

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

Résumé

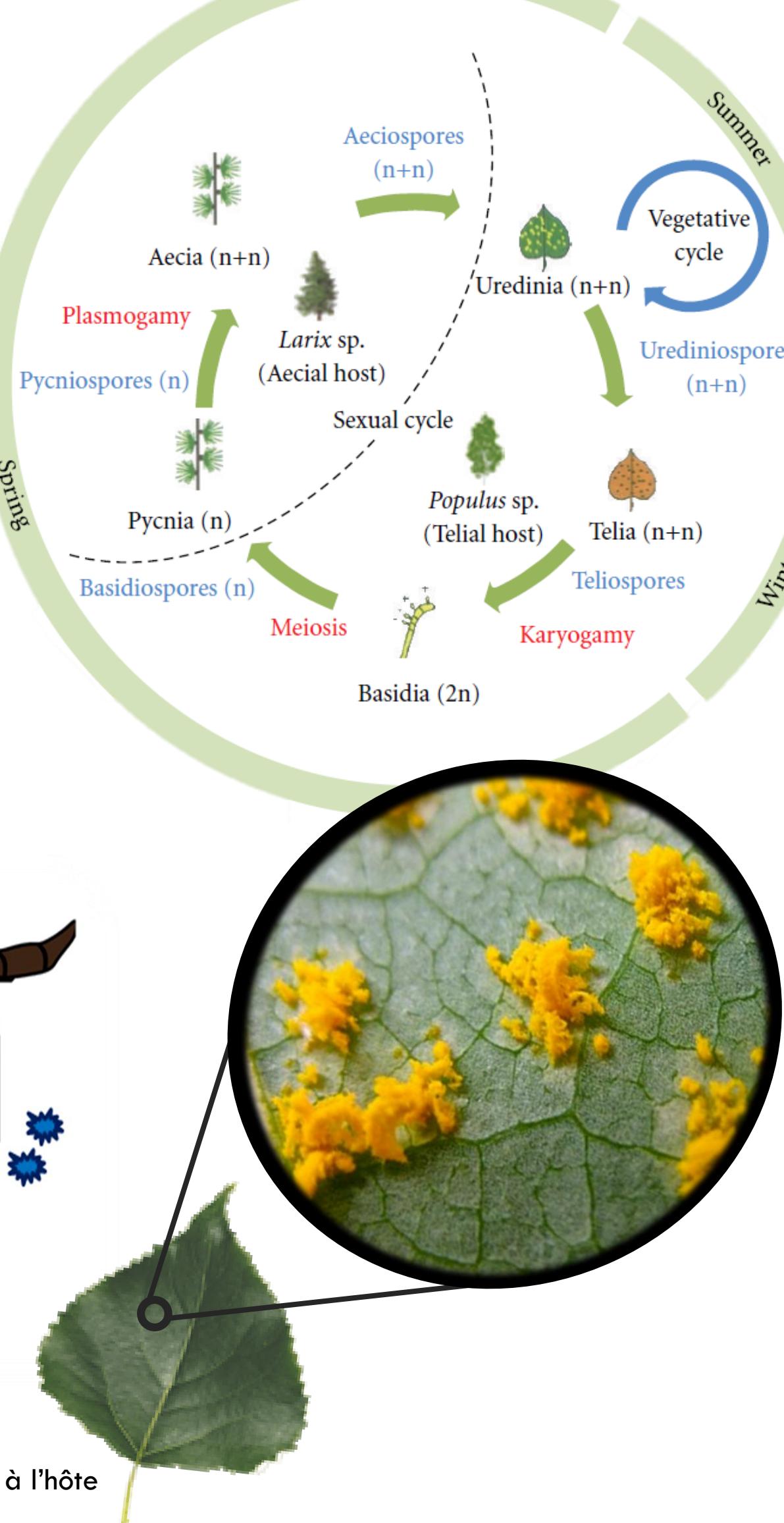
Melampsora larici-populina (Mlp) est un champignon microscopique qui cause de nombreux dommages dans les exploitations forestières de peuplier et de mélèze. Strictement dépendant de la présence de ces hôtes pour se nourrir, Mlp a développé de multiples stratégies moléculaires visant à subtiliser les 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 secrétées 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, présentent des spécifications 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 secrètent. Une compréhension approfondie des mécanismes souhaitables contribuerait à l'identification de points clés qui pourraient être retrouvé 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 interactantes avec ces CSEPs a été mené par double hybride. Par la suite, ces interactions seront confirmées par co-immunoprecipitation. 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 buts communs?



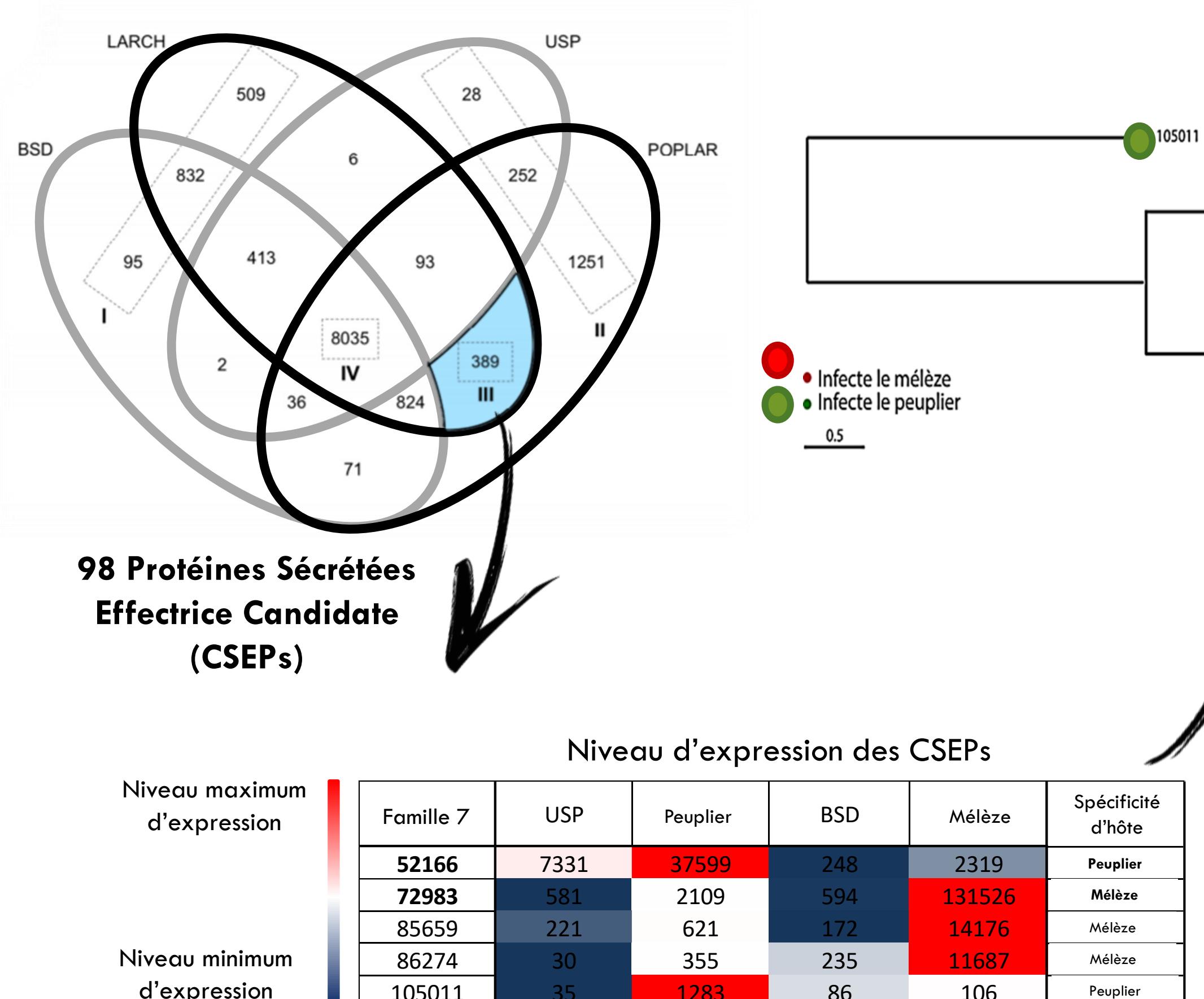
Hypothèse: Taxonomiquement très différents, ces arbres semblent ainsi posséder des cibles identiques que Mlp doit atteindre afin d'assurer son parasitisme:

Quelles sont-elles?

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

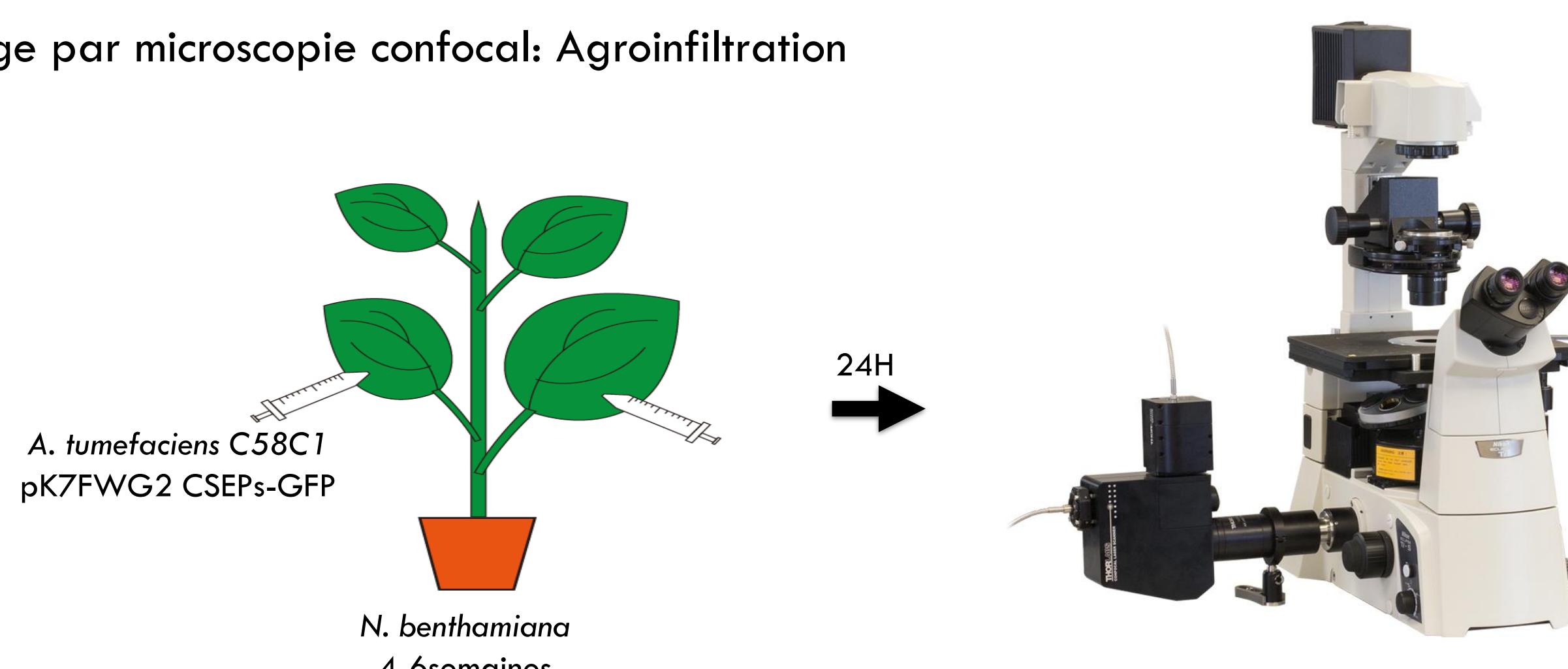
MATÉRIELS & MÉTHODES

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

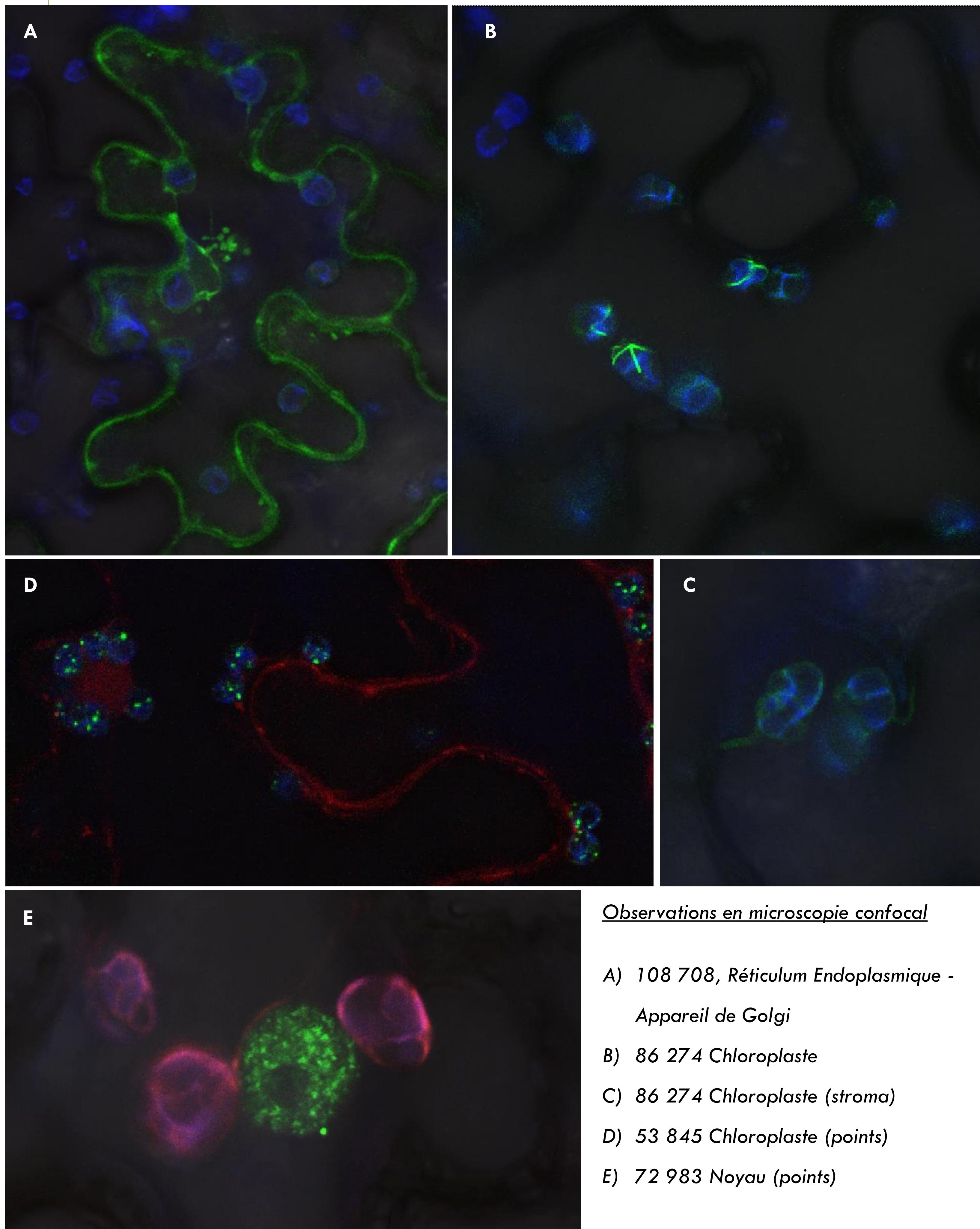


- Large criblage des interactants des CSEPs sélectionnées : Double Hybride

- Criblage par microscopie confocal: Agroinfiltration



RÉSULTATS



Observations en microscopie confocal

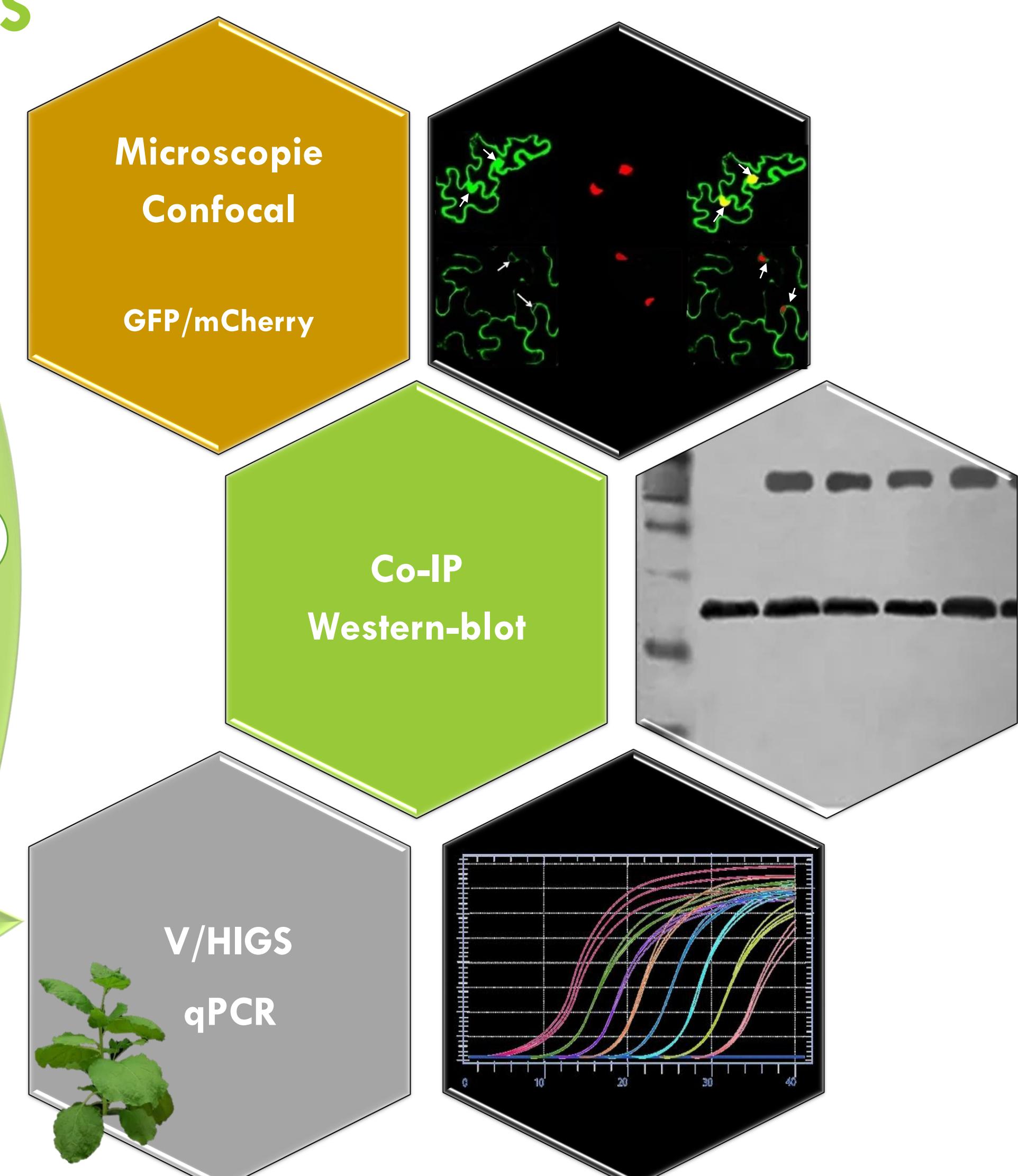
- A) 108 708, Réticulum Endoplasmique - Appareil de Golgi
- B) 86 274 Chloroplaste
- C) 86 274 Chloroplaste (stroma)
- D) 53 845 Chloroplaste (points)
- E) 72 983 Noyau (points)

TRAVAUX FUTURS

Co-localisation CSEP-Interactant

Validation de l'interaction

Impact sur la susceptibilité de l'hôte



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 Bisson pour leurs aides techniques si précieuses. Le projet est financé par le CRSNG.

Références

- 1- Lorrain, C., Marchal, C., Haquard, 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. *MPMI*.
- 2- 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 assays in *Arabidopsis* reveal candidate effectors from poplar rust fungus that promote susceptibility to bacteria and concurvate pathogens. *Molecular plant Pathology*.
- 3- Poornima Priyadarshini, CG, Ambika, MV, Tipperawamy, R., Savithri, HS. (2011). Functional characterization of coat protein and V2 involved in cell to cell movement of Cotton leaf curl Kokhran virus-Dabawali. *PLoS ONE*.
- 4- 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.