



HAL
open science

Caractérisation structurale de l'éliciteur viral du Potato Virus X (PVX) et recherche de gènes partenaires impliqués dans la résistance liée, chez les espèces cultivées, au gène dominant Rx

Aymeric Leveau, Thierry T. Candresse, Philippe Savarin, Abdelhafid A. Bendahmane, Bénédicte Sturbois

► To cite this version:

Aymeric Leveau, Thierry T. Candresse, Philippe Savarin, Abdelhafid A. Bendahmane, Bénédicte Sturbois. Caractérisation structurale de l'éliciteur viral du Potato Virus X (PVX) et recherche de gènes partenaires impliqués dans la résistance liée, chez les espèces cultivées, au gène dominant Rx. 13.Rencontres de virologie végétale, Jan 2011, Aussois, France. hal-02748751

HAL Id: hal-02748751

<https://hal.inrae.fr/hal-02748751>

Submitted on 3 Jun 2020

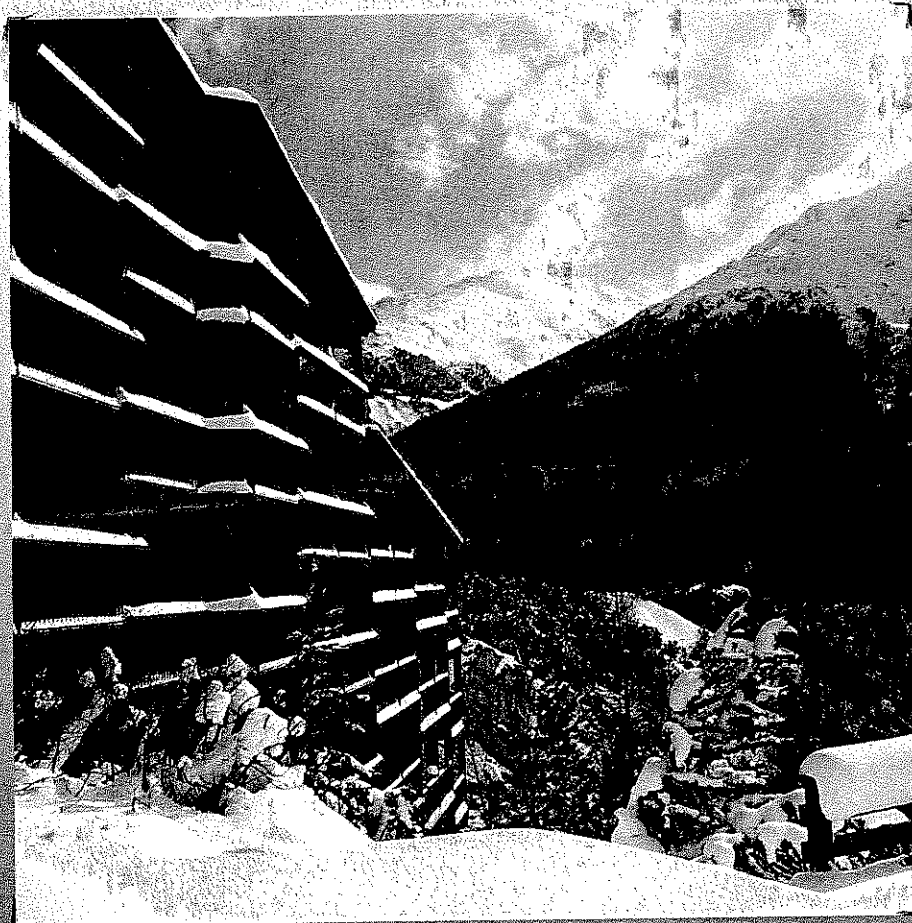
HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

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.



RVV

13^{èmes} rencontres de virologie végétale



Aussois du 16 au 20 janvier 2011



9- Caractérisation structurale de l'éliciteur viral du Potato Virus X (PVX) et recherche de gènes partenaires impliqués dans la résistance liée, chez les espèces cultivées, au gène dominant Rx.

Aymeric LEVEAU¹, Thierry CANDRESSE³, Philippe SAVARIN², Abdelhafid BENDAHMANE¹
& Bénédicte STURBOIS¹

¹ URGV-INRA-CNRS-UEVE, 2 rue Gaston Crémieux, CP 5708, 91057 Evry cedex, France,

² SABNP-INSERM/UEVE, Bâtiment Maupertuis Rue du Père Jarlan 91025 EVRY cedex

³ Virologie, UMR GDP2, IBMV, INRA, BP81, 33883 Villenave d'Ormon cedex, France

leveau@evry.inra.fr

La manifestation de la résistance est souvent induite par une interaction entre l'hôte résistant et l'agent pathogène avirulent. Dans de nombreux cas, l'explication moléculaire correspond au modèle « gène pour gène », décrivant les interactions entre le produit d'un gène de résistance (R), codé par le génome de la plante et la protéine d'avirulence, AVR, codée par le génome viral (Flor en 1942). Le gène de résistance *Rx*, dont deux loci, *Rx1* et *Rx2* ont été identifiés, confère à la pomme de terre une très forte résistance (résistance extrême) vis à vis des souches communes du PVX (*Potato virus X*) (Ritter et al., 1991). Dans ce système biologique, l'étape de reconnaissance implique une interaction entre la protéine *Rx*, et la protéine de capsid, CP, du PVX (molécule élicitrice) (Bendahmane et al., 1995).

Peu d'informations sont disponibles sur les interactions entre les plantes et les virus. Dans le pathosystème *Rx/PVX*, la cascade de signalisation et les mécanismes conférant la résistance demeurent obscurs, même si il a été montré que la protéine *Rx1* interagit avec la protéine RanGAP2 et que son accumulation nécessite la présence d'autres protéines telles que HSP90, SGT1 ou encore RAR1 (Hubert et al., 2003 ; Tameling et Baulcombe, 2007 ; Azevedo et al., 2002).

Le but de ce travail est de caractériser sous deux aspects différents les interactions entre la protéine de capsid du virus PVX et le gène de résistance *Rx1*.

Dans un premier temps, l'effet des variations de séquences naturelles des protéines de capsides des virus proches du PVX a été analysé et nous avons montré que ces protéines de capsid sont capables d'induire une réponse médiée par *Rx1*. Par exemple, le *White Clover Mosaic Virus* (WCIMV) élicite une résistance chez les plantes portant *Rx1* similaire à celle induite par le PVX. Un fragment de 110 acides aminés de la protéine de capsid du PVX avait été montré comme suffisant pour déclencher le phénomène de résistance lié au gène *Rx1* (Baurès et al., 2008). A partir d'une série de délétions, un fragment de 90 acides aminés de la protéine de capsid de certains des *Potexvirus* (le PVX, le WCIMV et le PepMV), a été mis en évidence comme étant suffisant pour éliciter la réaction de défense médiée par *Rx1*. Les expériences actuelles consistent à produire in vitro les fragments éliciteurs ou non, de sorte à étudier leur structure à l'aide d'une combinaison de différentes méthodes de spectroscopie, telles que le Dichroïsme circulaire ou encore la RMN. Ces analyses devraient permettre d'établir une relation entre la structure des différents fragments et leur activité élicitrice ou non.

Le second objectif de ce projet est d'identifier les gènes partenaires nécessaires au déclenchement de la résistance médiée par *Rx1*. Une banque d'ADN complémentaires a été créée à partir de plants de *Nicotiana benthamiana* de type sauvage ou exprimant le gène *Rx1*, infiltrées ou non avec l'éliciteur minimal du PVX. Un criblage avec l'éliciteur minimal a été réalisé en double hybride en levure et deux interacteurs ont été identifiés. Les interactions ont été confirmées in vivo et leur implication dans la voie de signalisation de la résistance liée à *Rx* est en cours de validation.