

Identification de cibles d'effecteurs de pathogénie impliquées dans la sensibilité du blé tendre à la fusariose de l'épi

Contacts et encadrement :

Ludovic Bonhomme (UMR GDEC)
PR Université Clermont Auvergne
04 43 76 15 27
ludovic.bonhomme@uca.fr

Christophe Tatout (iGReD)
PR Université Clermont Auvergne
04 73 40 74 06
christophe.tatout@uca.fr

Dates :

Clôture des candidatures : 30/09/2021
Début de la Thèse : novembre 2021
Durée: 3 ans

Candidature :

Veuillez adresser votre candidature comprenant une lettre de motivation, relevés de notes et CV à L. Bonhomme et C. Tatout.

Laboratoire et équipe d'accueil :

UMR UCA/INRAE 1095 GDEC
Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales
Équipe Maladies des Céréales
5 chemin de Beaulieu
63000 Clermont-Ferrand
<https://www6.clermont.inrae.fr/umr1095>

Financement :

Financement Région AuRA,
Projet FHB-SECURE
PAR2020, I-SITE CAP2025



Contexte scientifique et objectifs du projet de Thèse:

Le développement des agents pathogènes dans les tissus végétaux est contrôlé par un véritable « dialogue moléculaire » qui conditionne l'expression, chez les deux partenaires, de programmes génétiques spécifiques. Ce dialogue s'établit chez l'agent pathogène par l'expression d'un arsenal complexe d'acteurs moléculaires appelés effecteurs, libérés dans l'espace intercellulaire ou directement injectés dans le cytoplasme des cellules hôtes, et dont la fonction est de participer à la création d'un environnement favorable à son développement. Véritables vecteurs d'une manipulation parasitaire, ils permettent l'expression chez la plante de réponses spécifiques capables de promouvoir le développement infectieux. L'ensemble de ces fonctions végétales « manipulées » deviennent *de facto* des facteurs de sensibilité, et les gènes qui les contrôlent, des gènes de sensibilité (« susceptibility (S) genes »).

Chez le blé tendre, les travaux récents sur la fusariose de l'épi de blé conduits au sein de l'équipe "Maladies des Céréales" (UMR GDEC, Clermont-Fd) ont clairement démontré la remarquable sophistication de ce dialogue moléculaire (Chetouhi et al., 2015 ; Chetouhi et al., 2016; Fabre et al. 2020). Des approches innovantes ont notamment permis d'identifier un ensemble d'effecteurs putatifs très conservés entre souches pathogènes (core-effectome), produits par vagues à des

étapes clés de l'interaction et co-régulés avec les réponses moléculaires de la plante (Fabre et al., 2019a ; Fabre et al., 2019b ; Fabre et al. 2020 ; Fabre et al. 2021 ; Alouane et al., 2021). Ces travaux indiquent également que l'accumulation de certains des effecteurs fongiques caractérisent le niveau d'agressivité des souches de *F. graminearum* et disposent de séquences d'adressage à différents compartiments sub-cellulaires de la plante, notamment vers le noyau des cellules hôtes où ils pourraient de façon directe ou indirecte modifier la transcription du génome de la plante. L'ensemble de ces données permet de disposer d'une liste d'effecteurs candidats qui pourraient expliquer l'expression de facteurs de sensibilité à la maladie. L'identification de leurs cibles chez le blé tendre

représentent donc une véritable opportunité pour caractériser des gènes de sensibilité originaux et pour mieux comprendre la spécificité des mécanismes physiologiques et moléculaires sous-jacents.

Sujet de la Thèse:

Le travail de Thèse intègre le projet FHB-SECURE (*FHB susceptibility: fungal effectors at the plant nuclear gate*), financé par la Région Auvergne-Rhône-Alpes, dont l'objectif est de caractériser le rôle du transport nucléaire dans la sensibilité du blé tendre à la fusariose de l'épi. Dans ce contexte, les objectifs de la Thèse sont de caractériser les liens entre des effecteurs fongiques adressés au noyau des cellules-hôtes et les réponses moléculaires de la plante, afin d'identifier des facteurs de sensibilité potentiellement manipulés par l'agent pathogène pour favoriser l'établissement de son processus infectieux. Il s'agira tout d'abord de réaliser un criblage d'effecteurs candidats disposant d'une séquence protéique caractéristique de l'adressage nucléaire des végétaux, par expression transitoire dans la plante. A l'issue de ce crible, une sélection d'effecteurs sera établie afin de caractériser leurs interactions avec des acteurs protéiques ou avec l'ADN pour identifier leurs cibles chez la plante. L'identification des cibles de ces effecteurs chez le blé permettra avec l'aide du groupe Limagrain, partenaire du projet, de cribler les ressources génétiques disponibles par une méthodologie de capture de gènes pour identifier les polymorphismes présents dans les gènes candidats sur un panel de lignées de blé incluant du matériel élite.

Profil recherché :

Master 2 en Biologie Végétale ou équivalent
Expériences souhaitables en expérimentation végétale et phytopathologie
Bonnes compétences en Biologie/Physiologie Moléculaire

Publications récentes de l'équipe d'accueil :

- F. Fabre, S. Urbach, S. Roche, T. Langin, L. Bonhomme. 2021. Proteomics-Based Data Integration of Wheat Cultivars Facing *Fusarium graminearum* Strains Revealed a Core-Responsive Pattern Controlling Fusarium Head Blight. *Frontiers in Plant Science* 12:644810.
- F. Fabre, F. Rocher, T. Alouane, T. Langin, L. Bonhomme. 2020. Searching for FHB Resistances in Bread Wheat: Susceptibility at the Crossroad. *Frontiers in Plant Science* 11:731.
- F. Fabre, J. Bormann, S. Urbach, S. Roche, T. Langin, L. Bonhomme. 2019. Unbalanced roles of fungal aggressiveness and host cultivars in the establishment of the Fusarium head blight in bread wheat. *Frontiers in Microbiology* 10:2857.
- F. Fabre, M. Vignassa, S. Urbach, T. Langin, L. Bonhomme. 2019. Time-resolved dissection of the molecular crosstalk driving Fusarium head blight in wheat provides new insights into host susceptibility determinism. *Plant Cell & Environment* 42:2291–2308.
- T. Alouane, H. Rimbert, F. Fabre, F. Cambon, T. Langin, L. Bonhomme. 2018. Genome sequence of *Fusarium graminearum* Strain MDC_Fg1, isolated from bread wheat grown in France. *Microbiology Resource Announcements* 7, e01260-18.
- C. Chetouhi, L. Bonhomme, P. Lasserre-Zuber, S. Pelletier, J.-P. Renou, T. Langin. 2016. Transcriptome dynamics of a susceptible wheat upon Fusarium head blight reveals that molecular responses to *Fusarium graminearum* infection fit over the grain development processes. *Functional & Integrated Genomics* 16:183–201.
- C. Chetouhi, J. Panek, L. Bonhomme, H. El Alaoui, C. Texier, T. Langin, C. de Bekker, S. Urbach, E. Demettre, D. Misse, P. Holzmüller, D.P. Hughes, A. Zanzoni, C. Brun, D.G. Biron. 2015. Cross-talk in host-parasite associations: what past and recent proteomics tools tell us? *Infection, Genetics & Evolution* 33, 84-94.