Evaluation de la teneur en flavonoïdes-C-glycosylés exprimé dans les soies de maïs

par couplage UHPLC/MRM

Laëtitia Fougère1, \*, Béatrice Rhino2, 3, Emilie Destandau1, Claire Elfakir1  
1. Univ Orléans et le CNRS, CIAB, UMR 7311, F-45067 Orléans, France.  
2. CIRAD, UPR HortSys, F-97285 Le Lamentin, Martinique, France.  
3. CAEC, Lamentin, Martinique, France  
\* [laetitia.fougere@univ-orleans.fr](mailto:laetitia.fougere@univ-orleans.fr)

Aux Antilles, une étude est en cours pour utiliser du maïs doux comme plante piège de l’*Helicoverpa Zea*, insecte ravageur de plants de tomate. Dans ce contexte, un travail a été mené pour évaluer dans quelles mesures, la composition moléculaire en flavonoïdes des soies de maïs doux pourrait être en lien avec la résistance aux ravageurs observée pour certaines variétés. Ces résultats pourraient alors apporter un support d’aide à la sélection des variétés de maïs les plus efficaces.

La méthodologie analytique à mettre en œuvre a nécessité tout d’abord de réaliser une extraction sélective des flavonoïdes sur une petite quantité de soies de maïs. Une extraction assistée par micro-ondes a été développée dans un mélange Eau/EtOH sur 200mg d’échantillon. Puis une étude de fragmentation de standards de flavonoïdes C et O-glycosylés et des différents extraits a été menée par UHPLC/MS². Cette étude met en évidence des pertes unitaires de 60, 90, 120 Da pour les molécules C-glycosylées et de 132, 146, 162 Da pour les O-glycosylées qui permettent de distinguer ces deux sous-familles1. De plus, l'intensité des fragments permet de connaître la position de deux sucres sur la génine substituée en C-6 et C-8 2-3. Ainsi, 15 molécules C-glycosylées et 7 O-glycosylées ont pu être caractérisées dans les soies de maïs. À partir de cette étude de fragmentation, des transitions spécifiques ont été choisies pour réaliser une quantification relative. Dans les extraits, il y a beaucoup d'isomères, par exemple, la transition commune (593 → 473) permet de mettre en évidence 4 molécules isomères avec un ion commun à *m/z* 593 tandis que les transitions spécifiques (593 → 429; 593 → 411; 593 → 413; 593 → 353) permettent de les distinguer. Dans ces conditions, on peut différencier et quantifier un chrysoeriol-C-hexose-C-pentose, d’une lutéoline-C-hexose-O-désoxyhexose. Le couplage UHPLC/MRM montre que les 22 molécules identifiées se retrouvent dans toutes les variétés, mais à des teneurs variables.

Un traitement statistique de toutes ces données a ensuite été entrepris pour évaluer s’il y avait des différences significatives entre les variétés. L'étude a été réalisée sur 5 variétés de maïs (Java; Garrison; Sugar Jean; Nova; et Golden Bantam) comprenant 3 individus par variété et chaque échantillon a été analysé 3 fois. L'analyse statistique de la concentration en flavonoïdes dans les différents échantillons a permis de mettre en évidence que la variété Java se distingue de toutes les autres variétés. Ce résultat est en bonne adéquation avec les observations de terrain, qui montrent que le développement des larves est significativement plus faible dans la variété Java. L’analyse statistique montre aussi que cette différence est liée à la teneur de 7 molécules. Parmi ces molécules, on trouve la maysine et la méthoxymaysine, qui sont des molécules décrites dans la littérature comme inhibitrices de la croissance des larves de *H. Zea*. A partir de la méthode UHPLC/MRM développée, il est ainsi possible de quantifier les flavonoïdes dans les soies de maïs et de différencier chaque variété grâce à son empreinte chromatographique.

1. Ferreres F. et al, *J. Chromatogr. A* **1161,** 214–223 (2007).

2. Waridel P. et al*,* *J. Chromatogr. A* **926,** 29–41 (2001).

3. Abad-García B.et al, *Rapid Commun. Mass Spectrom. RCM* **22,** 1834–1842 (2008).