

Année de l'AAP : 2010

Projet N° 1002-003

Titre : Identification d'effecteurs de pathogénicité de nématodes (<i>Meloidogyne</i> spp.) chez le riz (<i>Oryza sativa</i>)

Unité responsable du projet : UMR RPB "Résistance des plantes aux bioagresseurs" (CIRAD, IRD, UMII)

Porteur de projet : Fernandez, Diana (diana.fernandez(a)ird.fr)

Pays associés au projet : Brésil et Bénin

Sous-axes thématiques : BIP-1 : Génétique et génomique, amélioration des plantes, écophysiologie.

Objectifs :

Les maladies causées par les nématodes parasites trouvés dans les plantes sont les principaux facteurs qui diminuent la production et la qualité des produits agricoles. Les nématodes à galles (*Meloidogyne* spp.) sont l'un des trois genres de nématodes phytoparasites les plus économiquement dommageables de nématodes phytoparasites sur des cultures horticoles des champs dans toutes les régions tempérées et tropicales (Trudgill et Block, 2001).

La principale hypothèse dont part ce projet est que les nématodes *Meloidogyne* sécrètent un riche éventail d'effecteurs qui interagissent avec ou manipulent les plantes hôtes durant l'infection. Une analyse spectrométrique de masse exhaustive des sécrétions de *M. incognita* a permis l'identification directe des protéines qui pourraient jouer un rôle dans les interactions entre *M. incognita* et ses plantes hôtes. Dans ce projet, nous proposons de rechercher les protéines essentielles de *M. incognita* parmi un ensemble de protéines candidates sécrétées et d'évaluer leur rôle possible en tant qu'effecteurs impliqués dans les interactions avec la plante hôte. Cet objectif peut être atteint par un projet multidisciplinaire combinant la génomique fonctionnelle (transcriptomique, génétique inverse/classique, dosages biologiques), la pathologie végétale de base (prélèvement de nématodes dans les champs et identification) et l'analyse de la variabilité génétique des gènes candidats dans les populations de nématodes.

Le programme proposé associera l'analyse fonctionnelle des gènes candidats de *Meloidogyne* avec des enquêtes de terrain en vue d'échantillonner les populations de nématodes et d'évaluer la variabilité du gène candidat à l'échelle régionale au Brésil et en Afrique. Un ensemble de protéines sécrétées de *M. incognita* ont été sélectionnées dans l'IRD et l'Embrapa-Cenargen en tant que candidats effecteurs à virulence putative. Une fois qu'il sera confirmé que ces protéines sont sécrétées pendant le parasitisme, l'analyse fonctionnelle des gènes candidats sera évaluée par une méthode combinée à base de génétique classique et de génétique inverse, en s'appuyant sur la transformation génétique du riz.

L'étude des protéines sécrétées lors des interactions avec les plantes hôtes devrait considérablement élargir notre connaissance des acteurs moléculaires contribuant au pouvoir pathogène des nématodes, ouvrant de nouvelles perspectives de stratégies de contrôle de la *Meloidogyne* spp. dans les cultures de riz et d'autres cultures présentant un intérêt pour le Brésil et l'Afrique, qui sont très sensibles à *M. incognita*. Les principaux objectifs de ce projet seront : (i) d'identifier et de caractériser fonctionnellement les protéines effectrices de *M. incognita* impliquées dans la virulence contre la plante hôte, (ii) d'évaluer le polymorphisme du gène de *M. incognita* parmi les populations naturelles dans les champs de riz du Brésil et du Bénin et (iii) de générer des plants de riz ayant une activité anti-nématodes potentielle contre *Meloidogyne* spp.

Financement total par Agropolis Fondation : 19 999 €

Catégorie(s) de soutien : Chercheur invité

Durée du projet : 01 mars 2011 – 28 février 2013

Mots clés : *Meloidogyne* nématode, maladie, virulence, protéines effectrices, approche de reverse génétique