

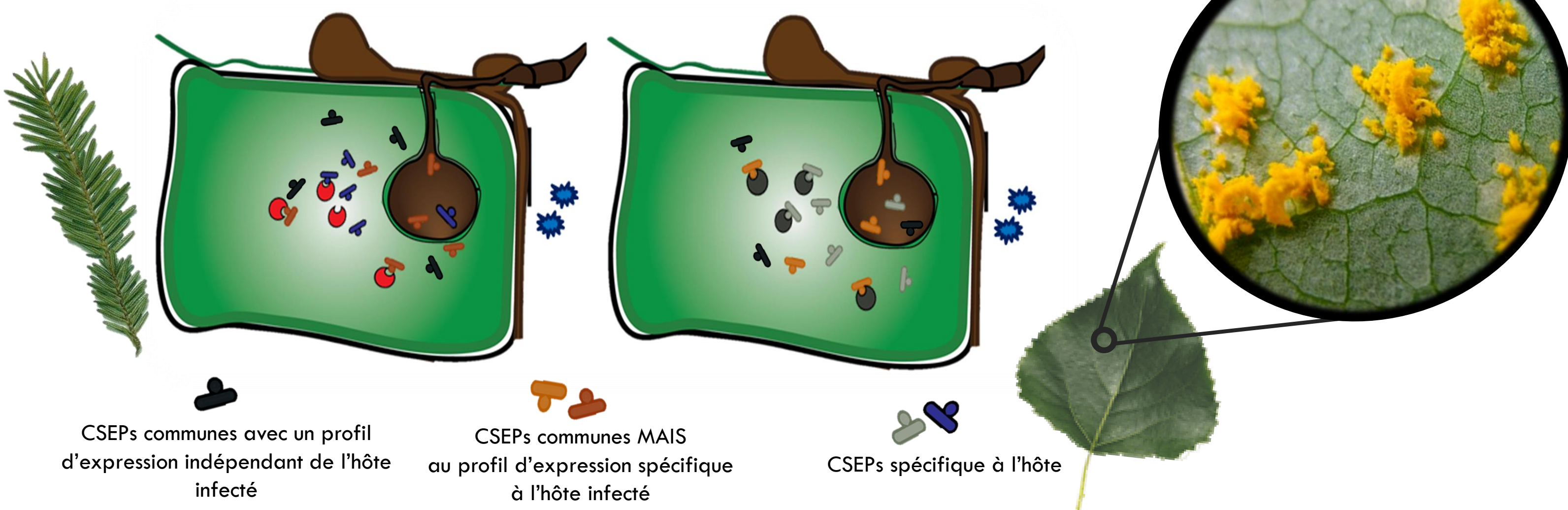
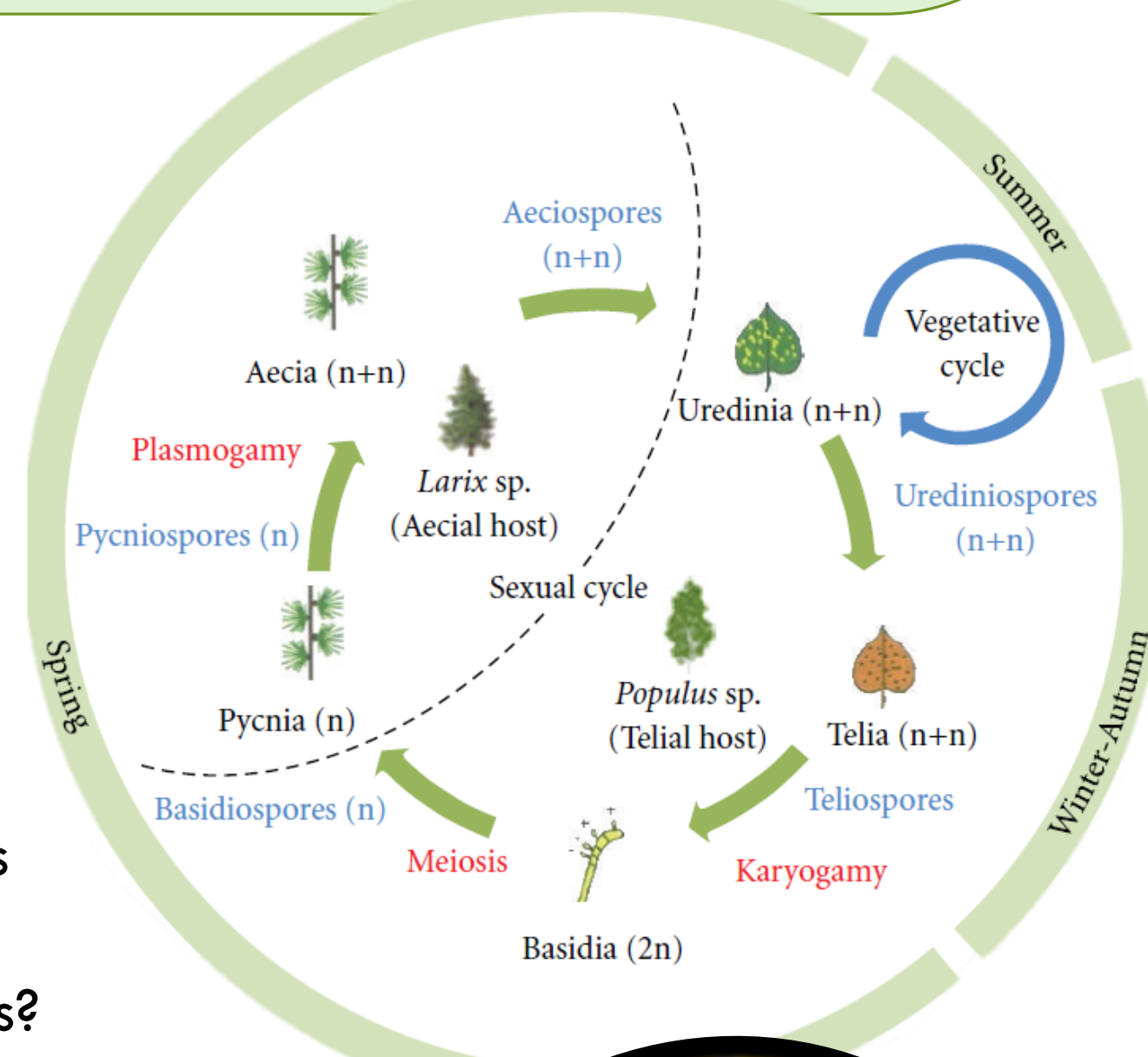
LES PROTÉINES HOMOLOGUES-SPÉCIFIQUES ONT-ELLES UN RÔLE À JOUER DANS LA STRATÉGIE D'INFECTION DE *MELAMPSORA LARICI-POPULINA*?

Résumé

Melampsora larici-populina (Mlp) est un champignon microscopique qui cause de nombreux dommages dans les exploitations forestières de peuplier et de mélèze. Strictement dépendant de ces hôtes pour se nourrir, Mlp a développé de multiples stratégies moléculaires visant à subtiliser les ressources nutritionnelles de l'hôte tout en contrecarrant ces systèmes de défenses. Une étude comparative des transcriptomes de Mlp lors de l'infection de ces deux hôtes a révélé que certaines des protéines sécrétées ont des profils d'infection spécifique à l'hôte visé. Il a aussi été remarqué que certaines d'entre elles, très similaires au niveau de la séquence, présentaient des spécificités d'hôte distinct. Actuellement trop peu de protéines effectrices du même type ont révélé leurs secrets et leurs importances vis-à-vis du pathogène qui les sécrètent. Une compréhension approfondie des mécanismes sous-jacents contribuerait à l'identification de points clés qui pourraient être retournés à l'avantage de la protection des arbres et de l'industrie sylvicole. L'étude porte sur 9 de ces CSEPs. La compréhension de chacun de leurs rôles passe, tout d'abord, par leurs localisations cellulaires puis les cibles possiblement visées dans le transcriptome/protéome de l'hôte. L'identification des protéines interagissant avec ces CSEPs a été menée par double hybride. Par la suite, ces interactions seront confirmées par co-immunoprécipitation. Pour finir, une étude fonctionnelle des CSEPs quant à leurs importances dans le déroulement de l'infection sera poursuivie sur l'organisme modèle *N. benthamiana*.

INTRODUCTION

- Mlp: Champignon biotrophe → subtilise les nutriments aux hôtes qu'il parasite pour survivre.
- 1800 petites protéines injectées (CSEPs) dans les feuilles des hôtes → outils de Mlp pour parvenir à ces fins.
- Des CSEPs sont injectées par Mlp quelque soit l'hôte, certaines ont des séquences très similaires mais ont des profils d'expression très différents. Serviraient-elles des but communs?

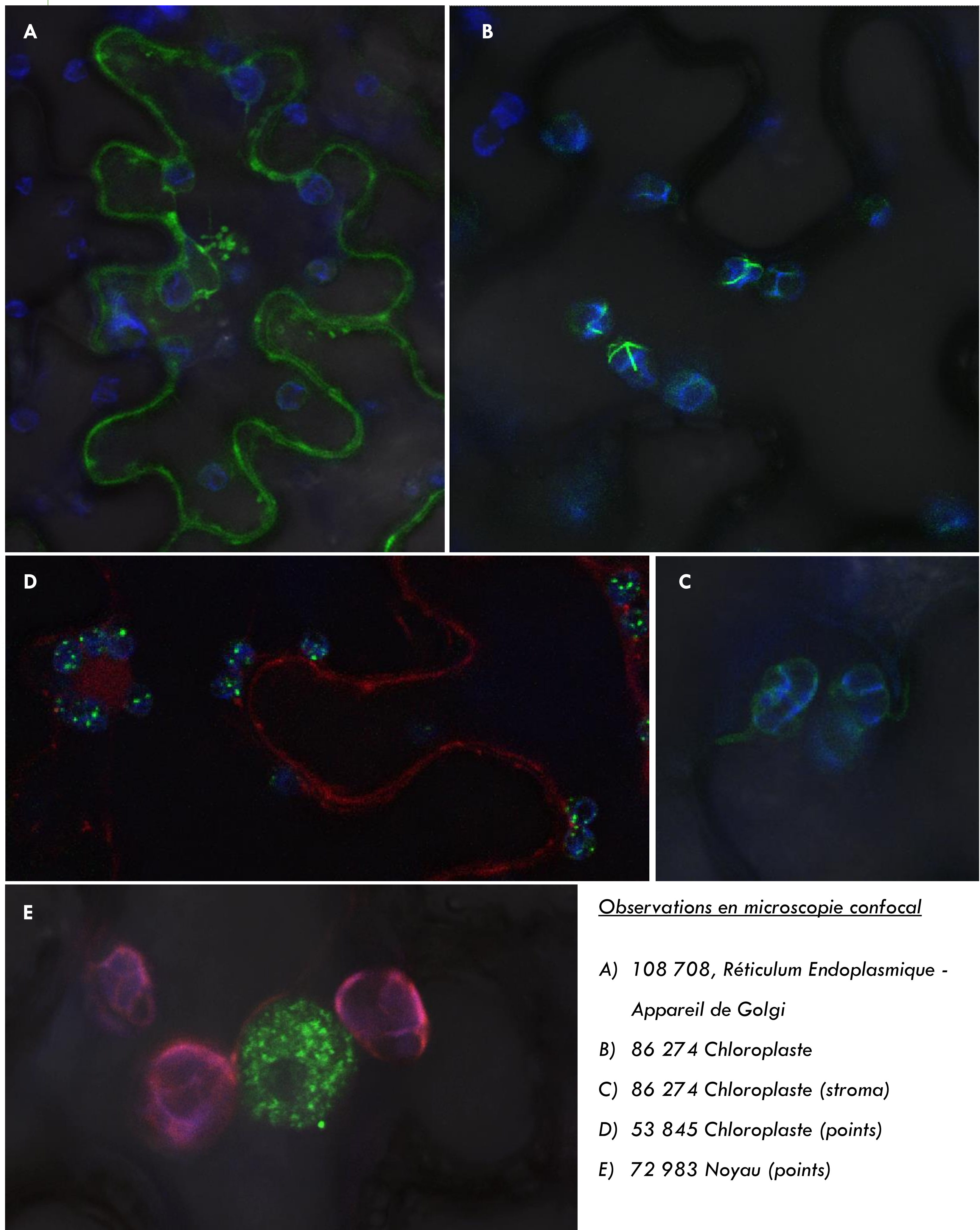


Hypothèse: Taxonomiquement très différents, ces arbres semblent ainsi posséder des cibles identiques que Mlp doit atteindre afin d'assoir son parasitisme:

Quelles sont-elles?

Sont-elles clés à la propagation de l'infection fongique?

RÉSULTATS

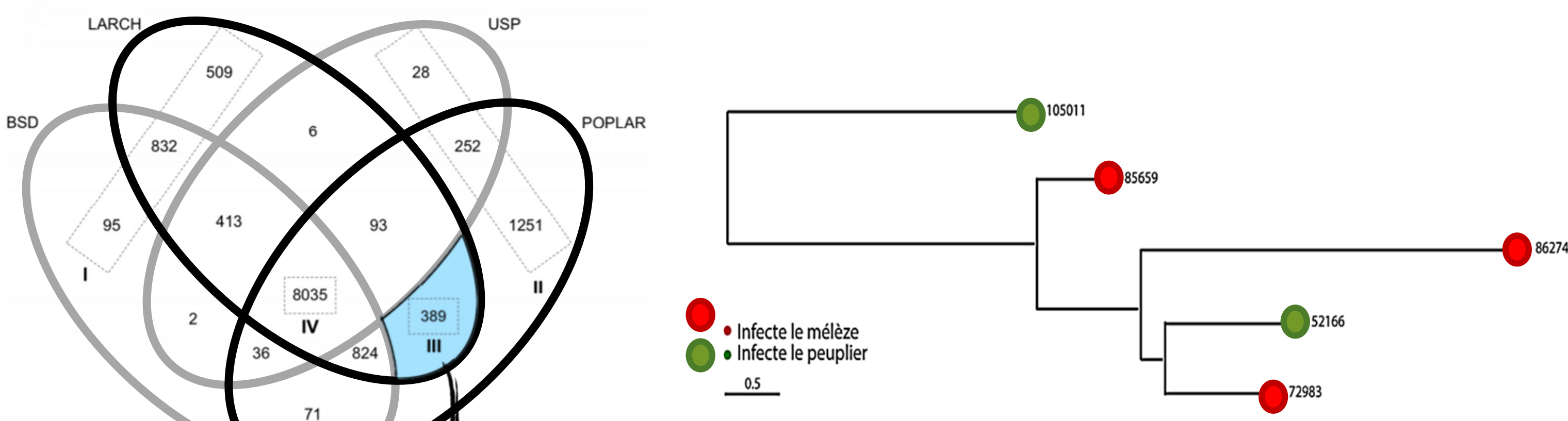


Observations en microscopie confocale

- A) 108 708, Réticulum Endoplasmique - Appareil de Golgi
- B) 86 274 Chloroplaste
- C) 86 274 Chloroplaste (stroma)
- D) 53 845 Chloroplaste (points)
- E) 72 983 Noyau (points)

MATÉRIELS & MÉTHODES

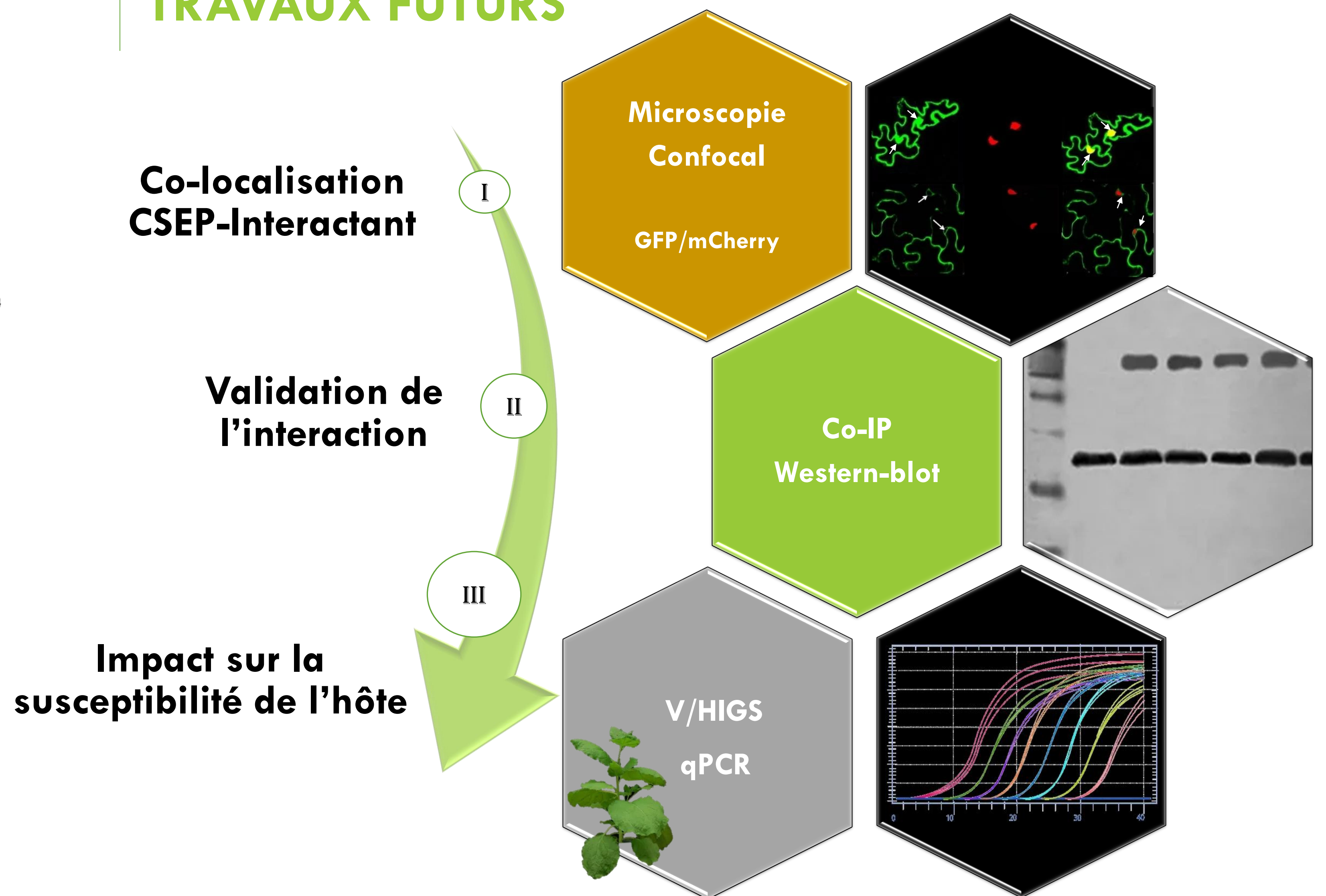
- Analyse des profils d'expression des CSEPs: Traitement de données transcriptomiques



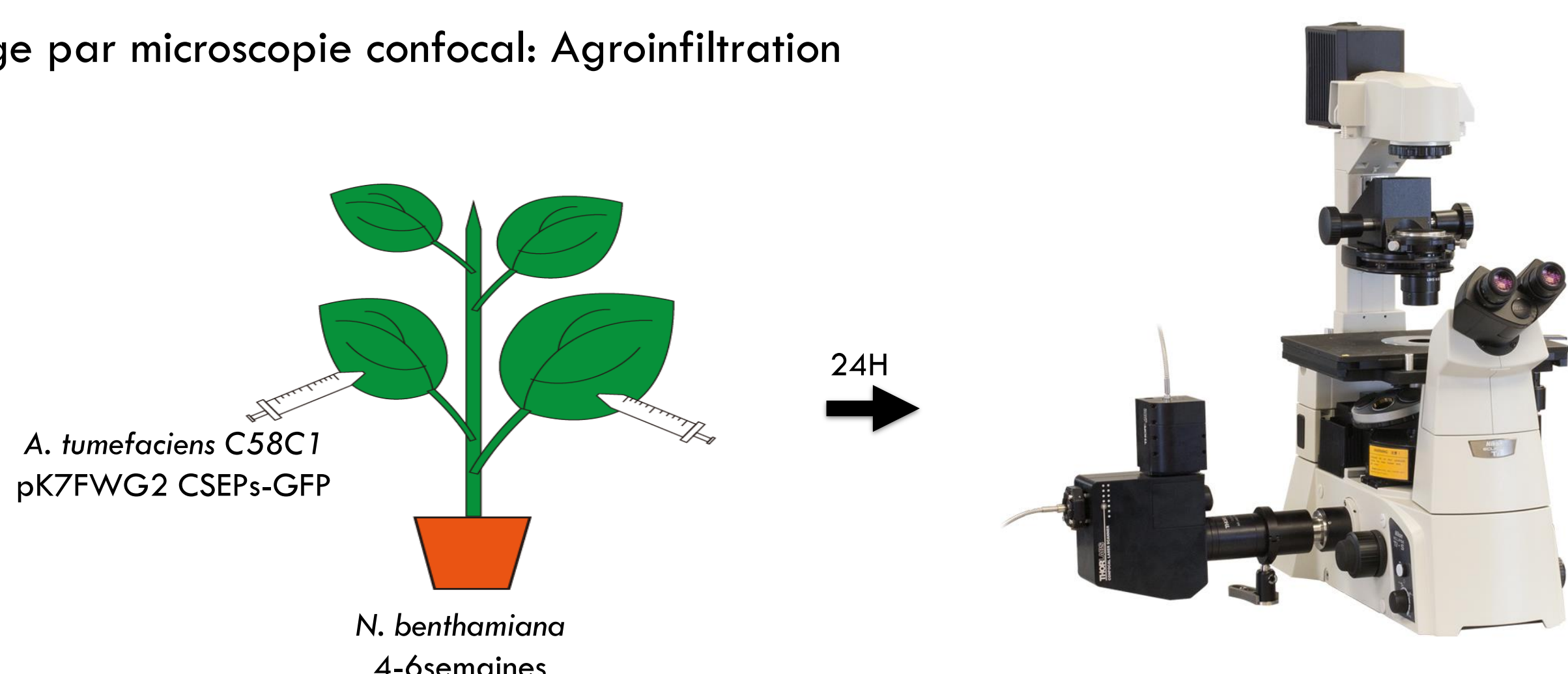
98 Protéines Sécrétées Effectrice Candidate (CSEPs)

Niveau d'expression des CSEPs					
Famille 7	USP	Peuplier	BSD	Mélèze	Spécificité d'hôte
52166	7331	37599	248	2319	Peuplier
72983	581	2109	594	131526	Mélèze
85659	221	621	172	14176	Mélèze
86274	30	355	235	11687	Mélèze
105011	95	1283	86	106	Peuplier

TRAVAUX FUTURS



- Large criblage des interactants des CSEPs sélectionnées : Double Hybride
- Criblage par microscopie confocale: Agroinfiltration



Remerciements

Un merci tout spécial à Melodie B Plourde pour toute son aide et ces conseils mais aussi à Christine Delaruelle, Alexandre Brisson et Mathias Bitsaillon pour leurs aides techniques si précieuses. Le projet est financé par le CRSNG.

Références

- Lorrain, C., Marchal, C., Hacquard, S., Delaruelle, C., Pétrowski, J., Petre, B., Hecker, A., Frey, P., Duplessis, S. (2017). The rust fungus *Melampsora larici-populina* expresses a conserved genetic program and distinct sets of secreted protein genes during infection of its two host plants, larch and poplar. *MPM*.
- Germain, H., Joly, D.L., Mireault, C., Plourde, M.B., Letanneur, C., Stewart, D., Morency, M.-J., Petre, B., Duplessis, S., Séguin, A. (2018). Infection in Arabidopsis reveal candidate effectors from poplar rust fungus that promote susceptibility to bacterial and oomycete pathogens. *Molecular plant Pathology*.
- Poornima Priyadarshini, C.G., Ambika, M.V., Tippeswamy, R., Savithri, H.S. (2011). Functional characterization of coat protein and V2 involved in cell to cell movement of Cotton leaf curl Kokhran virus-Dabawali. *PLoS ONE*.
- Sonah, H., Deshmukh, R. K., & Bélanger, R. R. (2016). Computational prediction of effector proteins in fungi: opportunities and challenges. *Frontiers in plant science*, 7, 126.