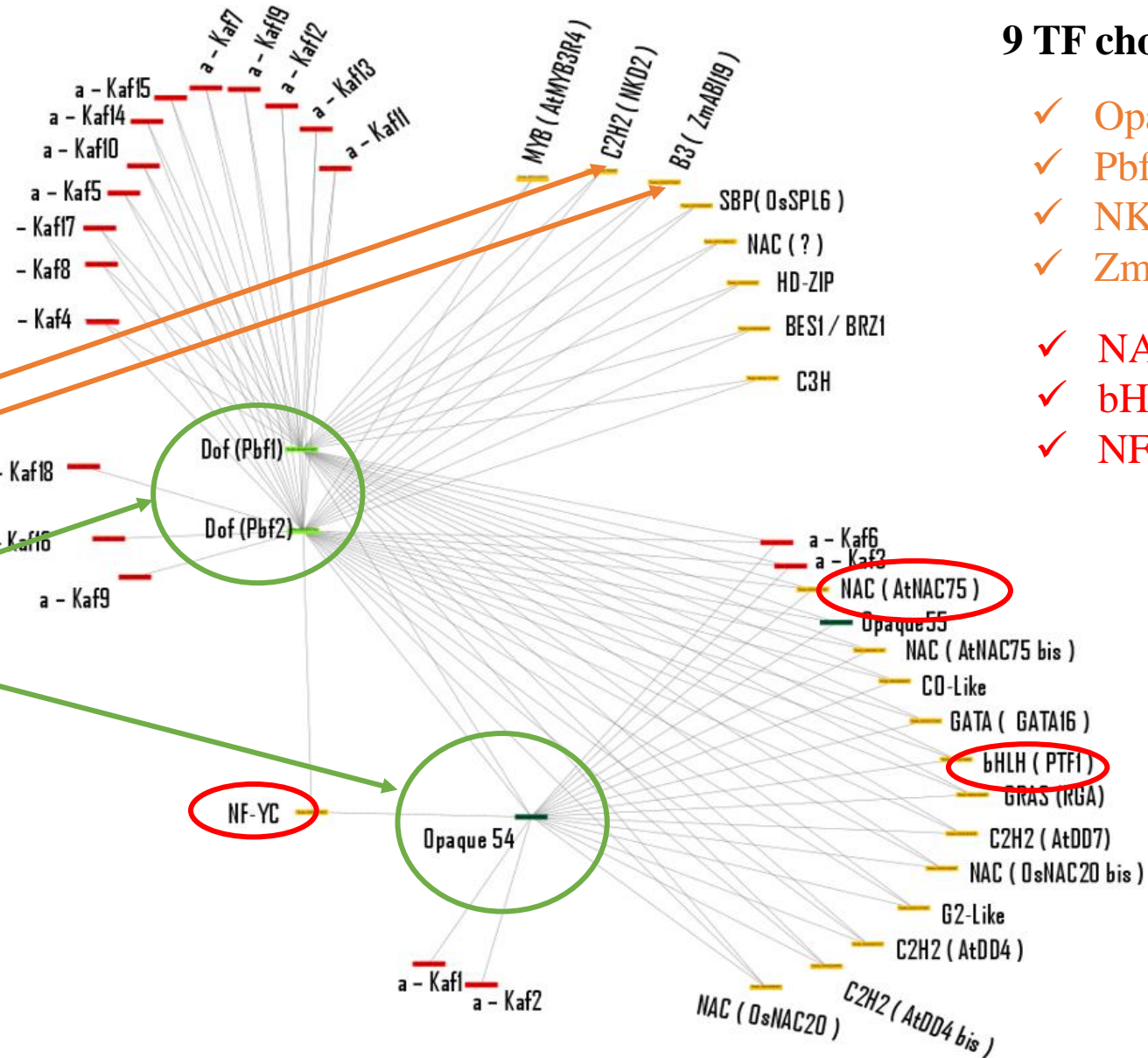


Choix des FT à tester pour étudier leur rôles dans l'accumulation des protéines

O2 et PBF1 des hubs qui coordonnent la régulation de l'accumulation des zéines



Adaptée de Wu et al., 2022. Front. Plant Sci., 2022



9 TF choisis pour validation

- ✓ Opaques 2 (54, 55)
- ✓ Pbf1 (pbf1 et pbf2)
- ✓ NKD2
- ✓ ZmAB119

- ✓ NAC075
- ✓ bHLH
- ✓ NF-YC

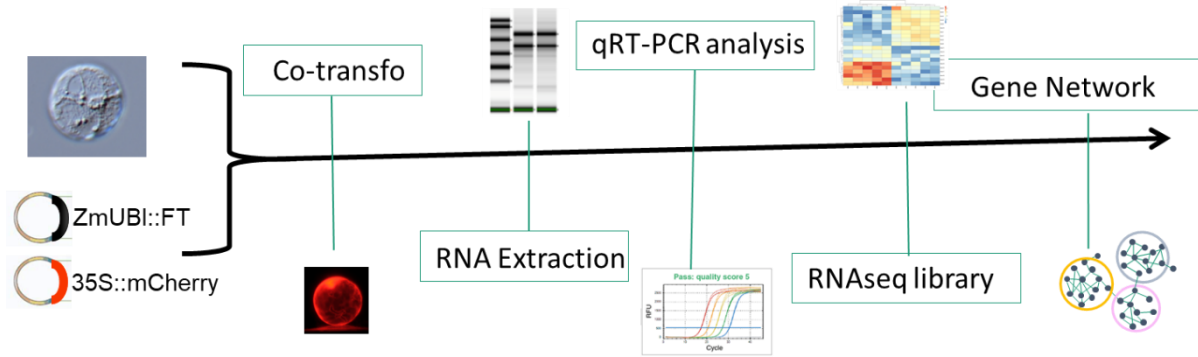


Validation des facteurs clés dans l'accumulation des protéines

Surexpression dans des protoplastes de Sorgho

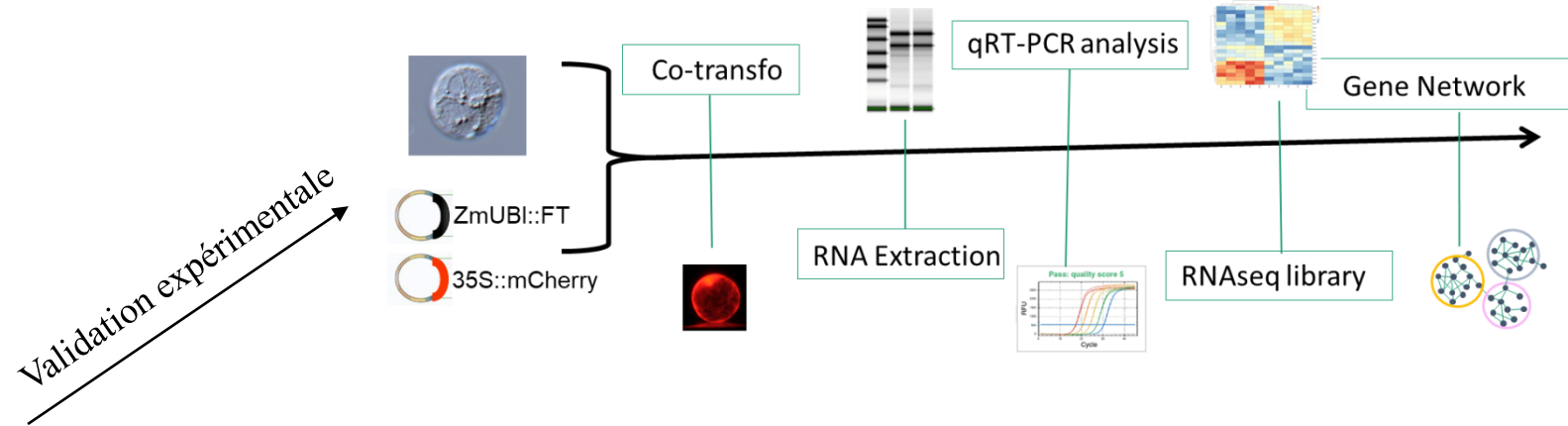
Validation expérimentale

TF choisis



Validation des facteurs clés dans l'accumulation des protéines

Surexpression dans des protoplastes de Sorgho

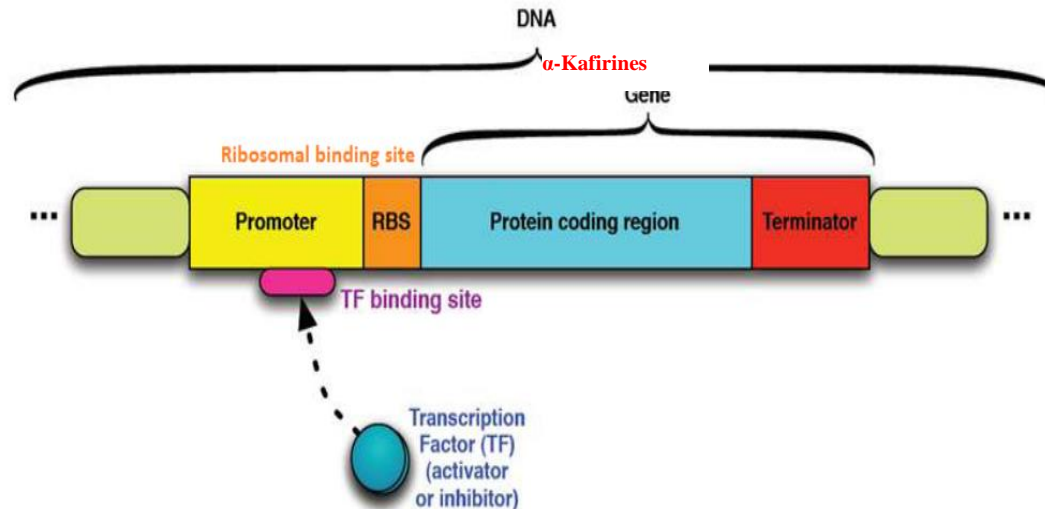


TF choisis

Validation expérimentale

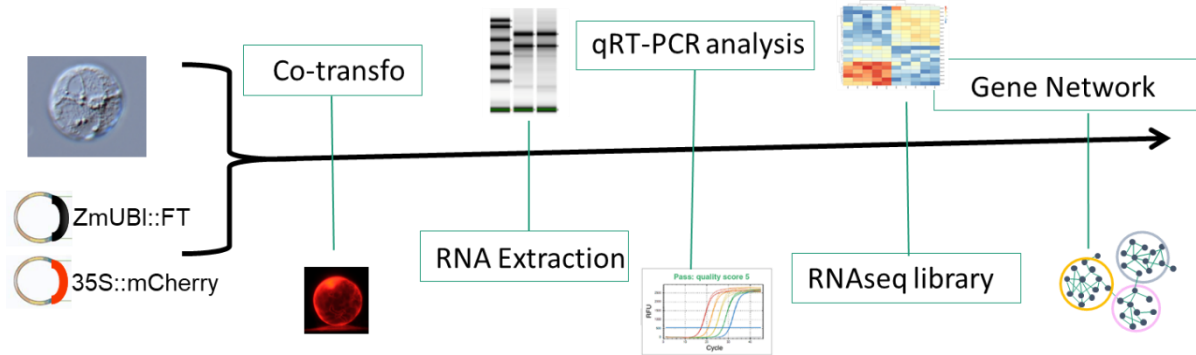
Validation in silico

- ✓ Identifier les régions cis dans les promoteurs des **α -Kafirines** et FT clés
- ✓ Identifier les facteurs trans : FT ayant des sites de fixation sur ces régions cis



Validation des facteurs clés dans l'accumulation des protéines

Surexpression dans des protoplastes de Sorgho

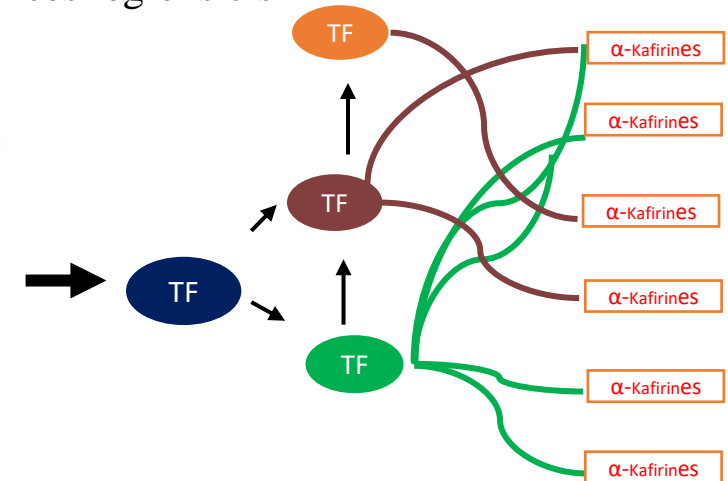
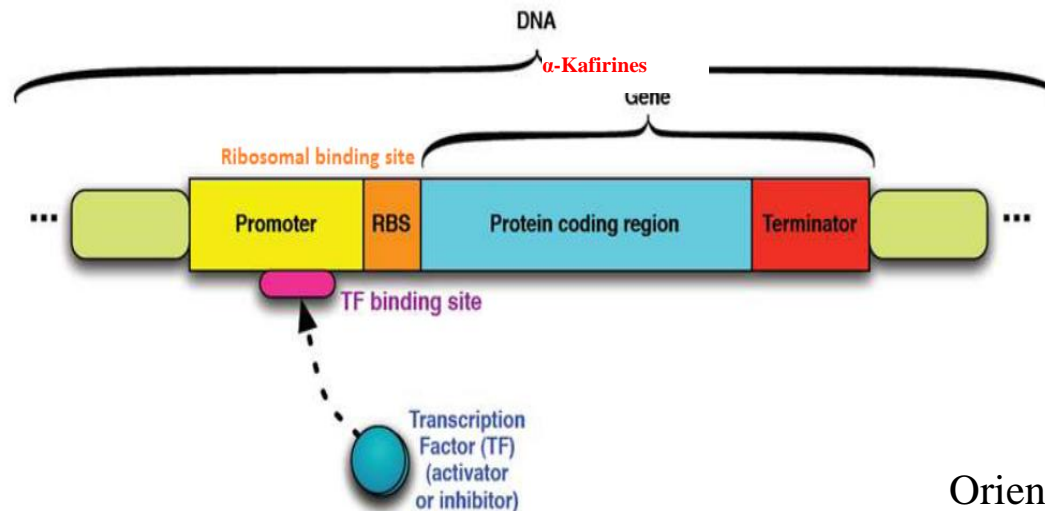


Validation expérimentale

Validation in silico

TF choisis

- ✓ Identifier les régions cis dans les promoteurs des **α -Kafirines** et FT clés
- ✓ Identifier les facteurs trans : FT ayant des sites de fixation sur ces régions cis



Orienter le réseau de régulation et confirmer les FT clés



remerciements



N. Terrier



D. Pot



H. Mameri

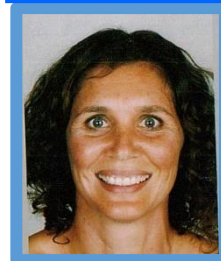
A. Berger



M. Rios



C. Calatayud



J. Bonnicel



M.H. Morel



MERCI POUR VOTRE ATTENTION



Gènes clés impliqués dans la perte de digestibilité

✓ Module vert clair

✓ Gènes clés : $GS > |0,8|$

✓ Majoritairement des FT

✓ 8 gènes de structure :

- GBSSI : amidon synthase 1-2

- PDI : Protéine disulfure isomérase

Nom de gène Sorgho	Espèce du gène orthologue	Symbole du gène	Classe de Facteur de Transcription	References	GS Digestibilité
Sobic.002G116000	O. sativa	GBSSI or waxy	-	Smith., 1997	0,912
Sobic.009G057600	O. sativa	Os03g42280.1	B3	Jin et al., 2017	0,896
Sobic.001G496600	S.bicolor	NA	STAT	Jin et al., 2017	0,895
Sobic.003G027000	S.bicolor	NA	MIKC_MADS	Jin et al., 2018	0,892
Sobic.004G056000	O. sativa	OsMADS29	MIKC_MADS	Ouyang et al., 2007	0,883
Sobic.007G193300	O. sativa	OsMADS7/OsMADS45	MIKC_MADS	Zhang et al., 2018	0,877
Sobic.001G086400	S.bicolor	NA	MIKC_MADS	Jin et al., 2017	0,874
Sobic.003G381100	O. sativa	OsMADS21	MIKC_MADS	Ouyang et al., 2007	0,870
Sobic.001G178100	A. thaliana	IMP	-	Rishi et al., 2015	0,865
Sobic.001G217200	S.bicolor	NA	HD-ZIP	Jin et al., 2017	0,862
Sobic.001G235100	S.bicolor	NA	MYB_related	Jin et al., 2017	0,857
Sobic.002G054400	O. sativa	OsPK2	-	Cai et al., 2018	0,849
Sobic.004G000400	Z. mays	PDI	-	Nancy_Mano	0,849
Sobic.001G537300	S.bicolor	NA	HD-ZIP	Jin et al., 2017	0,845
Sobic.006G266400	Z. mays	ZmAFL4	B3	Grimault et al., 2015	0,839
Sobic.001G217300	S.bicolor	NA	ARF	Jin et al., 2017	0,836
Sobic.007G141600	S.bicolor	NA	C2H2	Jin et al., 2017	0,835
Sobic.001G239500	O. sativa	SS 1-2	-	Ouyang et al., 2007	0,833
Sobic.003G379000	O. sativa	OsMADS2	MIKC_MADS	Ouyang et al., 2007	0,829
Sobic.002G368700	S.bicolor	NA	MIKC_MADS	Jin et al., 2017	0,829

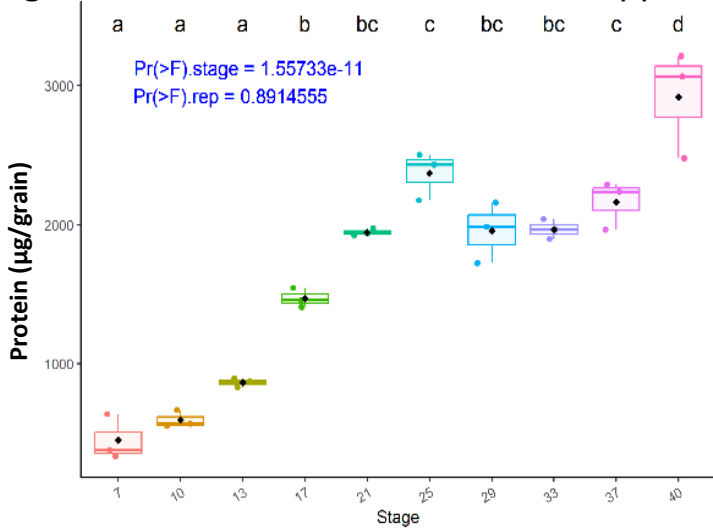
PDI : a des propriétés d'oxydoréductase et d'isomérase et peut causer le repliement des protéines dans le réticulum endoplasmique en catalysant la formation de ponts disulfures (Moretti & Laurindo, 2017)

Sobic.001G219300	Z. mays	Mdh4		Chen et al., 2020	0,806
Sobic.004G026700	S.bicolor	NA	bZIP	Jin et al., 2017	0,802

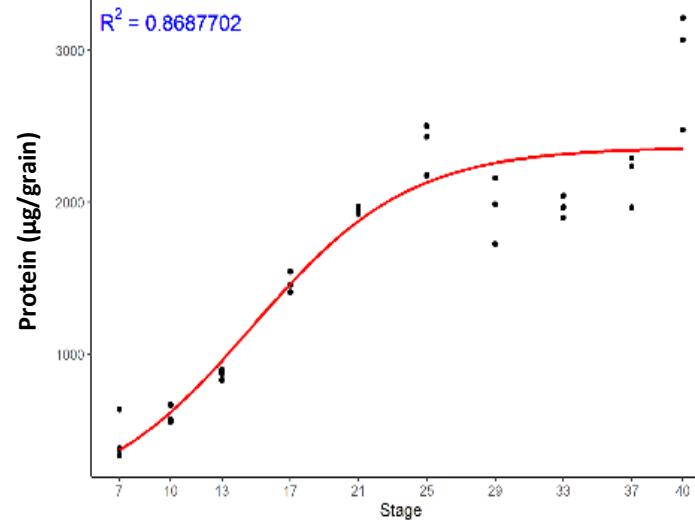


Evolution de l'accumulation des protéines et leur digestibilité au cours du développement du grain

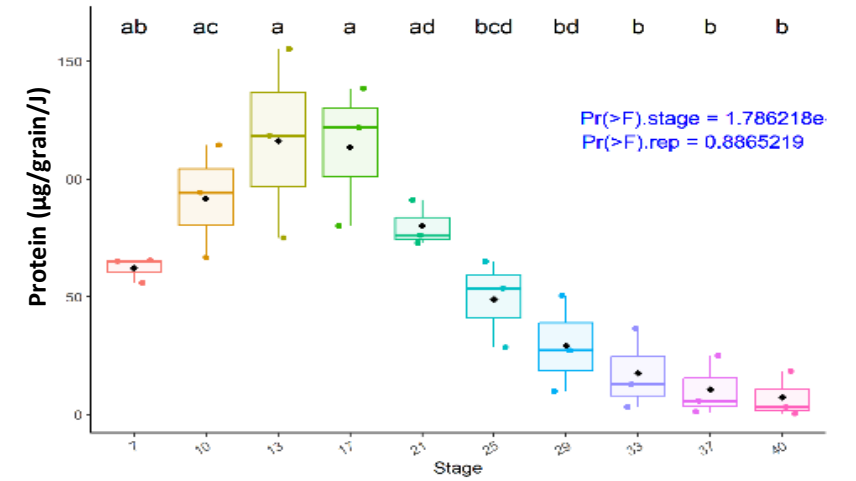
La **quantité de protéines** dans les grains augmente progressivement au cours de son développement



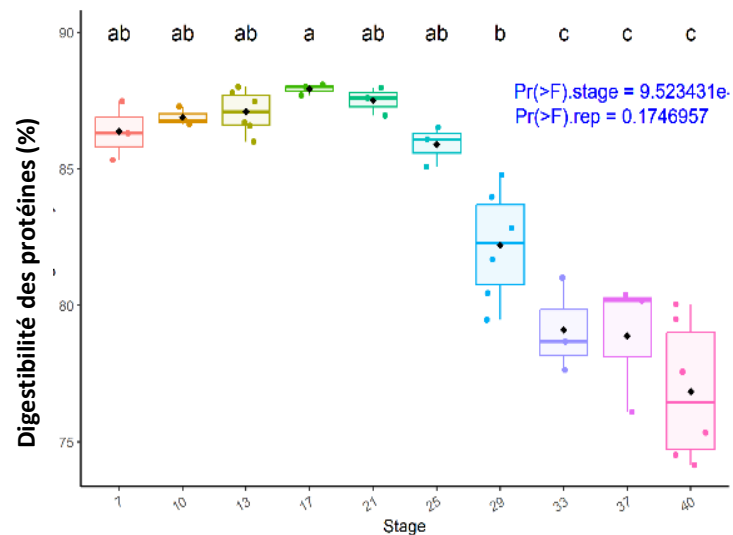
Sigmoïde



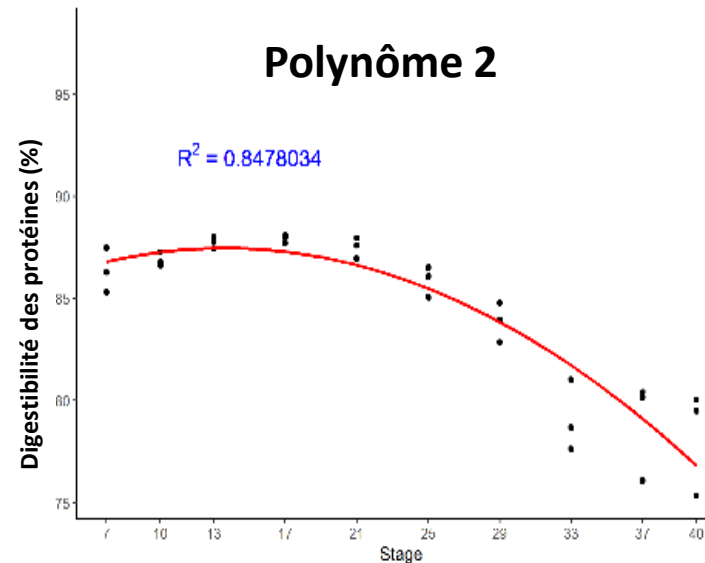
Vitesse d'accumulation des protéines est max entre le 13^{ème} et 17^{ème} JAA et baisse



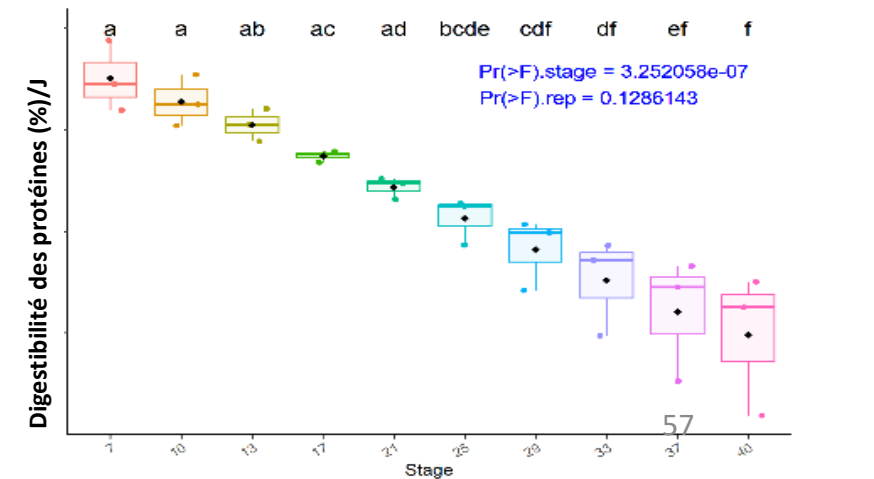
La **digestibilité des protéines** est assez stable dans les 17 JAA, puis baisse progressivement



Polynôme 2

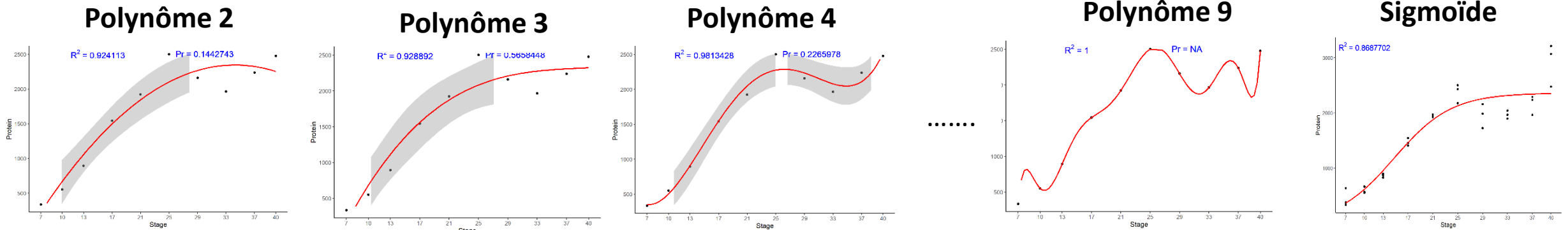


Vitesse de perte de digestibilité est progressive durant tout le cycle de développement du grain



Analyses statistiques des données phénotypiques

- ✓ **ANOVA + test HSD de Tukey** : étudier l'évolution de chaque trait et comparer les différents stades au cours du développement du grain
- ✓ **Test de plusieurs modèles mathématiques (*Sigmoïde, Polynômes*)** : calculer les vitesses d'accumulation des protéines et les vitesses de perte de digestibilité entre les différents stades



- ✓ Vitesse d'accumulation des protéines
- ✓ Vitesse d'accumulation de l'amidon
- ✓ Vitesse de perte de digestibilité