Isolation and First Characterization of Two O-Methyltransferase Genes Involved in Phenylpropanoid Pathway in *Coffea canephora*

N. CHABRILLANGE, P. TALAMOND, C. MOREAU, L. LE GAL, M. BOURGEOIS, S. HAMON, M. NOIROT, A. DE KOCHKO AND C. CAMPA

IRD, Génomique et Qualité du Café, UMR 1097 DGPC, BP64501, 343094 Montpellier Cedex 5, France

SUMMARY

The phenylpropanoid pathway plays an important role in plant secondary metabolism as it leads to the synthesis of a great variety of phenolic compounds, such as flavonoids, coumarins, or lignin. This pathway plays a particular role in coffee, especially in *Coffea canephora* where high levels of cinnamic esters were found in green beans. These compounds are involved in the determination of the coffee cup quality. Several O-methyltransferases intervene in this pathway and participate to the lignin biosynthesis. Two full length cDNA clones corresponding to genes encoding S Adenosyl Methionine (SAM) dependent O-Methyltranferases were isolated from *C. canephora* cDNA libraries. The first cDNA contained an open reading frame encoding a 350 amino acid protein. A blastx search showed that this protein belongs to the Methyltransferase II family and more precisely, that it was 85 % identical to the Caffeic acid O-Methyltransferase (COMT) from *Catharanthus roseus*. The second cDNA's ORF encoded a 247 amino acid peptide belonging to the Methyltransferase III family. This protein presented 89 % identity with the Caffeoyl CoA O-Methyltransferase (CCoAOMT) from *Betula platyphylla*. These results showed that the *Coffea canephora* genome contains at least one gene for each of these two types of structurally and functionally different OMTs involved in the phenylpropanoid pathway by performing the methylation of caffeic acid or caffeoyl-CoA Interestingly, in two EST *C. canephora* libraries, from young leaves and fruits, representing over 5 000 unigenes, only 1 CCoAOMT cluster was found but not a single EST for COMT.

RÉSUMÉ

La voie des phénylpropanoïdes joue un rôle important dans le métabolisme secondaire des plantes conduisant à la synthèse d'une grande variété de composés phénoliques, tels que des flavonoïdes, des coumarines, ou de la lignine. Cette voie joue un rôle particulier chez les caféiers, particulièrement chez *Coffea canephora* où des niveaux élevés d'esters d'acide cinnamique ont été trouvés dans les grains verts. Ces composés sont impliqués dans la détermination de la qualité de tasse du café boisson. Plusieurs O-methyltransferases interviennent dans cette voie et participent à la biosynthèse de lignine. Deux ADNc pleine longueur correspondants aux gènes codant pour des O-Methyltranferases-S Adenosyl Méthionine (SAM) dépendantes ont été isolées dans banques d'ADNc de *C. canephora.* Le premier ADNc possède un cadre ouvert de lecture codant une protéine de 350 acides aminés. Une recherche par Blastx a montré que cette protéine appartenait à la famille des Méthyltransférases II et qu'elle était à 85% identique à la «Caffeic acid O-Methyltransferase» (COMT) de *Catharanthus roseus*. Le deuxième ADNc code pour un peptide de 247 acides aminés appartenant à la famille des Méthyltransférases III. Cette protéine a présenté 89%

d'identité avec la «Caffeoyl CoA O-Methyltransferase» (CCoAOMT) de *Betulla platyphylla*. Ces résultats ont montré que le génome de *Coffea canephora* contient au moins un gène de chacune des deux OMTs différemment impliquées dans la voie des phénylpropanoïdes, en méthylant soit l'acide caféique soit le caffeoyl-CoA. Il est intéressant de noter que dans les 2 banques EST de *C. canephora* réalisées à partir de jeunes feuilles et de fruits, représentants plus de 5 000 unigènes, seulement 1 EST a été trouvé pour la CCoAOMT et aucun pour la COMT.