



Rustomics

An integrated multi-omics approach to decipher the poplar-poplar rust interaction

Responsable scientifique : Sébastien Duplessis , UMR Interaction Arbre Micro-organismes (IAM) 1136

Partenaires Labex : Pascal Frey & Arnaud Hecker

Résumé

Contexte — Les maladies de la rouille causées par les champignons de l'ordre des Pucciniales entraînent des dégâts conséquents chez de nombreuses plantes cultivées ou des arbres exploités en plantation comme le peuplier. Le pathosystème établi entre le peuplier et *Melampsora larici-populina* est un des modèles les plus avancés pour la compréhension des mécanismes d'interaction avec les Pucciniales, notamment par la disponibilité des génomes de l'hôte et du pathogène. Des études conduites ces dix dernières années ont permis de faire des progrès quant à notre compréhension du processus infectieux, toutefois les connaissances sur les mécanismes moléculaires mis en jeu nécessitent d'être complétées.

Objectifs — Afin de préciser les déterminants de l'infection chez le champignon et les mécanismes de résistance et de défense mis en œuvre par le peuplier lors de l'interaction avec le pathogène, nous proposons de mettre en place une approche multi-omique dans le cadre de l'infection d'un cultivar de peuplier par des isolats avirulent (processus de résistance) et virulent (succès de l'infection).

Démarche — Sur la base de cinétiques d'infection produites en laboratoire (collecte de 7 points entre inoculation de spores et apparition de symptômes à 7 jours), les ARNm et small-RNA seront extraits afin de réaliser une analyse transcriptomique par séquençage Illumina, les protéines seront extraites afin d'effectuer une analyse protéomique, et enfin, les métabolites seront extraits pour compléter par une approche de métabolomique.

Résultats et impacts attendus — L'analyse de ces trois approches grâce aux génomes de référence à disposition, nous donnera pour la première fois accès de façon concomitante aux profils des gènes et protéines exprimés ainsi qu'aux métabolites produits. L'intégration de l'ensemble de ces données seront particulièrement puissantes pour générer une vue plus complète des événements moléculaires qui prennent place lors de l'interaction. Les résultats générés orienteront de futurs travaux pour trouver de nouvelles méthodes de lutte contre les Pucciniales.