



**HAL**  
open science

## Séquestration d'un virus par une protéine de plante ciblant un domaine protéique essentiel au mouvement des polérovirus

Sylvaine Boissinot, Caren Rodriguez-Medina, Sophie Chapuis, Dalya Gereige, Maryam Rastegar, Monique Erdinger, Frederic Revers, Véronique Ziegler-Graff, Véronique Brault

### ► To cite this version:

Sylvaine Boissinot, Caren Rodriguez-Medina, Sophie Chapuis, Dalya Gereige, Maryam Rastegar, et al.. Séquestration d'un virus par une protéine de plante ciblant un domaine protéique essentiel au mouvement des polérovirus. 9. colloque de la Société Française de Phytopathologie, Jun 2015, Colmar, France. 2015. hal-02742298

**HAL Id: hal-02742298**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02742298v1>**

Submitted on 3 Jun 2020

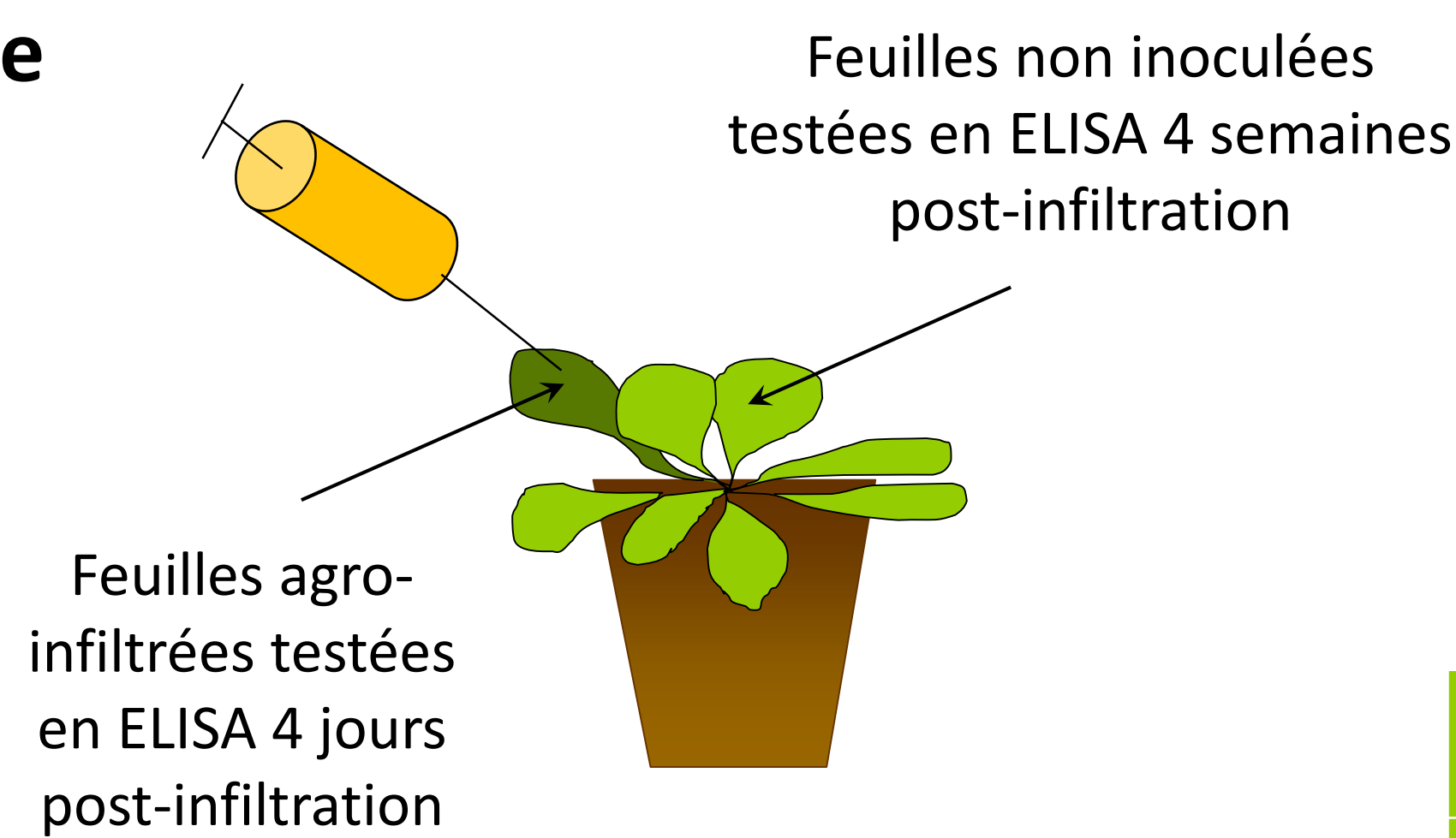
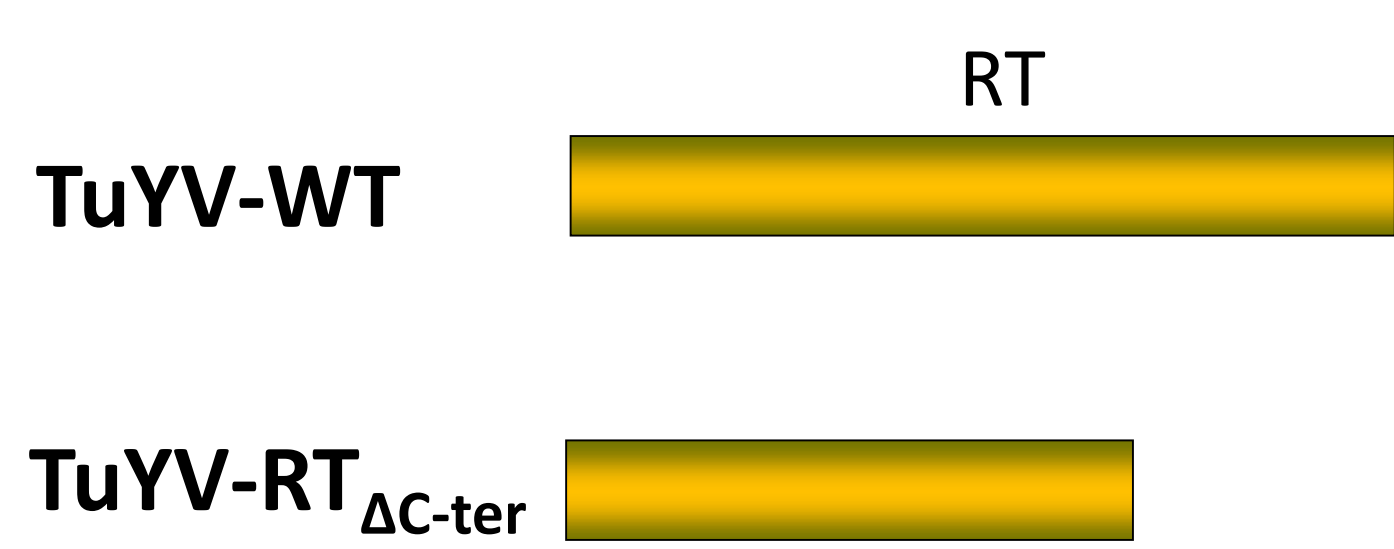
**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

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.

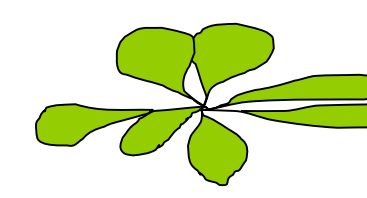
Les polérovirus sont des phytovirus qui infectent un très grand nombre de plantes cultivées (betteraves, colza, céréales, pommes de terre, cucurbitacées...) et sont responsables de pertes économiques importantes. Ils sont exclusivement transmis par puceron et ont la particularité d'être restreints aux cellules du phloème de la plante hôte. Dans cette étude nous avons analysé le rôle du domaine C-terminal de la protéine mineure de la capsid (protéine RT) du virus responsable de la jaunisse du navet (ou TuYV pour *Turnip yellows virus*) et avons identifié, par la technique du double hybride dans la levure, un partenaire potentiel du domaine C-terminal de la RT. Cette kinase limiterait la sortie du virus des cellules infectées.

## Rôle du domaine C-terminal de la RT dans le mouvement à longue distance du TuYV Etude du comportement dans les plantes d'un virus mutant dépourvu de ce domaine

### Mutant du TuYV n'exprimant pas le domaine C-terminal de la RT



Le TuYV-RT $\Delta$ C-ter s'accumule de manière similaire dans les feuilles agro-infiltrées (test ELISA)



### Accumulation du TuYV-RT $\Delta$ C-ter dans les feuilles non inoculées

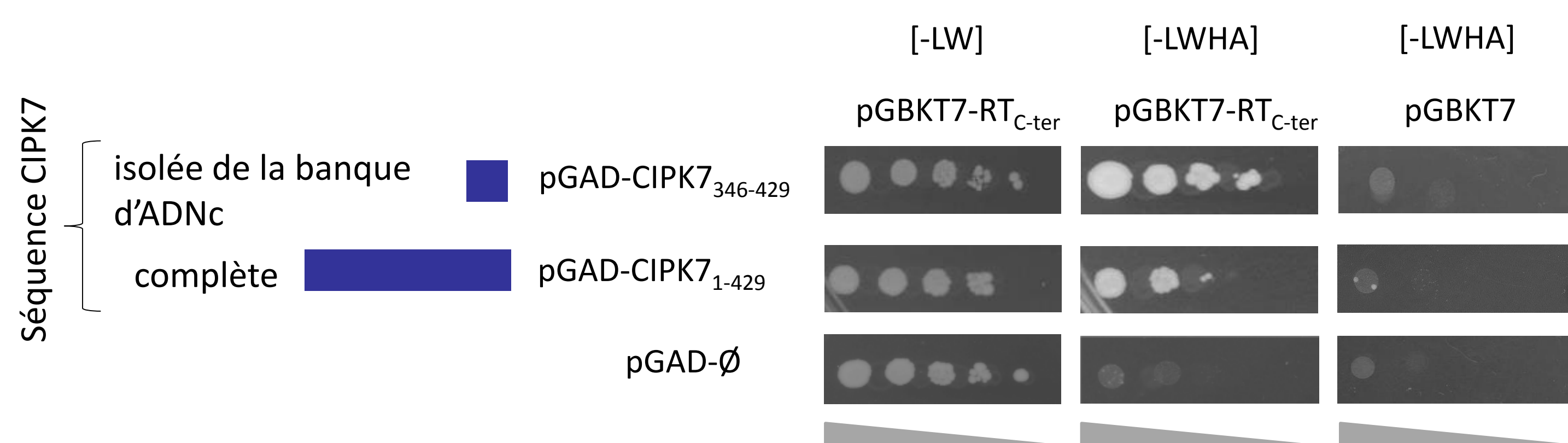
	<i>Arabidopsis thaliana</i>		<i>Nicotiana benthamiana</i>	
	nb inf./total inoc. <sup>a</sup>	DO $\pm$ SD <sup>b</sup>	nb inf./total inoc. <sup>a</sup>	DO $\pm$ SD <sup>b</sup>
TuYV-RT $\Delta$ C-ter	7/30	#0.21 $\pm$ 0.07	0/12	#0.11 $\pm$ 0.00
TuYV-WT	27/30	1.86 $\pm$ 0.33	12/12	1.64 $\pm$ 0.25
Non-inoculé	0/6	0.14 $\pm$ 0.01	0/3	0.12 $\pm$ 0.00

<sup>a</sup>Nombre de plantes infectées/Nombre de plantes agro-inoculées  
<sup>b</sup>Moyenne de l'absorbance à 405 nm des plantes infectées  $\pm$  écartype  
<sup>#</sup>P-value < 0.05 (Kruskal-Wallis)

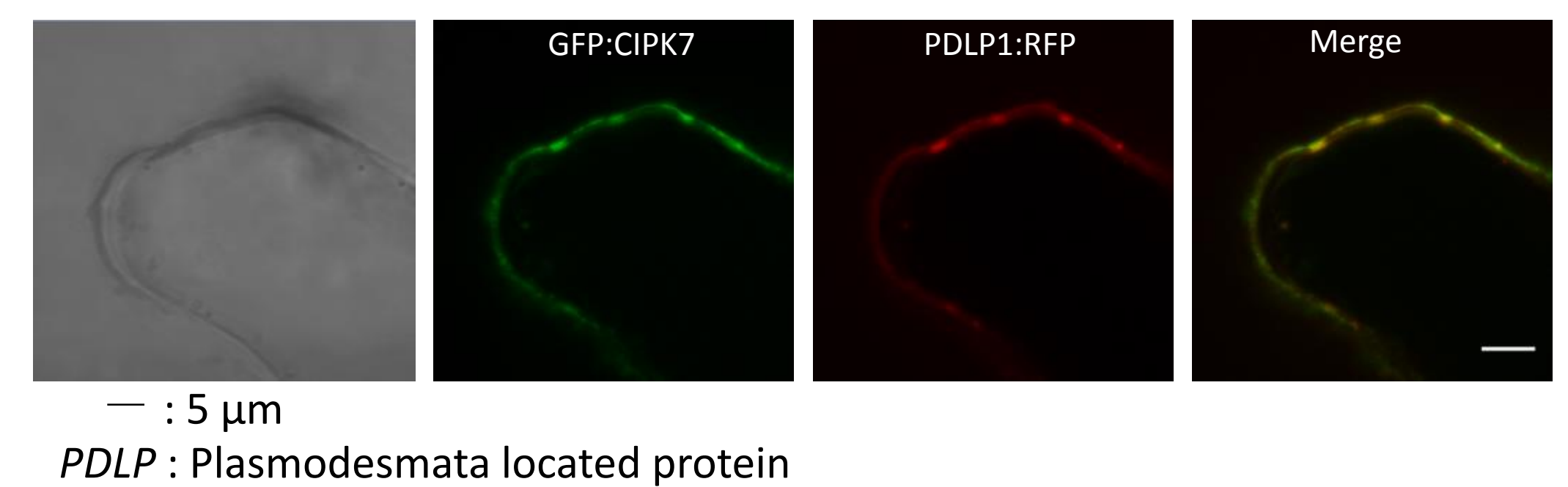
➔ Le domaine RT $\Delta$ C-ter joue un rôle important dans le mouvement du virus dans *A. thaliana* et dans *N. benthamiana*

## Recherche des partenaires phloémiens du domaine RT $\Delta$ C-ter du TuYV

### Criblage d'une banque d'ADNc de cellules compagnes d'*A. thaliana*



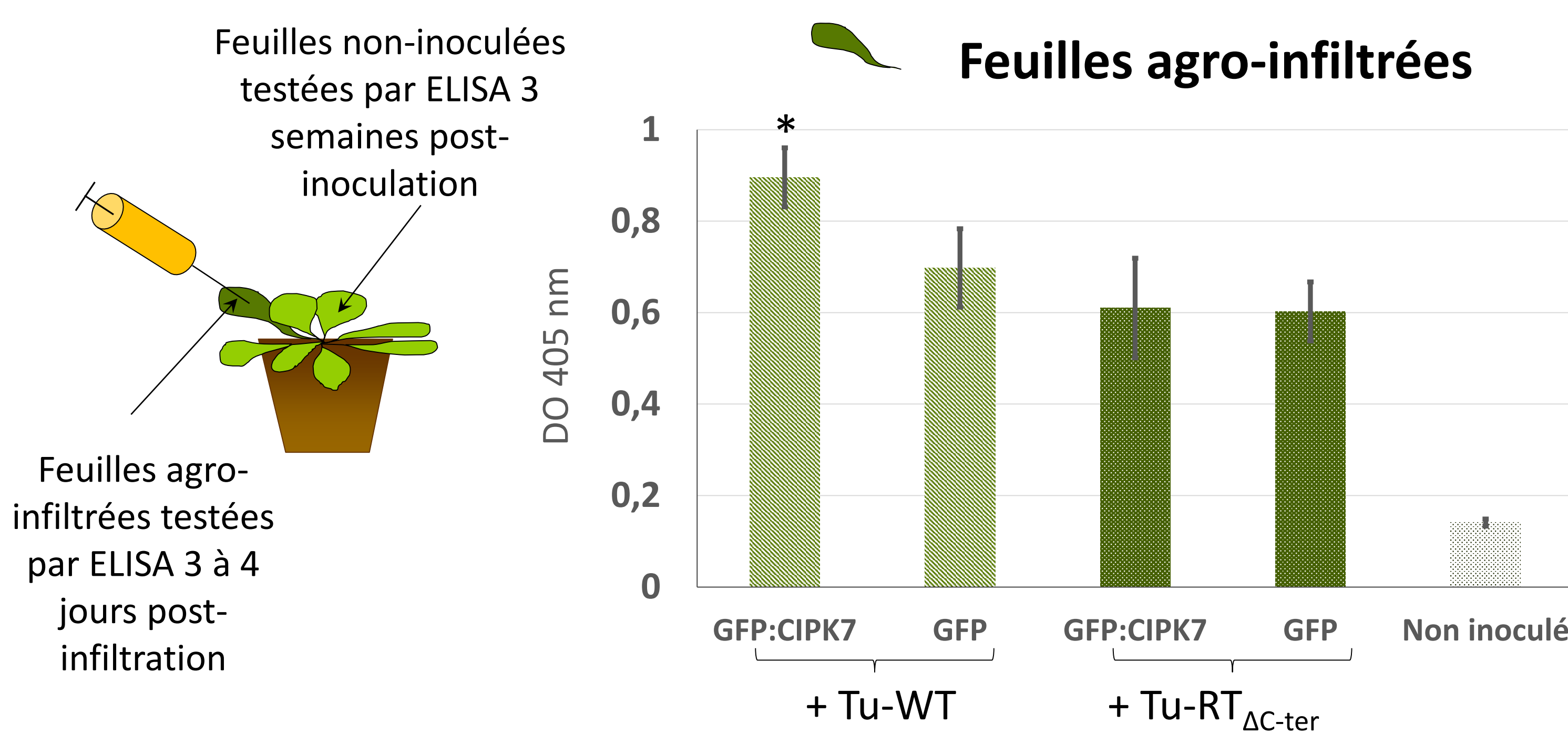
### Localisation subcellulaire de la protéine GFP:CIPK7



➔ Interaction entre le domaine RT $\Delta$ C-ter du TuYV et la protéine kinase CIPK7 d'*A. thaliana*

➔ au niveau des plasmodesmes

## Effet de l'expression de la GFP:CIPK7 sur l'accumulation du virus



➔ La GFP:CIPK7 favorise l'accumulation du TuYV-WT mais pas celle du TuYV-RT $\Delta$ C-ter (2 expériences indépendantes)

➔ L'interaction entre la GFP:CIPK7 et le domaine RT $\Delta$ C-ter du TuYV serait responsable de l'accumulation plus importante du virus dans les feuilles agro-infiltrées

### Feuilles systémiques

	Exp. 1		Exp. 2	
	nb inf./total inoc. <sup>a</sup>	DO $\pm$ SD <sup>b</sup>	nb inf./total inoc. <sup>a</sup>	DO $\pm$ SD <sup>b</sup>
TuYV-WT + GFP:CIPK7	12/12	#1.40 $\pm$ 0.12	10/15	0.64 $\pm$ 0.15
TuYV-WT + GFP	12/12	1.64 $\pm$ 0.25	12/15	0.60 $\pm$ 0.21
Non inoculé	0/3	0.12 $\pm$ 0.00	0/3	0.11 $\pm$ 0.01

<sup>a</sup>Nombre de plantes infectées/nombre de plantes agro-infiltrées  
<sup>b</sup>Moyenne de l'absorbance à 405 nm des plantes infectées  $\pm$  écartype  
<sup>#</sup>P-value < 0.05 (Kruskal-Wallis)

➔ L'augmentation de l'accumulation du virus dans les feuilles inoculées est sans impact majeur sur le mouvement systémique du virus

**Conclusion :** Ce travail a permis d'identifier une protéine kinase (CIPK7) d'*A. thaliana* qui interagit avec le domaine C-terminal de la RT (RT $\Delta$ C-ter) impliqué dans le mouvement à longue distance du TuYV. Par son interaction avec le domaine RT $\Delta$ C-ter, la protéine kinase CIPK7 pourrait bloquer la sortie du virus, ce qui augmenterait l'accumulation du TuYV dans les cellules infectées.

Cette étude révèle des fonctions antagonistes du domaine RT $\Delta$ C-ter du TuYV qui est d'une part, important pour le mouvement systémique du virus, mais d'autre part, pourrait être la cible d'un mécanisme de défense de la plante.