

Résumé soutenance HDR

Génomique Fonctionnelle de l'Adaptation Métabolique des Végétaux aux Stress Environnementaux : Approches Métabolomiques

Par Raphaël LUGAN

L'essentiel de mes travaux a consisté à exploiter les approches métabolomiques pour étudier les fonctions physiologiques associées aux métabolites chez les végétaux. La métabolomique est une approche de chimie analytique apparue il y a une quinzaine d'années, consistant à quantifier de façon simultanée, exhaustive et non biaisée le contenu en métabolites d'un échantillon. La dimension "omique" de l'analyse implique la réalisation de profilages non-ciblés sur des séries d'échantillons issus de différentes modalités expérimentales, et de leur appliquer des traitements statistiques multivariés visant à identifier des biomarqueurs, c'est-à-dire des composés discriminant les échantillons en fonction des variables expérimentales contrôlées telles que l'origine ou le traitement des échantillons. La nature de l'échantillon peut être extrêmement variée : biofluide, extrait solvaté, milieu naturel (eau, air), substrat solide ; de même la signification du terme métabolite est très large et comprend des centaines de milliers de structures chimiques différentes : ce sont des composés de petite taille incluant tous les intermédiaires du métabolisme mais aussi les xénobiotiques issus de synthèse tels les polluants, les pesticides, etc. Cette diversité est largement responsable des défis techniques inhérents à la métabolomique et explique pourquoi elle fait toujours appel en pratique à des approches plus ou moins ciblées, le choix des techniques d'extraction et d'analyse étant crucial pour espérer aboutir à des résultats interprétables. Les approches exploratoires non-ciblées sont aussi souvent complétées par des séries d'analyses ciblées ou multi-ciblées permettant d'identifier ou de quantifier plus précisément les biomarqueurs.

Par-delà la résolution des problèmes techniques qui sont associés aux développements analytiques et au traitement particulier des données métabolomiques, mes efforts ont porté sur l'adaptation de stratégies de profilage aux questions scientifiques posées : recherche de marqueurs qualitatifs ; analyses quantitatives ; analyses de traces ; profils ciblés /non-ciblés ; identifications structurales...

Les résultats de recherches présentés concernent en premier lieu l'étude d'un mutant d'*Arabidopsis thaliana* permettant d'analyser les adaptations aux stress biotiques et abiotiques qui impliquent des modifications du métabolisme primaire. Des travaux seront également exposés intégrant des techniques de biologie moléculaire, de biochimie des protéines et des méthodes de profilage des petites molécules pour l'annotation fonctionnelle de gènes de la famille des cytochromes P450, dont le rôle est central dans de nombreux métabolismes secondaires : terpénols et iridoïdes liés à la production de terpènes alcaloïdes chez la pervenche de Madagascar, biosynthèse de phénolamides composant la paroi du pollen chez les Brassicaceae ou encore synthèse de phytohormones chez *Arabidopsis*. L'exposé sera conclu par une présentation des projets en cours et des perspectives offertes par la mise en place d'une plateforme locale, le Métaboscope.

Soutenance le 11 Octobre 2017 à 10h00 dans l'Amphithéâtre du Pôle Agrosciences

*Campus Jean Henri Fabre
301 rue Baruch de Spinoza, BP21239
84916 Avignon cedex 9 Université d'Avignon*