****

**Figure 1**. Biosynthetic pathway of ursolic acid and oleanolic

acid in engineered Saccharomyces

cerevisiae.

Truncated 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A

reductase (tHMG1), farnesyl diphosphate synthetase

(ERG20), squalene monooxygenase (ERG1), multifunctional

amyrin synthase from Catharanthus roseus

(CrMAS), amyrin C-28 oxidase from Medicago truncatula

(MtOAS), and cytochrome P450 reductase from Arabidopsis

thaliana (AtCPR1) were overexpressed in

S. cerevisiae. IPP, isopentenyl pyrophosphate; DMAPP,

dimethylallyl pyrophosphate; FPP, farnesyl diphosphate.

**Voie de biosynthèse des composés en question par une souche de levure améliorée génétiquement.**

**Les gènes responsables de la synthèse de UA et OA sont récupérés de différentes sources. :**

**Exemple** cytochrome P450 reductase from Arabidopsis

thaliana (AtCPR1). *Arabidopsis thaliana* étant une espèce de plantes. Voir photo

Le gène CrMAS à partir d’une autre plante *Cataranthus roseus*( photo à côté d’Arabidopsis)

 

*Cataranthus roseus Arabidopsis thaliana*

***Fig.3 Vecteur d’expression dans la levure***

**

**F**

**Figure 4**

4ème ligne de ce schéma : exple de clonage du gène *CrMAS* responsable de la synthèse de α -amyrin précurseur de ursolic Acid dans la levure.

On voit la présence de GAL 1p qui signifie le promoteur qui permet l’expression dans la levure.

*CYC* signal de terminaison de la transcription dans la levure.