



HAL
open science

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 R. Sibout, Helene H. Rogniaux-Bonaventure, Fabienne F. 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-02743785>

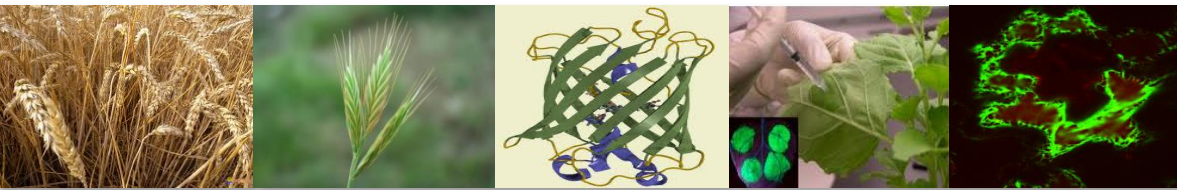
Submitted on 3 Jun 2020

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

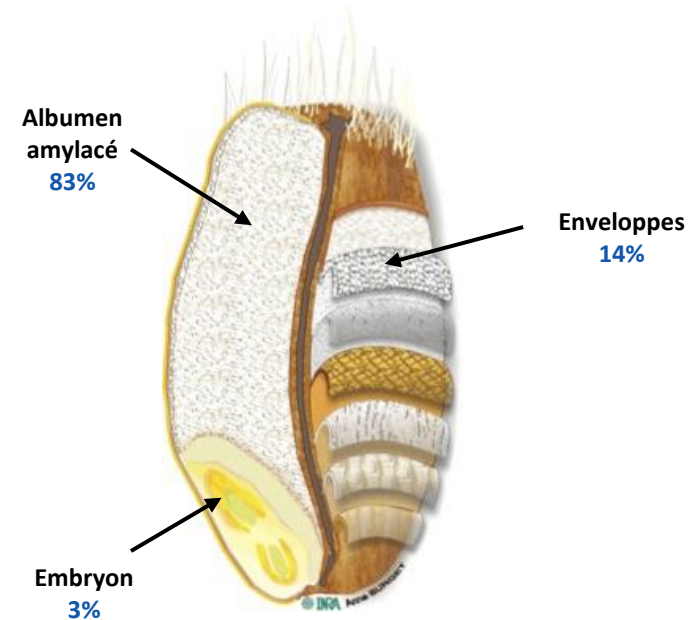


UR 1268 Biopolymères, Interactions, Assemblages (BIA)
Equipe Parois Végétales et Polysaccharides Pariétaux (PVPP)
Centre INRA Angers-Nantes

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

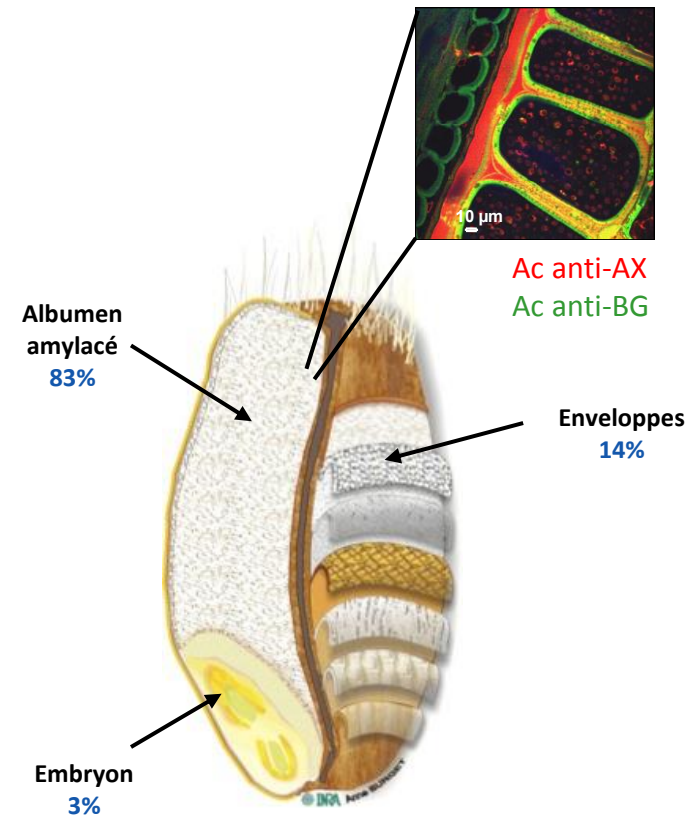
Les grains de céréales

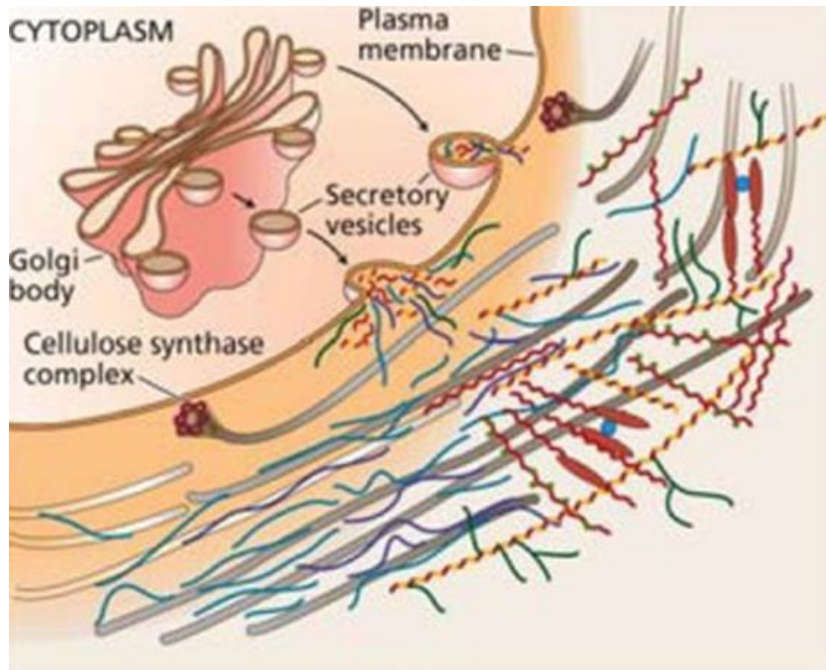
- Famille des poacées
- Source majeure de l'alimentation humaine et animale
- Consommées principalement sous forme de farine résultant du broyage des grains
- Le grain est composé de différents tissus :

T. aestivum*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*O. sativa*



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.

→ expansines

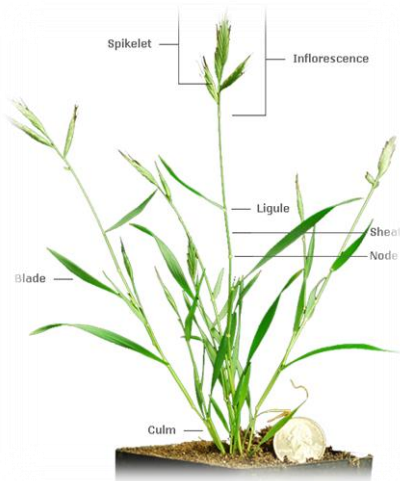
→ peroxydases

→ glycosylhydrolases

transglycosylases

hydrolases

→ ...



*Brachypodium
distachyon*
Bd21

Objectif :

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



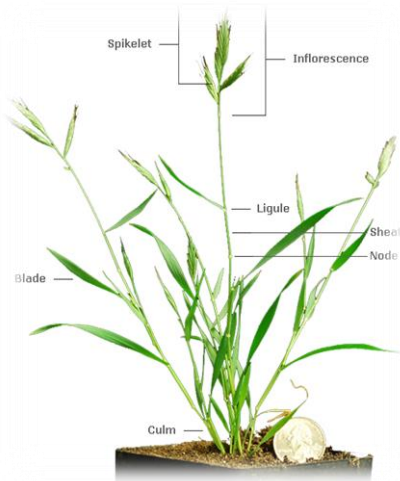
Fonction des parois

Développement du grain

Qualité d'usage du grain

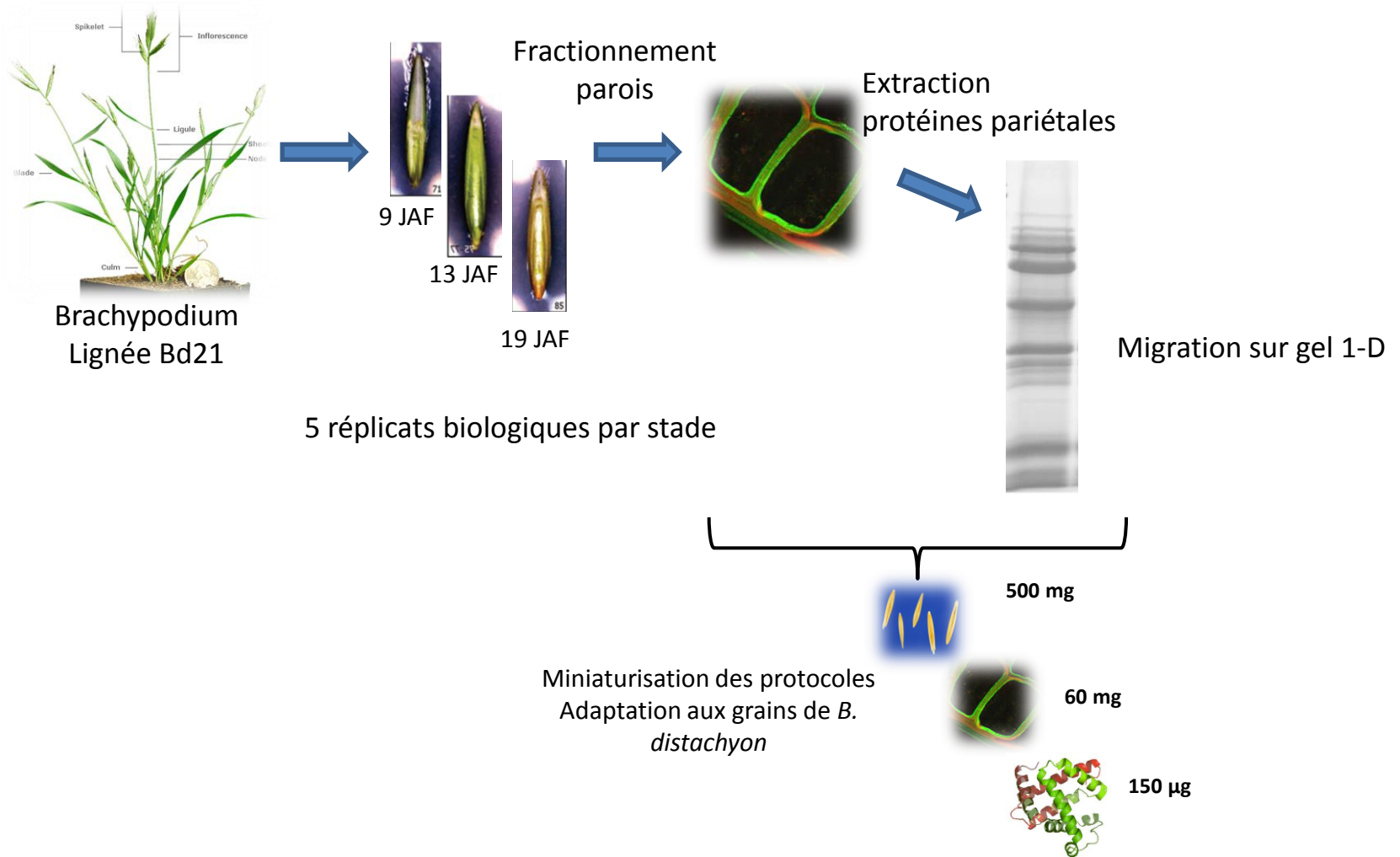


Approche de protéomique de la paroi des grains
de *Brachypodium distachyon*



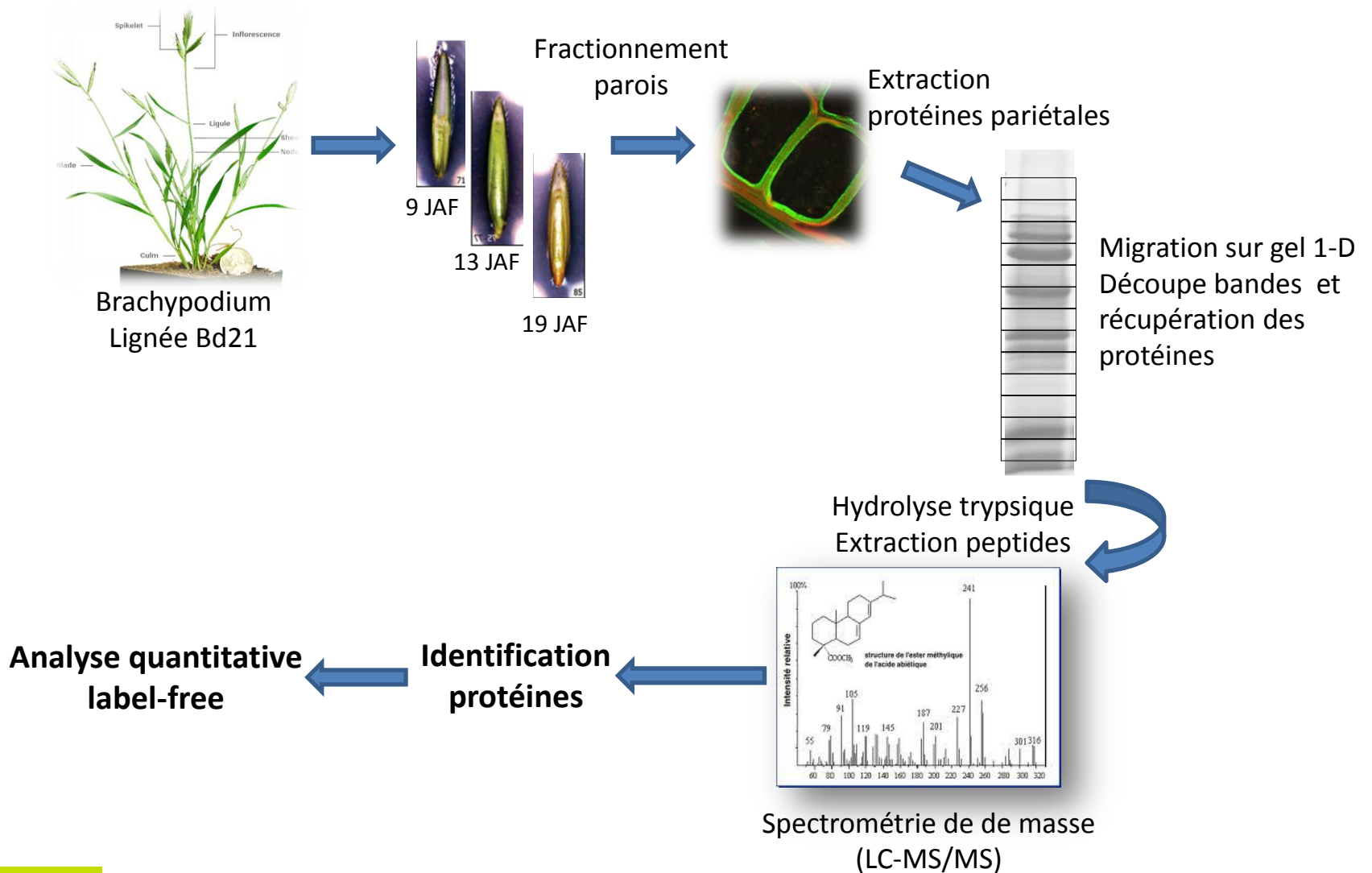
*Brachypodium
distachyon*
Bd21

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



5 réplicats biologiques par stade

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

Aux 3 stades

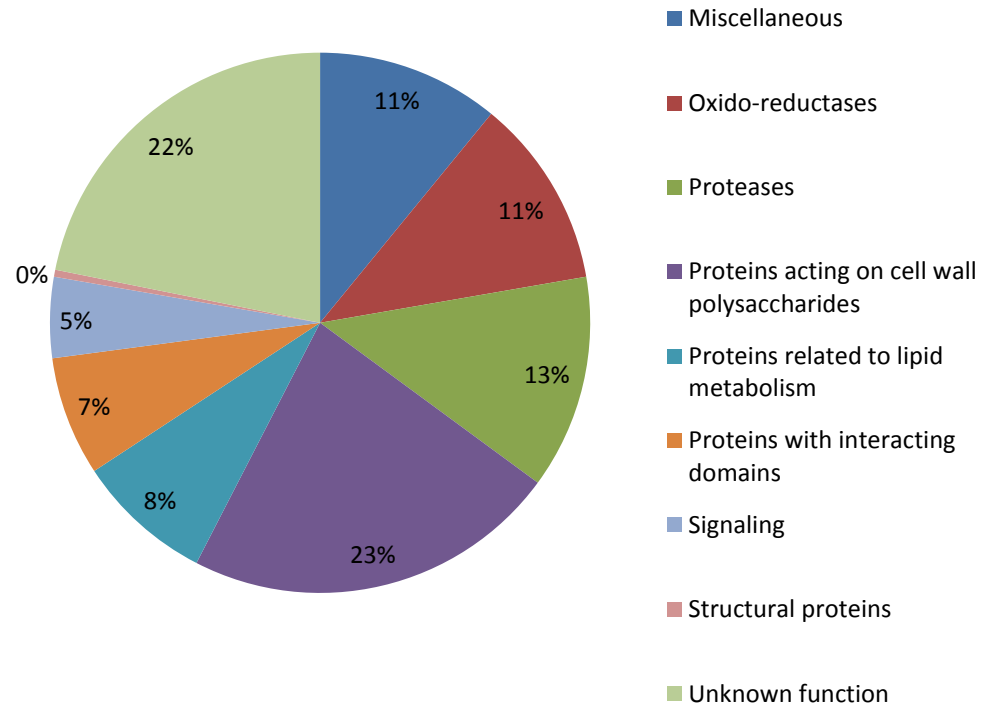
1184
protéines identifiées



Prédiction localisation subcellulaire



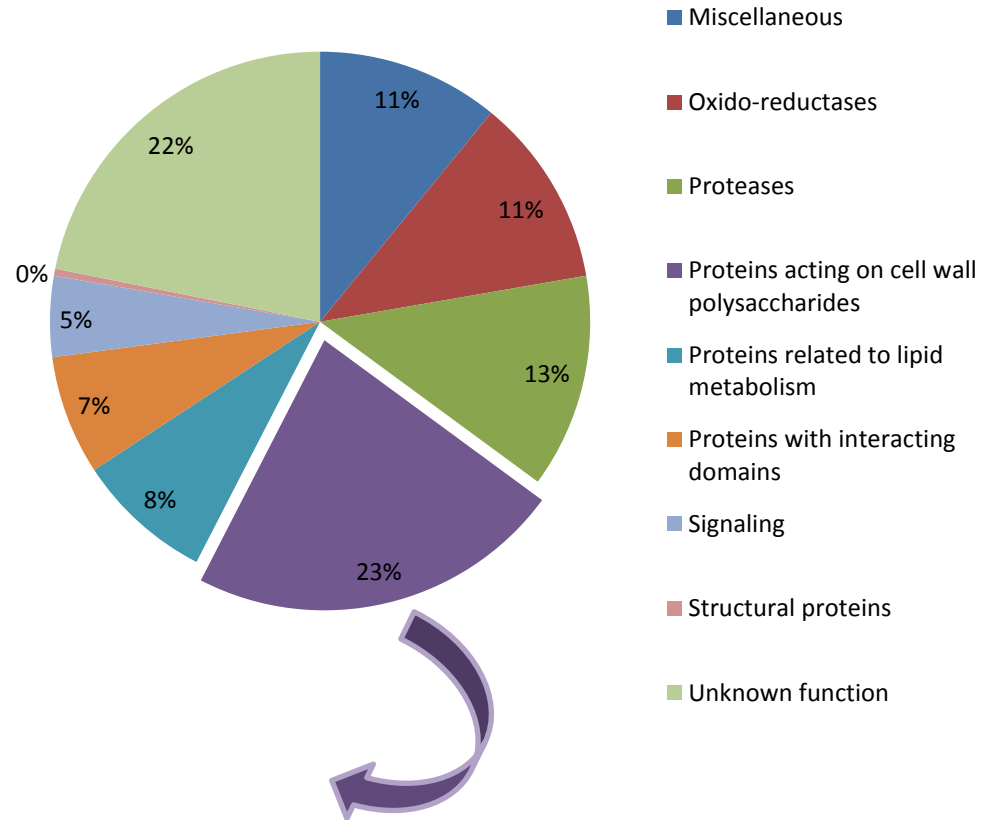
476 protéines prédites pariétales



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

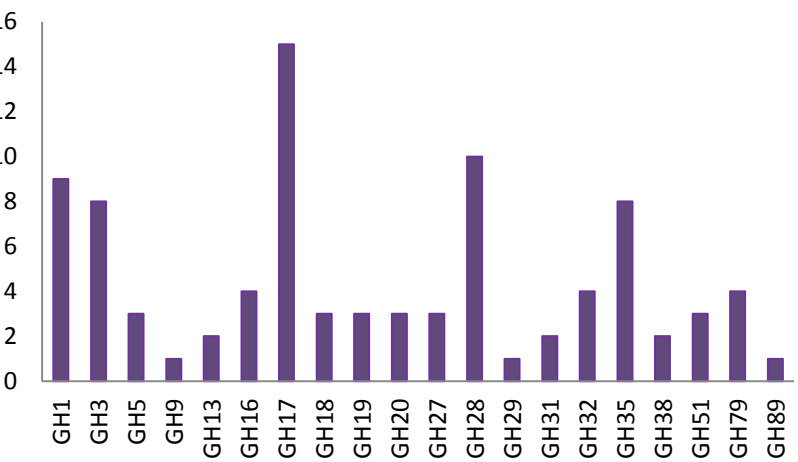
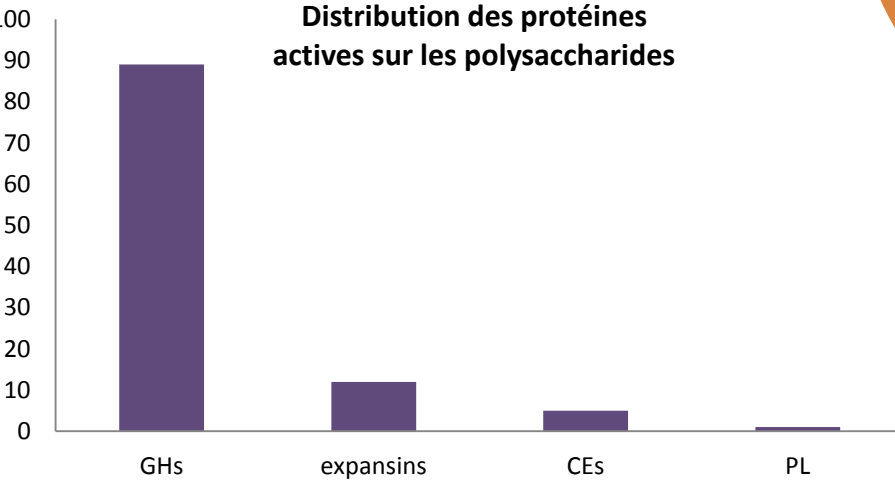
Protéomique de la paroi des grains de *B. distachyon*

Répartition par classes fonctionnelles

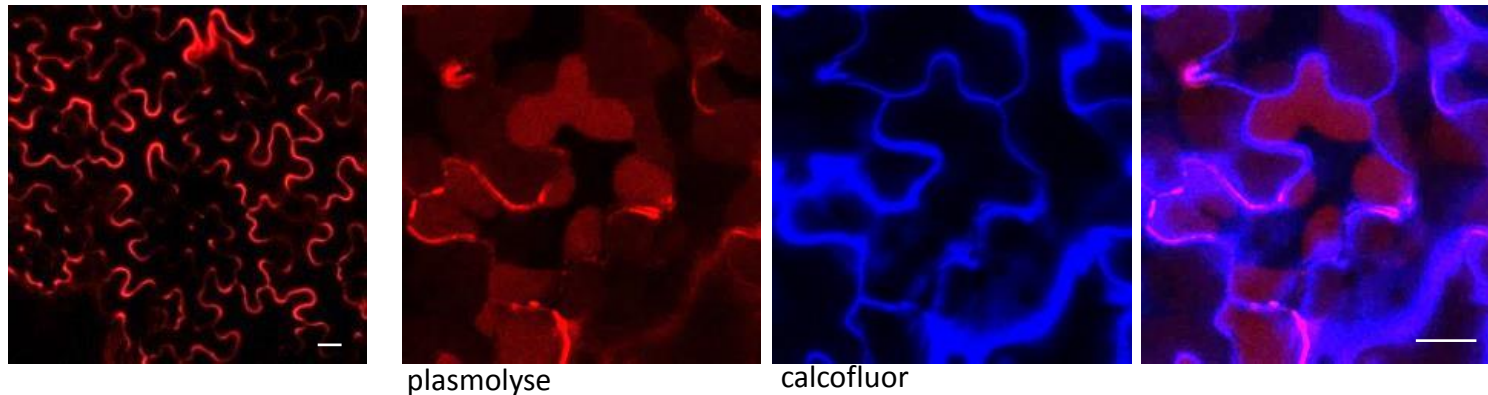


base de données **ProtAnnDB**
(San Clemente et al., 2009, *Bioinform Biol Insight* 3:15-28)

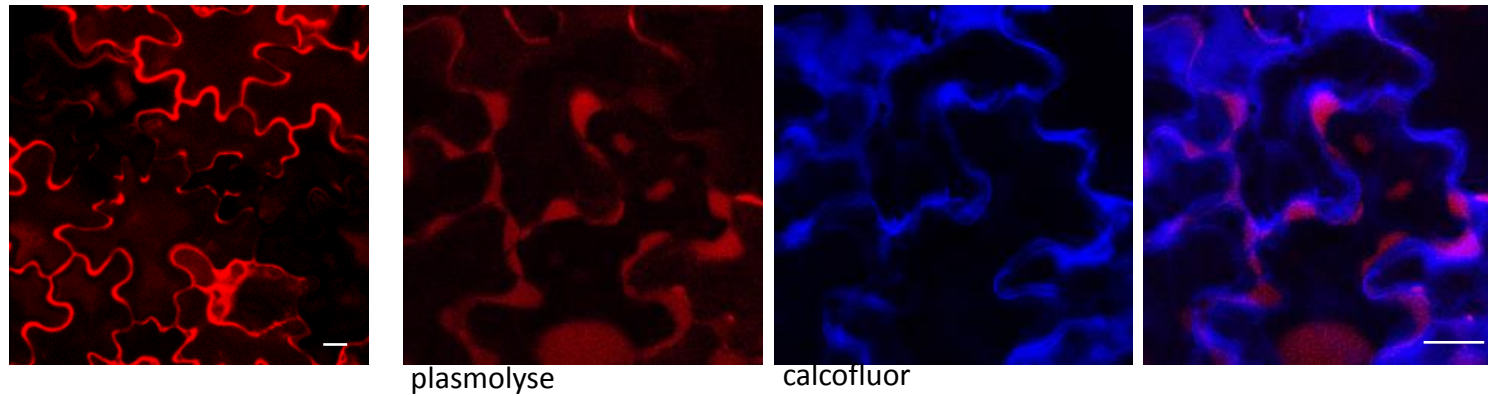
Distribution des protéines actives sur les polysaccharides



GH1 *Bradi1g10930*-mRFP

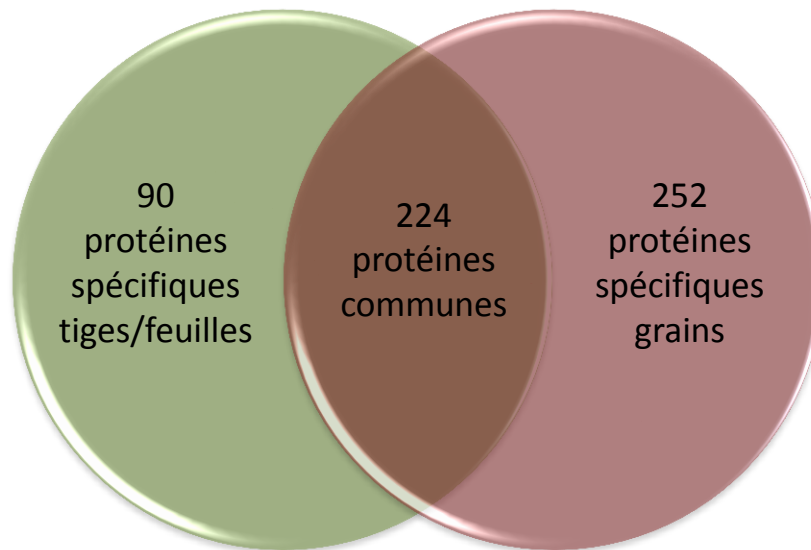


GH3 *Bradi1g08570*-mRFP

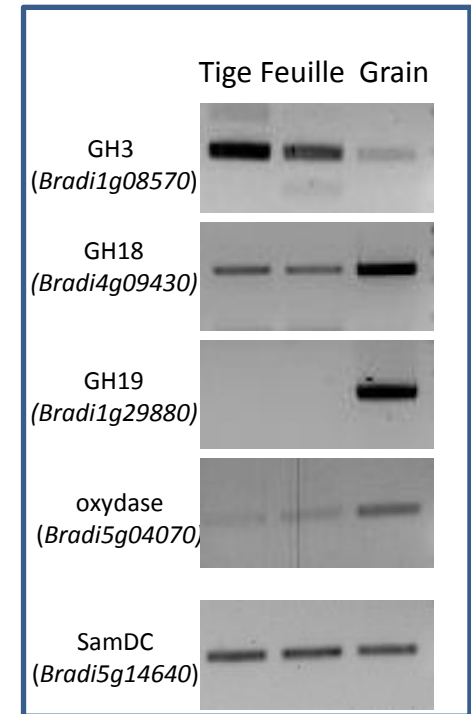


Francin-Allami et al., Proteomics, 2015

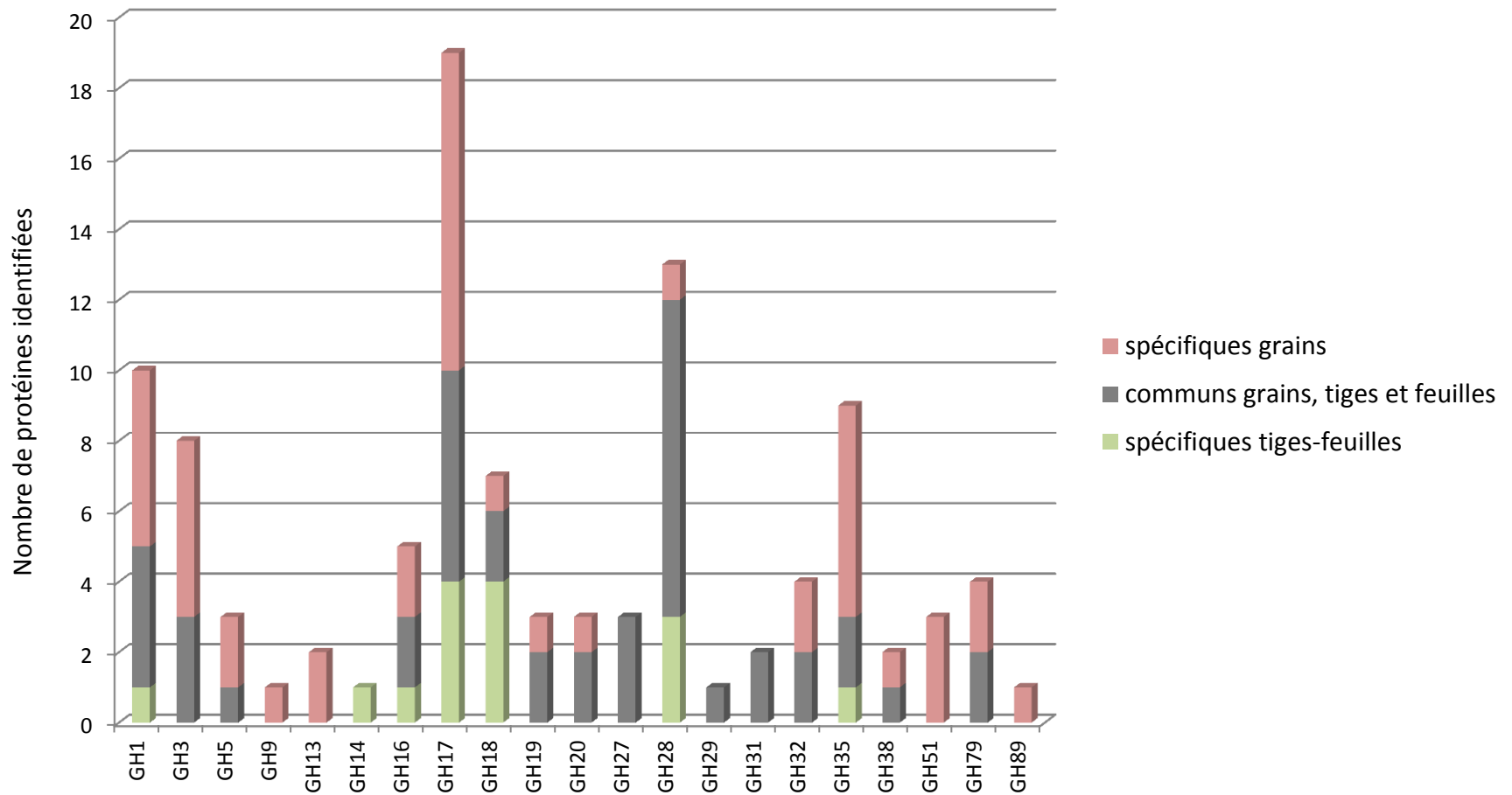
Protéome organes végétatifs *B. distachyon* : Douché et al., 2013



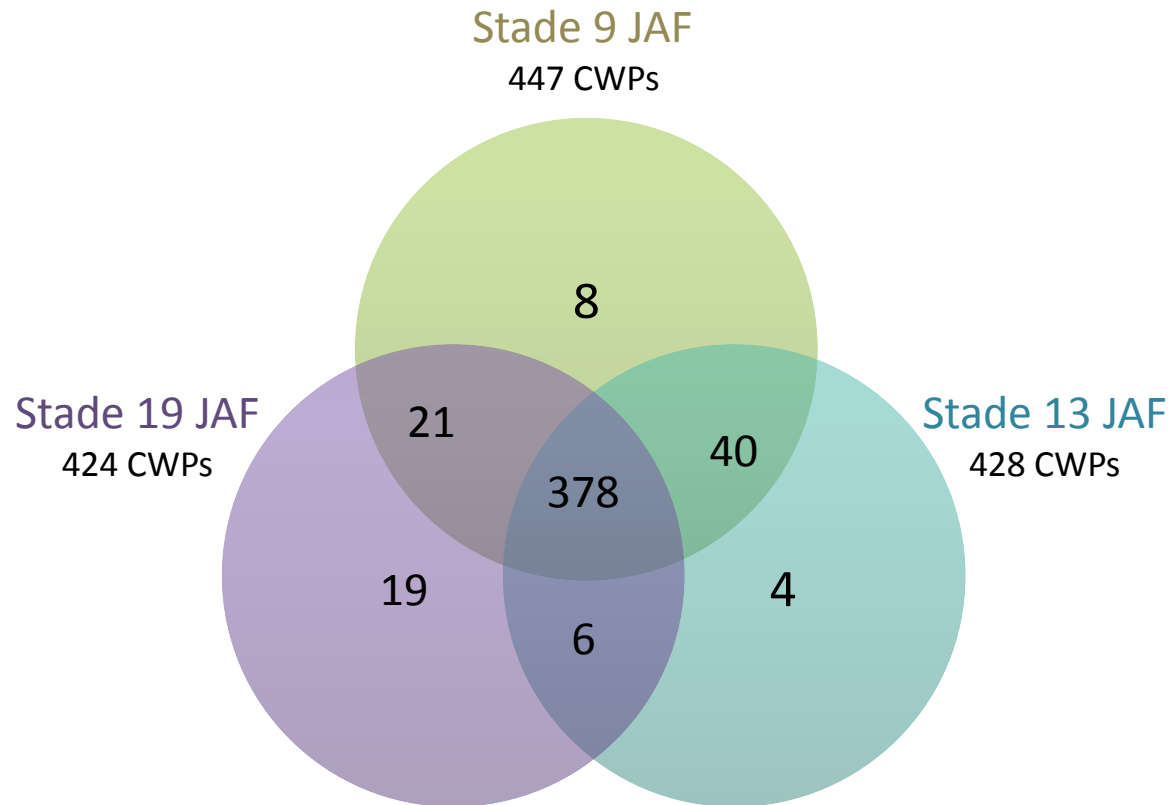
RT-PCR semi quantitative



Comparaison des protéomes pariétaux de *B.distachyon*

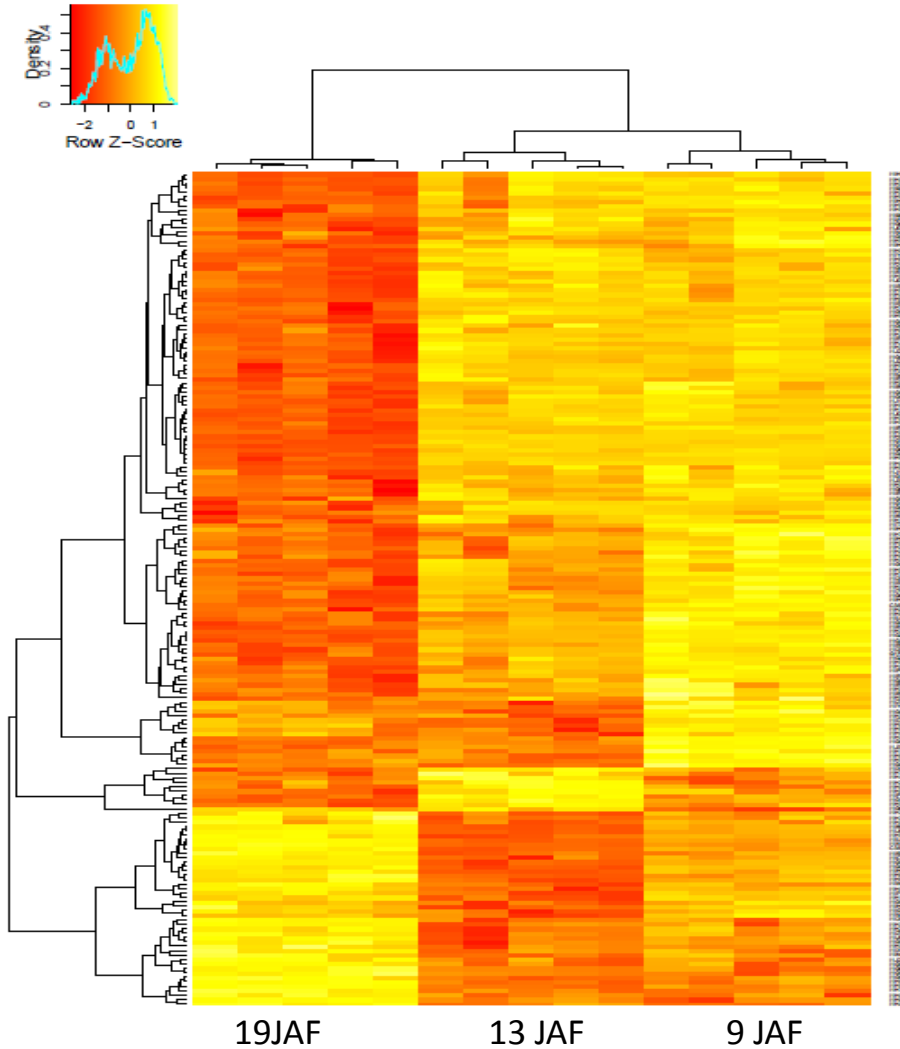


Distribution par stade de développement



Analyse quantitative

→ 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 CWP's 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

Remerciements

INRA Angers-Nantes

Colette Larré
Hélène Rogniaux
Kahina Merah
Marija Pavlovic
Virginie Lollier
Fabienne Guillon
Axelle Boudier
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

