



Déterminants génomiques de l'Adaptation à l'Hôte chez le champignon phytopathogène polyphage *Botrytis cinerea* (DAPHné)



Grignon (BASC)

Marguerite Cuel
Bérengère Dalmais
Clémentine Duplaix
Richard Laugé



Orsay (BASC)

Tatiana Giraud



Montpellier

Elisabeth Fournier
Pierre Gladieux



Toulouse

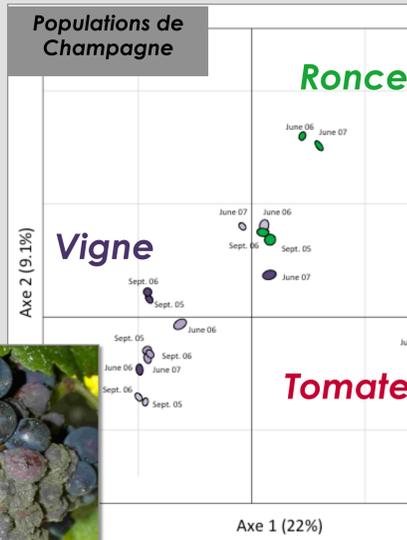
Jérôme Gouzy

Botrytis cinerea, une espèce polyphage mais dont les populations sont hôte-spécifiques

B. cinerea est l'agent de la pourriture grise, capable d'infecter plusieurs centaines d'espèces végétales.

Les populations sont néanmoins génétiquement différenciées suivant les plantes hôtes.

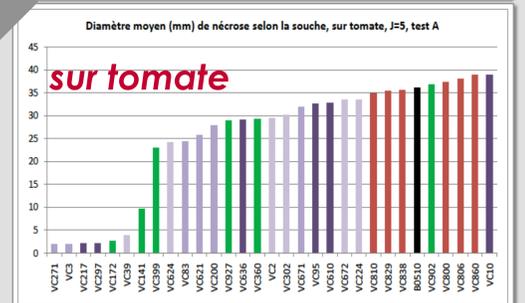
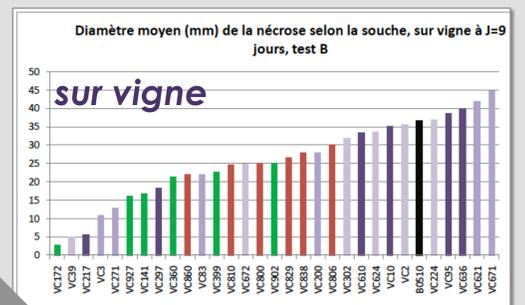
Par ailleurs, des tests d'agressivité suggèrent une préférence pour l'hôte dont est issu un isolat.



Tests d'agressivité en conditions contrôlées



Walker et al. 2014 Environ. Microbiol.
doi: 10.1111/1462-2920.12563.



Quelles sont les bases génétiques de l'adaptation à l'hôte ?

Les génomes de 12 souches caractéristiques des populations collectées sur vigne et tomate seront séquencés pour identifier les éléments génomiques impliqués dans la divergence des populations pathogènes associées à ces hôtes.

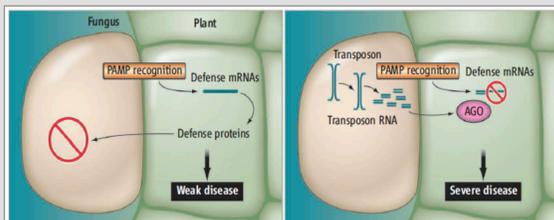
Approche globale (« Genome scan »)

- ➔ Séquençage Illumina (100 bp, paired-ends, 25X) de 12 souches champenoises :
6 souches « vigne » versus 6 souches « tomate »
- ➔ Inférence de l'histoire démographique des populations
- ➔ Identification des régions génomiques qui résistent aux flux de gènes entre les deux populations
- ➔ Recherche des régions présentant une divergence nucléotidique élevée entre populations, ou des signatures de sélection positive à l'intérieur des populations
- ➔ Comparaison avec les répertoires connus d'effecteurs de la pathogénie (petites protéines sécrétées et métabolites secondaires)

Rôle des petits ARN non codants ?

B. cinerea synthétise des petits ARN non codants (20-24 bp) qui piratent les mécanismes de « silencing » de la plante pour inactiver les gènes de défense.

Ces effecteurs dérivent des régions génomiques riches en séquences répétées ce qui pourrait permettre une évolution rapide conduisant à l'adaptation à de nouveaux hôtes.



Fungal sRNAs affect disease progression. In the absence of fungal sRNA (left) the pathogen-associated molecular pattern (PAMP) recognition system ensures that the fungus is suppressed and disease is weak. By contrast, in their presence (right), the host defense system is blocked, and the disease progresses rapidly.

Baulcombe, 2013, Science. 342(6154):45-6
Weiberg et al., 2013 Science. 342(6154):118-23

- ➔ Séquençage des petits ARN
- ➔ Comparaison des répertoires des souches « vigne » versus « tomate »
- ➔ Identification des gènes cibles potentiels chez les plantes hôtes

Projet financé par l'AAP BASC Projet Phare 2 – Adaptation – Décembre 2014

