

Identification des acteurs protéiques impliqués dans le remodelage des polysaccharides de la paroi au cours du développement du grain de Brachypodium distachyon.

Mathilde Francin-Allami, Virginie Lollier, Marija Pavlovic, Kahina Merah, Cécile Albenne, Richard Sibout, Helene H. Rogniaux-Bonaventure, Fabienne Guillon, Elisabeth Jamet, Colette C. Larre

▶ To cite this version:

Mathilde Francin-Allami, Virginie Lollier, Marija Pavlovic, Kahina Merah, Cécile Albenne, et al.. Identification des acteurs protéiques impliqués dans le remodelage des polysaccharides de la paroi au cours du développement du grain de Brachypodium distachyon.. 5. Colloque national du Réseau Français de Biologie des Graines, Réseau Français de Biologie des Graines (RFBG). FRA., Oct 2015, Clermont-Ferrand, France. hal-02743785

HAL Id: hal-02743785 https://hal.inrae.fr/hal-02743785v1

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Identification des acteurs protéiques impliqués dans le remodelage des polysaccharides de la paroi au cours du développement du grain de *Brachypodium distachyon*.

Mathilde FRANCIN-ALLAMI



UR 1268 Biopolymères, Interactions, Assemblages (BIA) Equipe Parois Végétales et Polysaccharides Pariétaux (PVPP) Centre INRA Angers-Nantes

LRSV, UMR 5546 UPS/CNRS, 31326 Castanet-Tolosan, INRA, UMR1318, IJPB, 78026 Versailles.



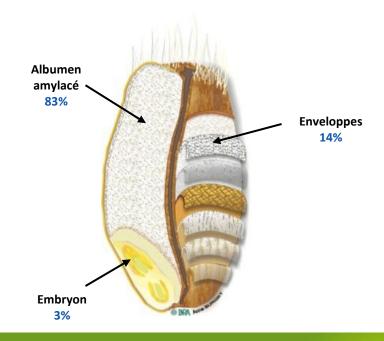
Les grains de céréales

- Famille des poacées
- Source majeure de l'alimentation humaine et animale
- Consommées principalement sous forme de farine résultant du broyage des grains





• Le grain est composé de différents tissus :

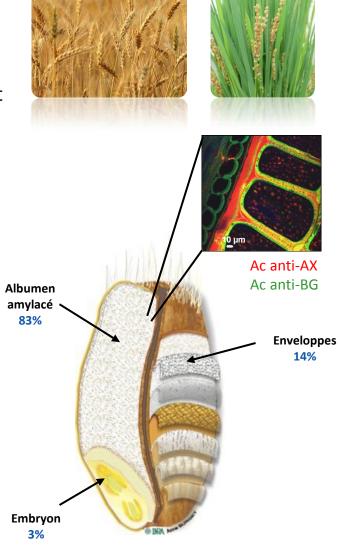




O. sativa

Les grains de céréales

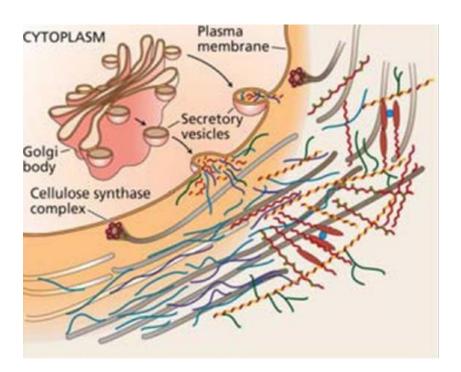
- Famille des poacées
- Source majeure de l'alimentation humaine et animale
- Consommées principalement sous forme de farine résultant du broyage des grains
- Le grain est composé de différents tissus :
- Hémicelluloses majoritaires : arabinoxylanes et β-glucanes
 mixtes ; peu de xyloglucanes
- Paroi importante pour le développement du grain, la régulation de la teneur en eau, dans les procédés de transformation et la qualité nutritionnelle des grains
- Source importante de fibres alimentaires



T. aestivum



Biosynthèse, assemblage et remodelage des polysaccharides pariétaux



Modification de la paroi en fonction des besoins physiologiques

- → extension de la paroi
- → adaptation aux conditions de croissance et environnementales
- → remodelages des constituants pariétaux (degré substitution, réticulations...)

une structure dynamique

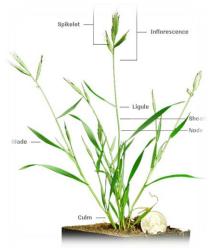
.....constamment modelée par des protéines.

- \rightarrow expansines
- → peroxydases
- → glycosylhydrolases

transglycosylases hydrolases

 \rightarrow ...

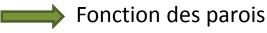




Brachypodium distachyon Bd21

Objectif:

Identifier les acteurs de l'assemblage et du remodelage des polysaccharides de la paroi des grains de graminées

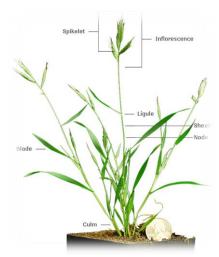


Développement du grain

Qualité d'usage du grain



Approche de protéomique de la paroi des grains de *Brachypodium distachyon*

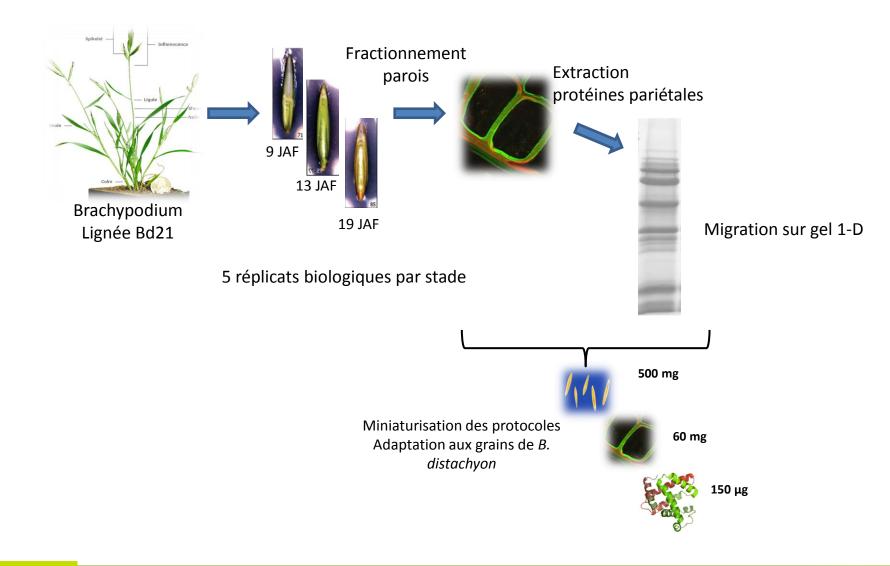


Brachypodium distachyon Bd21

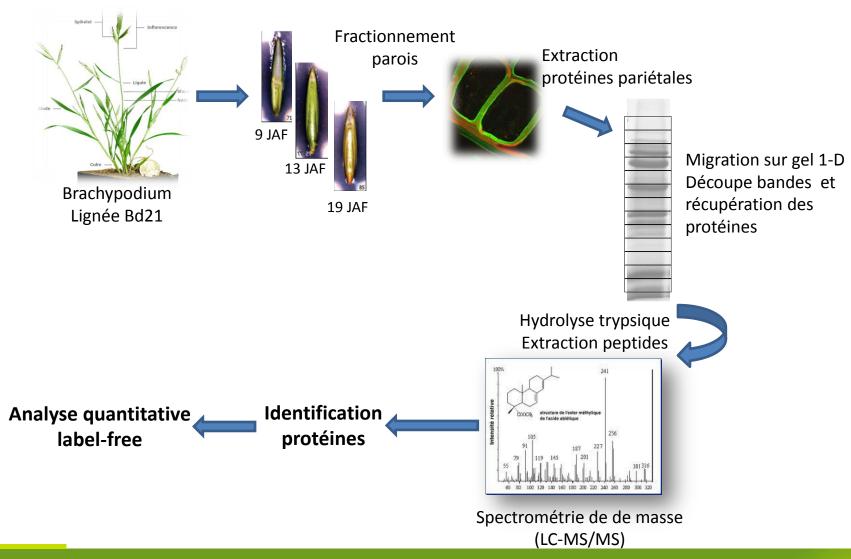
- ✓ Plante modèle des Monocotylédones
- ✓ Entièrement séquencée
- ✓ Cycle de vie court
- ✓ Petite taille
- ✓ Petit génome diploide (272 Mbp)
- √ Transformation possible
- \checkmark parois : β -glucanes mixtes et arabinoxylanes majoritaires



Protéomique de la paroi des grains de B. distachyon









Aux 3 stades

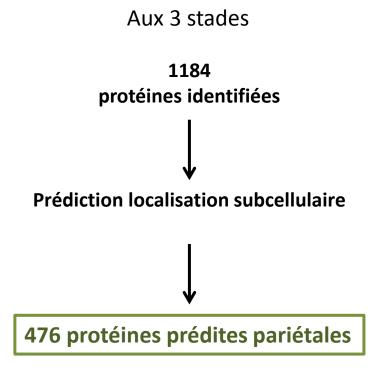
1184 protéines identifiées

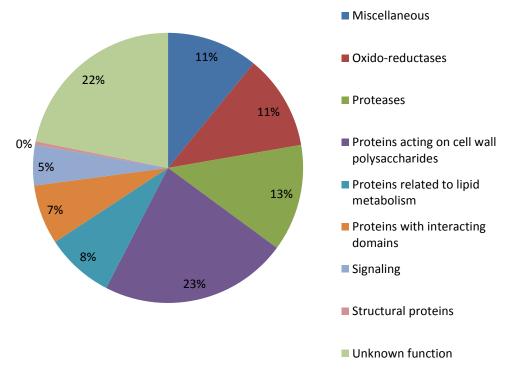
Prédiction localisation subcellulaire

476 protéines prédites pariétales



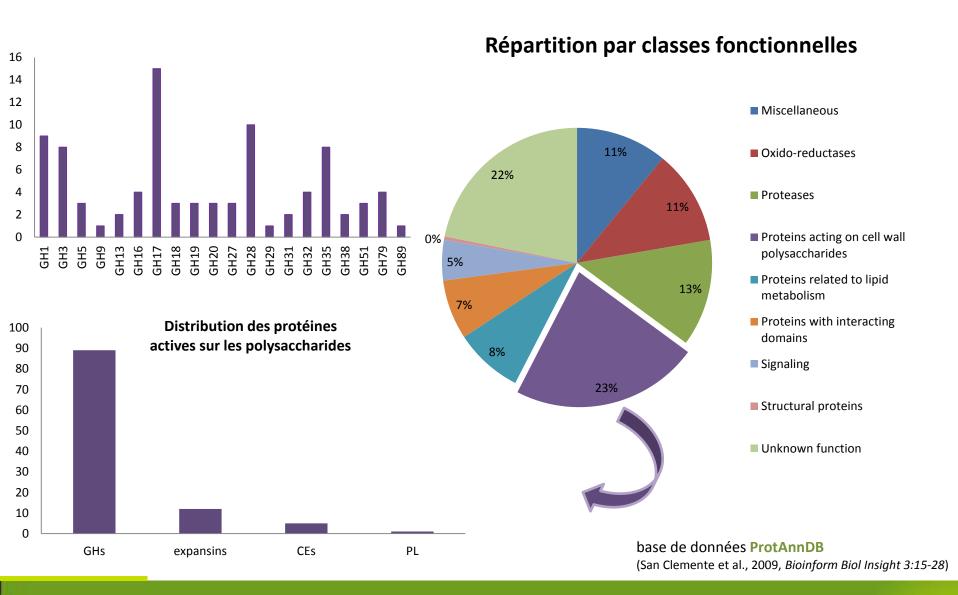
Répartition par classes fonctionnelles





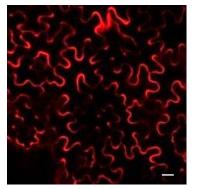
base de données **ProtAnnDB** (San Clemente et al., 2009, *Bioinform Biol Insight 3:15-28*)

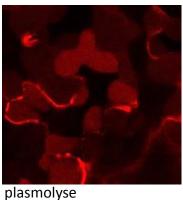


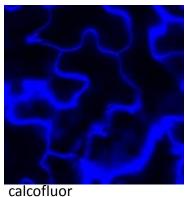


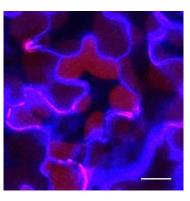


GH1 Bradi1g10930-mRFP

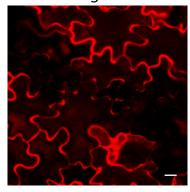


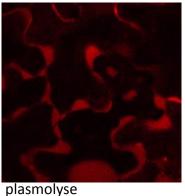


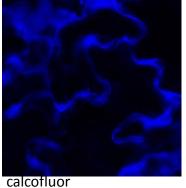


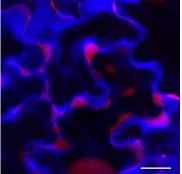


GH3 Bradi1g08570-mRFP





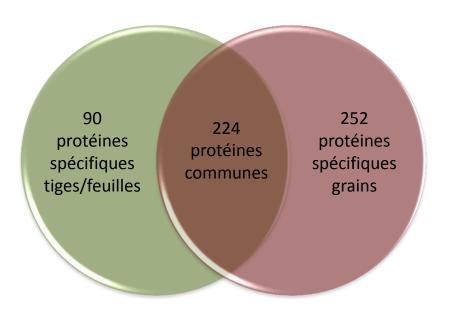




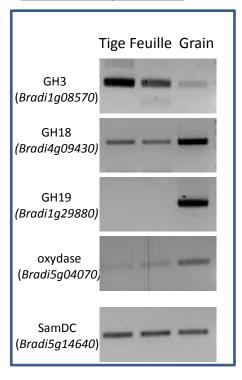
Francin-Allami et al., Proteomics, 2015



Protéome organes végétatifs *B. distachyon*: Douché et al., 2013

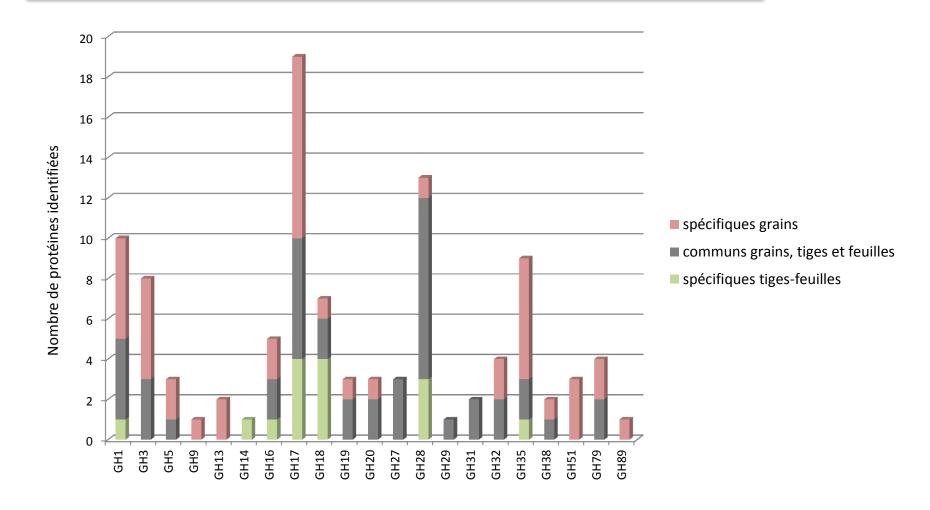


RT-PCR semi quantitative



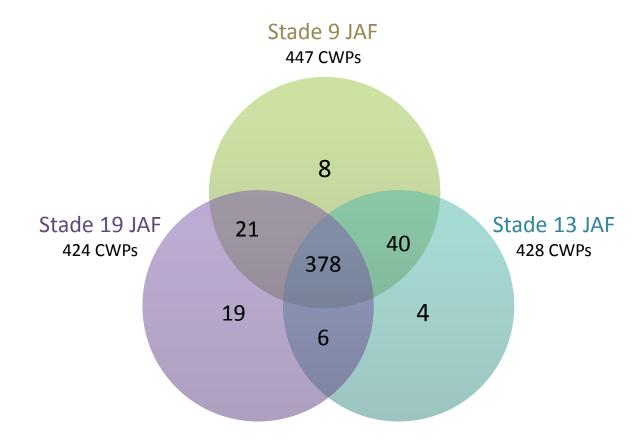


Comparaison des protéomes pariétaux de B. distachyon





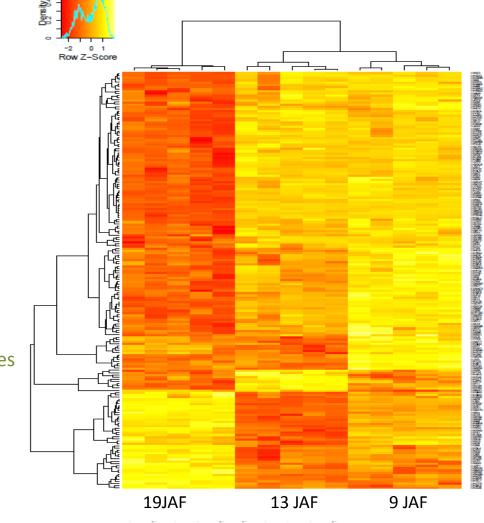
Distribution par stade de développement





→ 198 protéines dont l'expression est significativement différente aux 3 stades de développement

du grain



9 et 13 JAF : peu de variation des profils d'expression

19 JAF : beaucoup de protéines plus faiblement exprimées



En conclusion

- Identification de 476 protéines pariétales dans les grains de *B. distachyon,* à 3 stades de développement.
- 23% sont actives sur les polysaccharides pariétaux
- 252 protéines retrouvées uniquement dans protéome grain
- 224 protéines communes avec protéomes tiges/feuilles
- Enrichissement de la base de donnée WallprotDB: http://www.polebio.lrsv.ups-tlse.fr/WallProtDB/

- Protéome pariétal de *B. distachyon*: 566 protéines identifiées le plus conséquent des monocotylédones
- Analyse quantitative : 198 CWPs varient significativement entre les stades de développement du grain : lien avec la mise en place et le remodelage des parois ?
- Mieux comprendre les processus de réarrangement de la paroi par des approches de validations fonctionnelles



INRA Angers-Nantes

Colette Larré
Hélène Rogniaux
Kahina Merah
Marija Pavlovic
Virginie Lollier
Fabienne Guillon
Axelle Bouder
Camille Alvarado
Brigitte Bouchet
Séverine Ho-Yue-Kuang



LRSV Toulouse

Elisabeth Jamet Cécile Albenne Hélène San Clemente Laurent Hoffman









INRA Versailles

Richard Sibout Sébastien Anthelme



