HAL open science

Identification et caractérisation de facteurs de la plante impliqués dans le mouvement viral à longue distance

Sophie Chapuis, Carmen Rodriguez, Frederic Revers, Véronique Brault, Veronique Ziegler-Graff

To cite this version:

Sophie Chapuis, Carmen Rodriguez, Frederic Revers, Véronique Brault, Veronique Ziegler-Graff. Identification et caractérisation de facteurs de la plante impliqués dans le mouvement viral à longue distance. 13. Rencontres de Virologie Végétale, Jan 2011, Aussois, France. 1 p. hal-02806062

HAL Id: hal-02806062

https://hal.inrae.fr/hal-02806062v1

Submitted on 6 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.

Identification et caractérisation de facteurs de la plante impliqués dans le mouvement viral à longue distance

S. CHAPUIS[1], C. RODRIGUEZ[2], F. REVERS[3], V. BRAULT[2] et V. ZIEGLER-GRAFF[1]

[1] Institut de Biologie Moléculaire des Plantes, Laboratoire de Virologie Végétale, 12, rue du Général Zimmer, 67084 Strasbourg cedex, France
[2] INRA Centre de Colmar, 28, rue de Herrlisheim, BP 20507, 68021 Colmar cedex, France
[3] UMR GDPP INRA-UB2, Centre de Bordeaux, BP 81, 33883 Villenave d'Ornon cedex, France

sophie.chapuis@ibmp-cnrs.unistra.fr

Les polérovirus et les potyvirus présentent de nombreuses différences quant à leur morphologie, leur organisation génomique ou leur tropisme cellulaire, mais ils utilisent le phloème pour se déplacer à longue distance et envahir la plante entière. De plus, les polérovirus figurent parmi les rares phytovirus dont l'infection est restreinte à ce tissu vasculaire constitué de cellules compagnes (CC), de cellules du parenchyme vasculaire et de tubes criblés. Les bases moléculaires qui sous-tendent le transport systémique demeurent largement inconnues.
Nous avons choisi le *Turnip yellows virus* (TuYV, *Polerovirus*) et le *Lettuce mosaic virus* (LMV, *Potyvirus*) pour mener une étude comparative du transport entre un virus systémique et un virus restreint aux cellules du phloème. Notre but est de caractériser, au travers d'une étude transcriptomique, les gènes exprimés dans les CC qui présentent une dérégulation suite à l'infection virale, mais aussi de mener une étude biochimique visant à découvrir des partenaires cellulaires phloémiens interagissant avec les facteurs viraux impliqués dans le transport (voir poster de C. Rodriguez).
Le projet est basé sur l'isolement spécifique de CC, initialement prévu par microdissection par capture laser (LCM) afin d'éviter l'induction de l'expression des protéines de stress chez la plante-hôte. Malgré les nombreux tests de fixation et d'inclusion pour la préparation des échantillons destinés à la dissection par LCM, cette technique ne nous a pas permis de maintenir l'intégrité des ARN et la structure des tissus étudiés. Nous nous sommes donc tournés vers une méthode alternative qui repose sur la préparation de protoplastes issus d'*A. thaliana* transgéniques exprimant la protéine GFP sous le contrôle d'un promoteur spécifique des CC. Nous avons ainsi obtenu environ 7% de protoplastes fluorescents qui ont ensuite été triés par FACS (FluorescentActivated Cell Sorter).
Les ARN extraits des CC collectées à partir de plantes infectées et de plantes témoin, ont été utilisés pour hybrider des puces CATMA (INRA Evry) et pour réaliser du séquençage à haut débit par la méthode de RNAseq (IGBMC Strasbourg). L'analyse des résultats obtenus par ces deux techniques nous permettra d'une part d'obtenir une base de données des gènes spécifiquement exprimés dans les CC et d'autre part d'identifier les gènes phloémiens dérégulés suite à l'infection virale. La comparaison des profils d'expression nous permettra également de définir les gènes spécifiquement régulés lors de l'infection par le TuYV ou le LMV. Les premiers résultats de cette double analyse transcriptomique seront présentés.