



METAFLUX

Réponses métaboliques du maïs aux contraintes environnementales ou sélectives

© M. Semery & C. Dillmann

METAFLUX

OBJECTIF

Développer un outil de prédiction des réponses métaboliques de la feuille de maïs à des contraintes

CONTEXTE

Nous disposons d'un jeu de données de protéomes de la feuille de maïs obtenus sur un panel de 254 hybrides de maïs dans deux conditions hydriques, d'un modèle métabolique à l'échelle du génome et avons récemment développé un outil de prédiction des flux métaboliques à partir de données protéomiques.

PERSPECTIVES DE VALORISATION POUR LES PARTENAIRES

Le panel d'outils développés sera directement utilisables par les partenaires pour accélérer le progrès génétique dans un contexte d'une demande variétale plus diversifiée : en particulier, une méthode permettant de détecter les voies métaboliques impliqués dans des variations de flux en réponse aux changements environnementaux et proposer des biomarqueurs, et un simulateur de schéma de sélection prenant explicitement en compte la structure du réseau métabolique pour optimiser les flux.



CONTACT PARTENARIAL

plant2pro@instituts-carnots.fr

CONTACTS
SCIENTIFIQUES

Maela SEMERY
UMR GQE-Le Moulon - INRAE
maela.semery@universite-paris-saclay.fr



&



Christine DILLMANN
UMR GQE-Le Moulon - INRAE
christine.dillmann@universite-paris-saclay.fr