

# Etude génétique du métabolisme des acides gras et des terpènes aromatiques chez la levure en conditions fermentaires

Damien Steyer

Ce travail est une étude sur l'influence des mutations de gènes de la levure *Saccharomyces cerevisiae* sur la composition aromatique du vin. Pour évaluer cette influence deux approches ont été retenues, l'approche gène candidat et l'approche génétique dite QTL (quantitative trait locus). L'ensemble du travail s'est fait sur milieu synthétique.

## Approche gènes candidats

Grâce à l'utilisation de souches délétées de la collection EUROSCARF, nous avons montré que :

- le gène *EEB1* joue un rôle clé dans la détoxification de l'acide décanoïque lors de la fermentation et que son origine allélique explique la forte teneur en éthyl décanoate (odeur de pomme verte) dans les moûts fermentés avec une souche œnologique;
- la teneur en géraniol (terpénol à l'arôme de lychee, marqueur du Gewurztraminer) dans le vin est influencée par la levure durant la fermentation, par deux voies :
  - i) une réduction du géraniol en citronellol contrôlée par le gène *OYE2* (Old Yellow Enzyme);
  - ii) une estérification du géraniol, du nérol (son isomère) et du citronellol par les gènes *ATF1* ou *ATF2* (Acyl Transférase 1 ou 2) ce qui diminue la teneur des terpénols au profit des esters correspondant.

## Approche QTL

L'UMR SPO de l'INRA de Montpellier a généré des souches de levures issues du croisement de deux parents dont les génomes sont connus, une souche œnologique (59a) et une souche de laboratoire (S288c). La carte génétique de chaque ségrégant a été obtenue grâce à l'utilisation de puce CGH (Comparative Genome Hybridization). Après fermentation de chacun des ségrégants, les surnageants ont été analysés par Stir Bar Sorptive Extraction Gas Chromatography Mass Spectrometry (SBSE-GC-MS) et 45 composés volatils ont été semi-quantifiés. L'ensemble de ces données, génétiques et phénotypiques, a permis de faire une recherche de QTL métabolites (dit mQTL) pour chacun des composés. Nous avons trouvé 23 mQTL. Notre travail s'est concentré sur les 4 mQTL les plus pertinents et nous avons identifié 4 gènes candidats (un par mQTL étudié). Nous avons ainsi montré que :

- l'origine allélique du gène *PDR8* (facteur de transcription) contrôle la production de nérolidol (arômes floral et citronné) et que parmi les 16 gènes cibles connus de ce facteur, 4 sont impliqués dans cette production, les gènes *GPH1* (glycogène phosphorylase), *QDR2*, *PDR15* (transporteur ABC) et *YMR315w*;
- l'origine allélique du gène *ABZI* (paraminobenzoate synthase) contrôle la production de 2-phényl -éthanol/-acétate;
- la délétion du gène *PLB2* (lysophospholipase B) conduit à une hausse de 63% de la production d'acide décanoïque (odeur de chèvre) et une baisse de 70% de la production d'éthyl décanoate et 35% d'éthyl octanoate (odeur d'ananas);
- la délétion du gène *CEMI* (impliqué dans la synthèse mitochondriale d'acides gras) conduit une hausse de 20% de la production d'acide octanoïque (odeur rance, odeur de chèvre) et décanoïque (odeur de chèvre) et 50% de la production d'éthyl octanoate (odeur d'ananas) et décanoate.

Grâce à la connaissance des voies et des gènes impliqués dans le métabolisme du géraniol il est possible d'envisager un meilleur contrôle de la fermentation œnologique sur l'ensemble des terpénols.

L'influence de l'origine allélique de certains gènes sur la production de molécules volatiles (esters, acides gras, alcools supérieurs, sesquiterpénols) dans le vin permet d'envisager une meilleure sélection des souches œnologiques ainsi que des études métaboliques des voies de production identifiées dans ce travail.