



HAL
open science

Analyse du transcriptome du champignon *Magnaporthe oryzae* et d'une bactérie du genre *Burkholderia* mis en confrontation in vitro

Abdillah Mohamed, Elisabeth E. Fournier, Sandrine Cros-Arteil, Sébastien Ravel

► To cite this version:

Abdillah Mohamed, Elisabeth E. Fournier, Sandrine Cros-Arteil, Sébastien Ravel. Analyse du transcriptome du champignon *Magnaporthe oryzae* et d'une bactérie du genre *Burkholderia* mis en confrontation in vitro. 8. edition of the Printemps de Baillarguet, Jun 2016, Montferrier-Sur-Lez, France. 68 p. hal-02739504

HAL Id: hal-02739504

<https://hal.inrae.fr/hal-02739504>

Submitted on 2 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Analyse du transcriptome du champignon *Magnaporthe oryzae* et d'une bactérie du genre *Burkholderia* mis en confrontation *in vitro*

Abdillah MOHAMED^{1,*}, Elisabeth FOURNIER¹, Sandrine CROS-ARTEIL¹, Sébastien RAVEL¹

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

* Corresponding author : abdillah.mohamed@etu.umontpellier.fr

Abstract La plante héberge de nombreux microorganismes commensaux ou pathogènes, au niveau de la phyllosphère ou de la rhizosphère. Ces microorganismes interagissent avec la plante mais aussi entre eux. Les interactions négatives entre micro-organismes, ou antibiose, pourraient être utilisées en lutte biologique. Différents mécanismes d'action chez des bactéries capables d'inhiber la croissance de champignons ont été décrits, soit directs (sécrétion d'antibiotiques, d'enzymes extracellulaires ou d'autres molécules antifongiques), soit indirects (compétition interspécifique pour les nutriments, induction d'une résistance systémique). Ce projet vise à étudier, par une approche de co-transcriptome, l'action antagoniste (démontrée *in vitro*) de la bactérie *Burkholderia gladiolii* (Bg) régulièrement trouvée dans la phyllosphère du riz, sur le champignon phytopathogène *Magnaporthe oryzae* (Mo) responsable de la pyriculariose du riz. Nous avons extrait les ARN totaux de Mo et de Bg après 3 jours de confrontation en boîte de Pétri, en comparaison de situations témoins (cultures seules des deux organismes). Ces transcriptomes vont être séquencés avec la technique RNAseq. Nous allons comparer le transcriptome de chaque condition (témoin et confrontation). Ceci nous permettra de déterminer les gènes bactériens différentiellement exprimés au cours de l'antibiose. Les candidats possibles incluent les systèmes de sécrétion, les voies de synthèse des enzymes chitinolytiques, ou du métabolisme secondaire. Nous déterminerons également les gènes fongiques impliqués dans la perception et la réponse à la présence de la bactérie. Les candidats possibles incluent les gènes du métabolisme des glucides, de la réponse au stress, des oxydoréductases, les gènes impliqués dans la reconnaissance du soi, et des cascades de signalisation des champignons. Les résultats de ce travail pourront contribuer à l'élaboration de méthodes de biocontrôle pour aider à réduire l'utilisation des produits phytosanitaires sur le riz.

Keywords : Champignon phytopathogène, bactérie antagoniste, RNAseq, riz, lutte biologique