



HAL
open science

Diversité génétique et fonctionnelle des molécules homologues de PA1b chez l'espèce modèle des légumineuses *Medicago Truncatula*

Lamis Karaki, Pedro da Silva, Frederic Gressent, Yvan Rahbé, Corinne Royer, Francine Rizk

► To cite this version:

Lamis Karaki, Pedro da Silva, Frederic Gressent, Yvan Rahbé, Corinne Royer, et al.. Diversité génétique et fonctionnelle des molécules homologues de PA1b chez l'espèce modèle des légumineuses *Medicago Truncatula*. 20. LAAS International Science Conference Advanced Research for Better Tomorrow, Mar 2014, Beyrouth, Liban. 2014. hal-02741890

HAL Id: hal-02741890

<https://hal.inrae.fr/hal-02741890>

Submitted on 3 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.

Diversité génétique et fonctionnelle des molécules homologues de PA1b chez l'espèce modèle des légumineuses *Medicago truncatula*

Lamis KARAKI^{1,2}, Pedro Da Silva¹, Frédéric Gressent¹, Yvan Rahbe¹, Corinne Royer¹ et Francine Rizk².

1 Université de Lyon, INRA, INSA-Lyon, UMR203 BF2I, Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions, Bat. Louis-Pasteur 20 ave. Albert-Einstein, F-69621 Villeurbanne, France.

2 Equipe physiopathologies cellulaires et moléculaires, EDST, Université Libanaise, Liban

Karakilamis@gmail.com; pedro.da-silva@insa-lyon.fr; frederic.gressent@insa-lyon.fr; yvan.rahbe@insa-lyon.fr; Corinne.Royer@lyon.inra.fr; francinerizk@gmail.com;

Les peptides Albumines 1 b sont des membres de la famille structurale des knottines et présentent un potentiel intéressant en tant que composés insecticides. À ce jour, leur diversité parmi les Fabacées a été essentiellement étudiée en utilisant des approches biochimiques et moléculaires. Les ressources bioinformatiques (le séquençage complet du génome, les bases de données transcriptomiques (EST...), les atlas d'expression...) de l'espèce modèle des légumineuses, *Medicago truncatula* Gaertn. (*Mtr*), nous a permis de développer une approche génomique de cette biodiversité. Deux objectifs principaux nous ont guidé à : 1) déchiffrer l'histoire évolutive de la famille A1 dans cette espèce et 2) explorer de la biodiversité naturelle afin de découvrir de nouvelles molécules bioactives. L'exploration du génome de *Mtr* a révélé une remarquable expansion, à travers des duplications en tandem, des loci A1 qui retiennent presque toute la même structure génique canonique (2 exons et 1 intron). L'analyse phylogénétique nous a permis de comprendre l'évolution des gènes A1 intraspecific et l'analyse de leur expression (EST, puces à ADN), et a révélé la distribution de la famille des gènes A1 dans les organes de la plante (tissus) : Cette dernière s'est révélée bien plus diverse que celle connue chez les autres espèces examinées de légumineuses, où la famille était jusque-là principalement graine-spécifique. Selon plusieurs critères, certains peptides ont été sélectionnés puis chimiquement synthétisés et repliés *in vitro* et testés pour leur activité biologique. Parmi eux, un peptide, nommé AG41, isoforme MtrA1013 et issu de l'EST orpheline TA24778_3880, a révélé un pouvoir insecticide élevé et inattendu. L'analyse à grande échelle en présence d'homologues d'A1 des légumineuses a montré l'ancestralité de la fonction insecticide et l'âge de la famille est estimé à plus de 58 million d'années.