Identification d'effecteurs de Melampsora larici-populina par une approche originale : de la génomique des populations à la génomique fonctionnelle

Antoine Persoons, Stéphane de Mita, Fabien Halkett, Sébastien Duplessis

▶ **To cite this version:**

Antoine Persoons, Stéphane de Mita, Fabien Halkett, Sébastien Duplessis. Identification d'effecteurs de Melampsora larici-populina par une approche originale : de la génomique des populations à la génomique fonctionnelle. 10. Rencontres de Phytopathologie - Mycologie - JJC 2014 Journée Jean Chevaugeon, Jan 2014, Aussois, France. 116 p. hal-02742734

HAL Id: hal-02742734
https://hal.inrae.fr/hal-02742734

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.

Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - ShareAlike 4.0 International License

Identification d'effecteurs de *Melampsora larici-populina* par une approche originale : de la génomique des populations à la génomique fonctionnelle

A. Persoons, S. De Mita, F. Halkett, S. Duplessis

INRA, Université de Lorraine, UMR 1136 Interactions Arbres – Microorganismes (IAM), F–54280 Champenoux, France

L'interaction hôte-pathogène implique un dialogue moléculaire entre les partenaires, gouverné notamment par la relation gène-pour-gène. Parmi les molécules mises en jeu, les effecteurs produits par l'agent pathogène lui permettent d'interférer avec les réactions de défense de la plante, conduisant au succès de l'infection et à la maladie[1]. Ces effecteurs font l'objet de nombreuses recherches chez les champignons qu'ils soient pathogènes ou mutualistes. Les effecteurs mis à jour jusqu'à présent ont permis de mettre en évidence des caractéristiques communes et notamment d'en regrouper une large majorité sous le terme de PPS. Des travaux ont par ailleurs permis de montrer que certains effecteurs évoluaient sous la pression des systèmes de reconnaissance de l'hôte[1]. Cependant les fonctions des effecteurs restent majoritairement inconnues et leurs séquences codantes sont très variées, limitant les approches de génomique comparative. Afin de dépasser cette limitation, nous proposons de rechercher les effecteurs fongiques par une identification des loci soumis à sélection lors d'un évènement de contournement de résistance. Notre modèle d'étude est *Melampsora larici-populina*, l'agent de la rouille du peuplier, principale maladie des peupleraies européennes. Son génome est séquencé et assemblé et une recherche systématique des PPS a été réalisée[2]. Ainsi l'objectif de cette étude est d'identifier l'ensemble des régions génomiques impliquées dans ce contournement en utilisant une étude combinée de génétique et de génomique des populations couplée à une validation des effecteurs candidats par une approche de génomique fonctionnelle[3,4]. Nous avons appliqué les outils de la génétique des populations sur une collection de 600 isolats issus de populations échantillonnées en France de 1992 à 2012 et typés à l'aide de 25 marqueurs microsatellites[5]. Cette étude a permis de mettre en évidence trois groupes génétiques distincts dont un groupe pré-contournant aujourd'hui disparu et un groupe formé par les individus contournants. Grâce à l'analyse de la structuration génétique façonnée par cet évènement, nous avons appliqué une approche de génomique des populations, basée sur le reséquençage d'une centaine d'isolats. Les analyses en cours de scan génomique ont d'ores et déjà permis de mettre à jour des régions génomiques d'intérêt, dont certaines codent des PPS qui représentent des effecteurs candidats pour l'analyse fonctionnelle.

[1]Dangl JL. Horvath DM, Staskawicz BJ, 2013. *Science* 341, 746-751

[2] Duplessis S *et al*., 2011. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 108, 9166-9171.

[3]Luikart G, England PR *et al*., 2003. *Nature Reviews Genetics* 4, 981-94.

[4]Hacquard S, Duplessis S *et al*., 2012. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 25, 279-293.

[5]Xhaard C, Halkett F *et al*., 2011. *Molecular Ecology* 20, 2739-2755.

Mots-clés : effecteurs fongiques, coévolution, génétique des populations, génomique des populations