Zoom sur la session métabolomique lors du colloque IAPB 2014

Cette année, du 10 au 15 août, a eu lieu le 13ème congrès de l'International Society of Plant Biotechnology. Ce congrès s'est articulé autour de sessions plénières, traitant essentiellement des plantes génétiquement modifiées, de leur création à leur utilisation à travers le monde. En marge de ces sessions, 18 symposiums concurrents ont présenté tous les aspects des technologies appliquées à la science des végétaux.

Les champs de discussions ont couvert les problématiques de nutrition humaine, de santé des plantes cultivées et jusqu'à la préservation de la biodiversité, avec par exemple notre travail avec le Conservatoire Botanique de Brest.

Parmi ces symposiums s'est tenue une session sur les outils métabolomiques et protéomiques en amélioration des plantes. Les publications scientifiques sont de plus en plus nombreuses sur ce thème.

La caractérisation de ressources génétiques :

Robert Hall, du Plant Research Institute aux Pays Bas, a présenté deux exemples de travaux réalisés sur la caractérisation de ressources génétiques par la combinaison de différents outils,

dont la **métabolomique**.

Exemple du riz :

Chez le riz, Calingacion et coll. (2012 ; 2014) ont utilisé des profils métaboliques pour **caractériser des différences entre variétés de riz**. Chez des variétés anciennes de riz gluant, les profils métaboliques ont conforté les données d'analyses génétiques (par SNP), mais se sont révélés peu dépendants du régime azoté auquel les plantes avaient été soumises. Dans une étude plus globale sur le marché mondial du riz, ils ont pu, grâce à divers critères de qualité, définir 18 types majeurs correspondant aux goûts de tous les consommateurs à travers le monde.

Les auteurs font le constat qu'aucune nouvelle variété, si productive soit elle, ne sera cultivée par les producteurs locaux si les critères de qualité spécifiques ne sont pas pris en compte. Une **étude métabolomique des composés volatiles** impliqués dans l'arôme des riz traditionnels de trois régions d'Asie montre que, contrairement à ce qui est pris en compte classiquement, l'intensité de l'arôme, et surtout sa typicité, ne dépendent pas que d'une seule molécule. D'autres composés participent à la typicité de ces riz traditionnels et leurs profils permettent de les distinguer (Fig.1). Ceci ouvre la voie à une meilleure efficacité de la **sélection sur des critères de qualité**.

Exemple de la tomate :

Chez la tomate, en combinant des **approches d'analyse sensorielle**, de **détermination des profils métaboliques et de génétique** sur 94 accessions, Tikunov et coll. (2013), ont développé un outil de sélection assistée par marqueur sur le caractère d'arôme fumé développé lors de la maturation du fruit. C'est un gène codant pour une enzyme permettant la libération des composés volatiles responsables de cet arôme qui expliquerait en grande partie ce caractère discriminant des variétés de tomates.

Références Bibliographiques :

. A Role for Differential Glycoconjugation in the Emission of Phenylpropanoid Volatiles from Tomato Fruit Discovered Using a Metabolic Data Fusion Approach1[W][WOA].

Tikunov Y.M., De Vos R.C.H, Gonzalez Paramas M.A., , Hall R.D., Bovy A.G.

Plant Physiology, January 2010, Vol. 152, p.55-57

. Non-Smoky glycosyltransferase1 prevents the release of smoky aroma from tomato fruit [W].

Tikunov Y.M., Molthoff J., De Vos R.C.H, Beekwilder J., Van Houwelingen A., Van der Hooft J.J.J.,

Nijenhuis-de Vries M., Labrie C.W., Verkerke W., Van de Geest A., Viquez Zamora M., Presa S., Rambla Nebot J., Granell A. , Hall R.D., Bovy A.G.

The Plant Cell , August 2013 tpc.113.114231

Analyse d’un process industriel - Exemple du thé oolong :

Karl Fraser, d’AgResearch en Nouvelle-Zélande, a ensuite présenté ses travaux d’analyse métabolomique non ciblée pour étudier le **process de fabrication du thé oolong**. Ce thé semi-fermenté est un produit particulier sur lequel peu de données biochimiques étaient disponibles. L’utilisation de plusieurs méthodes basées sur la **LC-MS** a permis aux auteurs de déterminer avec précision les stades critiques du process, et d’identifier de nouveaux composés importants pour la **qualité du produit**. Cette même équipe travaille également sur les plantes fourragères et a récemment publié une revue sur les données de métabolomique chez ces espèces.

Bien sûr, de nombreux travaux sur ce sujet sont publiés, et dans ce contexte, de plus en plus d’études décrivent des méthodologies utilisables dans des problématiques de qualité des produits et de création variétale.