

AXE 2 : MÉTABOLISME DES PHÉNYLPROPANOÏDES ET DÉVELOPPEMENT

L'objectif scientifique de l'axe 2 (Métabolisme des phénylpropanoïdes et développement) concerne l'étude, par des approches analytiques ciblées (RMN, spectrométrie de masse), des mécanismes de régulation de la voie des phénylpropanoïdes (lignines, polyphénols, lignanes) lors du développement (graine de lin, relation avec l'axe 1). En

LABORATOIRE BIOLOGIE DES PLANTES ET INNOVATION

COMPOSANTE DES ÉQUIPES 1 & 5 DE L'UMRT BIOECOAGRO INRAE 1158

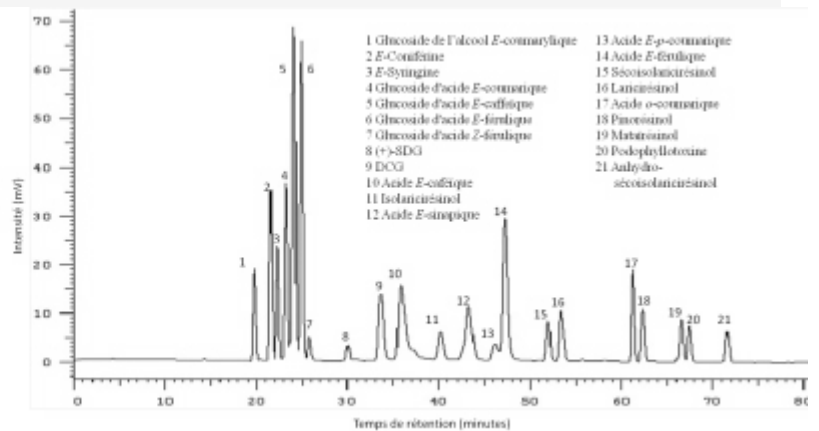
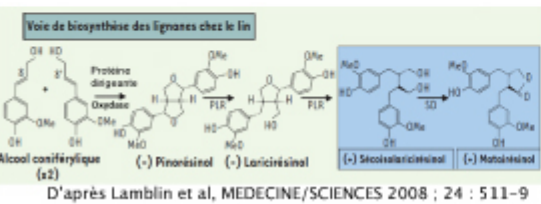
particulier, une meilleure compréhension des voies de biosynthèse des lignanes, molécules présentant des intérêts variés dans le domaine de la santé, permettra, en relation avec l'axe de recherches technologiques, la production de ces composés en systèmes confinés.

Le travail de l'axe 2 est organisé autour de 3 thèmes principaux :

- Développement
- Mutants
- Elicitation

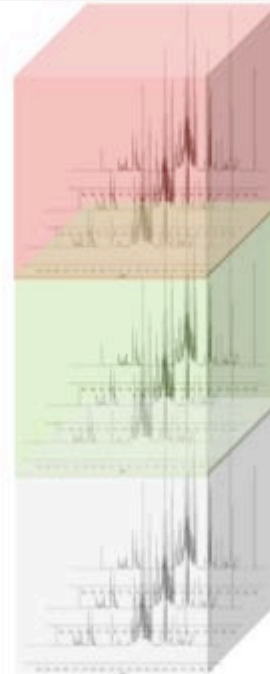
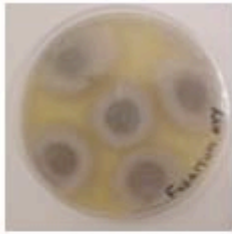
Mutants //

Différents travaux ont montré que la coloration des graines de lin dépendrait du métabolisme de l'assise sclérifiée (tissus lignifié) et/ou du contenu en flavonoïdes et anthocyanes du tégument, c'est-à-dire de molécules issues de la voie des phénylpropanoïdes. Nous travaillons sur le profilage métabolique de graines de lin en fonction de la couleur de la graine, soit sur des mutants EMS, soit sur des écotypes aux couleurs de graines différentes (collaborations avec UMR INRA-USTL 1281 et semenciers). Nous travaillons également sur le profilage métabolique de lin en fonction de l'expression du gène codant pour la PLR (collaboration avec EA 1207 - Chartres).

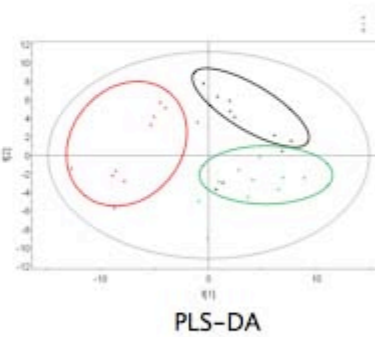
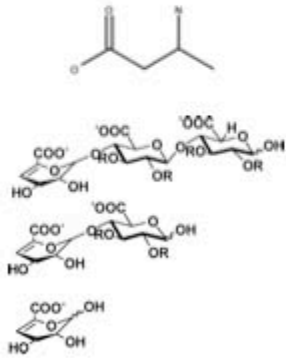


Elicitation //

Nous nous intéressons à l'effet de différents éliciteurs (champignons, acide -amino butyrique (BABA) et oligosaccharides provenant ou non de parois de cellules de lin) sur le contenu métabolique du lin par une approche métabolomique par RMN et GC-MS.



Spectres RMN 1H



PLS-DA

Eliciteurs

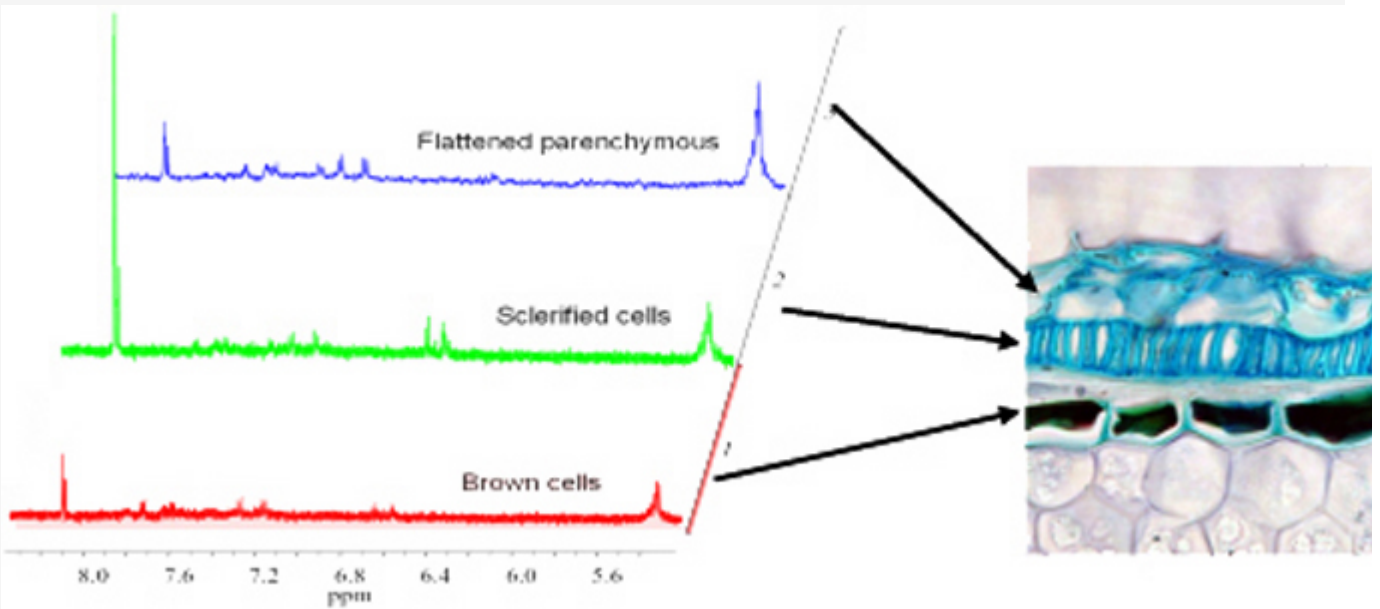
Lin

Analyse métabolomique

Développement //

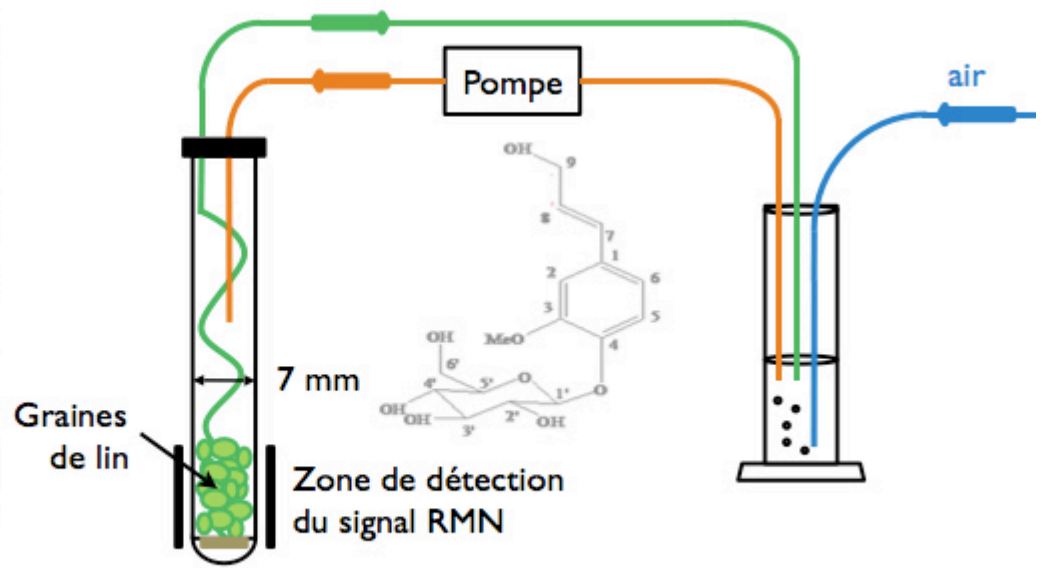
Différents travaux ont montré que les lignanes sont essentiellement accumulés sous forme complexée dans les téguments. Néanmoins, la localisation tissulaire et la cinétique précises de leur biosynthèse sont incertaines. Nous nous intéressons à ces éléments via deux approches :

- approche de micrométabolomique (métabolomique sur les différents tissus isolés par microdissection laser) réalisée sur la graine à différents stades de développement (collaborations avec Bernd Schneider de l'[Institut Max Planck de lena](#) et la plateforme Ingénierie Cellulaire UPJV).



Premières analyses micrométabolomiques de différents tissus d'une graine de lin.

- étude de fluxomique par RMN in vivo réalisée sur des graines en cours de développement (collaborations avec le laboratoire de Génie Enzymatique et Cellulaire (UMR CNRS 6022, UPJV) et le laboratoire des Glucides (UMR CNRS 6219, UPJV).



Système de perfusion pour la fluxomique par RMN in vivo avec utilisation de précurseurs marqués.