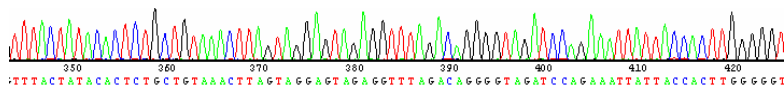




# 1<sup>ère</sup> Journée des doctorants de l'IFR QUASAV



*Jeudi 11 décembre 2008*  
*UFR Sciences - Amphi L004*



Programme sur <http://www.ifrquasav-angers.org>



# JOURNEE DES DOCTORANTS DE L'IFR QUASAV

## PROGRAMME

---

### Matinée

**9h00 – 9h15 :** accueil Philippe Simoneau ou Elisabeth Chevreau

**9h15 – 9h45 :** Thomas Dugé de Bernonville (PaVé)

*Les dihydrochalcones sont-elles impliquées dans l'interaction Erwinia amylovora-Pommier ?*

**9h45 – 10h15 :** Virginie Boucher (PMS)

*Analyse fonctionnelle de MtPM25, une protéine LEA, impliquée dans la tolérance à la dessiccation chez les graines de Medicago truncatula*

**10h15 – 10h45 :** Bénédicte Moignot (RCIM)

*Caractérisation moléculaire de la cible des insecticides de la famille des oxadiazines : les canaux sodium dépendants du potentiel dans le système nerveux central des insectes*

**10h45 – 11h05 :** *café/pause*

**11h05 – 11h35 :** Cora Boedo (PaVé/GenHort)

*Caractérisation de l'interaction entre Alternaria dauci et la carotte – Etude de la gamme d'hôte de l'agent pathogène et recherche de toxines fongiques*

**11h35 – 12h05 :** Amélie Dulac (SONAS)

*Caractérisation de la diversité co-pigmentaire dans le genre Hydrangea*

**12h05 – 13h30 :** *REPAS*

---

---

## Après-Midi

**13h30 – 14h00 : William Bolingue (PMS)**

*Rôle de la protéine MtSNF4b dans la post maturation à sec des graines de Medicago truncatula*

**14h00 – 14h30 : Ahmed Hajri (PaVé)**

*Détermination des répertoires d'effecteurs de type III chez Xanthomonas axonopodis et analyse de leur rôle dans la spécificité plante hôte/pathovar*

**14h30 – 14h45 : café**

**14h45 – 15h15 : Jérémy Clotault (GenHort)**

*Y a-t-il des signatures de sélection dans les gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes chez la carotte ?*

**15h15 – 15h45 : Marie-Laure Gervais (PMS)**

*Mise en évidence de partenaires d'interactions des protéines MtSAP1 et p21 par double hybride bactérien*

**15h45 – 16h15 : Thomas Peron**

*Étude de la régulation de la force puits d'Orobanche ramosa, plante parasite de grandes cultures*

**16h15 – 16h45 : vote des doctorants – dépouillement**

---

# Les dihydrochalcones sont-elles impliquées dans l'interaction *Erwinia amylovora*-Pommier ?

**Thomas Dugé de Bernonville**

UMR A 077 Pathologie Végétale (PaVé)

Le feu bactérien des Maloidées est provoqué par *Erwinia amylovora* (Ea), une gammaprotéobactérie nécrogène. Le pouvoir pathogène de cette bactérie repose essentiellement sur un système de sécrétion de type III (SST3) capable de sécréter dans l'apoplaste ou d'injecter dans le cytoplasme des cellules hôte des effecteurs protéiques. Les travaux réalisés précédemment ont montré qu'au cours de l'interaction, les dihydrochalcones (DHC, composés phénoliques spécifiques du genre *Malus*) disparaissent massivement et que, de plus, leur synthèse est inhibée de manière plus forte en situation compatible. Cette disparition n'a pourtant pas pu être expliquée par l'apparition d'autres composés. Pour tenter de comprendre les mécanismes responsables de ces changements, il a été nécessaire dans un premier temps d'identifier et de caractériser clairement les DHC constitutives majeures de chacun des génotypes.

Deux composés ont été détectés chez le génotype résistant de manière exclusive ; il s'agit de la sieboldine et de la trilobatine. Ils n'ont pas d'activité antibactérienne directe mais en revanche possèdent une forte activité antioxydante mesurée par le test du DPPH\*. Il y a une très forte corrélation entre le pouvoir antioxydant de broyats de feuilles et la présence ou non de ces composés. Au cours de l'interaction, les résultats montrent qu'il y a une forte activation de polyphénol oxydases, de laccases et de peroxydases qui pourraient être à l'origine de la transformation des DHC constitutives. L'analyse de broyats oxydés montre qu'il se produit des réarrangements intermoléculaires entre ces DHC et que les composés néoformés pourraient participer à la résistance contre Ea. Tous ces résultats renforcent l'hypothèse d'un rôle important des DHC dans le devenir de l'interaction Pommier/Ea.

# Analyse fonctionnelle de MtPM25, une protéine LEA, impliquée dans la tolérance à la dessiccation chez les graines de *Medicago truncatula*

Virginie Boucher

UMR A 1191 Physiologie Moléculaire des Semences (PMS)

L'eau est un composé essentiel des cellules. Pourtant, certains organismes sont capables de tolérer une perte totale de l'eau cellulaire. C'est le cas des graines dites « orthodoxes » qui acquièrent cette capacité pendant leur développement.

Des systèmes de protection vont être mis en place pour éviter l'altération des macromolécules lors du séchage de la graine. Parmi ceux-ci se trouvent les protéines LEA (Late Embryogenesis Abundant) qui s'accumulent pendant la maturation des graines et dont certaines peuvent également être induite dans les tissus végétatifs lors d'un stress hydrique. Ces protéines semblent avoir un rôle de protection contre les stress osmotiques, et il a pu être démontré que certaines pouvaient protéger des systèmes enzymatiques. Cependant, pour la plupart, leur mode d'action est encore peu connu.

L'analyse protéomique de Boudet *et al.*, (2006) a permis d'identifier 11 polypeptides LEA spécifiquement liés à la tolérance à la dessiccation dans les racines de *Medicago truncatula*, parmi lesquelles MtPM25. MtPM25 fait partie d'une famille encore mal connue des protéines LEA, la D-34 (groupe 5). Elle est faiblement ordonnée à l'état hydraté, mais présente après séchage une augmentation de sa proportion en hélice- $\alpha$  et feuillet- $\beta$ . Il a déjà été montré que MtPM25 n'était pas capable de protéger des liposomes lors d'un stress de dessiccation, et qu'elle possédait une séquence d'adressage nucléaire fonctionnelle. Le but de mon travail est d'identifier le rôle de cette protéine au sein de la graine de *M. truncatula*.

Dans un premier temps, nous avons testé si la surexpression de MtPM25 chez *E.coli* pouvait lui conférer une meilleure résistance face à un stress UV ou à un stress hydrique. Cependant aucune amélioration n'a été observée. Dans un second temps, nous avons testé la capacité protectrice de MtPM25 sur les protéines soumises à différents stress. De façon remarquable, nous avons observé que MtPM25 était capable de désagréger des agrégats protéiques de grande taille formés lors de la congélation d'un extrait dialysé de protéines racinaires. Sachant que la citrate synthase (CS) ou la lactate déshydrogénase (LDH) ont la propriété de s'agréger et de perdre leur activité après respectivement un chauffage et une congélation, nous avons évalué la capacité protectrice de MtPM25 sur ces modèles. Nous avons ainsi montré que MtPM25 protégeait partiellement et de façon transitoire la CS lors du chauffage, et qu'elle était capable de protéger la LDH lors de la congélation. Afin de pouvoir compléter les résultats *in vitro*, nous avons entamé la caractérisation physiologique d'un mutant d'insertion de *M. truncatula* issu du « Samuel Roberts Noble Foundation » (USA) dont les graines sont déficientes en MtPM25. Des graines mutantes viables ont pu être obtenues et multipliées, indiquant que MtPM25 n'est pas strictement nécessaire lors de la mise en place de la tolérance à la dessiccation. Cependant, les graines déficientes présentent un poids sec inférieur à celui des graines sauvages, indiquant un rôle possible de MtPM25 dans le remplissage. Des tests de vieillissement sont également en cours, de même que des mesures de teneurs en sucres solubles afin de tester l'impact de MtPM25 sur la longévité. Nous testerons également l'impact de MtPM25 sur la tolérance aux stress hydriques et salins, ainsi que sur la dormance. L'ensemble de ces résultats nous permettra d'établir si MtPM25 joue un rôle dans la qualité physiologique des graines.

1ère Journée des doctorants de l'IFR 149

Jeudi 11 Novembre 2008

# Caractérisation moléculaire de la cible des insecticides de la famille des oxadiazines : les canaux sodium dépendants du potentiel dans le système nerveux central des insectes

**Bénédictte Moignot**

EA 2647 Récepteurs et Canaux Ioniques Membranaires (RCIM)

Les neurones DUM (Dorsal Unpaired Median) de la blatte *Periplaneta americana* constituent un modèle cellulaire original dans l'étude du mode d'action des insecticides neurotoxiques. En effet, les neurones DUM sont doués d'une activité électrique spontanée mettant en jeu différents canaux ioniques, et en particulier des canaux sodium dépendants du potentiel, cible des insecticides de la famille des oxadiazines (Lapied et coll., 2001). Le courant sodique exprimé dans les neurones DUM a la particularité d'être composé de deux composantes distinctes, appelés INa1 et INa2, qui diffèrent d'après leurs propriétés électrophysiologiques, pharmacologiques, leurs voies de régulation et leur sensibilité au DCJW, un dérivé de la famille des oxadiazines (Lavialle-Defaix, 2005 et Lavialle-Defaix et coll., 2006). Cette découverte implique l'expression dans les neurones DUM de plusieurs isoformes de canaux sodium. L'étude présentée ici a pour objectif de caractériser les transcrits codant les différents variants de canaux sodium exprimés par les neurones DUM, afin de pouvoir corréler leurs structures moléculaires avec les phénotypes de courants sodiques INa1 et INa2. Dans un premier temps, nous avons caractérisé par RT-PCR à partir des ARN extraits de la chaîne nerveuse, les transcrits du canal sodium de *Periplaneta americana*, que nous avons appelé PamNav1. Ces transcrits diffèrent par des exons épissés et/ou des sites d'édition, montrant une grande diversité moléculaire générée à partir d'un seul gène. Cette étude a conduit à l'identification d'un second type de transcrit, qui code une nouvelle protéine, appelée PamNav2. Cette protéine partage 59% d'identité de séquence avec PamNav1, et elle présente les attributs moléculaires caractéristiques des canaux sodium. Dans un deuxième temps, nous avons utilisé la technique de la RT-PCR sur cellule unique afin de caractériser le profil d'expression des canaux sodiques dans les neurones DUM. Nos résultats indiquent que PamNav1 et PamNav2 sont coexprimés dans les neurones DUM. Enfin, pour caractériser l'implication de PamNav1 dans le courant sodique des neurones DUM, nous avons également tenté d'inhiber son expression par la stratégie des oligonucléotides antisens.

# Caractérisation de l'interaction entre *Alternaria dauci* et la carotte – Etude de la gamme d'hôte de l'agent pathogène et recherche de toxines fongiques

**Cora Boedo**

UMR A 077 Pathologie Végétale (PaVé)

*A. dauci* est un champignon nécrotrophe responsable de la brûlure foliaire de la carotte. Cette maladie est préjudiciable en production de semences mais également en culture de carotte de consommation. La lutte contre *A. dauci* est essentiellement chimique et génétique. En terme de lutte génétique, il n'existe actuellement aucune variété totalement résistante, c'est pourquoi la mise au point de variétés possédant un niveau de résistance élevé et durable est depuis quelques années l'objectif majeur des sélectionneurs de l'espèce. La création de telles variétés nécessite au préalable d'acquérir des connaissances précises sur le déterminisme de l'interaction hôte-pathogène.

L'installation et le développement de deux souches d'*A. dauci* de niveaux d'agressivité différents (P2 agressive et A2 très agressive) ont été étudiés en surface et à l'intérieur des tissus foliaires à l'aide de la microscopie électronique à balayage, optique et confocale chez trois variétés de carotte possédant différents niveaux de résistance à la brûlure foliaire (une variété sensible Presto et deux variétés partiellement résistantes Texto et Boléro). Des différences de délai et de chronologie d'apparition des structures fongiques ont été observées pour plusieurs étapes du processus infectieux entre la souche P2 et la souche A2 lors de leur développement en surface des trois variétés de carotte. Nos travaux montrent que le niveau d'agressivité de la souche et le niveau de résistance de la variété ont une influence sur le déroulement du cycle de développement d'*A. dauci*.

La biomasse d'*A. dauci* a été quantifiée *in planta* par PCR en temps réel à l'aide de la technologie SYBRGreen à différentes dates après inoculation des 3 variétés de carotte avec les souches P2 ou A2. La variété sensible est significativement plus colonisée par la souche P2 à J15 et J21 après inoculation ainsi qu'à J15 avec la souche A2, comparativement aux variétés partiellement résistantes. La quantité de biomasse fongique quantifiée *in planta* est d'autant plus importante que la souche est agressive, indépendamment du niveau de résistance de la variété. Les notations visuelles ne sont pas toujours corrélées au niveau d'infection de la plante. La quantification d'ADN fongique *in planta* par PCR en temps réel pourrait constituer un outil complémentaire d'aide à la sélection de génotypes résistants à la brûlure foliaire.

La spécificité d'hôte d'*A. dauci* a été étudiée. Les souches P2 et A2 ont été inoculées à différentes espèces d'Apiacées cultivées et *Daucus* sauvages ainsi qu'à des espèces végétales appartenant à d'autres familles botaniques. L'étude menée en conditions contrôlées au cours de deux expériences indépendantes démontre qu'*A. dauci* est un champignon très polyphage capable d'infecter ou se maintenir sur la plupart des espèces végétales étudiées. La mise en évidence de composés toxiques dans les filtrats de culture d'*A. dauci* est en cours. L'application de ce filtrat au niveau d'une blessure de feuilles de carotte engendre une nécrose. Ce filtrat a été séparé en phase aqueuse et phase organique. Les composés toxiques sont principalement contenus dans la phase aqueuse. Leur nature chimique reste inconnue. La carotte n'étant pas l'hôte unique d'*A. dauci*, il est nécessaire d'approfondir nos connaissances sur les déterminants spécifiques et non spécifiques du pouvoir pathogène du champignon afin de mettre aux points des méthodes de lutte préventives et curatives efficaces.

## Caractérisation de la diversité co-pigmentaire dans le genre *Hydrangea*

**Amélie Dulac**

EA 921 Substances d'Origine Naturelle et Analogues Structuraux (SONAS)

La valorisation paysagère et horticole des espèces du genre *Hydrangea* est basée sur l'exploitation de leur diversité phénotypique, notamment en ce qui concerne les formes architecturales et les coloris. La collection de ressources génétique ainsi caractérisée comprend treize espèces introduites en Europe parmi lesquelles trois seulement présentent des inflorescences colorées : *H. macrophylla*, *H. aspera* et *H. involucrata*. L'analyse des bases pigmentaires de ces colorations permettra d'une part de compléter la caractérisation des espèces et des clones et d'autre part d'orienter les stratégies de conservation et de sélection. L'objectif de cette étude est d'analyser les profils co-pigmentaires d'ensemble de clones et de mettre en évidence la diversité intra et interspécifique existante dans notre collection.

Parmi les 200 extraits analysés, 47 composés phénoliques ont été détectés et partiellement identifiés dans les espèces étudiées : 11 acides phénoliques, 31 flavonoïdes et 5 dérivés de spermidine.

Il existe une forte diversité co-pigmentaire qualitative et quantitative entre les trois espèces *H. macrophylla*, *H. aspera* et *H. involucrata*. L'espèce *H. macrophylla* a une teneur très forte en acide chlorogénique et contient très peu de dérivés de quercétine en comparaison aux 2 autres espèces. Les dérivés de myricétine se retrouvent uniquement chez *H. aspera*.

# Rôle de la protéine MtSNF4b dans la post maturation à sec des graines de *Medicago truncatula*

**William Bolingue**

UMR A 1191 Physiologie Moléculaire des Semences (PMS)

La Sucrose non-fermenting Related Kinase (SnRK1), en interaction avec ses deux sous unités :  $\beta$  et  $\gamma$  (SNF4), est un régulateur important du métabolisme et des réponses aux stress chez les plantes (Baena-Gonzales *et al.*, 2007). Snf4b est une sous unité  $\square$  spécifique des graines de *Medicago truncatula* dont l'expression est maximum à la fin de la maturation (Buitink *et al.*, 2004). Une approche RNAi a montré que SNF4b confère une fonction temporaire spécifique aux complexes SnRK1, améliorant la longévité des graines et affectant la teneur en sucres non réductibles durant les derniers stades de la maturation (Rosnoblet *et al.*, 2007). Les premiers résultats montrent également que SNF4 ne reste en complexe durant l'imbibition que dans les graines dormantes. L'analyse de la germination des graines RNAi *SNF4b* au cours de la post maturation à sec montre que les graines n'exprimant pas SNF4b perdent leur dormance plus rapidement que les graines de type sauvage. Cependant, cette régulation semble s'effectuée indépendamment des principales hormones contrôlant la dormance et la germination, tel que l'acide abscissique et l'acide gibbérellique. Afin d'identifier les voies métaboliques régulées par *Snf4b* liées à la dormance et à la germination, une analyse transcriptomique comparative a été menée entre des embryons RNAi *SNF4b* et de types sauvages. Après analyse, 135 gènes montrent une expression différentielle dans les embryons dormants. Seul 20% de ces gènes restent différentiellement exprimés dans les embryons non dormants. La majeure partie des gènes sont sur-exprimés dans les embryons dormants de type sauvages. Ces gènes sont principalement associés aux voies métaboliques des phénylpropanoïdes, des flavonoïdes et des isoflavonoïdes avec une sur-expression de 9 gènes sur 10 de la voie de biosynthèse des médicarpine. Par ailleurs, de nombreux gènes liés aux stress biotiques, tel que des gènes codant des pathogenesis related proteines, des chitinases ou des facteurs de transcription de type WRKY sont sur-exprimés dans les embryons sauvages. L'analyse RT-qPCR de certains gènes représentatifs confirme ce résultat sur des récoltes indépendantes intégrant des embryons mutants et des embryons de contrôle supplémentaires. La protéine Snf4b semble connecter la post maturation à sec avec les mécanismes de défenses dans les graines dormante de *Medicago truncatula*.

# Détermination des répertoires d'effecteurs de type III chez *Xanthomonas axonopodis* et analyse de leur rôle dans la spécificité plante hôte/pathovar

Ahmed Hajri

UMR A 077 Pathologie Végétale (PaVé)

L'espèce bactérienne *Xanthomonas axonopodis* est caractérisée par une étroite adaptation à l'hôte qui se traduit par l'existence d'une trentaine de pathovars. Ceux-ci regroupent les souches qui provoquent un même type de symptômes sur une même gamme d'hôtes. Actuellement, les déterminants moléculaires de la spécificité d'hôte des pathovars ne sont pas connus.

Le système de sécrétion de type III (SST3) est un déterminant très important du pouvoir pathogène des bactéries phytopathogènes. Il permet l'injection de protéines bactériennes appelées effecteurs de type III directement dans la cellule hôte. Il est connu que les effecteurs de type III peuvent élargir la gamme d'hôtes en supprimant les défenses de la plante, ou bien la restreindre lorsqu'ils sont reconnus par la plante.

Dans l'objectif d'étudier l'implication des effecteurs de type III dans la spécificité d'hôte, nous avons déterminé par PCR et par Dot Blot la distribution des gènes codant 37 effecteurs de type III chez 132 souches appartenant à 18 pathovars de l'espèce *X. axonopodis*. Les résultats obtenus révèlent l'existence de deux catégories d'effecteurs de type III : des effecteurs ubiquistes et des effecteurs variables. D'autre part, nos résultats montrent que les répertoires d'effecteurs de type III sont caractéristiques des pathovars, mais il existe aussi une certaine variabilité des répertoires au sein d'un même pathovar.

Pour vérifier ces hypothèses, nous avons construit un dendrogramme à partir des matrices de présence/absence des effecteurs de type III chez les souches testées. Ce dendrogramme permet de regrouper les souches en fonction de leurs pathovars ce qui suggère l'existence d'une corrélation entre répertoires d'effecteurs de type III et structuration en pathovars chez *X. axonopodis*. La confrontation de la phylogénie obtenue par séquençage du gène de ménage *rpoD* avec ce dendrogramme suggère que les répertoires d'effecteurs de type III peuvent expliquer une convergence pathologique des souches sur leur plante hôte.

Notre étude a permis également d'identifier des réarrangements génétiques au sein de certains effecteurs de type III : il s'agit d'une délétion, d'une duplication en tandem et de nombreuses séquences d'insertion (IS). Les IS identifiées appartiennent majoritairement à la famille IS3.

Comme perspectives, on se propose de poursuivre l'étude la diversité allélique des effecteurs de type III et de réaliser des études fonctionnelles sur certains effecteurs de type III.

# Y a-t-il des signatures de sélection dans les gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes chez la carotte ?

Jérémy Clotault

UMR A 1259 Génétique et Horticulture (GenHort)

L'histoire de la carotte cultivée a abouti à une grande variabilité de coloration racinaire, principalement expliquée par des variations de teneur en caroténoïdes. Les connaissances sur la structure de la diversité génétique résultant de cette histoire et sur les gènes soumis à sélection lors de la diversification pour la couleur sont encore très faibles. Les gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes représentent de bons candidats pour la recherche du déterminisme de la teneur en caroténoïdes ainsi que pour déterminer comment la sélection agit sur une voie métabolique.

L'objectif de ce travail est de déterminer s'il existe des signatures de sélection pour les gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes chez la carotte.

Une portion de 7 gènes répartis sur la voie de biosynthèse des caroténoïdes et de 3 marqueurs anonymes a été séquencée chez 48 cultivars choisis pour maximiser la diversité pigmentaire et géographique de la carotte. Les haplotypes ont été analysés par le calcul d'indices de diversité nucléotidique, des mesures de différenciation génétique et le calcul du déséquilibre de liaison. Des tests de neutralité ont permis de rechercher des déviations par rapport au modèle de neutralité sélective.

Les séquences étudiées montrent un polymorphisme important (1 SNP tous les 21 pb en moyenne). Les gènes de début de voie *IPI* et *PDS* sont peu polymorphes ( $\pi=0.0082$  et  $0.0038$ ) tandis que *CRTISO* et *LCYE* sont très polymorphes ( $\pi=0.0345$  et  $0.0246$ ). Hormis pour les gènes *IPI* et *PDS*, les haplotypes des gènes étudiés se répartissent en deux haplogroupes. Des déviations de la neutralité ont été identifiées pour plusieurs gènes mais devront être confirmées, notamment pour distinguer l'effet de la sélection de celui de l'histoire démographique. Il a notamment été mis en évidence une probable structuration génétique entre cultivars d'origine occidentale et orientale. Chez cette espèce allogame, le déséquilibre de liaison persiste en moyenne au-delà de 1 kb sur les gènes étudiés.

Ces résultats montrent que les gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes ont connu des histoires évolutives différentes. La position des gènes dans la voie métabolique semble avoir eu un effet sur les pressions de sélection exercées sur ces gènes. La connaissance du déséquilibre de liaison et de la structuration génétique devrait permettre de proposer des stratégies pour développer les études de génétique d'association chez cette espèce.

# Mise en évidence de partenaires d'interactions des protéines *MtSAP1* et p21 par double hybride bactérien

**Marie-Laure Gervais**

UMR A 1191 Physiologie Moléculaire des Semences (PMS)

Les protéines ont un rôle majeur dans l'organisation et la fonction cellulaire. Elles permettent notamment à la cellule de réagir à différents stimuli intrinsèques ou extérieurs par une cascade d'interactions entre elles aboutissant à une réponse transcriptionnelle et/ou métabolique. La compréhension des interactions protéine-protéine ou interactome présente donc un intérêt majeur dans la recherche. Au sein du laboratoire nous travaillons sur la mise en évidence de nouvelles interactions à l'aide de la technique de double hybride bactérien, basé sur le même principe que celui de la levure. Plus précisément, notre travail est axé sur la découverte de partenaires d'interaction de la protéine *MtSAP1* chez *Medicago truncatula* et via une collaboration avec l'Inserm U892 celle de partenaires d'interactions d'une protéine fortement impliqué dans la progression tumorale du colon, p21. Nous avons donc réalisé un criblage de banque cDNA par double hybride bactérien, et de ce fait découvert plusieurs partenaires pour chacune des protéines d'intérêt, permettant ainsi d'appréhender la fonction de *MtSAP1* et p21. La seconde partie de ce travail demande une vérification des interactions *in vivo*.

# Étude de la régulation de la force puits d'*Orobanche ramosa*, plante parasite de grandes cultures

**Thomas Peron**

EA 1157 Laboratoire de Biologie et Pathologie Végétales (Université de Nantes)

Le LBPV (EA 1157, Université de Nantes) concentre ses activités de recherche en Pathologie Végétale sur deux axes majeurs : (1) la caractérisation des mécanismes de résistances des grandes cultures (tournesol, colza, tomate) à la plante parasite *Orobanche* ; (2) la caractérisation des particularités biologiques de l'*Orobanche*. Le travail de thèse présenté ici recouvre ses deux thématiques.

Une fois fixée à une racine d'une plante hôte, l'*Orobanche* envahit le cortex racinaire et se connecte aux tissus conducteurs de la plante hôte, un tubercule pourra alors se former puis une tige qui deviendra la hampe florale. L'*Orobanche* est une plante non chlorophyllienne, par conséquent le prélèvement d'eau, de substances minérales et organiques (saccharose essentiellement) chez la plante hôte est indispensable à son développement. Le parasite puise la majeure partie de ses ressources dans la sève élaborée de la plante hôte, très probablement par le biais d'une continuité symplasmique entre les cellules phloémiennes de l'hôte et celles du parasite. Quelque soit l'âge du tubercule, ce dernier constitue un puits plus puissant que les racines de la plante hôte sur lesquelles il s'est développé. Par ailleurs, la force de puits du tubercule s'accroît au fur et à mesure de son développement et reposerait en grande partie sur la faculté du parasite à prélever le saccharose chez l'hôte et à le métaboliser.

L'objectif principal de ces travaux est de caractériser les gènes et les protéines impliqués dans l'utilisation et le transport du saccharose dans le tubercule et la tige souterraine du parasite. Chez les plantes, invertases et/ou saccharose synthétase contribuent au métabolisme de ce diholoside et représentent de ce fait des éléments majeurs de régulation de la force de puits. Ces travaux tentent de définir précisément l'implication de ces enzymes dans le développement du tubercule et de la tige souterraine du parasite, et dans la mise en réserve des glucides solubles (mannitol et hexoses) et insolubles (amidon).

Par l'ensemble de ces approches, ces travaux revêtent un caractère fondamental. Néanmoins, chez le colza, certains génotypes présentent un fort degré de tolérance qui semble basé sur l'induction d'un dysfonctionnement de la force de puits du parasite dont le développement est fortement ralenti voire bloqué au stade tubercule. Un autre aspect de ces travaux consistera à comprendre l'origine de ce dysfonctionnement et ainsi aboutir à la caractérisation de mécanismes de défense à l'*Orobanche* de certains génotypes de colza, dont le degré de tolérance au champ s'avère très prometteur à ce jour.

## CONTACTS DOCTORANTS ET POST-DOCTORANTS - 2008

### **GenHort**

AUVRAY Gaëlle  
BOEDO Cora  
CLOTAULT Jérémy  
DAGHIGHI Saeid  
DULAC Amélie  
FRESLON Vanessa  
GAILLARD Emilie  
GALA Ruxandra  
GALVEZ-LOPEZ Didiana  
KAWAMURA Koji  
LE VAN Amandine  
REMA Y Arnaud  
SANE Fatoumata

Gaëlle.Auvray@angers.inra.fr  
cora.boedo@etud.univ-angers.fr  
jeremy.clotault@inh.fr  
Saeid.Daghighi@agrocampus-ouest.fr  
amelie\_dulac@yahoo.fr  
vanessa.freslon@angers.inra.fr  
emilie.vergne@angers.inra.fr  
ruxandra.gala@angers.inra.fr  
didiana.galvez-lopez@angers.inra.fr  
koji.kawamura@angers.inra.fr  
amandine.levan@angers.inra.fr  
arnaud.remay@angers.inra.fr  
Fatoumata.Sane@agrocampus-ouest.fr

### **PMS**

BOLINGUE William  
BOUCHER Virginie  
BRUNEL Sophie  
CHATELAIN Emilie  
GERVAIS Marie-Laure  
GIMENO-GILLES Christine  
PIERRE Johann  
HUNDERTMARK Michaela

william.bolingue@angers.inra.fr  
Virginie.boucher@etud.univ-angers.fr  
brunel@angers.inra.fr  
emilie.chatelain@etud.univ-angers.fr  
marielauregervais@hotmail.com  
christine.gimeno@univ-angers.fr  
johann.pierre@agrocampus-ouest.fr  
hundertmark.michaela@univ.angers.fr

### **RCIM**

ALY Mohamed  
BODEREAU Béatrice  
CELINE Defaix  
MOIGNOT Bénédicte  
MURILLO Laurence  
ZEINEB Es-Salah

alyrageh@yahoo.com  
beatrice.boderau@univ-angers.fr  
celine\_defaix@yahoo.fr  
benedicte.moignot@univ-angers.fr  
aurence.murillo@univ-angers.fr  
Zeineb.es-salah@univ-angers.fr

### **SAGAH**

BOUTEBTOUB Wahiba  
CHOUB Djillali  
GIRAULT Tiffanie  
HENRY Clémence  
LE GALL Julien  
RABOT Amélie

wahiba.boutebtoub@inh.fr  
Adjillalichouba@yahoo.fr  
tiffanie.girault@etud.univ-angers.fr  
clemence.henry@etud.univ-angers.fr  
julien.le-gall@angers.inra.fr  
Amelie.Rabot@agrocampus-ouest.fr

### **PaVé**

BENICHO Lalias  
BOEDO Cora  
CALMES Benoît  
DUGE DE BERNONVILLE Thomas  
HAJRI Ahmed  
JOUBERT Aymeric  
LE VAN Amandine  
MHEDBI Nadia

aliasb@yahoo.fr  
cora.boedo@etud.univ-angers.fr  
benoit.calmes@etud.univ-angers.fr  
thomas.duge-de-bernonville@angers.inra.fr  
ahmed.hajri@angers.inra.fr  
aymeric.joubert@etud.univ-angers.fr  
amandine.levan@angers.inra.fr  
mhedbi@angers.inra.fr

1<sup>ère</sup> Journée des doctorants de l'IFR 149  
Jeudi 11 Novembre 2008

## ***SONAS***

ABU Suresh  
ALOMAR Kusai  
BERTRAND Samuel  
DANG VAN Hoai  
DULAC Amélie  
LAVAUD Alexis  
MAHMOOD Kaliid  
MEZACHE Nadjet  
PINEL Benoit  
ROPIVIA Jacqueline

[arsborg@gmail.com](mailto:arsborg@gmail.com)  
[kusai.alomar@etud.univ-angers.fr](mailto:kusai.alomar@etud.univ-angers.fr)  
[bertrandsamuel@yahoo.fr](mailto:bertrandsamuel@yahoo.fr)  
[dvhoai@yahoo.com](mailto:dvhoai@yahoo.com)  
[amelie\\_dulac@yahoo.fr](mailto:amelie_dulac@yahoo.fr)  
[alexis.lavaud@gmail.com](mailto:alexis.lavaud@gmail.com)  
[khaliid.mahmood@yahoo.com](mailto:khaliid.mahmood@yahoo.com)  
[mezachenadjet@yahoo.fr](mailto:mezachenadjet@yahoo.fr)  
[b.pinel@kromaton.com](mailto:b.pinel@kromaton.com)  
[ropivia\\_jacqueline@yahoo.fr](mailto:ropivia_jacqueline@yahoo.fr)

## ***LBPV***

DONGO Anita  
DRAIE Rida  
GAUTHIER Mathieu  
PERON Thomas

[Anita.Dongo@univ-nantes.fr](mailto:Anita.Dongo@univ-nantes.fr)  
[rida.draie@etud.univ-nantes.fr](mailto:rida.draie@etud.univ-nantes.fr)  
[mathieu.gauthier84@gmail.com](mailto:mathieu.gauthier84@gmail.com)  
[thomas.peron@etu.univ-nantes.fr](mailto:thomas.peron@etu.univ-nantes.fr)