



HAL
open science

Exploring SDHI resistance in *Botrytis cinerea*: from mutagenesis to enzymatic assays

Anaïs Laleve, Anne Sophie A. S. Walker, Pierre Leroux, V Toquin, H Lachaise, Sabine, Helma Fillinger-David

► To cite this version:

Anaïs Laleve, Anne Sophie A. S. Walker, Pierre Leroux, V Toquin, H Lachaise, et al.. Exploring SDHI resistance in *Botrytis cinerea*: from mutagenesis to enzymatic assays. 8° Colloque de la Société Française de Phytopathologie (SFP), Saisissez le nom du laboratoire, du service ou du département., Ville service., 2012, Paris, France. hal-01191163

HAL Id: hal-01191163

<https://hal.science/hal-01191163>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

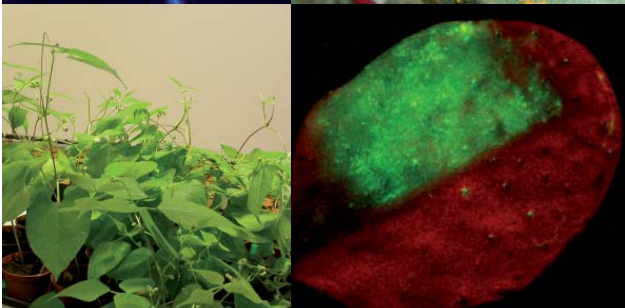
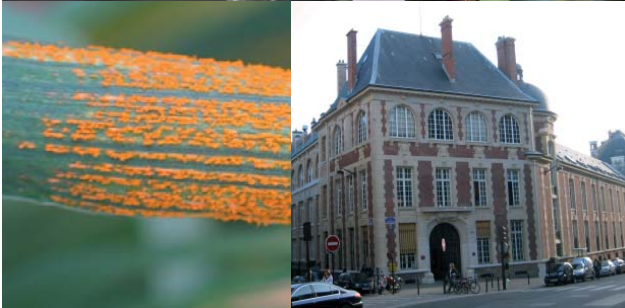


Société Française de Phytopathologie



8^e colloque de la Société Française de Phytopathologie

Livre des résumés



5 au 8 juin 2012

AgroParisTech, Paris 5^e

<https://www.agroparistech.fr/-SFP-2012-.html>



Nos partenaires



<http://www.agroparistech.fr>

Institut des Sciences et Industries du Vivant et de l'Environnement



<http://www.cirad.fr/> Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement



Bayer Crop Science

<http://www.bayercropscience.com/>



Département Santé des Plantes et Environnement

<http://www4.inra.fr/sante-plantes-environnement/>



Biotransfer

contact@biotransfer.fr



BASF

http://www.basf.fr/ecp2/France/fr_FR/



La Plante et son Environnement IFR 87

<http://www.ifr87.cnrs-gif.fr/>



Université Paris-Sud 11

<http://www.u-psud.fr>



Université Paris-Sud 11

<http://www.u-psud.fr>



Syngenta

<http://www3.syngenta.com/country/fr/fr/Pages/home.aspx>

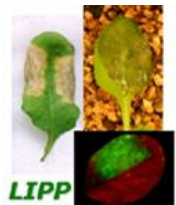


Labex Saclay Plant Sciences

<http://www6.inra.fr/saclay-plant-sciences>

Le comité local d'organisation

Des membres des unités de recherche suivantes ont participé à l'organisation du colloque :



UMR217 INRA-AgroParisTech-UPMC Laboratoire des Interactions Plantes-Pathogènes
<http://www.agroparistech.fr/UMR-Interactions-Plantes,1494.html>



UR1290 BIOGER CPP BIOlogie GEstion des Risques en agriculture - Champignons Pathogènes des Plantes
<http://www.versailles-grignon.inra.fr/bioger>



Institut des Sciences du Végétal ISV – CNRS
<http://www.isv.cnrs-gif.fr/>



Institut de Biologie des Plantes Université Paris Sud - CNRS - UMR 8618
<http://www.ibp.u-psud.fr/>

- Alia Dellagi (AgroParisTech, Paris, France)
- Mathilde Fagard (INRA, Paris, France)
- Denis Faure (CNRS, Gif sur Yvette, France)
- Isabelle Fudal (INRA, Grignon, France)
- Marie Garmier (U. Paris Sud, Orsay, France)
- Valerie Geffroy (INRA, Orsay, France)
- Lilian Gout (AgroParisTech, Grignon, France)
- Pascal Ratet (CNRS, Gif sur Yvette, France)
- Ivan Sache (INRA, Grignon, France)
- Frederic Suffert (INRA, Grignon, France)
- Frederique Van Gijsegem (INRA, Paris, France)
- Anne Sophie Walker (INRA, Grignon, France)

Le comité scientifique

- Agnès Attard (INRA, Antibes, France)
- Marie-Anne Barny (INRA, Paris, France)
- Marie-Noëlle Brisset (INRA, Angers, France)
- Christian Cilas (CIRAD, Montpellier, France)
- Alia Dellagi (AgroParisTech, Paris, France)
- Marie-Laure Desprez-Loustau (INRA, Pierroton, France)
- Dominique Expert (CNRS, Paris, France)
- Frederic Fabre (INRA, Avignon, France)
- Mathilde Fagard (INRA, Paris, France)
- Isabelle Fudal (INRA, Grignon, France)
- Stephane Genin (CNRS, Toulouse, France)
- Sylvie German (INRA, Bordeaux, France)
- Clare Gough (CNRS, Toulouse, France)
- Eric Grenier (INRA, Rennes, France)
- Renaud Ios (Anses, LSV, Nancy, France)
- Valérie Laval (INRA, Grignon, France)
- Xavier Nesme (INRA, Lyon, France)
- Christian Steinberg (INRA, Dijon, France)
- Frederic Suffert (INRA, Grignon, France)
- Nabila Yahiaoui (CIRAD, Montpellier, France)



8^{ème} colloque de la Société Française de Phytopathologie

du 5 au 8 juin 2012- AgroParisTech, Paris (FRANCE)

Programme scientifique

MARDI 5 JUIN 2012

10h30-13h45 Inscriptions

12h30-13h45 Buffet d'accueil

13h45-14h00 Mot de Bienvenue

Session Taxonomie, diagnostic et détection (R. Ios, V. Laval).

14h00-14h40 Orateur invité : Neil Boonham/ The Food and Environment Research Agency, UK. « From field testing to next generation sequencing - delivering diagnostic solutions fast ».

14h40-15h00 X. Nesme/INRA Lyon : « Reverse ecology as an efficient novel approach to find relevant traits for bacterial taxonomy and ecology ».

15h00-15h20 M.-A. Jacques/INRA Angers : « L'étude phylogénétique et polyphasique d'une collection de souches met en évidence la présence de *Clavibacter michiganensis* non pathogènes transmises pas les semences de tomate ».

15h20-15h40 M. Dollet/CIRAD Montpellier : « Le séquençage du génome de deux trypanosomatides de plantes –« *Phytomonas* spp. »- au secours d'une taxonomie dépassée ».

15h40-16h00 D. Massé/ANSES Réunion : « Organisation d'un « Essai inter laboratoire d'aptitude » (EILA) selon les recommandations de la norme NF EN ISO/CEI 17043 :2010 - Détection du Banana bract mosaic potyvirus (BBrMV) par PCR ».

16h00 -16h30 : Pause café

Session Métiers de la phytopathologie (I. Sache, A.-S. Walker).

16h30-18h30 Orateurs invités : Arnaud Cousin (BASF), **Gilles Couleaud** (ARVALIS), **Cathy Biass-Morin** (Ville de Versailles), **Mathilde Massot** (VALINOV), **Bénédicte Pariaud** (VILMORIN)



8^{ème} colloque de la Société Française de Phytopathologie

du 5 au 8 juin 2012- AgroParisTech, Paris (FRANCE)

MERCREDI 6 JUIN 2012

Session Epidémiologie aux différentes échelles: plante, parcelle, paysage (C. Cilas et C. Lannou).

9h00-9h40 Orateur invité: Samuel Alizon/CNRS, France. « Lier dynamique intra-hôte des pathogènes et épidémiologie évolutive ».

9h40-10h00 C. Gigot/INRA Grignon : «Towards a better understanding of rain-borne *Septoria tritici* blotch epidemics within wheat cultivar mixtures».

10h00-10h20 F. Suffert/INRA Grignon : « Adaptation saisonnière des composantes d'agressivité d'une population locale de *Mycosphaerella graminicola* - agent de la septoriose du blé - à la température hivernale et au stade phénologique de son hôte ».

10h20-10h40 E. Muller/CIRAD Montpellier : « Structuration géographique de la variabilité moléculaire du virus du swollen shoot du cacaoyer (CSSV) en Afrique de l'Ouest ».

10h40-11h10 : Pause café

Session Méthodes de lutte et gestion des résistances: nouveaux défis dans la gestion des risques (S. German-Retana, V. Geffroy).

11h10-11h50 Orateur invité: Fernando García-Arenal/ Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Espagne. « Plant virus ecology, plant-virus co-evolution, and the management of plant virus diseases.»

11h50-12h10 J. Montarry/INRA Rennes : « Conséquences directes et indirectes de la sélection de nématodes par des plantes résistantes. »

12h10-12h30 A. Laleve/INRA Grignon : « Exploring SDHI resistance in *Botrytis cinerea*: From mutagenesis to enzymatic assays. »

12h30-12h45 L. Svanella-Dumas/INRA Bordeaux : « Vers une vision globale de la diversité biologique et moléculaire du Lettuce Mosaic Virus (LMV). »

12h45-12h55 M. Sorel/INRA Bordeaux : «Key Mutations In The Cylindrical Inclusion Of Lettuce Mosaic Virus (LMV) Are Involved In The Breakdown Of EiF4E-Mediated Resistance. »

13h00-14h00 : Repas



8^{ème} colloque de la Société Française de Phytopathologie

du 5 au 8 juin 2012- AgroParisTech, Paris (FRANCE)

Session Méthodes de lutte et gestion des résistances: nouveaux défis dans la gestion des risques (S. German-Retana, V. Geffroy).

14h00-14h20 F. Fabre/INRA Avignon : «Durable strategies to deploy plant resistance in agricultural landscapes. »

14h20-14h40 M-F. Corio-Costet/INRA Bordeaux : « BioMolChem', un outil pour évaluer l'état de défense après élicitation ou non, de cultivar ou de génotypes résistants aux maladies: du gène au champ. »

14h40-15h00 P. Bansept-Basler/NIABCambridge UK : «Association mapping for yellow rust resistance in UK winter wheat. »

15h00-15h20 D. Debieu/ INRA Grignon : «Natural and acquired fenhexamid resistance in *Botrytis* spp.: What's the difference? »

15h20-17h30 Posters SESSION numéros pairs/Pause café

19h00 Visite Musée du Louvre

20h30 Dîner de Gala au Louvre

JEUDI 7 JUIN 2012

Session Pouvoir pathogène et symbiotique (M. Arlat, P. Ratet).

9h00-9h40 Orateur invité: Eric Giraud/ IRD, France. « Le modèle *Aeschynomene/ Bradyrhizobium*: une association rhizobium/légumineuse atypique à l'interface entre Pathogénicité et symbiose. »

9h40-10h00 I. Fudal/ INRA Grignon: « The Avirulence Gene AvrLm4-7 of *Leptosphaeria maculans*: Linking Crystal Structure, Functional and Evolutionary Characteristics. »

10h00-10h20 S. Planamente/CNRS Gif sur Yvette : « Structure et fonction de deux protéines senseur du GABA chez le phytopathogène *Agrobacterium tumefaciens*. »

10h20-10h40 E. Evangelisti/INRA Sophia Antipolis : « Analyse fonctionnelle de trois effecteurs RXLR de *Phytophthora parasitica* accumulés au cours de la pénétration des premières cellules végétales. »

10h40-11h00 S. Siamer/INRA Paris : «Analysis of DspA/E, a type III effector essential to the pathogenicity of *Erwinia amylovora*, in *Saccharomyces cerevisiae*. »

11h00-11h30 Pause café



8^{ème} colloque de la Société Française de Phytopathologie

du 5 au 8 juin 2012- AgroParisTech, Paris (FRANCE)

Session Génomique des interactions (N. Yahiaoui, M.-A. Barny).

11h30-12h10 Oratrice invitée: Eva Stukenbrock/Max-Planck-Institute, Allemagne : «Unraveling speciation and specialization processes in plant pathogenic fungi in agro-ecosystems and natural grass lands using comparative population genomics.»

12h10-12h30 S. Cociancich/CIRAD Montpellier : «Genome mining indicates that the genus *Xanthomonas* is a promising reservoir for new bioactive non-ribosomally synthesized peptides. »

12h30-12h50 J. Soyer/INRA Grignon : « L'expression des gènes codant des effecteurs nécessite une décondensation de la chromatine chez *Leptosphaeria maculans*, champignon pathogène du colza. »

12h50-13h10 P.Y. Teycheney /CIRAD Guadeloupe: « Les dionyvirus endogènes, composants majeurs du génome des plantes et fossiles de pararetrovirus à l'organisation génétique atypique. »

13h10-14h30 : Repas

Session Ecologie évolutive du parasitisme et de la symbiose - Biologie et génétique des populations des bioagresseurs et des symbiotes (M-L. Desprez-Loustau, D. Faure).

14h30-15h10 Oratrice invitée: Anna-Liisa Laine/University of Helsinki, Finlande : « Life-history, evolutionary potential and environment as determinants of pathogen dynamics in a large natural metapopulation. »

15h10-15h30 D. Tharreau/ CIRAD Montpellier : « Centre d'origine, mode de reproduction et migration chez *Magnaporthe oryzae*. »

15h30-15h50 M. Rouxel/INRA Bordeaux : « Spécialisation plante-hôte de *P. viticola*, agent causal du mildiou de la vigne. »

15h50-16h10 R. Valade/INRA Grignon : «Selection pressure exerted by host resistance genes shapes the population genetic structure of the lettuce downy mildew, *Bremia lactucae*, in France. »

16h10-16h40 : Pause café

16h40-17h00 P. Frey/INRA Nancy : « Impact de la domestication de la plante hôte sur la structure génétique des populations d'agents pathogènes : cas de la rouille du peuplier. »

17h00-17h20 F. Halkett/ INRA Nancy : « Un cadre théorique pour étudier les interactions plantes - champignons pathogènes foliaires. »

17h20-19h00 Posters SESSION numéros impairs/Assemblée Générale de la SFP



8^{ème} colloque de la Société Française de Phytopathologie

du 5 au 8 juin 2012- AgroParisTech, Paris (FRANCE)

VENDREDI 8 JUIN 2012

**Session Réponse de la plante aux bioagresseurs et aux organismes
phytobénéfiques (A. Attard, M. Garmier).**

9h00-9h40 Oratrice invitée: Susana Rivas/CNRS, France : «Regulation of the defence-related Arabidopsis transcription factor AtMYB30: from the plant cell to bacterial effectors. »

9h40-10h00 F. Revers/INRA Bordeaux : «Towards the identification of plant factors involved in virus long distance movement. »

10h00-10h20 A. Perraki/ CNRS-Univ. Bordeaux : «The anchoring mechanism of Remorin proteins to the plant membrane rafts is essential for the regulation of virus propagation. »

10h20-10h40 B. Gourion/CNRS Gif sur Yvette : «New actors involved in the control of plant defenses during the *Medicago-Sinorhizobium* symbiosis. »

10h40-11h00 A. Driouich/Univ. Rouen : «Role of Root Border Cells and Border-Like Cells in Plant Protection. »

11h00 -11h30 : Pause café

**Session Réponse de la plante aux bioagresseurs et aux organismes
phytobénéfiques (A. Attard, M. Garmier).**

11h30-11h50 T. Boureau/Univ. Angers : « Comparaison du pouvoir pathogène de souches de *Xanthomonas axonopodis* appartenant aux différentes lignées génétiques du pathovar *phaseoli* par thermographie infrarouge et imagerie de fluorescence de chlorophylle. »

11h50-12h10 J-C. Pasquet/CNRS Univ. Paris Sud : « Résistance à *Fusarium graminearum* et mécanismes de détoxification des mycotoxines : utilisation de la céréale modèle *Brachypodium distachyon*. »

12h10-12h30 E. Ballini/Montpellier SupAgro : « Interaction entre le métabolisme azoté et la résistance du riz à la pyriculariose. »

12h30-12h50 S. Cesari/INRA Montpellier : «The *Magnaporthe oryzae* effectors Avr-Pia and AvrCO39 are recognized by the rice Nucleotide Binding Site Leucine Rich Repeat (NBS-LRR) protein RGA5 through direct interaction. »

12h50-13h10 J. Gerbore/INRA Bordeaux : « Utilisation de *Pythium oligandrum* pour lutter contre *Phaeoemoniella chlamydospora*, un agent pathogène impliqué dans l'Esca, une maladie du bois de la vigne. »

13h10-13h25 : Mot de Conclusion.

TABLE OF CONTENT

Mardi 5 juin 2012

Taxonomie, diagnostic et détection

14:00	From field testing to next generation sequencing - delivering diagnostic solutions fast <u>N. Boonham</u>	15
14:40	Reverse ecology as an efficient novel approach to find relevant traits for bacterial taxonomy and ecology <u>X. Nesme</u>	16
15:00	L'étude phylogénétique et polyphasique d'une collection de souches met en évidence la présence de <i>Clavibacter michiganensis</i> non pathogènes transmises pas les semences de tomate interférant dans la détection de <i>C. michiganensis subsp. michiganensis</i> <u>M.-A. Jacques, K. Durand, G. Orgeur, S. Balidas, C. Fricot, S. Bonneau, A. Quillévéré, V. Olivier, V. Grimault et R. Mathis</u>	17
15:20	Le séquençage du génome de deux trypanosomatides de plantes - "<i>Phytomonas spp.</i>" - au secours d'une taxonomie dépassée <u>M. Dollet, B. Noël, F. Denoëud, B. Porcel, N. Sturm, C. Marin, S. Fabre, P. Bastien, D. Campbell et P. Wincker</u>	18
15:40	Organisation d'un " Essai inter laboratoire d'aptitude " (EILA) selon les recommandations de la norme NF EN ISO/CEI 17043 :2010 - Détection du Banana bract mosaic potyvirus (BBMV) par PCR <u>D. Massé, A. Chabirand, N. Cassam et B. Hostachy</u>	19

Mercredi 6 juin 2012

Epidémiologie aux différentes échelles: plante, parcelle, paysage

9:00	Lier dynamique intra-hôte des pathogènes et épidémiologie évolutive <u>S. Alizon, M. Van Baalen, N. Mideo et T. Day</u>	21
9:40	Towards a better understanding of rain-borne septoria tritici blotch epidemics within wheat cultivar mixtures <u>C. Gigot, S. Saint-Jean, L. Huber, M. Leconte, C. Maumené et C. De Vallavieille-Pope</u>	22
10:00	Adaptation saisonnière des composantes d'agressivité d'une population locale de <i>Mycosphaerella graminicola</i> - agent de la septoriose du blé - à la température hivernale et au stade phénologique de son hôte <u>F. Suffert et I. Sache</u>	23
10:20	Structuration géographique de la variabilité moléculaire du virus du swollen shoot du cacaoyer (CSSV) en Afrique de l'Ouest <u>K. Kouakou, H. Dzahini-Obiatey, I. Kebe, A. Mississo, F. Oro, C. Cilas, M.L. Caruana et E. Muller</u>	24

Méthodes de lutte et gestion des résistances: nouveaux défis dans la gestion des risques

11:10	Plant virus ecology, plant-virus co-evolution, and the management of plant virus diseases <u>F. García-Arenal</u>	26
11:50	Conséquences directes et indirectes de la sélection de nématodes par des plantes résistantes <u>J. Montarry</u>	27
12:10	Exploring SDHI resistance in <i>Botrytis cinerea</i>: From mutagenesis to enzymatic assays <u>A. Laleve, A.-S. Walker, P. Leroux, V. Toquin, H. Lachaise et S. Fillinger</u>	28

12:30	Vers une vision globale de la diversité biologique et moléculaire du Lettuce Mosaic Virus (LMV)	29
	<u>L. Svanella-Dumas, O. Le Gall, S. German-Retana et T. Candresse</u>	
12:45	Key Mutations In The Cylindrical Inclusion Of Lettuce Mosaic Virus (LMV) Are Involved In The Breakdown Of EiF4E-Mediated Resistance	30
	<u>M. Sorel, A. Abdul-Razzak, L. Svanella-Dumas, G. Acelin, M.-C. Houvenaghel, T. Candresse et S. German-Retana</u>	

Méthodes de lutte et gestion des résistances: nouveaux défis dans la gestion des risques

14:00	Durable strategies to deploy plant resistance in agricultural landscapes	32
	<u>F. Fabre, E. Rousseau, L. Mailleret et B. Moury</u>	
14:20	BioMolChem', un outil pour évaluer l'état de défense après élicitation ou non, de cultivar ou de génotypes résistants aux maladies: du gène au champ	33
	<u>M.-F. Corio-Costet, C. Lambert, S. Cluzet, D. Merdinoglu et M.-C. Dufour</u>	
14:40	Association mapping for yellow rust resistance in UK winter wheat	34
	<u>P. Bansept-Basler, R. Bayles, L. Boyd, S. Griffiths et D. O'Sullivan</u>	
15:00	Natural and acquired fenhexamid resistance in <i>Botrytis</i> spp.: What's the difference?	35
	<u>A. Billard, S. Azeddine, J. Bach, C. Lanen, P. Solignac, P. Leroux, H. Lachaise, R. Beffa, S. Fillinger et D. Debieu</u>	

Jeudi 7 juin 2012

Pouvoir pathogène et symbiotique

9:00	Le modèle <i>Aeschynomene/ Bradyrhizobium</i>: une association rhizobium/légumineuse atypique à l'interface entre pathogénicité et symbiose	37
	<u>E. Giraud</u>	
9:40	The Avirulence Gene <i>AvrLm4-7</i> of <i>Leptosphaeria maculans</i>: Linking Crystal Structure, Functional and Evolutionary Characteristics	38
	<u>F. Blaise, K. Blondeau, M. Graille, B. Ollivier, J. Linglin, A. Labarde, A. Doizy, B. Tyler, S. Kale, G. Daverdin, M.-H. Balesdent, T. Rouxel, H. Van Tilbeurgh et I. Fudal</u>	
10:00	Structure et fonction de deux protéines senseur du GABA chez le phytopathogène <i>Agrobacterium tumefaciens</i>	39
	<u>S. Planamente, S. Mondy, F. Hommais, S. Moréra et D. Faure</u>	
10:20	Analyse fonctionnelle de trois effecteurs RXLR de <i>Phytophthora parasitica</i> accumulés au cours de la pénétration des premières cellules végétales	40
	<u>E. Evangelisti, B. Govetto, N. Minet-Kebdani, M.-L. Kuhn, M. Ponchet, A. Attard, F. Panabières et M. Gourgues</u>	
10:40	Analysis of <i>DspA/E</i>, a type III effector essential to the pathogenicity of <i>Erwinia amylovora</i>, in <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	41
	<u>S. Siamer, M. Fagard, N. Belgareh-Touzé, I. Guillas et M.A. Barny</u>	

Génomique des interactions

11:30	Unraveling speciation and specialization processes in plant pathogenic fungi in agro-ecosystems and natural grass lands using comparative population genomics	43
	<u>E. Stukenbrock, T. Bataillon, J. Dutheil et M. Schierup</u>	
12:10	Genome mining indicates that the genus <i>Xanthomonas</i> is a promising reservoir for new bioactive non-ribosomally synthesized peptides	44
	<u>M. Royer, R. Koebnik, M. Marguerettaz, V. Barbe, G. Robin, C. Brin, S. Carrère, C. Gomez, M. Hügelland, G. Völler, J. Noëll, I. Pieretti, S. Rausch, V. Verdier, S. Poussier, P. Rott, R. Süßmuth et S. Cociancich</u>	

12:30	L'expression des gènes codant des effecteurs nécessite une décondensation de la chromatine chez <i>Leptosphaeria maculans</i>, champignon pathogène du colza	45
	J. Soyer, M. El Ghalid, N. Glaser, B. Ollivier, J. Linglin, T. Rouxel et I. Fudal	
12:50	Les dionyvirus endogènes, composants majeurs du génome des plantes et fossiles de pararetrovirus à l'organisation génétique atypique	46
	A. Geering, N. Choisne, S. Scalabrin, M. Zytnicki, H. Quesneville et P.-Y. Teycheney	

Ecologie évolutive du parasitisme et de la symbiose- Biologie et génétique des populations des bioagresseurs et des symbiotes

14:30	Life-history, evolutionary potential and environment as determinants of pathogen dynamics in a large natural metapopulation	48
	A.-L. Laine, H. Susi, A. Tack et C. Tollenaere	
15:10	Centre d'origine, mode de reproduction et migration chez <i>Magnaporthe oryzae</i>	49
	D. Saleh, H. Adreit, J. Milazzo, V. Ravigné, J. Carlier, E. Fournier et D. Tharreau	
15:30	Spécialisation plante-hôte de <i>P. viticola</i>, agent causal du mildiou de la vigne	50
	M. Rouxel	
15:50	Selection pressure exerted by host resistance genes shapes the population genetic structure of the lettuce downy mildew, <i>Bremia lactucae</i>, in France	51
	R. Valade, A. Ducasse, B. Maisonneuve et C. Neema	

Ecologie évolutive du parasitisme et de la symbiose- Biologie et génétique des populations des bioagresseurs et des symbiotes

16:40	Impact de la domestication de la plante hôte sur la structure génétique des populations d'agents pathogènes : cas de la rouille du peuplier	53
	P. Frey, C. Xhaard, B. Barrès, B. Fabre et F. Halkett	
17:00	Un cadre théorique pour étudier les interactions plantes - champignons pathogènes foliaires	54
	F. Halkett, A. Andanson, B. Fabre, E. Fournier, P. Frey, F. Grogard, L. Mailleret, D. Tharreau et V. Ravigné	

Vendredi 8 juin 2012

Réponse de la plante aux bioagresseurs et aux organismes phytobénéfiques

9:00	Regulation of the defence-related Arabidopsis transcription factor AtMYB30: from the plant cell to bacterial effectors	56
	S. Rivas	
9:40	Towards the identification of plant factors involved in virus long distance movement	57
	S. Chapuis, C. Rodriguez, L. Sofer, S. Boissinot, V. Ziegler-Graff, V. Brault et F. Revers	
10:00	The anchoring mechanism of Remorin proteins to the plant membrane rafts is essential for the regulation of virus propagation	58
	S. Raffaele, C. Popp, A. Perraki, J.-M. Crowet, J.-L. Cacas, I. Jarsch, L. Lins, S. Mongrand et T. Ott	
10:20	New actors involved in the control of plant defenses during the <i>Medicago-Sinorhizobium</i> symbiosis	59
	M. Bourcy, L. Brocard, C. Pislariu, V. Cosson-Jean, A. Cayrel, I. Basbouss, P. Mergaert, M. Udvardi, B. Gourion et P. Ratet	

- 10:40 **Role of Root Border Cells and Border-Like Cells in Plant Protection** 60
A. Driouich, B. Plancot, M.-A. Cannesan, M.-L. Follet Gueye, M. Hawes et M. Vicro-Gibouin

Réponse de la plante aux bioagresseurs et aux organismes phyto-bénéfiques

- 11:30 **Comparaison du pouvoir pathogène de souches de *Xanthomonas axonopodis* appartenant aux différentes lignées génétiques du pathovar phaseoli par thermographie infrarouge et imagerie de fluorescence de chlorophylle** 62
 E. Bove, C. Rousseau, L. Cayzac, M.-A. Jacques, K. Durand, B. Priol, J. Guillaumes, A. Darrasse, D. Rousseau, E. Belin et T. Boureau
- 11:50 **Résistance à *Fusarium graminearum* et mécanismes de détoxification des mycotoxines : utilisation de la céréale modèle *Brachypodium distachyon*** 63
J.-C. Pasquet, C. Macadré, P. Saindrenan et M. Dufresne
- 12:10 **Interaction entre le métabolisme azoté et la résistance du riz à la pyriculariose** 64
 T. N'guyen, E. Ballini, D. Tharreau, J.-L. Notteghem et J.-B. Morel
- 12:30 **The *Magnaporthe oryzae* effectors Avr-Pia and AvrCO39 are recognized by the rice Nucleotide Binding Site Leucine Rich Repeat (NBS-LRR) protein RGA5 through direct interaction** 65
 S. Cesari et T. Kroj
- 12:50 **Utilisation de *Pythium oligandrum* pour lutter contre *Phaeoconiella chlamydospora*, un agent pathogène impliqué dans l'Esca, une maladie du bois de la vigne** 66
 J. Gerbore, N. Magnin Noel, E. Bruez Emilie, J. Vallance Jessica, D. Grizard Damien, C. Renault-Roger Catherine et P. Rey

Session Posters Taxonomie et diagnostics

- P0 **La Collection Française de Bactéries Associées aux Plantes** 68
P. Portier, M. Briand, G. Taghouti et M. Fischer-Le Saux
- P1 **Comparaison de méthodes pour la détection des Pospiviroides infectant les solanaceae** 69
 M. Visage, X. Tassus et F. Poliakoff
- P2 **Comparaison de méthodes de détection du Pépino Mosaic Virus (PepMV) sur semences de tomate** 70
 A. Saison, X. Tassus et F. Poliakoff
- P3 **Application of Ultra Rapid Real Time PCR and Loop Mediated Isothermal Amplification to detection of bacterial phytopathogens** 71
J.-G. Kim, D.S. Park et B.-S. Yoon
- P4 **Emergence de *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* (Takikawa, 1989) en France** 72
 C. Rivoal, C. Audusseau, S. Paillard, C. François et F. Poliakoff
- P5 **Yam virus X (YVX) et Yam necrosis virus (YNV), deux nouveaux virus des genres Potexvirus et Sadwavirus infectant les ignames en Guadeloupe** 73
 I. Acina-Mambole, L. Bonheur, F. Anzala, R.-M. Gomez, D. Lange, C. Faure, D. Filloux, P. Roumagnac, A. Marais, T. Candresse, C. Pavis et P.-Y. Teycheney
- P6 **Identification and pathogenicity of *Pythium* species on cantaloupe in north east of Iran** 74
 T. Samaneh, K. Rahnama, M. Mohammad Hajian Shahri et H. Hamid Afzali
- P7 **Optimisation du schéma de détection de *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* et impact des traitements phytosanitaires des semences de tomate sur la qualité de la détection** 75
 C. Fricot, A. Quillévéré, C. Dousset, T. Baldwin, R. Germain, V. Grimault, M.-A. Jacques, R. Mathis, M. Larenaudie, M. Rolland et V. Olivier
- P8 **First Report of Soft Rot caused by *Pectobacterium carotovorum* subsp. *brasileinsis* on potato in Morocco** 76
M. Terta, U. Spirada, A. Faouzi, M. Melloul, E.M. El Fafime, R. Ait M'hand, E.H. Achbani, M. Barakate, F. Bouteau et M.M. Ennaji

P9	Traditional culture-depending methods and molecular analysis by PCR-DGGE of microbial community in mushroom spent compost and its compost teas	77
	<u>M. Santos</u> , F. Diáñez, F.J. Gea, M.A. Martínez, F. Marin, F. Carretero, J.A. Yau et M. Navarro	
P10	Predictive Diagnosis of Pea Root Rot by Real Time PCR Quantification of Low Level of <i>A. euteiches</i> Oospores in Agricultural Soils	78
	M.-A. Cannesan, M. Vické-Gibouin, Y. Atia, L. Castel, A. Driouich, K. Laval, I. Gattin et <u>C. Gangneux</u>	

Session Posters Epidemiologie aux différentes échelles: plante, parcelle, paysage

P1	Transmission de <i>Clavibacter michiganensis</i> subsp. <i>michiganensis</i> de la semence à la plantule de tomate et effet du greffage sur la contamination	79
	M.-A. Jacques, C. Fricot, G. Orgeur, J.-P. Bargeolle et V. Grimault	
P2	Temperature across scales, from phylloclimate to mesoclimate: what about foliar fungal pathogen development?	80
	<u>F. Bernard</u> , I. Sache, F. Suffert et M. Chelle	
P3	Interactions au sein du complexe fusarien : conséquences sur le développement des champignons et leur production de toxines	81
	<u>D. Siou</u>	
P4	Application du postulat de Koch sur <i>Diaporthe angelicae</i>/<i>Phomopsis dauci</i> : Agent pathogène responsable de la grillure d'ombelle sur <i>Daucus carota</i>	82
	<u>I. Serandat</u> , J. Detoc, B. Mériaux, D. Lebourg, S. Leclerc et V. Grimault	
P5	Etude de la dispersion aérienne de l'agent pathogène invasif du frêne, <i>Hymenoscyphus pseudoalbidus</i>	83
	<u>T. Scordia</u> , C. Husson et B. Marçais	
P6	Les cochenilles, des hémiptères peu connus comme vecteurs de virus	84
	<u>E. Herrbach</u> , J. Le Maguet et G. Hommay	
P7	Evaluation of <i>Fusarium</i> wilt of melon (<i>Cucumis melo</i> L.) suppressive soils from the southwest of Spain	85
	<u>F. Diáñez</u> , F. Carretero, M. Santos, F.J. Gea, M.A. Martínez, F. Marin, J.A. Yau et M. Navarro	
P8	Caractéristiques génétiques et moléculaires de <i>Phytophthora infestans</i> agent causal du mildiou de la pomme de terre en Tunisie	86
	K. Harbaoui et <u>W. Hamada</u>	
P9	Genetic Diversity of <i>Leptosphaeria maculans</i> and <i>L. biglobosa</i> of Phoma Stem Canker on Oilseed Rape in Lithuania	87
	<u>A. Piliponytė</u> , I. Brazauskienė, E. Petraitiene et G. Brazauskas	

Session Posters Methodes de lutte et gestion des résistances: nouveaux défis dans le gestion des risques

P0	Température et croissance de <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>albedinis</i>, agent	88
	R. Arbadi, H. Kadi-Hanifi et <u>F. Rahmania</u>	
P1	Détection, par CG-SM, de saponines stéroïdes et d'acides gras chez le palmier dattier (<i>Phoenix dactylifera</i> L.) résistant au <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>albedinis</i>	89
	R. Gaceb-Terrak et <u>F. Rahmania</u>	
P2	Comment créer de nouvelles variétés hybrides interspécifiques de bananiers malgré la présence de séquences virales endogènes infectieuses du Banana streak virus dans le génome <i>Musa balbisiana</i> ?	90
	B. Farinas, M. Umber, L. Bonheur, F. Salmon, C. Jenny et <u>P.-Y. Teycheney</u>	
P3	Mise au point d'un test de résistance de la laitue à <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lactucae</i>	91
	<u>S. Perrot</u> , J. Detoc, S. Aligon et V. Grimault	
P4	Setting up a test to evaluate a new type of resistance of lettuce to <i>Bremia lactucae</i>	92
	<u>S. Perrot</u> , S. Aligon, P. Coquin et V. Grimault	

P5	Identifying the components of a concentrated culture filtrate of <i>Phytophthora infestans</i> involved in the reduction of disease symptoms due to <i>Pectobacterium atrosepticum</i>	93
	G. Saubeau, L. Legentil, G. Hamelin, C. Nugier Chauvin, V. Ferrières, D. Andrivon et F. Val	
P6	Effet du BTH sur les Défenses de la Vigne en Présence de Différents Pathogènes Obligatoires (<i>Plasmopara viticola</i> and <i>Erysiphe necator</i>)	94
	M.-C. Dufour, C. Lambert, S. Cluzet et M.-F. Corio-Costet	
P7	CBC-CarBuCida: A Potential Pine Wood Nematode Biological Control Technology	95
	C. Galhano, T. Cardoso, M. Costa, F. Martins et A. Moreira Da Silva	
P8	Drugs transporters in the fungus <i>Botrytis cinerea</i> during infection of treated and non-treated plants	96
	E. Loisel, G. Mey, M.-C. Grosjean-Cournoyer, C. Bruel et F. Villalba	
P9	Détection de mutations conférant la résistance aux strobilurines et aux benzimidazoles chez <i>Mycosphaerella fijiensis</i> à partir de l'observation de phénotypes de germination	97
	J. Ngando,, A. Rieux, A. Mehl, J. Carlier et L. De Lapeyre De Bellaire	
P10	Durability of plant major resistance genes to nematodes depends on the gene and on the genetic background, experimental evidence and consequences for breeding strategies	98
	A. Barbary, A. Palloix, A. Fazari, N. Marteu, P. Castagnone-Sereno et C. Djian-Caporalino	
P11	Activité comparée de trois inhibiteurs de l'enzyme de conversion de l'angiotensine dans la croissance et les taux hormonaux d'un ravageur des denrées stockées, <i>Ephestia kuehniella</i> Zeller	99
	L. Kirane-Amrani et N. Soltani-Mazouni	
P12	Management of <i>Bromus tectorum</i> and <i>Melilotus indica</i> through Allelopathy	100
	N. Salhi	
P13	Caractérisation morphologique des espèces fongiques responsable de l'anthracnose sur pois, essais <i>in vitro</i> de l'action des polyphénols extraits de la plante hôte et du phoséthyl Aluminium sur la croissance mycélienne des souches de <i>Ascochyta</i>	101
	S. Sahouli	
P14	Résistance variétale des tubercules de pomme de terre vis-à-vis des pathogènes des genres <i>Pectobacterium</i> sp et <i>Dickeya</i> sp	102
	R. Ladjouzi et R. Yahiaoui-Zaidi	
P15	Évaluation de l'activité antifongique de <i>Solanum nigrum</i> sur deux séquences biologiques de <i>fusarium oxysporum</i> f. sp <i>radicis-lycopersici</i> : la croissance mycélienne et la sporulation	103
	N. Kolai et F. Saïah	
P16	Criblage et Caractérisation de Bactéries Antagonistes des Phytopathogènes Macergènes de la Pomme de Terre, <i>Pectobacterium</i> et <i>Dickeya</i>	104
	Y. Raoul Des Essarts, A. Cirou, V. Hélias et D. Faure	
P17	Lutte biologique contre <i>Pectobacterium</i> : Génomique de l'agent phytoprotecteur <i>Rhodococcus erythropolis</i> R138	105
	A. Kwasiborski, S. Mondy, A. Cirou et D. Faure	
P18	Etude de l'effet nématocide de saponines de la gypsophile sur la survie de deux nématodes en conditions contrôlées	106
	F. Pensec, A. Marmonier, S. Gersch, J. Chong, M. Henry, G. Demangeat et C. Bertsch	

Session Posters Pouvoir pathogène et symbiotique

- P0 **Evolution de l'agressivité de *Melampsora larici-populina* suite à un évènement majeur de contournement d'un gène de résistance qualitative** 107
B. Fabre, F. Halkett et P. Frey
- P1 **Use of genome-wide analysis for deciphering the role of master regulators during the first stages of Arabidopsis infection by the enterobacterium *Dickeya dadantii*** 108
E. Chapelle, B. Alunni, J. Pédrón, P. Malfatti, L. Solier et F. Van Gijsegem
- P2 **Identification des moisissures pathogènes de quelques arbres fruitiers** 109
S. Akroum
- P3 **Determination of Phenolic Compounds of *Malva sylvestris* leaves and study of their antioxidant activity** 110
H. Boutennoune, L. Boussouf, K. Madani et M. Kebieche
- P4 **Polyphenols content and *in vitro* antioxidant activity of methanolic extract from *Mentha rotundifolia*** 111
L. Boussouf, H. Boutennoune, K. Madani et M. Kebieche
- P5 **Les glucanes périplasmiques osmorégulés contrôlent la virulence de *Dickeya dadantii* en modulant l'activation du système phosphorelais RcsCDB** 112
S. Bontemps-Gallo, E. Madec, J. Dondeyne et J.-M. Lacroix
- P6 **New enzymes involved in plant cell wall degradation secreted by the phytopathogenic bacteria *Dickeya dadantii*** 113
S. Hassan et N. Hugouvieux-Cotte-Pattat
- P7 ***Agrobacterium tumefaciens* may take advantage of quorum-quenching lactonases to reduce the Ti-plasmid dissemination of the invading cheaters** 114
M. Tannières et D. Faure
- P8 **Rôle du chimiotactisme dans la spécificité d'hôte des *Xanthomonas*** 115
A. Indiana, A. Darrasse et M.-A. Jacques
- P9 **Implication des facteurs sigma dans la conservation des bactéries sur des graines d'*Arabidopsis thaliana*** 116
S. Pochon, A. Boulanger, E. Lauber, M. Arlat, A. Darrasse et M.-A. Jacques
- P10 **Caractérisation des métabolites de *Fusarium oxysporum* f. sp. *albedinis* (F.o.a.), agent causal du " bayoud " du palmier dattier, par HPLC-ESI-MS** 117
T. Ait Kettout- Azouaoui, O. Puel, S. Tadriss et F. Rahmanian
- P11 **T-DNA mediated insertional mutagenesis: evidence of a new gene implied in the early phase of pathogenic development of *Botrytis cinerea*** 118
S. Kaiser, L. Chandat, F. Villalba, M.P. Latorse, G. Billon-Grand, M. Viaud, J. Schumacher, P. Tudzynski, G. Mey et N. Poussereau
- P12 **Activité insecticide de *Bacillus thuringiensis* contre la mouche méditerranéenne des fruits *Ceratitis capitata* (wied.) dans la région de Tlemcen** 119
Z. Salah, M. Kebdani, L. Tabti et N. Gaouar-Benyelles
- P13 **Comparison of colonization processes on sunflower cotyledons between *Botrytis cinerea* and *Sclerotinia sclerotiorum*** 120
G. Billon-Grand, C. Rasclé, J. Rollins et N. Poussereau
- P14 **Analyse fonctionnelle d'une protéine à domaine SCP-like de *Phytophthora parasitica* exprimée lors de la pénétration de la plante hôte** 121
N. Minet-Kebdani, E. Evangelisti, F. Panabières et M. Gourgues

Session Posters Génomique des interactions

- P0 **LongSage Gene-Expression Profiling of *Botrytis cinerea* germination suppressed by resveratrol, the major grapevine phytoalexin** 122
C. Zheng, M. Choquer, B. Zhang, H. Ge, S. Hu, H. Ma et S. Chen
- P1 **CRISPR-associated sequence diversity within *Xanthomonas albilineans*, the causal agent of leaf scald disease of sugarcane** 123
I. Pieretti, M. Marguerettaz, S. Bolot, S. Carrère, S. Cociancich, J. Gouzy, P. Rott et M. Royer

P2	Evolution and variability of the cyst nematode virulence factor Gp-Rbp1 in South American populations of <i>Globodera pallida</i>	124
	J. Carpentier, M. Manzanares-Dauleux, M.-C. Kerlan et <u>E. Grenier</u>	
P3	Analyse comparative des SNPs et du plasmide pEM65 dans des isolats marocains d'<i>E.amylovora</i> par rapport aux souches de références CFBP1430 et ATCC49946	125
	<u>M. Moumni</u> , N. Hannou, S. Mondy, M.A. Barny et D. Faure	
P4	<i>Xanthomonas campestris</i> pv <i>campestris</i>, du génome à la variation phénotypique	126
	<u>M. Arlat</u> , S. Bolot, S. Carrère, G. Déjean, T. Dugé De Bernonville, A. Genissel, E. Guy, F. Hantelys, E. Lauber, M. Lautier, N. Maryani, L. Noël, B. Roux et C. Zischek	
P5	SuperSAGE analysis of the interaction between the model legume plant <i>Medicago truncatula</i> and the fungal pathogen <i>Ascochyta pisi</i>	127
	<u>Y. Mabrouk</u> , C. Ameline-Torregrosa, C. Ben, R. Horres, B. Rotter, G. Kahl, P. Winter, L. Gentzbittel et <u>M. Rickauer</u>	
P6	Les dionyvirus endogènes, composants majeurs du génome des plantes et fossiles de pararetrovirus à l'organisation génétique atypique	128
	A. Geering, N. Choisine, S. Sclabrin, M. Zytnicki, H. Quesneville et <u>P.-Y. Teycheney</u>	
P7	Genotypic Variation in the Banana Response to the Fungal Pathogen <i>Mycosphaerella fijiensis</i>	129
	F. Carreel, C. Dasilva, K. Labadie, M. Souquet, R. Habas, L. Pignolet, M.-F. Zapater et <u>N. Yahiaoui</u>	
P8	Identification des bases moléculaires de <i>Co-x</i>, un gène de résistance atypique à l'antracnose chez le haricot commun	130
	M. Richard, S. Pflieger, M. Sévignac, V. Thareau, B. Alunni, W. Marande, H. Berges et <u>V. Geffroy</u>	
P9	A small RNA Deep Seq approach to unravel the microRNA regulations of root diseases in the model legume <i>Medicago truncatula</i>	131
	<u>C. Ben</u> , E. Sallet, N. Shamandi, S. Amatya, C. Lelandais, J.-P. Combier, J. Gouzy, M. Crespi, M. Rickauer et L. Gentzbittel	
P10	Validation fonctionnelle de gènes candidats pour des gènes de résistance aux maladies chez le haricot commun (<i>Phaseolus vulgaris</i>) à l'aide d'une approche VIGS	132
	S. Pflieger, C. Mazoyer, F. Mary et <u>V. Geffroy</u>	
P11	Caractérisation des facteurs de transcription impliqués dans la régulation de la synthèse de phytotoxines chez <i>Botrytis cinerea</i>	133
	H. Sghyer, B. Dalmais, A. Simon et <u>M. Viaud</u>	

Session Posters Ecologie évolutive du parasitisme et de la symbiose - Biologie et génétique des populations de bioagresseurs et des symbiotes

P0	Linking lab-measured pathogen performance to the local disease spread in natural populations of the <i>Plantago</i> powdery mildew	134
	<u>C. Tollenaere</u> , E. Haon-Lasportes, C. Lo, S. Soubeyrand et A.-L. Laine	
P1	Worldwide population genetic analyses suggests Himalaya as a centre of diversity for <i>Puccinia striiformis</i> f.sp. <i>tritici</i> with high sex ability and temperature adaptation	135
	<u>S. Ali</u> , J. Enjalbert, P. Gladieux, M. Leconte, A. Gautier, A.-M. Justesen, M. Hovmøller et C. De Vallavieille-Pope	
P2	Multifaceted evolution of Type Three Effector genes in <i>Xanthomonas axonopodis</i>	136
	C. Rousseau, P. David, C. Brin, A. Darrasse, M.-A. Jacques, C. Manceau, S. Poussier, C. Lemaire et <u>T. Boureau</u>	
P3	Diversité génétique de <i>Mycosphaerella graminicola</i> en région Nord-Pas de Calais	137
	A. Siah, L. El Chartouni, B. Tisserant, C. Deweer, P. Reignault et <u>P. Halama</u>	
P4	Evolution des populations de <i>Leptosphaeria maculans</i> en France en relation avec le déploiement de résistances spécifiques chez le colza	138
	<u>M.-H. Balesdent</u> , S. Bichot, L. Coudard, M. Leflon, T. Rouxel et X. Pinochet	

P5	impact des hôtes alternatifs sur les traits d'histoire de vie des espèces fongiques de l'ascochytose des légumineuses	139
	C. Le May et <u>M. Guibert</u>	
P6	Etude de la microflore endophyte colonisant le bois de ceps ayant exprimés ou non les symptômes foliaires d'une maladie du bois de la vigne, l'Esca	140
	E. Bruez Emilie, J. Vallance Jessica, J. Gerbore, P. Lecomte, L. Guerin-Dubrana, V. Laval, A. Gautier, M.-H. Lebrun et <u>P. Rey</u>	
P7	Mycovirus transmission revisited by <i>in-planta</i> pairings of vegetatively incompatible isolates of <i>Cryphonectria parasitica</i>	141
	<u>C. Robin</u> et J. Brusini	
P8	Diversité phénotypique et déterminisme génétique de l'adaptation aux variations de pH dans les populations du champignon tellurique responsable du piétin-échaudage du blé	142
	<u>L. Lebreton</u> , S. Daval, A.-Y. Guillerm-Erckelboudt, C. Gracianne, K. Gazengel, M. Boutin et A. Sarniguet	
P9	Impact of deoxynivalenol on the soil fauna and the soil microflora	143
	M. Abid, J. Leplat, L. Fayolle, E. Gautheron, C. Heraud, N. Gautheron, V. Edel-Hermann, C. Cordier et <u>C. Steinberg</u>	
P10	Identifying the genetic bases of natural variation in resistance to a pathogenic fungus in a population of a perennial plant: the example of <i>Quercus robur</i> and oak powdery mildew	144
	<u>B. Barrès</u> , P. Garnier-Géré, A. Bérard, C. Bodénès, A. Boland-Augé, C. Burbán, E. Chancerel, O. Fabreguettes, C. Lepoittevin, C. Plomion, C. Robin, G. Saint-Jean et M.-L. Desprez-Loustau	

Session Posters Réponse de la plante aux bioagresseurs et aux organismes phytobénéfiques

P0	Characterization of <i>Arabidopsis thaliana</i> mutants resistant to the type three-secreted effector DspA/E	145
	A. Launay, R. Vedel, O. Patrit, A. Degrave, M. Moreau et <u>M. Fagard</u>	
P1	Analysis of <i>Arabidopsis thaliana</i> iron-deficiency and immunity responses triggered by microbial siderophores	146
	A. Aznar, N. Chen, M. Rigault, J.-P. Renou, D. Expert et <u>A. Dellagi</u>	
P2	Réponse biochimique de l'olivier aux attaques de bioagresseurs bactériens et fongiques	147
	N. Gaouar-Benyelles, F. Ilias, C. Beghdad et K. Medjdoub	
P3	Lutte biologique contre le mildiou de la pomme de terre	148
	S. Moumene, S. Zanoune, M. Laidani et <u>Z. Bouznad</u>	
P4	VvNPR1.1 est l'orthologue d'AtNPR1 et sa surexpression provoque l'activation constitutive des gènes PR et la résistance à <i>Erysiphe necator</i> chez <i>Vitis vinifera</i>	149
	G. Le Henanff, S. Farine, F. Kieffer-Mazet, A.-S. Miclot, P. Mestre, C. Bertsch et <u>J. Chong</u>	
P5	Exploring preformed defense allows the identification of new disease regulators in rice	150
	X. Grand, E. Chanclud, R. Espinoza, S. Cros, C. Michel, J. Jacobs et <u>J.-B. Morel</u>	
P6	The extracellular matrix of a <i>Botrytis cinerea</i> cell wall mutant overstimulates host plant immunity	151
	C. Kunz, D. Arbelet, T. Fontaine, K. Gajek, M. Choquer, S. Assié, S. Morx, E. Blondet, P. Malfatti, E. Simond-Côte et <u>M.-C. Soulié</u>	
P7	Priming for Plant Defense and Reduced Pathogen Colonization in Tomato Roots by the Endophytic Strain <i>Fusarium oxysporum</i> 47	152
	S. Aimé, C. Alabouvette, C. Steinberg et <u>C. Olivain</u>	
P8	Caractérisation d'inhibiteurs de protéases lors de l'interaction entre la vigne et <i>Botrytis cinerea</i>	153
	<u>C. Gérard</u> , J. Crouzet, C. Clément, F. Mazeyrat-Gourbeyre, L. Monti-Dedieu et F. Baillieul	

P9	Role the group 1 solanaceous plant protein REMORIN in virus propagation: involvement of phosphorylation events V. Germain, A. Perraki, S. German-Retana, E. Bayer et S. Mongrand	154
P10	Etude de l'interaction entre <i>Medicago truncatula</i> L. et <i>Ascochyta rabiei</i> (Pass.) Labr D. Mahiout, M. Rickauer, B.S. Bendahmane et M. Youcef Benkada	155
P11	A highly dynamic transcriptome governs the onset of compatible interaction between <i>Arabidopsis thaliana</i> roots and <i>Phytophthora parasitica</i> J.-Y. Le-Berre, M. Gourgues, C. Morabito, H. Keller, F. Panabières et A. Attard	156
P12	Evidence for the ability of exogenous trehalose to induce defences during biotic stress: the wheat-powdery mildew interaction C. Tayeh, B. Randoux, N. Bourdon, P. Jacques et P. Reignault	157
P13	Antagonisme Potentiel de Quelques Bactéries Aériennes vis-à-vis de la Tuberculose de l'Olivier N.S. Iacobellis, P. Lo Cantore et N. Ghanney	158
P14	UGT76E12, a glycosyltransferase of secondary metabolism involved in immune response of <i>Arabidopsis thaliana</i> against <i>Pseudomonas syringae</i> pv. tomato L. Didierlaurent, Y. Deveaux, D. Heinz, B. Camara, S. Kaufmann, M. Dufresne, P. Saindrenan et M. Garmier	159
P15	Use of <i>Arabidopsis thaliana</i> cells to analyse the pathogenicity of <i>Pectobacterium carotovorum</i> M. Kettani-Halabi, D. Tran, M. Terta, R. Ait M'hand, F. Val, M.M. Ennaji et F. Bouteau	160
P16	Archipelago-wheat: defining the Wheat Arsenal against Microbial Pathogens E. Gobatto, T. Langin, M.-H. Lebrun et J.-B. Morel	161
P17	Etude du métabolisme des polyamines et des réactions de défense induites au cours de l'interaction entre la vigne et une bactérie bénéfique <i>Pseudomonas fluorescens</i> PTA-CT2 C. Gruau, P. Trotel-Aziz, S. Villaume, F. Rabenoelina, C. Clément, F. Baillieul et A. Aziz	162
P18	Effect of <i>Fusarium</i> mycotoxin deoxynivalenol on <i>Nicotiana tabacum</i> cells: signaling events leading to PCD A. Yekkour, D. Tran, M. Kettani-Halabi, F. Mathieu, J. Briand, R. Errakhi, A. Lebrihi, N. Sabaou et F. Bouteau	163
P19	Rôle d'une nouvelle thiorédoxine plastidiale dans la réponse immune innée chez <i>Arabidopsis thaliana</i> A.-S. Bohrer, E. Issakidis-Bourguet et H. Vanacker	164
P20	Involvement of border cells from flax (<i>Linum usitatissimum</i>) in root defense B. Plancot, R. Jaber, C. Santaella, J. Leprince, M.-L. Follet Gueye, A. Driouich et M. Vicré-Gibouin	165
P21	Analyse transcriptomique des réponses d'<i>Arabidopsis</i> à l'infection par <i>Dickeya dadantii</i> J. Pédrón, Y. Kraepiel, A.-L. Laborie, J.-P. Renou et F. Van Gijsegem	166
P22	A study of the infection and defence mechanism of <i>Medicago truncatula</i> root-inoculated by <i>Verticillium albo-atrum</i> M. Toueni	167
P23	<i>Brachypodium distachyon</i>, une graminée modèle pour l'étude des interactions plante-pathogène T. Marcel, R. Niks, J.C. Wang, S. Antelme, J.-B. Morel, M. Dufresne, T. Langin, D. Fernandez, S. Bellafiore, J. Chen, C. Brugidou et R. Sibout	168
P24	LIF2, an RNA binding protein interacting with a PRC1 subunit is involved in stress responses and defense against pathogens in <i>Arabidopsis thaliana</i> C. Le Roux, D. Latrasse, N. Houba-Hérin, P. England, M. Fagard, S. Germann, F. Granier, L. Tacconnat, J.-P. Renou et V. Gaudin	169

- P25 **Identification and validation of reference genes for normalization of transcripts levels in roots of potatoes infected by nematodes** 170
P. Castro-Quezada, J. Aarouf, M. Claverie, E. Grenier, M.-C. Kerlan, B. Favery, V. Lefebvre et B. Caromel
- P26 **Identification of key genes underlying quantitative resistance to *Xanthomonas campestris* in *Arabidopsis thaliana*** 171
C. Huard-Chauveau, M. Debieu, L. Perchepied, A. Genissel, C. Glorieux, N. Faure, J. Bergelson, F. Roux et D. Roby

Oral presentations

Taxonomie, diagnostic et détection

Oral presentations

From field testing to next generation sequencing - delivering diagnostic solutions fastN. Boonham

*FERA, Food and Environment Research A., Sand Hutton, YO41 1LZ York, UK
neil.boonham@fera.gsi.gov.uk*

The detection and identification of plant pathogens often relies upon a very broad range of techniques and skills often combining both traditional culture and taxonomic skills with modern molecular based methods. Though in most cases this effort tends to be focused on offering a laboratory service, often divorcing the decision maker from the results of the analysis performed. To make diagnostic services more efficient there should be a drive to push the detection of specific target pathogens in small sample numbers out of the laboratory and into the hands of consultants, growers or inspection services. As a result there has been significant strides forward in the development of simple and rapid tools to be used at the point of decision-making. In the laboratory on the other hand, resolution of complex diagnostic problems posed by new diseases for example continue to pose a serious technical challenge. Next generation sequencing offers enormous potential to simplify this work. Generic, de-novo, sequencing work flows can be developed, and the sheer volume of sequence generated by these new techniques (GS-FLX = 1 billion nt per run) means even low titre infections can be seen amongst the background of host and other pathogen/pest sequence. In the short term the developing effective bioinformatics pipelines to mine the data for pathogen sequences is a significant challenge, yet longer term confirming the causal agent of disease to one of the multitude of candidates discovered will still require some work. This presentation will review progress in both field and laboratory techniques for plant pathogens and highlight current trends towards generic molecular approaches.

Reverse ecology as an efficient novel approach to find relevant traits for bacterial taxonomy and ecology

X. Nesme

*INRA-Université de Lyon, Ecologie Microbienne, 69622 Villeurbanne, France
nesme@univ-lyon1.fr*

For general taxonomy as well as for environmental studies, the description of a novel bacterial species requires the description of phenotypic traits that do allow facile bacterium identification in any laboratory. Finding these species-specific traits is generally obtained by chance by screening numerous properties through the use of biochemical galleries for instance. However, this task may be hard to achieve in species complex consisted of closely related species displaying very similar biochemical traits combined with large inter-strain differences within species. Instead of discovering species specific phenotypes by chance, we propose to focus a priori on species-specific properties by using comparative genomics and reverse genetics. This "reverse ecology" approach was used to analyzed the main species of the *Agrobacterium tumefaciens* species complex. Results were found to be relevant not only for taxonomy purposes, but also to reveal cryptic ecological niches of these species. Thanks to this approach it is now becoming possible to associate an ecological annotations to a bacterial taxon. Such an ecological annotation would be of great interest to infer the functioning of bacterial communities from metagenomic data.

L'étude phylogénétique et polyphasique d'une collection de souches met en évidence la présence de *Clavibacter michiganensis* non pathogènes transmises pas les semences de tomate interférant dans la détection de *C. michiganensis* subsp. *michiganensis*

M.-A. Jacques^a, K. Durand^a, G. Orgeur^b, S. Balidas^b, C. Fricot^c, S. Bonneau^a, A. Quillévéré^b, V. Olivier^d, V. Grimault^c et R. Mathis^b

^aINRA, IRHS UMR1345, Batiment C, 42 rue Georges Morel, BP 60057, 49071 Beaucouzé Cedex, France; ^bBioGEVES, Rue Georges Morel, 49071 Beaucouzé, France; ^cSNES-GEVES, Rue Georges Morel, 49071 Beaucouzé, France; ^dANSES, 7 rue Jean Dixmèras, 49044 Angers, France
marie-agnes.jacques@angers.inra.fr

Le chancre bactérien de la tomate est responsable de pertes économiques importantes dans l'ensemble des zones de production de tomate sur tous les continents. Ce pathogène est inscrit sur la liste de quarantaine et fait l'objet d'une réglementation pour limiter sa dispersion. La lutte génétique est pratiquement inexistante face à ce pathogène et les possibilités de lutte chimique très limitées. La principale méthode de lutte repose donc sur la sélection sanitaire des semences et plants, la bactérie étant transmise par les semences. L'amélioration des outils de détection des pathogènes est très étroitement liée à une bonne connaissance de leur diversité, aussi une étude de diversité d'une population mondiale de souches de *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* (Cmm) a été conduite. L'objectif de cette étude est d'évaluer les variations de pouvoir pathogène entre souches, de déterminer leur réaction face aux différents outils de détection couramment utilisés, d'explorer leur diversité génétique et d'établir leurs relations phylogénétique grâce à une analyse de type MLSA-MLST (MultiLocus Sequence Analysis and MLS-typing) basée sur les séquences partielles de six gènes de ménage (*atpD*, *dnaK*, *gyrB*, *ppK*, *recA* et *rpoB*). Au sein d'une collection de plus de 200 souches isolées de semences de tomate, des différences d'agressivité ont pu être mises en évidence entre Cmm et l'existence de souches saprophytes de *C. michiganensis* isolées de semences tomate a été démontrée. Leur identification a été confirmée par le séquençage de leur ADNr 16S. Ces souches sont phylogénétiquement distinctes des souches pathogènes mais induisent de nombreuses réactions croisées avec les outils de détection testés. Le polymorphisme de séquence observé sur une collection de 72 souches de Cmm complétée de représentants des taxons proches et de 6 souches saprophytes indique que toutes les souches de Cmm sont phylogénétiquement proches et distinctes de leurs plus proches voisins taxonomiques. Nous observons que la diversité au sein des Cmm est indépendante de l'origine géographique des souches testées. L'application du schéma MLSA-MLST montre que les souches sont diverses et forment peu de complexes clonaux. Un schéma MLSA réduit est proposé pour permettre le positionnement phylogénétique aisé des souches nouvellement isolées dans le genre *Clavibacter*. Les données ainsi générées pourront également permettre le développement de nouveaux outils de détection et constituent une base de données importante pour l'étude de ce pathogène.

Le séquençage du génome de deux trypanosomatides de plantes -“ *Phytomonas* spp. ””- au secours d’une taxonomie dépassée

M. Dollet^a, B. Noël^b, F. Denoed^b, B. Porcel^b, N. Sturm^c, C. Marin^d, S. Fabre^e, P. Bastien^f, D. Campbell^c et P. Wincker^b

^aCirad, Campus de Baillarguet, TA A-98/F, 34398 Montpellier, Cedex 5, France; ^bGenoscope, (CEA) UMR 8030 CNRS, 2 rue Gaston Crémieux, 91057 Evry, France; ^cUCLA, Dept. Microbiol. & Mol. Biol, 609 Charles E. Young Drive East, Los Angeles, AK 90095-1489, USA; ^dFacultad de Ciencias, Departamento de Parasitología, C/ Severo Ochoa s/n, 18071 Granada, Espagne; ^eCirad, TA A-98/Ird, 34398 Montpellier, Cedex 5, France; ^fCNRS/Université Montpellier 1, Lab Parasitologie-Mycologie, 16 rue A. Broussonet, 34090 Montpellier, France
michel.dollet@cirad.fr

Plusieurs espèces de plantes laticifères sont parasitées au niveau des tubes laticifères, par des Trypanosomatidae. La question de leur pouvoir pathogène reste ouverte. Un nom de genre leur a été attribué arbitrairement: “ *Phytomonas*”, uniquement basé sur la nature de l’hôte. Or il a été montré que ces organismes se multipliaient dans les insectes qui les transmettaient. De plus, depuis les années 80, on sait que d’autres trypanosomatidés, jusque là considérés comme des “ trypanosomatidés monoxéniques d’insectes ”” (Crithidia, Herpetomonas, Leptomonas) peuvent être transmis par hétéroptères à des fruits de diverses familles, dont les solanacées (tomate). En Amérique latine et dans la Caraïbe, il existe des trypanosomatidés intraphloémiques spécifiquement associés à des dépérissements de palmiers (cocotier, palmier à huile, Arecaceae), de cultures horticoles (*Alpinia purpurata*, Zingiberaceae) et du caféier (Rubiaceae). Le genre arbitraire *Phytomonas* ne reflète donc pas la diversité des trypanosomatidés se multipliant dans des milieux aussi différents que le latex, la sève, la pulpe des fruits ou des graines, sur différents continents, et ne fait pas de différence entre les organismes pathogènes responsables de maladies aux graves conséquences économiques et ceux qui s’apparentent à des symbiontes. Nous avons travaillé à la caractérisation de ces trypanosomatidés en utilisant divers marqueurs moléculaires comme le gène du Splice Leader RNA, l’ARN r 5S, les minicercles d’ADN kinetoplastique et les ITS de l’opéron ribosomal. En tenant compte de ces résultats, en les associant aux données sérologiques et des isoenzymes et RAPD, nous pouvons conclure à l’existence de 10 “groupes” différents. Parmi ces groupes certains se démarquent très nettement. C’est le cas des trypanosomatidés intraphloémiques (“ groupe H ””). Par leur localisation (tubes criblés du phloème), leur effet pathogène, leur endémisme en Amérique latine, leur culture *in vitro*, qui contrairement aux autres ne peut se réaliser qu’avec des cellules nourricières d’insectes, et les marqueurs moléculaires, ils sont uniques. Un autre groupe se distingue : “ D ””, comprenant des isolats du latex de l’Ancien Monde (Inde, Sénégal et France). L’étude des caryotypes moléculaires d’un isolat de chacun de ces deux groupes (EM1 d’*Euphorbia pinea* de France et Hart1 associé au dépérissement du cocotier en Guyane) révèle bien deux organismes différents avec respectivement 21 chromosomes et 7 chromosomes hétérologues. L’ensemble de ces résultats ainsi que d’autres données conduisent à dire qu’il serait nécessaire de réviser la taxonomie des trypanosomatidés de plantes/insectes. Pour étayer cette présomption, le génome de deux isolats, un isolat du latex (EM1) et un du phloème (Hart1), a été séquençé au Génoscope. Les premiers résultats montrant les différences entre ces deux groupes de trypanosomatidés seront présentés. Ils permettront de fournir des clés pour établir une nouvelle taxonomie, mais aussi d’identifier de possibles nouvelles méthodes de lutte. Projet ANR -08- GENM-020-001 SEQTRYPLANT.

Organisation d'un " Essai inter laboratoire d'aptitude " (EILA) selon les recommandations de la norme NF EN ISO/CEI 17043 :2010 - Détection du Banana bract mosaic potyvirus (BBrMV) par PCR

D. Massé, A. Chabirand, N. Cassam et B. Hostachy

Anses-Laboratoire santé végétaux, Pôle de protection des plantes, 7, chemin de l'Irat, 97410 Saint Pierre, Réunion
delphine.masse@anses.fr

Le Banana bract mosaic potyvirus, est un organisme de quarantaine affectant les bananiers, et pouvant entraîner jusqu'à 40% de perte de rendement. L'arrêté du 17 octobre 1995 relatif aux conditions d'entrée de bananier par dérogation dans les DOM, permet l'importation de vitro-plants, en suivant un cahier des charges qui impose des analyses attestant l'absence de certains virus du bananier dont le BBrMV. Ces analyses sont effectuées par des laboratoires agréés puis confirmées par le laboratoire national de référence dans les cas où le virus est détecté. Afin de maintenir leur agrément, mais aussi dans le cadre de leur accréditation ISO 17025, les laboratoires sont tenus de participer à des EILA afin d'assurer une évaluation externe de la qualité de leurs résultats d'analyse.

C'est dans ce contexte que le Laboratoire de la santé des végétaux de la Réunion, laboratoire de référence pour la détection des virus du bananier, a organisé en 2012 un EILA portant sur la détection du BBrMV par la mise en œuvre de la méthode officielle (MOA 005) ou une méthode PCR alternative équivalente. L'objectif est d'évaluer leur performance à détecter ou non la présence du BBrMV dans des échantillons identiques de statut connu. Pour chaque laboratoire, différents critères de performance sont évalués telles que la justesse (sensibilité et spécificité) et la répétabilité des résultats d'analyse.

Les échantillons qui servent de support à l'essai sont préparés et validés par le laboratoire organisateur. Ainsi chaque participant reçoit un panel d'échantillons identiques, mais les échantillons qui le constituent sont codifiés de manière aléatoire et différente pour chaque laboratoire. Deux leurres sont ajoutés à chaque panel afin de faire varier le nombre de résultats positifs et négatifs attendus dans chaque laboratoire. Ces précautions permettent d'éviter toute collusion entre participants. Le panel comprend 24 échantillons (feuille ou bractée), contenant la cible (origine Asie) et des échantillons ne contenant pas la cible (échantillons réellement sains ou infectés par d'autres virus). Il est vérifié par le laboratoire organisateur que les échantillons sont suffisamment homogènes et stables pour assurer que les différences de résultats sont liées à l'aptitude des laboratoires et non aux échantillons.

Parmi les laboratoires participants, figurent des laboratoires agréés des DOM, de France métropolitaine ainsi que des laboratoires étrangers (zone Océan Indien). Les résultats obtenus par les laboratoires participants sont de nature qualitative. Ils sont traités par des méthodes de statistiques descriptives conduisant à établir des statistiques de performance. Si les résultats de performance atteignent pour chaque critère évalué le niveau attendu (100%), les résultats obtenus par le laboratoire sont déclarés conformes, sinon ils sont déclarés non-conformes et le laboratoire doit mettre en œuvre une analyse des causes et proposer des actions correctives.

Epidémiologie aux différentes échelles: plante, parcelle, paysage

Oral presentations

Lier dynamique intra-hôte des pathogènes et épidémiologie évolutive

S. Alizon^a, M. Van Baalen^b, N. Mideo^c et T. Day^d

^aMIVEGEC (UMR CNRS 5290, IRD 224), IRD, 911 Avenue Agropolis, BP 64501, 34394 Montpellier Cedex 5, France; ^bLaboratoire d'écologie UMR 7625, UPMC Bât. A, 7e Etage, Case 237, 7 Quai St.-Bernard, 75252 Paris Cedex 05, France; ^cCIIE, School of Biological Sciences, University of Edinburgh, EH9 3JT Edimbourg, UK; ^dQueen's University, Department of Mathematics, Queen's University, Kingston, ON, Canada K7L 3N6
samuel.alizon@ird.fr

L'épidémiologie considère le plus souvent les hôtes infectés comme des 'boîtes noires' que l'on peut résumer à l'aide de quelques paramètres (taux de transmission et durée de l'infection). Cette simplification extrême des processus dynamiques intra-hôtes est-elle souhaitable ? Les modèles emboîtés développés depuis une dizaine d'année pour étudier l'évolution des maladies infectieuses permettent d'apporter des réponses à cette question. S'il est vrai que trop souvent l'ajout du niveau intra- hôte dans le modèle se borne à ajouter des paramètres plus ou moins biologiquement réalistes dans les modèles, il n'en reste pas moins que parfois le couplage entre niveaux est nécessaire pour comprendre la dynamique épidémiologique. Je montrerai que c'est le cas des infections multiples, lorsque plusieurs souches de pathogènes peuvent infecter des hôtes simultanément. Enfin, je présenterai une approche récente issue de la génétique quantitative permettant de coupler des données de dynamique intra-hôte à un modèle d'épidémiologie afin d'étudier l'évolution des parasites sur de courtes échelles de temps.

Epidemiology often considers infected hosts as 'black boxes' that can be summarised with a couple of parameters (transmission rate, infection duration). Is such an extreme simplification of within-host processes desirable? Nested models that have been developed over the last 10 years to study the evolution of infectious diseases can bring some new light to this question. If, indeed, too often the addition of the within-host level only results in the addition of more or less realistic parameters to the model, the fact remains that in some cases the coupling between within-host and between-host dynamics is necessary to capture epidemiological dynamics. I will show that this is the case when multiple infections occur, i.e. when several pathogen strains can infect the same host simultaneously. Finally, I will present a recent application of quantitative genetics to epidemiology that allows one to bridge scales by coupling within-host dynamics and epidemiology to study rapid evolution of infectious diseases.

Towards a better understanding of rain-borne septoria tritici blotch epidemics within wheat cultivar mixtures

C. Gigot^a, S. Saint-Jean^b, L. Huber^c, M. Leconte^d, C. Maumené^e et C. De Vallavieille-Pope^d

^aINRA - AgroParisTech - ARVALIS, UMR1091 EGC, 78850 Thiverval-Grignon, France;

^bAgroParisTech - INRA, UMR1091 EGC, 78850 Thiverval-Grignon, France; ^cINRA - AgroParisTech, UMR1091 EGC, 78850 Thiverval-Grignon, France; ^dINRA, BIOGER-CPP, 78850 Thiverval-Grignon, France; ^eARVALIS Institut du Végétal, Station Expérimentale, 91720 Boigneville, France
cgigot@grignon.inra.fr

Septoria tritici blotch, caused by the fungus *Mycosphaerella graminicola*, is the predominant foliar rain-borne disease on wheat crops, and it is regularly responsible for substantial yield losses (up to 40%). In the agricultural context of input reduction, cultivar mixtures have been shown as a way of controlling wind-borne fungal diseases, and they are already used at large scale in some countries. The relevancy of such plant diversity within crops to reduce epidemics of rain-borne diseases has to be assessed. To characterize the impacts of natural septoria tritici blotch epidemics in a fungicide-free cultivar mixture, field experiments were conducted from 2008 to 2011. The mixture consisted of two wheat cultivars with contrasted resistance to *M. graminicola*, in a 1:3 susceptible:moderately high resistant ratio. Weekly assessments of the number of sporulating lesions, pycnidial leaf area and green leaf area were done on the same stems, for each level of still green leaves. After the major rain dispersal event of each spring, the number of sporulating lesions on the susceptible cultivar was reduced on average by 47% within the mixture compared to the pure stand. All the measurements achieved corroborated that, on one hand, the susceptible component was always less diseased in the mixture than in the pure stand (on average, 42% less leaf area covered with pycnidia on the three upper leaves), and, on the other hand, the resistant component was not significantly more affected by septoria tritici blotch within the mixture. Complementary to the field experiments, a theoretical approach, based on the development of a mechanistic-stochastic model, aims to describe the progression of septoria tritici blotch within a heterogeneous 3D-canopy. This model includes both physical and epidemiological approaches. Firstly, a raindrop size distribution, which describes a rainfall event, is sampled based on numerical integration techniques that rely on Monte Carlo methods. Then, for the raindrops that impact on the virtual canopy, splash droplets are generated based on raindrop and plant surface properties. The trajectory of each droplet and the interception by a plant or by the ground are computed. From this set of trajectories, the potential progression pattern of septoria tritici blotch is assessed on the whole canopy, taking into account cultivar resistance levels of the intercepted surfaces. The polycyclic nature of epidemics is modeled by iterating the previous calculations. The results of the modeling approach will be compared to the experimental ones in order to identify which processes are involved in the reduction of splash-dispersed disease severity within wheat cultivar mixtures.

Adaptation saisonnière des composantes d'agressivité d'une population locale de *Mycosphaerella graminicola* - agent de la septoriose du blé - à la température hivernale et au stade phénologique de son hôte

F. Suffert et I. Sache

INRA, UR BIOGER-CPP, Campus AgroParisTech, 78850 Thiverval-Grignon, France
fsuffert@grignon.inra.fr

Notre travail s'inscrit dans un enjeu général de compréhension de la dynamique pluriannuelle des maladies aériennes du blé. Présente dès la fin de l'automne, la septoriose subit des variations de températures saisonnières, intra- et inter-annuelles, susceptibles de modifier les conditions de développement d'une épidémie et sa récurrence. L'objectif est de montrer qu'une population locale de *M. graminicola* possède des facultés d'adaptation à ces mêmes variations s'exprimant au cours d'une épidémie polycyclique (plusieurs cycles de reproduction asexuée). La méthode de quantification des composantes d'agressivité de *M. graminicola* (période d'incubation et de latence, taille de lésion, densité de pycnides, capacité de sporulation) basée sur l'analyse de cinétiques de développement d'une lésion, validée lors d'une précédente étude, a été utilisée. Les composantes d'agressivité de deux sous-populations locales de *M. graminicola*, l'une dite "d'automne" résultant de contaminations par des d'ascospores (15 isolats collectés sur plantules au commencement d'une épidémie), l'autre dite "de printemps" résultant de contaminations par des pycnidiospores pendant la montée de la maladie dans le couvert (15 isolats collectés sur plantes adultes en fin d'épidémie), ont été comparées. Ces composantes ont été estimées en conditions "printanières" sur plantes adultes (19°C, en serre), et en conditions "hivernales" sur plantules (9°C, en chambre climatique). Les isolats de printemps se sont avérés particulièrement adaptés aux conditions hivernales : ils ont provoqué, sur plantules, des lésions de plus grande taille et des densités de pycnides supérieures, lesquelles ont produit en moyenne davantage de spores, que les isolats d'automne. Ces différences, statistiquement significatives, ne se sont pas manifestées en conditions printanières sur plantes adultes ; les isolats de printemps ont en revanche exprimé une période de latence plus courte dans ces mêmes conditions. Dissociée dans le temps, cette double capacité d'adaptation concerne deux composantes d'agressivité essentielles et complémentaires : en hiver (période où la quantité d'inoculum secondaire est le principal facteur limitant) ont été sélectionnés les isolats ayant la plus grande capacité à sporuler, puis au printemps (période où, lorsque les conditions climatiques sont favorables, le principal facteur limitant est la longueur du pathochrome qui réduit le potentiel de montée de la maladie vers les étages foliaires supérieurs) ceux ayant une courte période de latence. La population finale de *M. graminicola* peut être considérée comme la conséquence d'une sélection duale intervenue pendant l'hiver et au début du printemps. Ces résultats expérimentaux attestent de l'existence de facultés d'adaptation susceptibles d'intervenir localement, à l'échelle intra-annuelle, dans la sélection directionnelle de la population d'un champignon phytopathogène en interaction étroite avec des caractéristiques de son hôte (stade phénologique) et du climat (température).

Structuration géographique de la variabilité moléculaire du virus du swollen shoot du cacaoyer (CSSV) en Afrique de l'Ouest

K. Kouakou^a, H. Dzahini-Obiatye^b, I. Kebe^a, A. Mississo^c, F. Oro^d, C. Cilas^d, M.L. Caruana^e et E. Muller^e

^aCNRA, BP 808, 00000 Divo, Côte d'Ivoire; ^bCocoa Research Institute of Ghana, P. O. Box 8, 00000 Akim Tafo, Ghana; ^cCRA-F, BP90, 00000 Kpalimé, Togo; ^dCIRAD, UPR106, 34398 Montpellier Cedex 5, France; ^eCIRAD, UMR BGPI, 34398 Montpellier Cedex 5, France
emmanuelle.muller@cirad.fr

Le virus du swollen shoot du cacaoyer ou Cacao swollen shoot virus (CSSV, famille des Caulimoviridae, genre Badnavirus) est un virus transmis par cochenilles, présent dans toute la zone de production cacaoyère de l'Afrique de l'Ouest. Les symptômes caractéristiques de la maladie sont le rougissement des nervures des jeunes feuilles et le gonflement des tiges et des racines. La maladie n'existe pas dans la zone d'origine du cacaoyer et est apparue uniquement en Afrique suite à l'introduction des cacaoyers, elle pourrait donc être la conséquence d'un changement d'hôte à partir de plantes indigènes, réservoirs du virus.

Malgré les nombreuses campagnes d'éradication depuis son émergence dans les années 20 suite à l'introduction du cacaoyer en Afrique, la maladie n'est toujours pas significativement enrayerée. De nouveaux foyers continuent à apparaître dans des zones jusque là indemnes, particulièrement dans différentes régions de Côte d'Ivoire, à l'Ouest du Ghana et dans le Litimé, principale région cacaocole du Togo, ce qui pose des questions épidémiologiques sur l'origine de ces émergences. Une meilleure connaissance de la biodiversité du virus et de sa répartition géographique au sein des foyers est un élément indispensable pour comprendre l'historique de l'émergence et du développement de l'épidémie.

La structuration géographique de la variabilité du virus du cacao swollen shoot au Togo, en Côte d'Ivoire et au Ghana a été obtenue sur la base d'une étude phylogénétique à partir de séquences de 720pb correspondant à la première partie de l'ORF3 qui est une zone conservée du génome viral. Cette étude menée sur 300 isolats a permis de différencier une quinzaine de groupes mais a cependant confirmé le caractère monophylétique du CSSV. En se basant sur la nomenclature virale des badnavirus, au moins 5 des 15 groupes pourraient correspondre à des espèces virales différentes de l'espèce CSSV de référence, Agou 1 du Togo. Ils sont répartis de manière différentielle dans les trois pays. Seul le groupe B est présent dans les trois pays. Les trois groupes A, B et C sont présents au Togo, le groupe C étant spécifique à ce pays jusqu'à présent, tandis que le Ghana et la Côte d'Ivoire comprennent un nombre bien plus important de groupes différents dont plusieurs spécifiques à chacun de ces deux pays. L'analyse montre une structuration des groupes plutôt selon leur origine géographique que selon leur agressivité. Les résultats seront ré-analysés avec le logiciel BEAST pour tester différentes hypothèses évolutives sur l'origine des groupes viraux dans les nouveaux foyers.

Méthodes de lutte et gestion des résistances: nouveaux défis dans la gestion des risques

Oral presentations

Plant virus ecology, plant-virus co-evolution, and the management of plant virus diseases

F. García-Arenal

*UPM - INIA, CBGP, U. Politécnica de Madrid, 28223 Madrid, Espagne
fernando.garciaarenal@upm.es*

Viruses are only second to fungi as plant pathogens, both for the number of diseases they cause and for their economic impact. Also, as is the case for animals, viruses are the major group of emergent crop pathogens. The only direct and most efficient way to control viral diseases in crops is the use of genetic resistance. The use of resistance is a preferred method for the control of plant pathogens, as it is a highly efficient, target-specific and environmental-friendly control. These advantages are countered by the ability of pathogens to evolve and overcome the protection conferred by resistance factors. Hence, much effort has been devoted to understand the evolution of virulence in plant pathogens, and of defences in host plants, as related to the success and durability of this control strategy. There is a wealth of theoretical studies on plant-pathogen co-evolution under different ecological and genetic scenarios, which have not always been matched by the corresponding experimental analyses. This is particularly the case for plant viruses, which differ from cellular plant pathogens by their higher mutation rates, on one hand, but also by encoding for few multifunctional proteins in their small genomes, in which epistasis is important, traits that may condition their evolutionary potential. Plant-virus co-evolution has received comparatively little attention until recent years, and remains largely underexplored. Indeed, it has been proposed that virus infection would have little or no impact on wild plant populations, and that the high virulence of viruses in crops is the result of ecological changes associated to agriculture. If this were the case, plants would not develop defences against virus infection, and plants and viruses would not co-evolve. Within this context, I will address the following questions: i) what ecological factors determine virus prevalence and virulence in wild and cultivated plant populations?, ii) is virus infection a selection factor in wild plant populations resulting in plant-virus co-evolution?, iii) how do virulence and defence factors evolve? and iv) is virulence and defence evolution associated to fitness costs in the virus and the pathogen, respectively?. Results derive from observational and experimental analyses with different pathosystems, with an emphasis on tobamovirus infection of *Capsicum* crops and wild relatives.

Conséquences directes et indirectes de la sélection de nématodes par des plantes résistantes

J. Montarry

INRA UMR1349 IGEPP, Domaine de la Motte, BP 35327, 35653 Le Rheu, France
josselin.montarry@rennes.inra.fr

Dans ce travail, nous avons regardé si la durabilité des résistances est variable entre des génotypes de pomme de terre issus d'une même source de résistance et présentant le même QTL de résistance dans des fonds génétiques différents. Nous avons également exploré les conséquences indirectes de l'adaptation à cette résistance en termes d'adaptation locale (au génotype hôte) et de virulence croisée. En suivant la virulence du nématode à kyste *Globodera pallida* lors d'une expérimentation d'évolution expérimentale, nos résultats montrent que les populations sont capables de s'adapter aux résistances de trois génotypes de pomme de terre possédant le gène de résistance GpaVvrn, issu de *Solanum vernei*, et que le fond génétique de la plante influence fortement la durabilité des résistances. Le patron d'adaptation locale que nous avons détecté indique que le processus de sélection divergente a opéré au cours de l'évolution expérimentale réalisée à partir d'une même population, et qu'il y a un trade-off entre l'adaptation à un génotype de pomme de terre et l'adaptation à un autre. En ce qui concerne la virulence croisée entre des génotypes de pomme de terre issus de différentes sources de résistance (*S. sparsipilum* et *S. spagazzinii*), nous avons montré que l'adaptation à GpaVvrn ne permet pas nécessairement l'adaptation aux QTLs de résistances colinéaires avec GpaVvrn identifiés chez ces deux espèces. L'ensemble de ces résultats permettra d'anticiper l'évolution des populations de nématodes dans les agro-écosystèmes naturels et d'identifier des stratégies de sélection et de déploiement des résistances.

Exploring SDHI resistance in *Botrytis cinerea*: From mutagenesis to enzymatic assays

A. Laleve^a, A.-S. Walker^a, P. Leroux^b, V. Toquin^c, H. Lachaise^c et S. Fillinger^b

^aINRA UR BIOGER-CPP, Avenue Lucien Brétignières Bat13, 78850 Thiverval-Grignon, France;

^bINRA UR BIOGER-CPP, avenue Lucien Brétignières Bat13, 78850 Thiverval-Grignon, France;

^cBayer SAS, CR La Dargoire, 14-20 rue Pierre Baizet, 69009 Lyon, France
anais.laleve@versailles.inra.fr

Botrytis cinerea is a phytopathogenic ascomycete responsible for grey mould on many crops. Respiration inhibitors play an increasing role in the control of this disease. Succinate dehydrogenase inhibitors (SDHIs, including carboxamides) inhibit the fungal respiration by blocking the ubiquinone-binding site of the mitochondrial complex II. Old SDHIs (i.e. carboxin), essentially active against Basidiomycetes were replaced in the 2000s by a new generation of SDHIs with a broader spectrum including Ascomycetes. Boscalid is the only representative of this new generation in France up to now. A few years after its market introduction, field mutants of *B. cinerea*, resistant to boscalid were isolated in France and Germany. At least six different phenotypes, named CarR1 to CarR6, have been pinpointed by characterizing their resistance pattern towards 20 SDHIs. CarR1 to R4 phenotypes exhibit low to medium level of resistance, whereas CarR5 and R6 show high level of resistance to different SDHIs, including boscalid. CarR1 and CarR2 strains are currently the most frequent strains detected in German and French vineyards. The resistance mechanism was investigated for the different phenotypes by searching for putative alterations in the SDH proteins, which could be responsible for the observed resistance. Our findings show point mutations in the *sdhB* gene lead to a specific amino acid change in SdhB for each phenotype. Isogenic mutants have been generated through a gene replacement strategy to confirm the role of these mutations in the various SDHI resistance phenotypes. We have shown that each mutation of the *sdhB* gene confers resistance to at least one SDHI. Isogenic mutants show similar resistance factors compared to field mutants carrying the same mutation. SDH enzyme activity and inhibition by different SDHIs were measured in these mutants. Our results provide evidence for differential SDH inhibition profiles according to the tested mutations, correlating with the mutants' resistance pattern. SDH enzyme affinity to different SDHIs will be measured in these mutants.

Vers une vision globale de la diversité biologique et moléculaire du Lettuce Mosaic Virus (LMV)

L. Svanella-Dumas, O. Le Gall, S. German-Retana et T. Candresse

*INRA, UMR BFP 1332, Virologie, BP81, Université de Bordeaux, F-33883 Villenave D'ornon, France
svanella@bordeaux.inra.fr*

Le virus de la mosaïque de la laitue est le virus le plus important sur cette culture au plan mondial. Bien que contournées par certains isolats de LMV, les résistances mo1, déployées par les sélectionneurs, sont considérées comme un exemple de résistance durable. Le groupe phylogénétique majoritaire LMV-RoW [1], contient plusieurs sous-ensembles différant par leurs propriétés biologiques: contournement des deux formes alléliques de la résistance mo11 et mo12 et transmission par la graine. Dans le cadre d'un projet d'analyse de la diversité génotypique et phénotypique du LMV, de nombreux isolats ont été collectés sur laitue cultivée, espèces sauvages ou plantes ornementales, dans un total de 17 pays. Au plan moléculaire, ces isolats ont été caractérisés par le séquençage de deux zones du génome: la région Nib/CP (216 pb), choisie en raison de l'hypervariabilité de l'extrémité N-terminale de la capsid virale et la région C-Ter-CI/6K2/VPg (1141 pb) qui porte les déterminants moléculaires impliqués dans le contournement des résistances mo1 [2]. L'analyse de la région Nib/CP montre dans le groupe LMV-RoW plusieurs clusters hôte-spécifiques et géographiquement limités. Un cluster constitué exclusivement d'isolats chiliens provenant de *Lactuca sauvages* ou d'autres adventices est identifié, ainsi que plusieurs clusters regroupant des isolats d'une espèce ornementale, *Osteospermum*. De tels regroupements tendent à indiquer que très peu d'échanges ont lieu entre espèces hôtes. La même structuration est retrouvée dans la région CI/VPg et les deux arbres sont globalement congruents. Ceci suggère que peu d'événements de recombinaison sont intervenus dans l'histoire évolutive du LMV. Les propriétés biologiques d'isolats représentatifs de chaque cluster phylogénétique ont été étudiées. Globalement, la capacité à contourner l'allèle mo11 est assez fréquente, le contournement de mo12 étant plus rare. Tous les isolats se sont révélés transmissibles par la graine sur plantes sensibles mais très peu le sont sur plantes résistantes mo12. Par ailleurs, certains isolats de LMV isolés de laitue sauvage ou d'*Osteospermum* sont capables d'évoluer et de devenir virulents sur laitues portant l'allèle de résistance mo11. Ceci s'accompagne de l'accumulation de mutations codantes dans la partie C-terminale de l'hélicase CI. Ces variants évolués sont également capables de contourner l'allèle mo12 mais n'apparaissent pas sur les laitues portant cet allèle. De la même façon, des recombinants, construits par génétique inverse se sont révélés capables d'évoluer vers la virulence [3], ce phénomène s'accompagnant là encore de l'accumulation de mutations dans la région C-terminale de la CI. Ainsi, l'analyse de ces virus recombinants couplée à celle d'isolats naturels de LMV devrait permettre d'identifier des acides aminés clés pour le contournement des gènes de résistance mo1 mais aussi pour la capacité à évoluer vers la virulence. [1] Krause-Sakate et al., *Phytopathology* 92:563-572, 2002 [2] Abdul-Razzak et Guiraud et al., *MPP* 10 (1), 109-113, 2009 [3] Thèse d'Elise Redondo, 2001

Key Mutations In The Cylindrical Inclusion Of Lettuce Mosaic Virus (LMV) Are Involved In The Breakdown Of eIF4E-Mediated Resistance

M. Sorel^a, A. Abdul-Razzak^a, L. Svanella-Dumas^a, G. Acelin^b, M.-C. Houvenaghel^a, T. Candresse^a et S. German-Retana^a

^aINRA, UMR BFP 1332, Virologie, BP81, Université de Bordeaux, F-33883 Villenave D'ornon, France; ^bUniversité de Bordeaux, UMR 5248, 33600 Pessac, France
maud.sorel@bordeaux.inra.fr

The Potyvirus genus is the largest genus of plant viruses and infects a broad range of hosts, including Lettuce mosaic virus (LMV), a major pathogen of worldwide distribution in commercial lettuce crops. In recent years, components of the eukaryotic translation initiation complex were identified as essential determinants in the outcome of RNA virus infections, including potyviruses. In particular, recessive allelic lettuce genes *mo11* and *mo1²*, currently used to protect lettuce crops against LMV, were shown to correspond to mutant alleles of the gene encoding the translation initiation factor eIF4E [1]. Recently, we showed that the LMV resistance-breaking determinants mapped not only to the VPg encoding region (the main potyvirus virulence determinant) but also to the C-terminal region of the CI (Cylindrical Inclusion helicase), providing the first example of a potyvirus CI acting as a determinant for eIF4E-mediated resistance breaking [2]. In order to identify amino acids involved in *mo1*-resistance breaking, the natural diversity of LMV was investigated, focusing in particular on the CI-VPg sequence and on the behaviour of LMV isolates towards *mo1* genes. Four candidate amino acids at positions 602, 617, 621 and 627 were identified. In order to understand their contribution to eIF4E-resistance breakdown, mutations were introduced, alone or in combination, in infectious cDNA clones whose behaviour towards *mo1* genes was then analyzed. Our results show that a single substitution at position 621 in the CI confers the ability to totally (*mo1²*) or partially (*mo11*) overcome the resistance, while single substitutions at the other positions do not. Interestingly, the combination of mutations at positions 602 and 617 also confers resistance-breaking capacity. As the *mo1* resistance is durable in the field or in laboratory assays using the LMV-0 isolate, we hypothesized that the resistance-breaking mutations could impose a competitiveness cost. Competition experiments between LMV-0 and mutants derived from it show that mutations at positions 602 or 621 impose a fitness cost in susceptible lettuce, which could explain why LMV-0 virulent variants are not observed to emerge. However, the G617S mutation seems to improve the virus competitiveness in susceptible lettuce. Whether this is also the case for the double mutant 602-617 remains to be tested.

[1]. Nicaise V., German-Retana S., Sanjuan R., Dubrana M-P., Mazier M., Maisonneuve B., Candresse T., Caranta C. and Le Gall O. (2003). *Plant Physiol.* 132, 1272-1282 [2]. Abdul-Razzak A., Guiraud T., Peypelut M., Walter J., Houvenaghel M-C., Candresse T., Le Gall O. and German-Retana S. (2009). *Mol.Plant Pathol.* 10, 109-113.

Méthodes de lutte et gestion des résistances: nouveaux défis dans la gestion des risques

Oral presentations

Durable strategies to deploy plant resistance in agricultural landscapes

F. Fabre^a, E. Rousseau^a, L. Mailleret^b et B. Moury^a

^aINRA, UR 407 Pathologie Végétale, 84000 Montfavet, France; ^bINRA, UR 880 URIH, 06903 Sophia Antipolis, France
frederic.fabre@avignon.inra.fr

The deployment of resistant crops often leads to the emergence of resistance-breaking pathogens that suppress the yield benefit provided by the resistance. Here, we theoretically explored how farmer main leverages (resistant cultivar choice, resistance deployment strategy, landscape planning, cultural practices) can be best combined to achieve resistance durability while minimising yield losses due to plant viruses. Assuming a gene-for-gene type of interaction, virus epidemics are modelled in a landscape composed of a mosaic of resistant and susceptible fields, subjected to seasonality, and of a reservoir hosting viruses year round. The model links the genetic and the epidemiological processes shaping at nested scales the demo-genetics dynamics of viruses. The choice of the resistance gene (characterized by the equilibrium frequency of the resistance-breaking virus at mutation-selection balance in a susceptible plant) is the most influential leverage of action. Our results showed that optimal strategies of resistance deployment range from mixture (where susceptible and resistant cultivars coexist) to pure strategies (with only resistant cultivar) depending on the resistance characteristics and on the epidemiological context (epidemic incidence, landscape connectivity). We demonstrate and discuss gaps concerning virus epidemiology across the agro-ecological interface that must be filled to achieve sustainable disease management.

BioMolChem', un outil pour évaluer l'état de défense après élicitation ou non, de cultivar ou de génotypes résistants aux maladies: du gène au champ

M.-F. Corio-Costet^a, C. Lambert^b, S. Cluzet^c, D. Merdinoglu^d et M.-C. Dufour^e

^aINRA, UMR SAVE, BP 81, BP 81, 33883 Villenave D'Ornon Cedex, France; ^bUniversité de bordeaux, Gesvab, 33882 Villenave D'Ornon Cedex, France; ^cUniversité de bordeaux, Gesvab, ISVV, 33882 Villenave D'Ornon Cedex, France; ^dINRA, Colmar, BP 20507,, 68021 Colmar, France; ^eINRA, UMR SAVE, 33883 Villenave D'Ornon Cedex, France
coriocos@bordeaux.inra.fr

Les stimulateurs de défenses des plantes, ou les variétés résistantes aux maladies s'avèrent des méthodes alternatives d'intérêt pour limiter les intrants chimiques, dans le cadre du plan Ecophyto 2018. Afin d'évaluer le potentiel d'élicitation des défenses de la vigne au laboratoire et au champ, nous avons développé une triple approche appelée "BioMolChem": - des tests biologiques qui permettent d'évaluer l'efficacité des défenses de la vigne vis à vis des deux principaux bioagresseurs que sont l'oïdium (*Erysiphe necator*) et le mildiou (*P. viticola*), - des suivis moléculaires par q-RT-PCR qui permettent de connaître les niveaux d'expression (sur-expression ou répression) d'une vingtaine de gènes impliqués dans les défenses de la vigne et de formaliser des patrons d'expressions, corrélés ou non avec le niveau de protection, selon les produits éliciteurs ou les génotypes étudiés, - des analyses biochimiques par HPLC de phénylpropanoïdes (polyphénols, stilbènes), qui conduisent à quantifier et à identifier des molécules d'intérêts, corrélés ou non à l'expression de gènes codant pour des enzymes impliqués dans leur biosynthèse. Cet outil a été testé sur des feuilles de vigne (cv. Cabernet-sauvignon) après élicitation par différents éliciteurs (benzothiadiazole, phosphonates), sur des génotypes résistants à l'oïdium et au mildiou, issus d'un croisement entre *M. rotundifolia* et *Vitis vinifera* possédant différents QTLs de résistance à l'oïdium et au mildiou (Run 1, Rpv1, Rpv2, Run2) et au vignoble sur le cépage Merlot traité avec différents éliciteurs. Les résultats obtenus nous ont permis de valider l'outil "BioMolChem" et montrent qu'il existe des corrélations entre le niveau d'expression de gènes de type Pathogenesis related (PR) protéines, les niveaux d'expression de gènes codant pour des enzymes impliqués dans la voie de biosynthèse du tryptophane, certains impliqués dans la biosynthèse des stilbènes et flavonoides et l'efficacité de protection. De manière similaire, il existe des corrélations entre la présence de certaines molécules connues et inconnues, et l'efficacité de protection. À noter que lors de ces expériences, si le resvératrol, une phytoalexine bien connue de la vigne, s'avère un bon marqueur de stimulation des défenses, elle n'est pas un bon marqueur de protection. Ainsi aujourd'hui dispose t'on d'un outil qui nous permet de mieux comprendre quel est l'état de défense et de protection de la vigne, tant au niveau du laboratoire, qu'au niveau du champ. M. C. Dufour, C. Lambert, J. Bouscalt, J. M. Mérillon and M. F. Corio-Costet (2012) Benzothiadiazole-primed defense responses and enhanced differential expression of defense genes in *Vitis vinifera* infected with biotrophic pathogens (*Erysiphe necator* and *Plasmopara viticola*). Soumis à Plant Pathol.

Association mapping for yellow rust resistance in UK winter wheat

P. Bansept-Basler^a, R. Bayles^a, L. Boyd^b, S. Griffiths^b et D. O'Sullivan^a

^aNIAB, Huntingdon Road, CB3 0LE Cambridge, UK; ^bJohn Innes Centre, Norwich Research Park, Colney Lane, NR4 7UH Norwich, UK
pauline.bansept@niab.com

Yellow rust (YR) caused by *Puccinia striiformis f.sp. tritici* is a major wheat disease in the United Kingdom and can cause extensive yield loss. The most cost effective strategy to control the disease is to grow resistant varieties. Despite the constant evolution of yellow rust and the development of new races overcoming the latest plant resistances, UK breeding programs succeeded over the past 30 years to regularly bring new resistant varieties to market. However, little is known about the genetic basis and the diversity of resistance used by UK breeders. The study proposes to investigate the genetic architecture of yellow rust resistance present in the UK gene pool using linkage disequilibrium analysis. Based on resistance data available from the UK Cereal Pathogen Survey, we assembled a collection of 330 winter wheat elite varieties, mainly from the UK. To complement historical disease resistance data, we evaluated the collection at seedling and adult plant stages against current UK yellow rust isolates in 2010 and 2011, as we aim to uncover loci useful in breeding to control the current races. The lines were genotyped with DArT markers and molecular markers linked to YR resistance loci. The panel was genotyped at 1809 marker loci and the combined genotype and phenotype datasets used in association analysis. In total, 230 marker-trait associations were detected in the experiments using current YR races, explaining between 2 and 15.8% of the resistance response. In addition to 96 rye-wheat polymorphic markers associated with Yr9 on the 1B/1R translocation, 26 associations were significant using the Bonferroni correction for multiple comparisons. Among these 26, the most significant markers were detected on 2B, 3B and 7B. Using a classical QTL approach with two UK doubled haploid populations, we confirmed the link between the high associations on 2B (wPt-0950 and wPt-9350) and on 7B (wPt-0752 and wPt-4814) with Yr7 and Yr6 respectively. As illustrated with Yr6, Yr7 and Yr9, the chromosomal assignment of many associated markers coincide with those of known major genes or previously identified genomic regions. It confirmed the usefulness of association genetics to localize loci responsible in YR resistance and also the potential for linked DArT markers to be converted into diagnostic markers for marker assisted selection. Additionally, associations were detected in regions where no known gene have been located up to date, particularly on the A genome, chromosomes 1A, 5A, 6A and 7A, which could lead to the identification of new resistance genes. Finally, comparison between the seedling and adult plant tests highlighted potential valuable adult plant resistance on chromosomes 2D, 3B and 5B. A majority of the significant associations were to DArT markers not assigned to any map location, making SCAR conversion/mapping of associated DArTs a key next step.

Natural and acquired fenhexamid resistance in *Botrytis* spp.: What's the difference?

A. Billard^a, S. Azeddine^a, J. Bach^a, C. Lanen^a, P. Solignac^a, P. Leroux^a, H. Lachaise^b, R. Beffa^c, S. Fillinger^a et D. Debieu^a

^aINRA UR BIOGER-CPP, avenue Lucien Brétignières Bat13, 78850 Thiverval-Grignon, France;

^bBayer SAS, CR La Dargoire, 14-20 rue Pierre Baizet, 69009 Lyon, France; ^cBayer CropScience AG, Industriepark Höchst building, 65926 Frankfurt, Allemagne
daniele.debieu@versailles.inra.fr

Antifungal compounds such as ergosterol biosynthesis inhibitors are widely used to control crop diseases. Among them, one of the most recent, the hydroxyanilide fenhexamid, is efficient principally against *Botrytis cinerea*, the major causal agent of grey mould. Fenhexamid is a new type of ergosterol biosynthesis inhibitor affecting the sterol C4 demethylation processes due to its specific interaction with one of the four proteins of the enzymatic complex, the 3-ketoreductase. Our regular monitoring conducted on French vineyards allowed the identification of the first isolates of *B. cinerea* with acquired resistance. Two types of resistant isolates named HyDR3- and HyDR3+ were distinguished by their resistance level. This acquired resistance is due to point mutations in the *erg27* gene leading to target modifications. These modifications induce a reduced affinity of fenhexamid towards its target, the 3-ketoreductase. Because of their high resistant level, the HyDR3+ strains have to be considered relative to the risk of resistance phenomenon occurrence in vineyards. Fitness studies conducted *in vitro* on isogenic mutants showed altered "overwintering" capacities of HyDR3+ mutants suggesting that they probably do not impact fenhexamid's field efficacy. While *B. cinerea*'s acquired resistance could be explained only by target modifications, as in most cases of fungicide resistance, the situation is different for the related species *Botrytis pseudocinerea* naturally resistant to fenhexamid. We show that *erg27* polymorphism only slightly contributes to resistance whereas fenhexamid detoxification by a cytochrome P450 named *cyp68.4* is the major mechanism responsible for the resistance. This is the first case of a functional validation of fungicide detoxification involved in resistance.

Pouvoir pathogène et symbiotique

Oral presentations

Le modèle *Aeschynomene/ Bradyrhizobium*: une association rhizobium/légumineuse atypique à l'interface entre pathogénicité et symbiose

E. Giraud

*LSTM TA- A82/J, Campus de Baillarguet, 34398 Montpellier, France
eric.giraud@ird.fr*

Les *Aeschynomene* sont des légumineuses semi-aquatiques tropicales qui présentent la particularité d'être nodulées aussi bien au niveau des tiges que des racines par des *Bradyrhizobium* photosynthétiques. Le séquençage récent du génome de 2 souches (ORS278 et BTAi1) a révélé que ces bactéries sont dépourvues des gènes canoniques nodABC indispensable pour la synthèse des facteurs Nod. Ce résultat indique ainsi l'existence d'une nouvelle voie alternative indépendante des Facteurs Nod pour qu'un rhizobium et une légumineuse s'associent symbiotiquement. Cette découverte soulève de nombreuses interrogations: comment la bactérie infecte la plante en l'absence du "sésame" Facteur Nod ? Quelles sont le(s) molécule(s) signal non-Nod utilisée(s) par la bactérie pour déclencher le processus de nodulation ? Est ce que le processus Nod-indépendant est un processus spécifique des *Aeschynomene* ou plus répandues au sein des légumineuses tropicales ? Quelle est la voie de signalisation Nod-indépendante contrôlant le processus symbiotique chez la plante? Nos travaux au sein de l'équipe visent à apporter des éléments de réponse à ce questionnement. Plusieurs résultats indépendants montrent que la mise en place de cette symbiose utilise des processus communs à certaines interactions plantes pathogènes. Au cours de ce séminaire, je présenterai l'état d'avancement de nos connaissances sur ce nouveau processus symbiotique Nod-indépendant et je mettrai l'accent sur les connexions possibles entre pouvoir pathogène et symbiotique.

Publications :

Giraud E, Moulin L, Vallenet D, Barbe V, Cytryn E, Avarre JC, Jaubert M et al. (2007) Legumes symbioses: absence of Nod genes in photosynthetic bradyrhizobia. *Science*. 316:1307-12

Masson-Boivin C, Giraud E, Perret X, Batut J. (2009) Establishing nitrogen-fixing symbiosis with legumes: how many rhizobium recipes? *Trends Microbiol*. 17:458-66.

Bonaldi K, Gourion B, Fardoux J, Hannibal L, Cartieaux F, Boursot M, Vallenet D, Chaintreuil C, Prin Y, Nouwen N, Giraud E. (2010) Large-scale transposon mutagenesis of photosynthetic *Bradyrhizobium* sp. strain ORS278 reveals new genetic loci putatively important for nod-independent symbiosis with *Aeschynomene indica*. *Mol Plant Microbe Interact*. 23:760-70.

Bonaldi K, Gherbi H, Franche C, Bastien G, Fardoux J, Barker D, Giraud E, Cartieaux F. (2010) The Nod factor-independent symbiotic signaling pathway: development of *Agrobacterium* rhizogenes-mediated transformation for the legume *Aeschynomene indica*. *Mol Plant Microbe Interact*. 23:1537-44

Bonaldi K, Gargani D, Prin Y, Fardoux J, Gully D, Nouwen N, Goormachtig S, Giraud E. (2011) Nodulation of *Aeschynomene afraspera* and *A. indica* by photosynthetic *Bradyrhizobium* Sp. strain ORS285: the nod-dependent versus the nod-independent symbiotic interaction. *Mol Plant Microbe Interact*. 24:1359-71.

The Avirulence Gene *AvrLm4-7* of *Leptosphaeria maculans*: Linking Crystal Structure, Functional and Evolutionary Characteristics

F. Blaise^a, K. Blondeau^b, M. Graille^b, B. Ollivier^a, J. Linglin^a, A. Labarde^b, A. Doizy^b, B. Tyler^c, S. Kale^c, G. Daverdin^a, M.-H. Balesdent^a, T. Rouxel^d, H. Van Tilbeurgh^b et I. Fudal^a

^aINRA / UR BIOGER-CPP, avenue Lucien Brétignières, 78850 Thiverval-Grignon, France;

^bIBBMC-CNRS/Université Paris-Sud, 15 rue Georges Clémenceau, 91405 Orsay, France; ^cVirginia

Bioinformatic Institute, Washington Street, Blacksburg, AK 0477, USA; ^dINRA / UR 1290 BIOGER-CPP, avenue Lucien Brétignières, 78850 Thiverval-Grignon, France

fudal@versailles.inra.fr

The avirulence gene *AvrLm4-7* of *Leptosphaeria maculans* is strongly induced during primary leaf infection and encodes a 143 amino-acid cysteine-rich protein, potentially secreted, and involved in fungal fitness (Huang et al., 2006; Parlange et al., 2009). *AvrLm4-7* crystal structure was determined following heterologous production in *Pichia pastoris*. The protein shows the presence of four disulfide bridges, and is strongly positively charged, suggesting interaction with minus charged molecules such as DNA or phospholipids. *AvrLm4-7* is translocated into plant cells and targeted to the nucleus and cytoplasm. In a heterologous system, the translocation of *AvrLm4-7* was found to necessitate the presence of a RxLR-like motif, located in an external loop of the protein in a positively charged region. However, site-directed mutagenesis targeting this RxLR-like motif did not alter the avirulent phenotype of the corresponding transformants towards the resistance genes *Rlm4* and *Rlm7*. *AvrLm4-7* confers a dual specificity of recognition by *Rlm7* and *Rlm4* resistance genes and occurs as three alleles only: the double avirulent (A4A7), the avirulent towards *Rlm7* (a4A7), or the double virulent (a4a7). A unique event of mutation, leading to the change of a glycine residue to an arginine, an amino acid located on an external loop of the protein, is responsible for the A4A7 to a4A7 phenotype change in field populations, strongly suggesting the importance of this protein region for recognition by the *Rlm4* gene, but not for the effector function of *AvrLm4-7*. In contrast, multiple mechanisms are responsible for the complete loss of avirulence (a4a7 phenotype), mostly drastic events leading to inactivation or complete deletion of the gene. Three single point mutations targeting amino acids located on external loops of the protein and unlikely to change its overall structure were also observed. Site-directed mutagenesis of these residues on an a4A7 allele resulted in a loss of *Rlm7*-mediated recognition while mutagenesis on an A4A7 allele resulted either in a4a7 or A4A7 phenotypes according to the mutation, suggesting that *AvrLm4-7* could not escape *Rlm7*-mediated recognition without also escaping *Rlm4*-mediated recognition.

Références bibliographiques : Huang YJ, Li ZQ, Evans N, Rouxel T, Fitt BDL, Balesdent MH (2006). Eur J Plant Pathol 114, 77-89. Parlange F, Daverdin G, Fudal I, Kuhn ML, Balesdent MH, Blaise F, Grezes-Besset B, Rouxel T (2009). Mol Microbiol 71(4):851-63.

Structure et fonction de deux protéines senseur du GABA chez le phytopathogène *Agrobacterium tumefaciens*

S. Planamente^a, S. Mondy^a, F. Hommais^b, S. Moréra^c et D. Faure^a

^aISV-CNRS, 1 avenue de la Terrasse, 91198 Gif-Sur-Yvette, France; ^bMAP-CNRS-INSA, Bâtiment Lwoff 10 rue Dubois, 69622 Villeurbanne, France; ^cLEBS-CNRS, 1 avenue de la Terrasse, 91198 Gif-Sur-Yvette, France
sara.planamente@isv.cnrs-gif.fr

L'acide γ -aminobutyrique (GABA) est un acide aminé non-protéique impliqué dans de multiples processus de signalisation. Paradoxalement, les caractéristiques structurales des récepteurs/senseurs du GABA ne sont connues ni chez les bactéries, ni chez les eucaryotes. Le GABA est synthétisé par la plante en réponse à des stress abiotiques et biotiques dont l'infection par le pathogène bactérien *A. tumefaciens*. Le GABA d'origine végétale induit chez *A. tumefaciens* C58 l'expression d'une lactonase BlcC (=AttM) qui inactive ses propres signaux quorum-sensing (QS), donc module le transfert horizontal du plasmide Ti (Chevrot et al. 2006 PNAS). Nous avons récemment identifié une protéine périplasmique de liaison (Periplasmic Binding Protein, PBP) Atu2422 et un transporteur ABC (Bra) qui sont respectivement impliqués dans la perception et le transport du GABA chez *A. tumefaciens* C58 (Haudecoeur et al. 2009 PNAS), donc nécessaires à l'expression de la lactonase AttM en présence de GABA. Dans ce travail, la structure cristalline d'Atu2422 a été résolue en présence de GABA ou d'acides aminés antagonistes de la liaison au GABA comme la proline et l'alanine. L'analyse structurale du site de fixation du ligand d'Atu2422 a permis d'identifier deux résidus clés impliqués dans la sélectivité du ligand et la liaison du GABA. L'analyse de ces mutants ponctuels a révélé leur rôle crucial dans l'interaction entre *A. tumefaciens* C58 et deux plantes hôtes, tomate et tabac. De plus, ces travaux ont défini les caractéristiques moléculaires d'une sous-famille de PBPs présentes chez différentes protéobactéries interagissant avec des hôtes eucaryotes et capables de fixer le GABA et des acides aminés comme la proline ou l'alanine (Planamente et al. 2010 JBC). Ce travail a également révélé une deuxième PBP (appelée GABA2) impliquée dans la perception et l'importation du GABA chez *A. tumefaciens*. Cette PBP a été identifiée grâce au séquençage du génome et l'analyse du transcriptome de mutants spontanés, issus d'un mutant-KO atu2422 d'*A. tumefaciens* C58, mais devenus capables de transporter le GABA. La construction d'un mutant déficient pour la PBP GABA2 a permis d'évaluer son rôle dans la signalisation GABA et l'interaction *A. tumefaciens*-plante hôte. La structure cristalline de cette PBP en présence de GABA a permis d'identifier les résidus clés impliqués dans la fixation du GABA dont le rôle a été validé par l'analyse de mutations ponctuelles. Enfin, une analyse phylogénétique des orthologues de GABA2 a révélé leur présence au sein de nombreuses protéobactéries pathogènes et symbiotiques interagissant avec les plantes. L'ensemble de ces travaux aboutit à la proposition de deux modèles de référence quant aux mécanismes moléculaires associés à la perception du GABA, médiateur de communications inter-cellulaires et inter-organismes. Ce travail illustre l'association des approches de biologie structurale et de génétique pour la compréhension des interactions plantes-microorganismes.

Analyse fonctionnelle de trois effecteurs RXLR de *Phytophthora parasitica* accumulés au cours de la pénétration des premières cellules végétales

E. Evangelisti, B. Govetto, N. Minet-Kebdani, M.-L. Kuhn, M. Ponchet, A. Attard, F. Panabières et M. Gourgues

UMR ISA INRA 1355/UNS/CNRS 7254, 400 route des Chappes, BP 167, 06903 Sophia Antipolis, France, Metropolitan
edouard.evangelisti@sophia.inra.fr

Les oomycètes sont des microorganismes filamenteux qui rassemble des agents pathogènes capables d'infecter aussi bien des plantes que des animaux. Parmi eux, le genre *Phytophthora* est constitué d'espèces capables d'infecter la plupart des plantes cultivées, causant d'importantes pertes économiques. Les oomycètes ont longtemps été associés aux champignons du fait de leur proximité morphologique. Cependant, des études phylogénétiques ont montré que ces microorganismes sont apparentés aux algues brunes. Ils présentent des spécificités physiologiques certainement à l'origine de la faible efficacité des fongicides utilisés contre les maladies qu'ils provoquent. Dans ce contexte, le développement de nouvelles stratégies de lutte contre ces microorganismes présente un fort intérêt agronomique.

Des protéines capables de moduler les voies de défenses des plantes ont été identifiées chez différents pathogènes. Parmi celles-ci figurent des effecteurs portant un motif RXLR qui permet l'import de protéines dans les cellules végétales. Jusqu'à présent, les effecteurs RXLR étudiés sont délivrés *in-planta* par les haustoria au cours de la phase biotrophe une fois l'interaction installée. Une analyse transcriptomique réalisée au laboratoire sur l'interaction entre l'oomycète *Phytophthora parasitica* et la plante modèle *Arabidopsis thaliana* a permis de mettre en évidence chez l'oomycète un ensemble de protéines à motif RXLR accumulées de façon transitoire au cours de la pénétration des premières cellules végétales. Nous avons initié l'analyse fonctionnelle de trois d'entre elles (*CL366*, *CL380* et *CL1026*).

Une fusion transcriptionnelle entre le promoteur du gène *CL380* et le gène rapporteur GUS a permis de confirmer qu'il est exprimé au moment de la pénétration et de l'infection des premières cellules de l'hôte.

L'analyse fonctionnelle *in-planta* a été initiée par l'expression constitutive des effecteurs chez *Arabidopsis thaliana*. Les lignées qui accumulent les protéines *CL366* ou *CL1026* présentent des parties aériennes similaires aux plantes sauvages. Cependant, les plantes qui accumulent la protéine *CL1026* présentent un ensemble de phénotypes associés à la perturbation de la physiologie de l'auxine. De plus, l'analyse du phénotype des deux types de lignées en interaction avec *P. parasitica* montre que l'accumulation de ces effecteurs entraîne une augmentation de la sensibilité à l'infection. Il a été impossible d'obtenir des plantes exprimant de façon constitutive l'effecteur *CL380*. En revanche, des lignées inductibles ont été obtenues et montrent un fort retard de croissance, suggérant également la perturbation d'une voie hormonale.

Des expériences complémentaires d'agroinfiltration sur tabac ont montré que les trois effecteurs suppriment la nécrose déclenchée en réponse à la cryptogène, une élicite de *Phytophthora cryptogea*, ainsi qu'au gène d'avirulence *AvrPTO* de *Pseudomonas syringae*.

L'ensemble de ces résultats suggère que ces effecteurs sont bien exprimés au cours de la mise en place de l'interaction entre *P. parasitica* et ses hôtes afin de moduler la physiologie de la plante pour participer au succès de l'infection. </latex>

Analysis of DspA/E, a type III effector essential to the pathogenicity of *Erwinia amylovora*, in *Saccharomyces cerevisiae*

S. Siamer^a, M. Fagard^b, N. Belgareh-Touzé^c, I. Guillas^d et M.A. Barny^e

^aUMR217, 16 rue Claude Bernard, 75231 Paris, France, Metropolitan; ^bUMR217, 16 rue Claude Bernard, 75005 Paris, France, Metropolitan; ^cbmce fre 3354 CNRS/UPMC, 13 rue Pierre et Marie Curie, 75005 Paris, France, Metropolitan; ^dPCMP UPMC, 4 place jussieu, 75252 Paris, France, Metropolitan; ^eAgroParisTech, 16 rue Claude Bernard, 75231 Paris, France
sabrina.siamer@u-psud.fr

Erwinia amylovora is responsible for fire blight, a necrotic disease of apples and pears. *E. amylovora* relies on a type III secretion system (T3SS) to induce disease on host plants. DspA/E belongs to the AvrE family of type III effector. Effectors of the AvrE family are injected via the T3SS in plant cell and are important to promote bacterial growth following infection and to suppress plant defense responses. Their mode of action in the plant cells is unknown. We studied the physiological effects induced by dspA/E expression in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*. Expression of dspA/E in the yeast inhibits cell growth. This growth inhibition is associated with perturbations of the actin cytoskeleton and endocytosis. In order to understand the mechanism of action of DspA/E, we screened the Euroscarf *S. cerevisiae* library for mutants resistant to DspA/E-induced yeast toxicity. All the results obtained will be presented and discussed.

Génomique des interactions

Oral presentations

Unraveling speciation and specialization processes in plant pathogenic fungi in agroecosystems and natural grass lands using comparative population genomics

E. Stukenbrock^a, T. Bataillon^b, J. Dutheil^a et M. Schierup^b

^aMax Planck Institute, for Terrestrial Microbiology, Karl von Frisch Strasse 10, 35043 Marburg, Allemagne; ^bBioinformatics Research Center, Aarhus University, C.F. Moellers Alle, DK-8000 Aarhus C, Danemark
eva.stukenbrock@mpi-marburg.mpg.de

The fungus *Mycosphaerella graminicola* emerged as a new pathogen of cultivated wheat during its domestication about 11000 years ago. We assembled 12 high quality full genome sequences to investigate the genetic footprints of selection in this wheat pathogen and closely related species that infect wild grasses. Current levels of genetic diversity measured through statistics such as PN / PS and π were not significantly different in *M. graminicola* relative to its wild sister species. Furthermore *M. graminicola* still contains a significant amount of "ancestral" polymorphisms shared with its wild sister species suggesting that the loss of variation in *M. graminicola* was not severe during its specialization to wheat. This is in contrast to the dramatic loss of variation observed in the genome of wheat and other crop species during domestication. Recent divergence between pathogen sister species is attested by the high degree of incomplete lineage sorting (ILS) in their genomes. We exploit ILS to generate an ancestral recombination map of the species without any crossing data, document recent times of species divergence relative to genome divergence and show that gene rich regions or regions with low recombination experiences stronger effects of natural selection on neutral diversity. Positive selection has prominently altered genes encoding secreted proteins and putative pathogen effectors supporting the premise that molecular host-pathogen interaction is a strong driver of pathogen evolution. Functional studies of two candidate genes suggest a putative role in virulence and sporulation and demonstrate the application of evolutionary predictions to identify genes involved in pathogenicity. It is clear that while domesticated plant species have become restricted in their evolutionary potential through loss of variation, "domesticated" pathogens such as *M. graminicola* seem readily able to maintain ancestral variation, regenerate lost diversity and evolve new specificities.

Genome mining indicates that the genus *Xanthomonas* is a promising reservoir for new bioactive non-ribosomally synthesized peptides

M. Royer^a, R. Koebnik^b, M. Marguerettaz^a, V. Barbe^c, G. Robin^b, C. Brin^d, S. Carrère^e, C. Gomez^a, M. Hügelland^f, G. Völler^f, J. Noëll^g, I. Pieretti^a, S. Rausch^f, V. Verdier^b, S. Poussier^h, P. Rott^a, R. Süßmuth^f et S. Cociancich^a

^aCIRAD, UMR BGPI, TA A-54/K Campus Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 5, France; ^bIRD, UMR RPB, 34394 Montpellier, France; ^cGéoscope, Centre National de Séquençage, 91057 Evry, France; ^dINRA, UMR IRHS, 49071 Beaucouzé, France; ^eINRA, UMR LIPM, chemin de Borde-Rouge, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France; ^fTechnische Universität Berlin, Institut für Chemie, 10623 Berlin, Allemagne; ^gGenoscope, (CEA) UMR 8030 CNRS, 2 rue Gaston Crémieux, 91057 Evry, France; ^hUniversité de la Réunion, UMR PBVMT, 97715 Saint-Denis-De-La-Réunion, France cociancich@cirad.fr

Xanthomonas is a large genus of Gram-negative bacteria that cause disease in hundreds of plant species. To date, the only known small molecule synthesized by non-ribosomal peptide synthesis (NRPS) in this genus is albicidin produced by *Xanthomonas albilineans*. The DNA gyrase inhibitor albicidin is not only an important virulence factor but also a possible lead structure for novel antibiotics. This study aims to estimate the biosynthetic potential of *Xanthomonas* spp. by *in silico* analyses of NRPS genes with unknown function recently identified in the sequenced genomes of *X. albilineans* and related species of *Xanthomonas*. We performed *in silico* analyses of NRPS genes present in all published genome sequences of *Xanthomonas* spp., as well as in unpublished draft genome sequences of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* strain BAI3 and *Xanthomonas* spp. strain XaS3. The most unexpected result of these analyses is that these two latter strains, together with *X. albilineans* strain GPE PC73 and *X. oryzae* pv. *oryzae* strains X8-1A and X11-5A, possess novel NRPS gene clusters. Furthermore, these *Xanthomonas* spp. strains share related NRPS-associated genes such as those required for the biosynthesis of non-proteinogenic amino acids or for the secretion of peptides. *In silico* prediction of peptide structures according to the NRPS architecture accounts for eight different peptides, each specific to its producing strain. Interestingly, these eight peptides cannot be assigned to any known gene cluster or related to known compounds from natural product databases. PCR screening of a collection of 94 plant pathogenic bacteria indicates that these novel NRPS gene clusters are specific to the genus *Xanthomonas* and are also present in *Xanthomonas translucens* and *X. oryzae* pv. *oryzicola*. Further genome mining revealed (i) novel NRPS genes shared by *Xanthomonas* spp. strains GPE PC73 and XaS3 with the plant-associated bacterium *Bradyrhizobium* spp. strain BTAi and (ii) novel NRPS genes specific to *X. oryzae* pv. *oryzicola* or *Xanthomonas sacchari*. This study revealed the significant potential of the genus *Xanthomonas* of producing new non-ribosomally synthesized peptides. Interestingly, this biosynthetic potential seems to be specific to strains of *Xanthomonas* associated with monocotyledonous plants, suggesting a putative involvement of new non-ribosomally synthesized peptides in plant-bacteria interactions.

L'expression des gènes codant des effecteurs nécessite une décondensation de la chromatine chez *Leptosphaeria maculans*, champignon pathogène du colza

J. Soyer^a, M. El Ghalid^a, N. Glaser^a, B. Ollivier^a, J. Linglin^a, T. Rouxel^b et I. Fudal^a

^aINRA / UR BIOGER-CPP, avenue Lucien Brétignières, 78850 Thiverval-Grignon, France; ^bINRA / UR 1290 BIOGER-CPP, avenue Lucien Brétignières, 78850 Thiverval-Grignon, France
jessica.soyer@versailles.inra.fr

Le génome de *Leptosphaeria maculans* présente une structure originale en isochores : alternance de régions équilibrées en bases G et C, riches en gènes (isochores GC) et de régions s'apparentant à de l'hétérochromatine, à faible taux de GC, composées de mosaïques d'éléments transposables tronqués et dégénérés, pauvres en gènes (isochores AT). 112 gènes codant des petites protéines sécrétées (PPS) souvent riches en cystéines, dont cinq ayant une activité d'effecteur démontrée expérimentalement, ont été identifiés dans ces isochores AT (1). Ces gènes présentent pour la plupart la même cinétique d'expression avec une forte surexpression pendant l'infection primaire du colza et pas ou peu d'expression pendant la croissance mycélienne *in vitro*. Cette cinétique d'expression commune suggère soit l'intervention d'un régulateur commun soit un rôle de la structure chromatinienne des isochores AT dans le contrôle de l'expression de ces gènes. De nombreuses études sont menées visant à déterminer la fonction des effecteurs pendant l'infection mais la façon dont les gènes codant ces effecteurs sont régulés reste à élucider. Afin de tester l'influence de la structure de la chromatine sur la régulation de l'expression des gènes codant des effecteurs localisés dans les isochores AT, nous avons tout d'abord évalué l'effet d'un changement de contexte génomique d'un isochore AT vers un isochore GC sur l'expression de ces effecteurs. Nous avons également réalisé le silencing de gènes codant des enzymes clés décrites comme impliquées dans le remodelage de la chromatine et indispensables à la formation de la structure hétérochromatinienne (HP1 et DIM5 ; 2). Aussi bien le silencing de HP1 et DIM5 (qui entraînent une décondensation visible de la chromatine) que le "déplacement" de gènes codant des effecteurs d'isochores AT vers des isochores GC conduit à une forte augmentation de l'expression de ces gènes *in vitro*, mais ne modifie pas leur cinétique d'expression *in planta*. Ces résultats démontrent que la localisation génomique des gènes codant des effecteurs a un impact majeur sur leur expression. Ainsi, la structure condensée de la chromatine contribue à une répression de l'expression des gènes codant pour des effecteurs lors des phases de croissance végétative. Le changement de mode de vie et le passage à la pathogénie se traduirait alors par une décondensation de la chromatine dont le déterminisme est inconnu, rendant les promoteurs des gènes codant des effecteurs accessibles à des facteurs de transcription plus spécifiques.

Rouxel, T., Grandaubert, J., Hane, J.K., Hoede, C., van de Wouw, A.P. (2011) Effector diversification within compartments of the *Leptosphaeria maculans* genome affected by Repeat-Induced Point mutations. *Nat Commun.* 2:202
Honda, S., Lewis, Z.A., Huarte, M., Cho, L.Y., David, L.L., Shi, Y., Selker, E.U. (2010) The DMM complex prevents spreading of DNA methylation from transposons to nearby genes in *Neurospora crassa*. *Genes Dev.* (5):443-54

Les dionyvirus endogènes, composants majeurs du génome des plantes et fossiles de pararetrovirus à l'organisation génétique atypique

A. Geering^a, N. Choisine^b, S. Scalabrin^c, M. Zytnicki^b, H. Quesneville^b et P.-Y. Teycheney^d

^aQAAFI, Ecosciences Precinct, 41 Boggo Road, Qld 4102 Dutton Park, Australie; ^bURGI, INRA Versailles, Route de St Cyr, 78026 Versailles, France; ^cIGA, Parco Scientifico e Tecnologico, Via J Linussio 51, 33100 Udine, Italie; ^dCIRAD, UMR AGAP, Station de Neufchateau, 97130 Capesterre Belle-Eau, Guadeloupe
teycheney@cirad.fr

Des analyses *in silico* nous ont permis d'identifier la présence de séquences endogènes d'espèces virales Caulimoviridae dans le génome de plantes mono- et dicotylédones tempérées et tropicales appartenant à 11 familles botaniques. Le génome complet de 11 espèces virales distinctes a été reconstitué à partir des séquences virales endogènes identifiées. L'analyse phylogénique de ces génomes montre qu'ils appartiennent à un nouveau genre monophylétique de la famille Caulimoviridae pour lequel nous proposons le nom de dionyvirus. L'organisation génétique des dionyvirus diffère de celles des autres membres connus de la famille Caulimoviridae. Nos données démontrent par ailleurs que certains dionyvirus ancestraux possédaient un génome bipartite, et qu'ils pourraient avoir joué un rôle dans l'évolution de virus primitifs vers les virus retrotranscrits actuels, qui ont des génomes monopartites. La cartographie des séquences endogènes dionyvirus a été réalisée à l'échelle des génomes complets du clémentinier, du pêcher, du peuplier, de la pomme de terre, du riz, de la tomate, du sorgho et de la vigne. L'étude de la distribution de ces séquences montre qu'elles ont envahi le génome de nombreuses plantes, et que certaines d'entre elles constituent une partie importante du génome de ces plantes, parfois équivalente en proportion à celle de certains éléments transposables. L'identification de petits ARN interférents (siRNA) spécifiques de dionyvirus endogènes et leur cartographie sur les génomes viraux démontre pour sa part l'existence de mécanismes de régulation de l'expression de ces séquences virales endogènes et/ou leur possible rôle bénéfique dans des mécanismes de défense antivirale.

Ecologie évolutive du parasitisme et de la symbiose- Biologie et génétique des populations des bioagresseurs et des symbiotes

Oral presentations

Life-history, evolutionary potential and environment as determinants of pathogen dynamics in a large natural metapopulation

A.-L. Laine, H. Susi, A. Tack et C. Tollenaere

*University of Helsinki, PO Box 65 (Viikinkaari 1), FI-00014 Helsinki, Finlande
anna-liisa.laine@helsinki.fi*

In this talk I will discuss how evolutionary potential, life-history and ecological context of pathogen populations drive the resulting epidemiological dynamics in natural populations. My work is centered on specialist fungal pathogen *Podosphaera plantaginis* and its host plant *Plantago lanceolata*. Epidemiological data have been collected annually on the occurrence of the pathogen in a network of 4000 host populations since 2001 in the Åland archipelago in Finland. The occurrence data demonstrate the pathogen to persist as a highly dynamic metapopulation, yet with ability to rapidly adapt to its host population genetic structure. The pathogen transcriptome was recently sequenced and resulting SNPs uncover the genetic composition of local pathogen populations, which range from single strains to diverse assemblages. Overwintering is the critical stage in the persistence of local pathogen populations, and it is found to be highly sensitive to both environmental and genetic variation, both in the host and in the pathogen. We demonstrate experimentally that short-term epidemiological dynamics are determined by host resistance strategy, pathogen genotype and co-infection.

Centre d'origine, mode de reproduction et migration chez *Magnaporthe oryzae*

D. Saleh^a, H. Adreit^a, J. Milazzo^a, V. Ravigné^a, J. Carlier^b, E. Fournier^c et D. Tharreau^a

^aCIRAD, UMR BGPI, TA A 54 K, 34398 Montpellier, France; ^bCIRAD-Bios, UMR BGPI, Campus international de Baillarg, 34398 Montpellier, France; ^cINRA, UMR BGPI, TA A 54 K, 34398 Montpellier, France
tharreau@cirad.fr

Le champignon pathogène du riz *Magnaporthe oryzae* a une distribution géographique très large puisqu'il est présent sur tous les continents et partout où son hôte est cultivé. Son cycle pathogène est asexué et la reproduction sexuée n'a jamais été observée directement dans la nature mais certaines souches gardent la capacité de se croiser en conditions contrôlées. La reproduction sexuée nécessite deux souches de signes de compatibilité sexuelle opposés. De plus, au moins une des deux souches doit être femelle-fertile, c'est à dire capable de différencier les périthèces, structures femelles où se déroule la méiose. La structure génétique des populations confirme un mode de reproduction asexué dans presque toute l'aire de répartition. Cependant, l'existence de la reproduction sexuée dans certaines populations du Piémont Himalayen a été proposée. L'analyse de la distribution des signes sexuels et de la fertilité femelle dans 54 pays, nous a permis de confirmer que cette zone est la meilleure candidate pour rechercher une reproduction sexuée contemporaine : les deux signes sont présents et la très grande majorité des souches femelle-fertiles (204/225) y est détectée. Nous avons donc étudié plus en détail quatre populations de cette zone pour déterminer si elles présentaient les caractéristiques de populations sexuées. Nous avons montré, par des approches biologiques, génétiques et de simulations, que la reproduction sexuée existe dans une population de Chine (Saleh et al., *Molecular Ecology* 2012). Plusieurs études ont montré une diversité génétique plus importante en Asie. Nous avons cherché à déterminer plus finement la structure génétique sur ce continent en comparant des populations de Chine, Laos, Thaïlande, Indonésie, et Népal. Nous avons mis en évidence quatre groupes génétiques différenciés et en partie indépendants de la géographie. Nous avons détecté deux centres de diversité (Népal et Sud de la Chine). Ces centres correspondent aux deux zones de domestications du riz. Considérant la reproduction sexuée comme un caractère ancestral, la colocalisation des centres de diversité et des zones de reproduction sexuée laisse supposer que l'un de ces centres est le centre d'origine des souches de *M. oryzae* pathogènes du riz. Par ailleurs, nous avons montré par des approches d'évolution expérimentale *in vitro* que la fertilité femelle pouvait être perdue très rapidement quand *M. oryzae* est soumis à un mode de reproduction strictement clonal (Saleh et al. *BMC Evolutionary Biology* 2012). L'ensemble de ces travaux permet de proposer un scénario de migrations de *M. oryzae* depuis le piémont Himalayen vers toutes les régions du monde où le riz est cultivé. Ces migrations ont été accompagnées par une perte systématique de la reproduction sexuée. Cette dernière a probablement été contre-sélectionnée car, dans un système cultivé, elle ne présentait pas d'avantage sélectif pour la migration, la multiplication ou la conservation de l'agent pathogène.

Spécialisation plante-hôte de *P. viticola*, agent causal du mildiou de la vigne

M. Rouxel

*INRA Bordeaux, UMR 1065 SAVE, 71, Av E. bourlaux, BP 81, 33883 Villenave D'Ornon, France
melanie.rouxel@bordeaux.inra.fr*

La spécialisation par plante-hôte constitue l'un des processus de différenciation des populations entraînant la formation d'espèces cryptiques spécialisées. *Plasmopara viticola*, l'agent causal du mildiou de la vigne, un parasite obligatoire originaire d'Amérique du Nord, attaque de nombreuses espèces cultivées et sauvages de la famille des Vitaceae. De plus, la variabilité génétique de populations de *P. viticola* dans sa région d'origine indique l'existence d'au moins quatre espèces cryptiques qui semblent être associées à différentes plantes hôtes. Compte tenu de cette large gamme d'hôte et de l'existence d'une variabilité génétique, ce pathosystème est un bon candidat pour l'étude de la spéciation par spécialisation plante hôte. Nous avons alors étudié le niveau de spécialisation plante-hôte des isolats de mildiou de la vigne par le biais d'inoculations croisées. Nous avons testés la capacité d'isolats de mildiou collectés sur différentes plantes hôtes (hôtes sources) à infecter l'ensemble des hôtes (hôtes inoculés) sur lesquels ces isolats avaient été prélevés. Deux composantes de l'interaction entre les isolats et les plantes hôtes ont été mesurées : la pathogénicité et l'agressivité. Cette étude apporte les preuves qu'au moins deux espèces de mildiou sont spécialisées sur leur plante hôte, c'est-à-dire qu'elles ne peuvent se développer que sur leur propre plante hôte source : l'espèce A sur *V. riparia* et l'espèce D sur *P. quinquefolia*. Ceci est confirmé à la fois par les inoculations croisées et par le fait qu'on ne puisse jamais trouver des isolats A et D sur d'autres plantes hôte en milieu naturel. Pour les espèces de mildiou B et C, le processus de spécialisation est en cours. En effet, ils sont capables, en milieu contrôlé, d'infecter toutes les plantes hôtes utilisées dans ces inoculations croisées. Cependant, le niveau d'agressivité est beaucoup plus élevé quand ils sont inoculés sur leur propre plante hôte. De plus, un deuxième niveau de spécialisation a pu être mis en évidence entre le compartiment sauvage et le compartiment cultivé. En effet, au sein des espèces cryptiques A et B, les isolats collectés sur les vignes cultivées ont acquis un niveau d'agressivité plus élevé que les isolats collectés sur les vignes sauvages. Ces isolats sont plus agressifs sur le compartiment cultivé et uniquement dans ce compartiment. Ceci indique une adaptation des isolats aux variétés cultivées largement répandues. Ces données phénotypiques confortent les données génotypiques obtenues précédemment et apportent les preuves d'une spécialisation plante-hôte au sein des populations de mildiou de la vigne dans son bassin d'origine.

Selection pressure exerted by host resistance genes shapes the population genetic structure of the lettuce downy mildew, *Bremia lactucae*, in France

R. Valade^a, A. Ducasse^b, B. Maisonneuve^c et C. Neema^d

^aINRA UR BIOGER-CPP, AgroParitech, Avenue Lucien Brétignières, 78850 Thiverval-Grignon, France; ^bINRA UR BIOGER-CPP, Avenue Lucien Brétignières, 78850 Thiverval-Grignon, France; ^cINRA, GAFL, Domaine Saint Maurice, 84143 Montfavet, France; ^dMontpellier SupAgro, UMR BGPI, Campus International Baillarguet, 34398 Montpellier, France
romain.valade@versailles.inra.fr

Most pathogens are submitted to high selection pressure which can be induced by several variables (climatic, biotic, anthropogenic) according to their life traits. In the case of plant pathogens, host resistance may be considered as the main driving force of pathogen evolution, with pathogens evolving to overcome host resistance. In the interaction between *Bremia lactucae* and *Lactuca sativa*, several specific resistance genes are used to counter this pathogen in crops. In turn, pathogens showed a rapid adaptation to host resistances, and characterisation of population genetic structure could be an important step to identify evolutionary strategy used by pathogens to overcome host resistance. More than four hundred isolates were recovered in France from the two most important production areas of lettuce and from different varieties corresponding to 14 resistance gene combinations. 12 microsatellites markers were developed to study genetic diversity of *B. lactucae*, a biotrophic, heterothallic and diploid pathogen, and to evaluate the influence of selection exerted by resistance genes on *Bremia* population structure. Virulence phenotypes and mating types were determined for at least one isolate of each population. 14 genotypes were identified in the *Bremia* populations studied. The results showed clonality in *Bremia* populations and an important gene flow between populations. The 14 resistance gene combinations were clustered in four groups and correlations were found between virulence phenotypes and genotypes clusters. One resistance cluster was overcome by two clonal lineages harbouring the two mating types. These results suggest that recombination can occur in *Bremia* populations and play a role in the breakdown of host resistance genes. These results will be discussed regarding the dynamic of pathogen adaptation and sustainable resistance management.

Ecologie évolutive du parasitisme et de la symbiose- Biologie et génétique des populations des bioagresseurs et des symbiotes

Oral presentations

Impact de la domestication de la plante hôte sur la structure génétique des populations d'agents pathogènes : cas de la rouille du peuplier

P. Frey^a, C. Xhaard^a, B. Barrès^b, B. Fabre^a et F. Halkett^a

^aINRA UMR1136 IAM, Route d'Amance, 54280 Champenoux, France; ^bINRA, BIOGECO, UMR1202, 69 route d'Arcachon, 33610 Cestas, France
frey@nancy.inra.fr

La quantification des flux de gènes entre les populations d'agents pathogènes infectant les plantes hôtes cultivées et sauvages est une donnée importante pour la gestion de la résistance aux maladies (Stukenbrock & McDonald, 2008). Les populations d'agents pathogènes du compartiment sauvage peuvent constituer un réservoir de diversité génétique à partir duquel peuvent émerger de nouveaux individus virulents. A l'inverse, l'introgession dans le compartiment sauvage de facteurs de virulence préalablement sélectionnés dans le compartiment cultivé peut constituer une menace pour la conservation de la biodiversité de la plante sauvage. La rouille du peuplier, causée par *Melampsora larici-populina*, constitue la principale contrainte phytosanitaire en populiculture. Le cultivar de peuplier 'Beaupré', qui possède un gène de résistance qualitatif à la rouille, a été très largement planté en France depuis 1982 et est resté indemne pendant 12 ans. Suite au contournement de cette résistance par l'agent pathogène, des épidémies de rouille très sévères ont entraîné des pertes économiques importantes. Dans cette étude nous avons testé l'effet du déploiement massif d'une variété résistante dans le paysage populicole français sur la structure des populations de l'agent pathogène dans le compartiment sauvage. Au total, 1050 individus échantillonnés sur l'hôte sauvage, *Populus nigra*, dans 23 sites en France ont été phénotypés pour évaluer leur profil de virulence, et 476 individus ont été génotypés à l'aide de 25 marqueurs microsatellites. Les tests d'assignation bayésienne ont mis en évidence trois groupes génétiques. Le groupe 1, majoritaire et couvrant une grande partie du territoire, est composé principalement d'individus virulents sur 'Beaupré' et porte la signature démographique du contournement de ce cultivar. Le groupe 2 correspond à des populations ancestrales présentes dans l'aire de répartition naturelle, notamment dans certaines régions géographiquement isolées, comme les Alpes. Le groupe 3 correspond à une lignée asexuée de *M. larici-populina*, ce qui n'avait jamais été décrit précédemment. Ces travaux illustrent comment le déploiement massif d'un gène de résistance qualitative dans le compartiment cultivé peut modifier la structure génétique des populations d'un agent pathogène, dans le compartiment cultivé mais aussi dans le compartiment sauvage de la plante hôte.

Stukenbrock EH, McDonald BA (2008) The origins of plant pathogens in agro-ecosystems. Annual Review of Phytopathology, 46, 75-100.

Un cadre théorique pour étudier les interactions plantes - champignons pathogènes foliaires

F. Halkett^a, A. Andanson^b, B. Fabre^a, E. Fournier^c, P. Frey^a, F. Grogard^d, L. Mailleret^e, D. Tharreau^f et V. Ravigné^f

^aINRA UMR1136 IAM, Route d'Amance, 54280 Champenoux, France; ^bINRA, UMR BioGeCo, 69 route d'Arcachon, 33612 Cestas, France; ^cINRA, UMR BGPI, TA A 54 K, 34398 Montpellier, France; ^dINRIA, INRIA Sophia-Antipolis, 2004 route des Lucioles, 06902 Sophia-Antipolis, France; ^eINRA, UR 880 URIH, 06903 Sophia Antipolis, France; ^fCIRAD, UMR BGPI, TA A 54 K, 34398 Montpellier, France
halkett@nancy.inra.fr

Les organismes vivants tirent leurs ressources de l'environnement et les allouent aux différentes fonctions biologiques assurant leur développement (e.g. : croissance, survie, reproduction). La quantité de ressources disponibles dans un environnement étant finie voir souvent limitante, les individus doivent faire des compromis au niveau de l'allocation des ressources à leurs différentes fonctions biologiques. Ces compromis dans l'allocation des ressources vont se retrouver au niveau des traits d'histoire de vie (e.g. : âge et taille à maturité, nombre de descendant), conditionnant ainsi les capacités d'adaptation des individus à leur environnement.

Ce cadre général s'applique tout aussi bien aux parasites de plantes. Plus spécialement, nous postulons qu'étudier les stratégies d'allocation des ressources et leurs implications en termes d'histoire de vie permettrait de mieux comprendre les interactions hôtes-parasites. Notamment ceci permettrait de faire un lien explicite entre les traits d'infection mesurés (souvent regroupés sous le vocable 'éagressivité') et la valeur adaptative du parasite.

Pour ce faire, nous avons cherché, dans le cas de champignons phytopathogènes foliaires, les stratégies optimales d'allocation des ressources ponctionnées à l'hôte, entre la croissance mycélienne (multiplication intra-hôte) et la production de spores, dans différentes conditions écologiques. Nous observons qu'il n'est jamais optimal d'allouer un pourcentage fixe des ressources exploitées au mycélium et aux spores. Au contraire, la stratégie optimale comporte généralement une période de latence, c'est-à-dire un temps au cours duquel toute l'énergie est investie dans la croissance mycélienne et où aucune spore n'est produite. Après latence, et selon le mode d'exploitation des ressources considéré (nécrotrophe ou biotrophe), toutes les ressources détournées de la plante hôte sont utilisées pour la production de spores ou une partie fixe est réservée pour le renouvellement des formes de multiplication intra-hôte. Au-delà de ces prédictions qualitatives sur les dynamiques intra-hôte des agents pathogènes, ces modèles mathématiques permettent également de quantifier la variation attendue de certains traits couramment mesurés lors d'expérimentation d'infection en conditions contrôlées. Nous avons ainsi étudié les conséquences de la stratégie optimale d'allocation des ressources sur les traits d'histoire de vie, tels que mesurés expérimentalement chez les champignons phytopathogènes (taille des lésions, temps de latence, quantité de spores produites) et testé certaines de ces prédictions en regard de données biologiques. Les éléments de validation empirique de ces modèles ont été recherchés au travers d'expérimentations menées sur les deux modèles biologiques: l'agent de la pyriculariose du riz (*Magnaporthe oryzae*) et l'agent de la rouille du peuplier (*Melampsora larici-populina*). En perspective, nous discuterons de l'intérêt de ces travaux pour une meilleure dissociation du produit de l'interaction plante-parasite.

Réponse de la plante aux bioagresseurs et aux organismes phytobénéfiques

Oral presentations

Regulation of the defence-related Arabidopsis transcription factor AtMYB30: from the plant cell to bacterial effectors

S. Rivas

LIPM, UMR CNRS/INRA 2594/441, Chemin de Borde Rouge, BP 52627, 31326 Castanet-Tolosan, France

susana.rivas@toulouse.inra.fr

Plants have developed a complex defence network to fight off invading pathogens. The first layer of plant defence, historically known as basal defence, involves recognition of highly conserved molecules in the pathogen. Some bacterial pathogens evolved to suppress this first defence layer and promote successful infection by injecting effector proteins into plant cells. In turn, plants gained the ability to recognize effectors through resistance proteins, leading to a specific resistance response that is frequently associated with development of the Hypersensitive Response (HR). The HR is a form of programmed cell death localized at the infection site, which prevents the spread of the pathogen inside the plant. In Arabidopsis, the MYB transcription factor AtMYB30 has been shown to be a key regulator of plant defence and cell death associated responses through the activation the sphingolipid-related VLCFA (Very Long Chain Fatty Acid) genes. Along these lines, our studies demonstrate that the activity of AtMYB30 is tightly controlled by plant cells. First, in the presence of AtMYB30, targeting of the secreted phospholipase AtsPLA2- α is partially modified from Golgi-associated vesicles to the nucleus, where the two proteins interact, leading to repression of AtMYB30-mediated HR and defences. These data underline the importance of cellular dynamics, and particularly protein translocation to the nucleus, for defence-associated gene regulation in plants. Second, we have recently identified another MYB transcription factor, AtMYB96, that interacts and cooperates with AtMYB30 for the regulation of VLCFA-related genes leading to subtle regulation of defence-associated lipid metabolism. Third, MIEL1 (AtMYB30-Interacting E3 Ligase1) is a RING-type E3 ubiquitin ligase protein that interacts with AtMYB30 in the plant cell nucleus, leading to AtMYB30 ubiquitination and degradation by the 26S proteasome. As a result, MIEL1 negatively regulates AtMYB30-mediated transcriptional activation and Arabidopsis defence and HR responses, demonstrating that ubiquitination of AtMYB30 is necessary for negative regulation of plant disease resistance. Finally, recent data show that AtMYB30 is additionally targeted by the *Xanthomonas* type III effector XopD resulting in repression of AtMYB30 transcriptional activity and suppression of AtMYB30-mediated plant disease resistance. These findings, which illustrate an original strategy developed by *Xanthomonas* to suppress plant defence, underline the crucial role played by AtMYB30 in the regulation of plant resistance to disease.

Towards the identification of plant factors involved in virus long distance movement

S. Chapuis^a, C. Rodriguez^b, L. Sofer^c, S. Boissinot^b, V. Ziegler-Graff^a, V. Brault^b et F. Revers^c

^aCNRS, IBMP, 12 rue du Général Zimmer, 67084 Strasbourg, France; ^bINRA, UMR SVQV, 28 rue de Herrlisheim, 68021 Colmar, France; ^cINRA, UMR BFP, 71 avenue Edouard Bourlaux, 33140 Villenave D'Ornon Cedex, France
revers@bordeaux.inra.fr

Plant viruses exploit the vascular phloem system of their hosts to promote their systemic infection. Compatible interactions between phloem proteins and viral factors are expected to occur during this process. Whereas several viral factors involved in virus long distance movement have already been identified, few plant proteins required for this mechanism have been described. We have developed three complementary approaches to identify such proteins in *Arabidopsis thaliana*. This comprehensive study is carried out with two viral genera, which highly differ in their virion morphology, genome organisation and tissue tropism: the Potyvirus Lettuce mosaic virus or LMV (filamentous virions, infecting all cell types) and the Polerovirus Turnip yellow virus or TuYV (icosaedric particles, restricted to phloem cells). However, both viruses use the phloem vasculature to traffic over long distances through the host. A companion cell (CC, cell-type constitutive of the phloem tissue) cDNA library was produced and screened using the yeast two hybrid system with viral baits known to be involved in viral long distance movement. Several candidates were identified and the functional analysis of some of them has been undertaken. Fluorescent tagged proteins were produced in order to confirm interaction with viral partners *in-planta* using confocal microscopy and FRET technique. Knock-out (KO) mutant lines have been selected for the candidate genes and challenged with viruses to assess a potential role in virus long distance movement. As some of the candidate genes belong to small gene families with potentially functional redundancy, production of double or triple mutants is in progress to further test their behaviour upon infection. Transcriptomic analysis of healthy and virus-infected CC was undertaken using *Arabidopsis* whole genome micro-arrays and RNA Seq technology. Despite variability between experiments, a set of up or down-regulated genes has been identified for each virus. The number of genes deregulated following infection with each virus was surprisingly low. Moreover, very few common genes were found deregulated with both viruses. Quantitative RT-PCR has been undertaken for a subset of them to confirm modification of gene expression. The third approach developed to identify viral partners was the isolation of plant proteins that co-purify with viral particles extracted from enriched phloem tissue. Virus purification from total leaf extract led to the identification of two *Arabidopsis* proteins that reproducibly co-sediment with TuYV (which is restricted to phloem tissue). When KO mutants for the corresponding genes were inoculated with TuYV, one mutant displayed significantly higher virus accumulation, while the second mutant did not show any change in viral titer compared to the reference Col-0. Further investigations are underway.

The anchoring mechanism of Remorin proteins to the plant membrane rafts is essential for the regulation of virus propagation

S. Raffaele^a, C. Popp^b, A. Perraki^c, J.-M. Crowet^d, J.-L. Cacas^c, I. Jarsch^b, L. Lins^d, S. Mongrand^c et T. Ott^b

^aThe Sainsbury Laboratory, Norwich Research Park, NR4 7UH Norwich, UK; ^bLudwig-Maximilians-University, Großhaderner Str. 2-4, 82152 Martinsried, Allemagne; ^cUMR5200 CNRS-Univ. Bordeaux, Lab Biogenèse Membranaire, 146 rue Léo Saignat, case 92, 33076 Bordeaux Cedex, France; ^dcbmn, Passage des Déportés, 2, B-5030 Gembloux, Belgique
artperraki@hotmail.com

The membrane rafts are plasma membrane (PM) microdomains playing a crucial role in the regulation of membrane signalling and trafficking. They are composed of highly saturated long chain sphingolipids, sterols and saturated phospholipids, creating tightly packed domains, designated as 'liquid-ordered'. Many signalling proteins are found in membrane rafts of human and plant cells supporting the hypothesis that they serve as key platforms for cellular signal transduction and cell-to-cell communication. However, little is known about the structural determinants underlying the specific association of proteins with domains such as membrane rafts. Remorins are plant-specific membrane raft protein that control microbial and viral infection of host cells. We performed structure-function and biochemical approaches to unravel a novel mechanism used by Remorins to anchor to the rafts. We show that a small anchor peptide, called RemCA is indispensable and sufficient for tight direct protein-lipid interactions. Fusion of RemCA to soluble proteins results in their entire immobilization at the PM *in-planta* and targeting to detergent-insoluble membrane (DIM) fractions, the supposed biochemical counterpart of membrane rafts. These findings open new perspectives to stably anchor target proteins specifically to rafts. We used the Remorin protein from potato (StREM1-3) to further investigate the importance of PM and DIM localization to the Remorin function. Remorin is known to localise in the plasmodesmata and to control Potato Virus X (PVX) propagation by physically interacting with one of its movement protein called TRIPLE GENE BLOCK PROTEIN1. In addition, it was firstly recognized to be phosphorylated in response to oligogalacturonide signals, possibly by a PM-associated kinase. We show that the Remorin specific localisation has an impact on its physiological role on the PVX movement, supporting the hypothesis the plant membrane rafts acting as functional components in the plasmodesmata and the PM. REM-containing lipid rafts could serve as a counteracting membrane platform for viral ribonucleoprotein complexes, a mechanism possibly regulated by the protein phosphorylation. See also poster "Role the group 1 solanaceous plant protein REMORIN in virus propagation: involvement of phosphorylation events" by Véronique Germain et al.

New actors involved in the control of plant defenses during the *Medicago-Sinorhizobium* symbiosis

M. Bourcy^a, L. Brocard^a, C. Pislariu^b, V. Cosson-Jean^a, A. Cayrel^a, I. Basbouss^a, P. Mergaert^a, M. Udvardi^b, B. Gourion^a et P. Ratet^a

^aISV CNRS, 1 Avenue de la Terrasse, 91198 Gif Sur Yvette, France; ^bThe Noble Foundation, Plant Biology Division, Ardmore, AK OK 73401, USA
benjamin.gourion@isv.cnrs-gif.fr

Medicago truncatula forms a nitrogen-fixing symbiotic association with soil bacteria of the genus *Sinorhizobium*. During these interactions, plants develop new organs, called nodules, in which bacteria are housed. In nodules, symbiotic plant cells are invaded by thousands of bacteria. Because of their nitrogen fixation skill, the bacteria are beneficial to the plants and host defense responses have to be prevented. Two *M. truncatula* genes involved in avoiding plant defense reactions during the symbiotic process were recently identified. *M. truncatula* mutant lines altered in these genes are unable to reduce nitrogen despite the formation of nodules. Furthermore, nodules of these mutant lines display typical symptoms of plant defense reactions. How these genes were identified as well as their functional analysis will be presented.

Role of Root Border Cells and Border-Like Cells in Plant Protection

A. Driouich^a, B. Plancot^a, M.-A. Cannesan^a, M.-L. Follet Gueye^a, M. Hawes^b et M. Vicro-Gibouin^a

^auniversité de Rouen, UFR Des Sciences et Techniques, 76821cedex Mont Saint Aignan, France;

^bUniversité de Arizona-USA, Division of Plant Pathology, Tucson, AK AZ 85721, USA
azeddine.driouich@univ-rouen.fr

Border cells and border-like cells are released from the root tip either as individual cells or as a group of attached cells (Hawes et al., 2000; Vicro et al., 2005; Driouich et al., 2007). These cells are fundamental to plant-microbe interactions within the rhizosphere (Wen et al., 2009; Driouich et al., 2010). Various studies have provided compelling evidence that border cells contribute significantly to the protection of roots and consequently of the entire plant. First, the number of border cell increases in response to pathogens (Cannesan et al., 2011). Second, border cells are capable of attracting, avoiding, or repelling pathogenic microorganisms. For instance, it has been shown that exposure of pea root to the pathogen *Nectria haematococca* results in the formation of a mantle that covers the root tip (Gunawardena et al., 2005). The mantle was shown to consist of a mixture of both border cells and fungal hyphae, and when the mantle is removed, the root tip remains free of infection indistinguishable from non-treated roots. Third, border cells are also capable of producing antidefense molecules including antimicrobial proteins, phytoalexins and callose (De-la-Pena et al., 2008, Cannesan et al., 2011). In addition, we have recently shown that arabinogalactan-proteins secreted by root border cells of pea are capable of attracting zoospores of the pathogenic oomycete *Aphanomyces euteiches* then inhibiting their germination (Cannesan et al., under revision) and M. Hawes and co-workers have shown that pea root border cells secrete exDNA much like "extracellular traps" secreted by white cells in mammals (Wen et al., 2009; Hawes et al., 2011; Brinkemann et al., 2004). The authors have clearly demonstrated that degradation of exDNA via nucleases results in an increased infection of root tips by *N. haematococca* supporting a role of this component in the immune response of root cells. Our communication will present and discuss these novel findings in relation with root resistance against soilborne pathogens.

References. -Brinkemann V, et al., (2004). *Science*. 303 : 1532-1535 -Cannesan M-A, et al., (2011). *Annals of Botany*. 108: 459-469. -De-la-Peña C et al., (2008). *J Biol Chem* 283:25247-25255 -Driouich A et al., (2010). *J Exp Bot* 61:3827-3831 -Driouich A et al., (2007). *Trends Plant Sci* 12:14-19 -Gunawardena U et al., (2005). *Plant Physiol* 137:1363-1374 -Hawes MC et al., (2000). *Trends Plant Sci* 5:128-133 -Hawes MC et al., (2011). *Plant Science* 180: 741-745 -Vicro M et al., (2005). *Plant Physiol*. 138: 998-1008. -Wen F et al., (2009). *Plant Physiol* 151:820-829

Réponse de la plante aux bioagresseurs et aux organismes phytobénéfiques

Oral presentations

Comparaison du pouvoir pathogène de souches de *Xanthomonas axonopodis* appartenant aux différentes lignées génétiques du pathovar *phaseoli* par thermographie infrarouge et imagerie de fluorescence de chlorophylle

E. Bove^a, C. Rousseau^a, L. Cayzac^a, M.-A. Jacques^a, K. Durand^a, B. Priol^a, J. Guillaumes^a, A. Darrasse^a, D. Rousseau^b, E. Belin^b et T. Boureau^a

^aINRA, IRHS UMR1345, Batiment C, 42 rue Georges Morel, BP 60057, 49071 Beaucozéd Cedex, France; ^bLISA, Université d'Angers, 62 avenue Notre Dame du Lac, 49000 Angers, France
tristan.boureau@univ-angers.fr

Projet PHENOTIC

Les approches d'imagerie par thermographie ou fluorescence permettent d'imager des phénomènes non visibles à l'œil, notamment par exploitation de longueurs d'ondes dans l'ultraviolet ou l'infrarouge. L'imagerie thermique et l'imagerie de fluorescence n'ont commencé à être utilisées pour l'étude des interactions entre plantes et pathogènes que très récemment. Ces techniques sont des outils puissants pour visualiser et mesurer la transpiration des feuilles et l'activité photosynthétique des tissus. Or, la présence d'un pathogène altère ces deux paramètres. Ainsi ces techniques permettent une quantification précise des surfaces impactées par les pathogènes.

Dans le cadre du Projet PHENOTIC, nous avons appliqué les imageries par thermographie infrarouge et de fluorescence de chlorophylle à l'observation de tissus végétaux inoculés avec divers pathogènes bactériens. Nous avons pu vérifier l'existence d'un contraste avec les deux techniques dans la zone inoculée. Ainsi, grâce à ces outils le pathogène peut être localisé de manière non destructive dans les tissus végétaux même en l'absence de symptômes visibles à l'œil nu. Nous avons ensuite inoculé des tabacs avec des pathogènes en situation compatible et incompatible, et mis en évidence l'existence de signatures thermographiques spécifiques de chacune de ces situations, en l'absence de HR ou de symptôme visible.

Nous avons ensuite utilisé les imageries thermographique et de fluorescence de chlorophylle pour quantifier par analyse d'image les symptômes foliaires induits par diverses souches de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap). Xap est une bactérie de quarantaine responsable de la graise commune du haricot. Cette bactérie provoque des dégâts économiques considérables en culture de haricot. Le pathovar *phaseoli* est constitué de 4 lignées génétiques éloignées phylogénétiquement. Le pouvoir pathogène de souches représentatives de ces quatre lignées génétiques a été comparé par thermographie et fluorescence de chlorophylle sur diverses variétés de haricot. Les résultats obtenus montrent l'intérêt des techniques d'imagerie pour le phénotypage fin des composantes du pouvoir pathogène de souches bactériennes sur plantes. De même, les résultats obtenus montrent que ces méthodes présentent un fort potentiel pour phénotyper la résistance à Xap de diverses variétés de haricot. Le développement de telles techniques de phénotypage ouvre de vastes perspectives pour améliorer la prise en compte de la diversité du pathogène pour analyser de potentielles différences de sensibilité des génotypes hôtes.

Résistance à *Fusarium graminearum* et mécanismes de détoxification des mycotoxines : utilisation de la céréale modèle *Brachypodium distachyon*

J.-C. Pasquet, C. Macadré, P. Saindrenan et M. Dufresne

IBP Univ Paris-Sud 11, Rue de Noetzlin, 91405 Orsay, France
jean-claude.pasquet@u-psud.fr

La fusariose de l'épi est principalement causée par le champignon pathogène toxigène *Fusarium graminearum*. Elle est une des principales maladies sur céréales. Lors de son développement *in planta*, cet agent pathogène produit des mycotoxines (dont le déoxynivalénol, ou DON) nocives pour l'homme, l'animal et également les plantes. Aucune résistance spécifique à *F. graminearum* n'a pu être mise en évidence mais des loci à effet quantitatif (QTL) sur la résistance ont pu être identifiés chez le blé tendre et l'orge. Des analyses génétiques, transcriptionnelles ou métaboliques ont pu associer à certains de ces QTLs des fonctions impliquées dans la détoxification du DON, dont des UDP-glycosyltransférases (UGTs). L'émergence de la nouvelle plante modèle *Brachypodium distachyon* est idéale pour mieux comprendre les mécanismes de détoxification mis en place par les céréales en réponse au DON. Nous avons pu mettre en évidence que l'interaction entre ces deux partenaires est compatible. La production de mycotoxine joue un rôle dans la vitesse de colonisation des épis de *B. distachyon*, une situation intermédiaire à celles connues sur blé et sur orge.

D'après la bibliographie, deux UGTs ont été identifiées comme étant potentiellement impliquées dans la détoxification du DON, DOGT1 chez *Arabidopsis thaliana* et Hv13248 chez l'orge. La recherche d'orthologues chez *B. distachyon* par homologie de séquences et analyse phylogénétique nous a permis d'identifier huit gènes candidats : deux orthologues de *DOG1* et six de *Hv13248*. Le suivi de l'expression de l'ensemble de ces gènes par RT-PCRq nous a permis d'identifier deux candidats préférentiels (*Bradi2g04720* et *Bradi5g03300*). En effet, leur expression est fortement induite dès 3h après application de la mycotoxine et 72h après inoculation par *F. graminearum*. Ce dernier profil d'expression est cohérent avec la cinétique de production de la mycotoxine qui peut être suivie de façon indirecte via l'expression du gène *Tri5* codant le premier enzyme de la voie de biosynthèse du DON. D'autre part, ces deux gènes fortement exprimés en réponse au DON et à l'infection par une souche sauvage (DON+) sont nettement moins exprimés en réponse à une souche mutante ($\Delta tri5$). Afin de réaliser des analyses fonctionnelles *in planta*, nous avons entrepris la construction de lignées transgéniques de *B. distachyon* et d'*A. thaliana* présentant une altération de l'expression de l'un ou l'autre de ces deux gènes. Dans ce même cadre, nous avons récemment criblé la collection de mutants TILLING de *B. distachyon* et avons identifié des lignées d'intérêt présentant des mutations dans le gène *Bradi5g03300*. Enfin, afin d'élargir notre connaissance des réponses de la plante et d'autres fonctions potentiellement impliquées dans la détoxification du DON, une analyse transcriptomique en réponse à l'agent pathogène producteur ou non de mycotoxine est en cours.

Interaction entre le métabolisme azoté et la résistance du riz à la pyriculariose

T. N'guyen^a, E. Ballini^a, D. Tharreau^b, J.-L. Notteghem^a et J.-B. Morel^c

^aMontpellier SupAgro, UMR BGPI - TA A-54/K Equipe riz, Campus International de Baillarg, 34398 Montpellier Cedex 5, France, Metropolitan; ^bCIRAD, UMR BGPI, TA A 54 K, 34398 Montpellier, France; ^cInra, UMR BGPI, Campus de Bailarguet, TA A 54/K, 34398 Montpellier, France
ballini@supagro.inra.fr

L'intensification des pratiques agricoles, et notamment la fertilisation minérale azotée, influent sur l'expression de la résistance des plantes. Une mauvaise gestion de la fertilisation azotée peut entraîner dans certaines situations des pertes élevées en favorisant le développement d'agents pathogènes. Bien que ce phénomène ait été couramment observé au champ, peu de preuves ont été établies au niveau moléculaire d'une interaction entre les voies de défense et un des mécanismes majeur dans la productivité des céréales, le métabolisme azoté.

La pyriculariose est une maladie du riz provoquée par l'ascomycète *Magnaporthe oryzae*. Cette interaction modèle peut nous permettre de comprendre quels sont les mécanismes responsables de l'affaiblissement de la résistance du riz dans un système de culture intensif avec un haut niveau d'apport azoté.

Pour répondre à cette question, deux approches complémentaires sont utilisées : L'étude du contrôle génétique de la sensibilisation du riz par l'azote avec comme objectif la cartographie de QTL impliqués dans ce mécanisme. Le suivi de l'expression de gènes candidats impliqués dans les mécanismes de défense et du métabolisme azoté au cours des phases précoces de l'interaction.

Les premiers résultats de cartographie génétique ont permis de mettre en évidence un QTL sur le chromosome 1 qui provoque une sensibilité accrue des variétés de riz en présence d'azote. Ce QTL contient plusieurs gènes candidats intéressants ayant un rôle dans la défense chez le riz : un cluster de NBS-LRR, un cluster de LRR-kinases de type Xa21 et un régulateur des défenses homologue à PMR4. Le QTL contient également plusieurs gènes importants pour le métabolisme azoté comme le gène *OsFBT1* codant pour une F-box induite lors de stress azoté et le gène codant pour la NADH glutamate synthase *OsGLT1*. Ce gène est un composant important pour la remobilisation de l'azote et le remplissage des grains et est considéré comme un candidat intéressant pour l'amélioration de la NUE (Nitrogen Use Efficiency) chez les céréales. Une cartographie plus fine est en cours pour réduire le nombre de gènes candidats pour ce QTL et permettre de poser de nouvelles hypothèses.

L'approche moléculaire a quant à elle permis de mettre en évidence une répression partielle du système de défense du riz dans les jours suivant un apport excessif en azote. En particulier, les gènes de défense PR comme *PBZ1* classiquement utilisés pour suivre le niveau d'expression de l'arsenal suggèrent qu'une répression transcriptionnelle d'une partie de l'arsenal aurait lieu. Cette répression des systèmes de défense pourrait expliquer une partie de l'augmentation de la sensibilité après un apport azoté.

The *Magnaporthe oryzae* effectors Avr-Pia and AvrCO39 are recognized by the rice Nucleotide Binding Site Leucine Rich Repeat (NBS-LRR) protein RGA5 through direct interactionS. Cesari^a et T. Kroj^b

^aINRA UMR BGPI, Campus de Baillarguet, TA A-54/K, 34398 Montpellier, France; ^bINRA UMR BGPI, campus de Baillarguet, TA A-54/K, 34398 Montpellier, France
stella.cesari@supagro.inra.fr

Plant immunity strongly relies on direct or indirect recognition of pathogen effectors by plant resistance (R) proteins. This recognition leads to the activation of disease-resistance signaling pathways initiating the inhibition of pathogen growth and the induction of a localized programmed cell death called the hypersensitive response (HR). To gain a better understanding of the molecular mechanisms governing effector recognition in plants, we study two translocated avirulence (Avr) effectors from the rice blast fungus *Magnaporthe oryzae*, Avr-Pia and AvrCO39. Our work shows that both sequence-unrelated Avr effectors are recognized by the same duo of rice NBS-LRR proteins, RGA4 and RGA5. RGA4 and RGA5 genes, are located next to each other on rice chromosome 11 and are both necessary to confer resistance to Avr-Pia- or AvrCO39-expressing *M. oryzae* strains. Interestingly, RGA5 is submitted to alternative splicing leading to the production of two protein variants termed RGA5-A and RGA5-B. Yeast two hybrid analysis revealed that Avr-Pia physically and specifically interacts with RGA5-A via a small RGA5-A specific domain whereas AvrCO39 interacts with RGA5-B via another small RGA5-B specific domain. This suggests that RGA5-A and RGA5-B act as receptors mediating specific recognition of the Avr effectors by direct binding while RGA4 acts as a signaling component activating downstream resistance pathways. Furthermore, alternative splicing of RGA5 seems to be responsible for the dual recognition specificity of the RGA4-RGA5 R-gene duo, suggesting that alternative splicing is a mechanism contributing to the evolution and diversification of plant R-gene repertoires. Recent advance in the confirmation of RGA5-A and -B recognition specificities and *in-planta* validation of Avr-R interactions will be presented.

Utilisation de *Pythium oligandrum* pour lutter contre *Phaeomoniella chlamydospora*, un agent pathogène impliqué dans l'Esca, une maladie du bois de la vigne

J. Gerbore^a, N. Magnin Noel^a, E. Bruez Emilie^a, J. Vallance Jessica^a, D. Grizard Damien^b, C. Regnault-Roger Catherine^c et P. Rey^a

^aUMR 1065 SAVE, Santé et Agroécologie vignoble, INRA/Bordeaux Sciences Agro, 33883 Villenave D'orion, France; ^bBIOVITIS, Biovitis, 15400 Saint Etienne De Chomeil, France; ^cUniversité de Pau, UMR CNRS 5254/IPREM-EEM, IBEAS, 64013 Pau, France
jgerbore@bordeaux.inra.fr

Pythium oligandrum est un oomycète colonisateur de la rhizosphère de nombreuses plantes qui est capable d'induire une protection du végétal via l'activation des systèmes défenses, e.g. pour lutter contre *Botrytis cinerea* de la vigne ou de la tomate (Le Floch et al., 2009 ; Mohamed et al., 2007). *P. oligandrum* possède des éliciteurs de nature glycoprotéiques tels que : l'oligandrine et deux protéines pariétales nommées POD1 et POD2. Lorsqu'elles sont appliquées sur le végétal, ces glycoprotéines induisent également une résistance chez plusieurs plantes (Rey et al., 2008). Dans la présente étude, des souches de *P. oligandrum* isolées du vignoble Bordelais ont été caractérisées au niveau moléculaire et utilisées pour protéger *Vitis vinifera* contre *Phaeomoniella chlamydospora*, un agent pathogène impliqué dans l'Esca, une maladie du bois de la vigne. Les souches ont été identifiées par séquençage de la région ITS de l'ADN ribosomique et comparées au niveau des gènes codant pour 2 protéines élicitrices (oligandrine et POD1). L'analyse des profils génétiques obtenus par l'utilisation d'amorces ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) a montré la présence de 3 groupes génétiques dominants. Un essai en serre réalisé pendant 2 années consécutives a montré que des boutures de Cabernet-Sauvignon infectées au niveau de la tige par *P. chlamydospora* ont développé des nécroses réduites d'environ 50% par rapport aux plants témoins. La persistance de *P. oligandrum* dans la rhizosphère des ceps a été vérifiée au cours des expérimentations. L'étude des réponses de la plante via l'utilisation de micro-arrays vigne (Roche-Nimblegen® 12x135K - GEO: GPL13936) a été réalisée au niveau des racines et de la tige afin de caractériser l'interaction végétal / *P. oligandrum* / *P. chlamydospora*. Les analyses montrent par exemple que des protéines de type F-Box, précédemment mentionnées dans les réactions des plantes en condition de stress biotique, sont impliquées dans cette interaction. Les résultats seront discutés en comparant les gènes de plusieurs voies métaboliques sur- ou sous-exprimés selon les conditions d'expérimentations.

Poster presentations

La Collection Française de Bactéries Associées aux Plantes

P. Portier, M. Briand, G. Taghouti et M. Fischer-Le Saux

*INRA, EmerSys - IRHS - Bat C, 42 rue Georges Morel, 49070 Beaucouzé, France
perrine.portier@angers.inra.fr*

Les ressources biologiques sont un élément clef de la recherche et pouvoir s'assurer de la fiabilité et de la qualité de ces ressources est aujourd'hui un point crucial. La Collection Française de Bactéries Associées aux Plantes (CFBP) a été créée en 1973 sur la base des collections de l'unité de pathologie végétale de l'INRA d'Angers. Aujourd'hui la collection héberge 6000 souches bactériennes, majoritairement pathogènes de plantes. La collection est adossée à l'équipe EmerSys (urgence, taxonomie et écologie des bactéries phytopathogènes) de l'UMR IRHS (Institut de Recherche en Horticulture et Semences). La collection est certifiée ISO 9001, labellisée IBiSA et reconnue CRB. De plus la CFBP fait partie intégrante du CIRMI (Centre International de Ressources Microbiennes). Les missions de la collection sont d'une part, de préserver la biodiversité et les données associées aux souches, et d'autre part de rendre ces ressources disponibles pour la communauté scientifique internationale. Le catalogue de la collection est disponible en ligne: www.angers.inra.fr/cfbp/ Aujourd'hui l'ensemble des ressources de la CFBP sont en cours de ré-identification. Pour chaque souche bactérienne, 2 gènes du métabolisme central sont séquencés dans les deux sens. Des résultats de ce projet nous attendons de pouvoir : - mettre à jour la taxonomie de la totalité des ressources hébergées ; - alimenter une base de données de séquences de qualité ; - alimenter la base de données de PhyloSearch (outil en ligne d'aide à l'identification bactérienne, www.angers.inra.fr/cfbp/) ; - importer à la CFBP la compétence d'identification pour la totalité des ressources qu'elle héberge ; - déboucher sur la mise en place d'une offre de service d'identification d'isolats ; - inclure l'identification dans le périmètre de la certification ISO9001 ; - orienter et alimenter les futurs projets de recherches de la collection et de l'équipe de recherche EmerSys (IRHS, UMR 1345) par la qualité de la caractérisation des ressources

Comparaison de méthodes pour la détection des Pospiviroides infectant les solanaceae

M. Visage, X. Tassus et F. Poliakoff

Anses LSV, 7 rue Jean Dixmeras, 49044 Angers, France
xavier.tassus@anses.fr

Les viroïdes sont les plus petits organismes connus comme infectant les plantes. Leur génome est composé d'un ARN simple brin circulaire d'une taille comprise entre 246 et 399 paires de bases. Ce dernier ne code pour aucune protéine. Les viroïdes sont classés par familles parmi lesquelles on retrouve celle des Pospiviroidae et plus particulièrement le genre Pospiviroides. Les Pospiviroides tels que le Potato Spindle Tuber Viroid (PSTVd) infectent de nombreuses cultures de solanaceae en causant notamment des déformations des tubercules chez *Solanum tuberosum* ou des rabougrissements et des nécroses foliaires chez *Solanum lycopersicon*. Depuis la fin des années 80, de nouveaux Pospiviroides tels que le Tomato Chlorotic Dwarf Viroid (TCDVd) ou le Columnea Latent Viroid émergent sur le territoire européen. Ces viroïdes peuvent infecter sans entraîner l'expression de symptômes, des cultures ornementales de la famille des Solanaceae. Ainsi, ces plantes peuvent constituer des réservoirs de ces pathogènes et favoriser leur dissémination (Verhoeven et al, 2004). La méthode interne utilisée à l'Anses - laboratoire de la santé des végétaux, vise à la détection par RT-PCR du PSTVd et du TCDVd (Shamloul et al, 1997). Afin de pouvoir évaluer la présence d'autres viroïdes sur cultures de Solanaceae, l'utilisation d'une technologie de détection générique est apparue importante à mettre en place. Ainsi, deux techniques de RT-PCR point final (Verhoeven et al, 2004 et Spieker et al, 1996) et une technique de RT-PCR temps réel (Monger et al, 2010) ont été évaluées vis-à-vis d'un panel d'échantillons cibles (Pospiviroides) et non cibles (solanaceae et virus). La détermination des critères de sensibilité relative, spécificité relative, répétabilité et reproductibilité ont permis d'élaborer un schéma de détection des Pospiviroides incluant une confirmation par caractérisation génétique.

Monger W et al. 2010. Development and inter-laboratory evaluation of real-time PCR assays for the detection of pospiviroids. *Journal of Virological Methods*. 169, 207-210

Shamloul A. et al. 1997. Sensitive detection of potato spindle tuber viroid using RT-PCR and identification of a viroid variant naturally infecting pepino plants. *Canadian journal of plant pathology*. 19, 89-96

Spieker R. L. 1996. A viroid from Brunfelsia undulate closely related to the Columnea latent viroid. *Archives of virology*. 141, 1823-1832

Verhoeven J. Th. J et al. 2004. Natural infections of tomato by Citrux exocortis viroid, Columnea latent viroid, Potato spindle tuber viroid and Tomato Chlorotic dwarf viroid. 2004. *European journal of plant pathology*. 110, 823-831

Comparaison de méthodes de détection du Pépino Mosaic Virus (PepMV) sur semences de tomate

A. Saison, X. Tassou et F. Poliakoff

Anses LSV, 7 rue Jean Dixmeras, 49044 Angers, France

Le Pépino Mosaic Virus (PepMV) est un virus du genre Potexvirus qui infecte les cultures de tomate. Ce virus est transmis par contact de plante à plante et par les semences. A l'importation en provenance de pays tiers et à destination de la France, les lots de semences de tomate font l'objet d'une détection vis-à-vis de la présence de PepMV selon la décision communautaire 2004/200/CE. Dans le cadre du projet européen PEPEIRA, des premiers éléments concernant la performance des techniques de détection sérologique et moléculaire ont été fournis. Toutefois afin de réviser la méthode officielle française de détection du PepMV, ces données ont dû être consolidées par des travaux d'évaluation de méthodes. Ainsi, la détection sérologique par DAS-ELISA, technique de référence, a pu être comparée avec une méthode moléculaire RT-PCR point final (Ling et al, 2008) et temps réel (Ling et al, 2007). Pour chacune de ces trois méthodes, 14 échantillons cibles regroupant les 4 isolats Pérou, CH2, US1 et EU du PepMV ont été testés et 19 échantillons non cibles regroupant des échantillons de semences saines et des virus apparentées au genre Potexvirus et ou infectant la tomate. Pour chacune des méthodes testées, les manipulations ont été répétées 3 fois. Les résultats obtenus ont permis de calculer les critères de sensibilité, spécificité relative et de répétabilité. Dans cette étude, les critères de performance de la méthode RT-PCR temps réel se sont révélés les meilleurs (100% pour l'ensemble des critères évalués). Les résultats de ce travail permettent à l'Anses de proposer au ministère en charge de l'agriculture, une modification du schéma de détection du PepMV sur semences de tomate. Grâce à sa meilleure sensibilité de détection, la technique de RT-PCR temps réel pourra être utilisée pour confirmer des résultats de statut indéterminé et ou en limite de détection obtenus par la technique sérologique DAS-ELISA. Cette dernière technique demeurera la technique de première intention du fait de sa bonne sensibilité, sa fiabilité et son faible coût d'analyse.

Ling, K.S. et al., (2008) Genetic composition of Pepino mosaic virus population in North American greenhouse tomatoes. *Plant disease*, 92 (12), 1683-1688
Ling, K.S., et al. (2007). Development of a one-step immunocapture real-time TaqMan RT-PCR assay for the broad spectrum detection of Pepino mosaic virus. *J. Virol. Methods*, 144, 65-72

Application of Ultra Rapid Real Time PCR and Loop Mediated Isothermal Amplification to detection of bacterial phytopathogens

J.-G. Kim^a, D.S. Park^a et B.-S. Yoon^b

^aNAAS, 150 Suin-Ro Kweonseonku, 441-857 Suwon, République de Corée; ^bDepartment of Life Science, Kyonggi University, 443-760 Suwon, République de Corée
jkim5aug@yahoo.com

Ultra rapid real time polymerase chain reactions (URRT PCRs) were performed to detect species-specific DNA sequences of targeted bacterial plant pathogens using a microchip based, real time PCR system, GenSpector TMC-1000 manufactured by Samsung TechWin, which only requires 6 microlitre total reaction volume with an extremely short denaturation and annealing steps for each cycle. Using the URRT PCR method, the targeted genes could be detected within 20 minutes including melting point analysis. The detection limits were estimated to be about 10 CFU or less. Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) is a simple DNA amplification method, and is also known as isothermal PCR. New rapid detection methods for bacterial phytopathogens such as *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum* were developed with four primers. At the optimal reaction temperature, with a water bath and no other devices, LAMP was able to amplify until 1×10^3 copies of the targeted gene per reaction. LAMP could assay directly by SYBR Green I without electrophoresis.

Emergence de *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* (Takikawa, 1989) en France

C. Rivoal^a, C. Audusseau^a, S. Paillard^a, C. François^a et F. Poliakoff^{rb}

^aANSES, Laboratoire de la santé du végétal, 7 rue Jean Dixmèras, 49044 Angers Cedex 01, France;

^bAnses LSV, 7 rue Jean Dixmèras, 49044 Angers, France

lsv@anses.fr

Pseudomonas syringae pv *actinidiae* (Psa), agent causal du chancre du Kiwi, est connue comme étant une bactérie extrêmement agressive et infectieuse pour la production du Kiwi, se disséminant rapidement dans l'environnement. Les principaux hôtes de cette bactérie sont: *Actinidia deliciosa* (kiwi à chair verte) et *Actinidia chinensis* (kiwi à chair jaune).

Cette bactérie a été détectée pour la première fois en France en Juillet 2010 (1) par isolement sur milieu de culture et identification des souches isolées à l'aide de tests phénotypiques, nutritionnels et moléculaires tels que décrits par Takikawa, (1989), Scortichini et al., (2002), Vanneste (2010). Les premiers enregistrements de Psa ont eu lieu en 1984 au Japon (Takikawa et al., 1989; Serizawa et al. 1989), puis en 1992 en Corée (Koh & Lee, 1994) et en Italie (Scortichini, 1994) où les foyers avaient été éradiqués. Cependant, Psa a été isolée à nouveau en Italie en 2007 (Balestra, 2009). Depuis, sa dissémination a été très rapide puisqu'en 2010 le Portugal (Balestra, 2010) et la Nouvelle Zélande (2010, Website MAF Biosecurity) ont déclaré des foyers de chancre du kiwi. Enfin, le Chili, l'Australie, la Suisse et l'Espagne ont mentionné un premier signalement en 2011.

Le Laboratoire de la santé des végétaux de l'Anses, en collaboration avec les équipes néo-zélandaises et italiennes a montré que les souches françaises isolées en 2010 appartenaient au même groupe que les souches italiennes et néo-zélandaises et étaient de type virulent (2). L'utilisation des techniques de rep-PCR (BOX PCR et ERIC PCR) sur la collection de souches isolées tout au long de la campagne 2011 permettra d'établir la présence ou non d'un seul type de souche sur le territoire français.

Refs : (1) J.L. Vanneste, F. Poliakoff, C. Audusseau, D.A. Cornish, S. Paillard, C. Rivoal, and J. Yu - First Report of *Pseudomonas syringae* pv *actinidiae* the Causal Agent of Bacterial Canker of Kiwifruit in France. *Plant Disease* (en cours de publication). (2) J.L. Vanneste, D.A. Cornish, J. Yu, C. Audusseau, S. Paillard, C. Rivoal and F. Poliakoff - Presence of the effector gene hopA1 in strain of *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* isolated from France and Italy. *New Zealand Plant Protection* 64: 252-258 (2011)

Yam virus X (YVX) et Yam necrosis virus (YNV), deux nouveaux virus des genres Potexvirus et Sadwavirus infectant les ignames en Guadeloupe

I. Acina-Mambole^a, L. Bonheur^a, F. Anzala^b, R.-M. Gomez^b, D. Lange^b, C. Faure^c, D. Filloux^d, P. Roumagnac^d, A. Marais^c, T. Candresse^e, C. Pavis^b et P.-Y. Teycheney^f

^aCIRAD-Bios, UMR AGAP, Station de Neufchâteau, 97130 Capesterre Belle-Eau, Guadeloupe;

^bINRA, UR1321 ASTRO, Domaine Duclos, 97170 Petit Bourg, Guadeloupe; ^cINRA & Université de Bordeaux, UMR 1332 BFP, 71 Avenue Edouard Bourleaux, 33883 Villenave D'Ornon, France;

^dCIRAD-Bios, UMR BGPI, TA A-54 / K, Campus Intl de Baillarguet, 34398 Montpellier, France;

^eINRA, UMR BFP 1332, Virologie, BP81, Université de Bordeaux, F-33883 Villenave D'Ornon, France;

^fCIRAD, UMR AGAP, Station de Neufchâteau, 97130 Capesterre Belle-Eau, Guadeloupe
teycheney@cirad.fr

Les ignames cultivées hébergent de nombreuses espèces virales, qui limitent la diffusion de matériel végétal issu des collections de ressources génétiques. L'assainissement de ces collections nécessite la mise au point et la mise en œuvre d'outils de diagnostic appropriés. C'est dans cette optique que plusieurs espèces virales infectant les ignames (*Dioscorea* spp.) ont été caractérisées. Il est cependant probable que la diversité des espèces virales infectant ces plantes reste sous évaluée. Afin de tester cette hypothèse, nous avons conduit des analyses *in silico* qui ont montré l'existence dans les banques EST d'ignames de séquences correspondant à des espèces virales connues des familles Caulimoviridae (Badnavirus) et Potyviridae (Macluravirus) mais également à des espèces virales des familles Geminiviridae (Begomovirus), et Secoviridae (Sadwavirus et non assigné), à ce jour non décrites chez les ignames. Sur la base de ces résultats, nous avons entrepris la recherche et la caractérisation de nouvelles espèces virales infectant les ignames. Après une étape de piégeage direct de particules virales, des produits d'amplification ont été obtenus par reverse transcription PCR réalisée à l'aide d'amorces dégénérées spécifiques du genre Potexvirus sur des broyats de *Dioscorea alata* et *D. trifida* symptomatiques. Le clonage et le séquençage de ces produits a permis de mettre en évidence la présence de séquences correspondant à deux nouveaux virus des genres Potexvirus et Sadwavirus, pour lesquels les noms Yam virus X (YVX) et Yam necrosis virus (YNV) sont respectivement proposés. La partie 3' du génome de chacun de ces agents a été amplifiée par 3' RACE, clonée et séquencée. L'analyse des séquences obtenues a permis d'établir l'organisation génétique de ces deux virus, et de confirmer qu'ils représentent deux espèces virales nouvelles. Des outils de diagnostic moléculaire par direct binding reverse transcription PCR (DB-RT-PCR) ont été mis au point et utilisés pour conduire une étude de prévalence du YVX et du YNV en Guadeloupe. Des expériences de transmission mécanique conduites sur une gamme d'hôtes herbacés ont permis une transmission expérimentale de ces deux virus à *Nicotiana benthamiana*.

Identification and pathogenicity of *Pythium* species on cantaloupe in north east of Iran

T. Samaneh^a, K. Rahnama^b, M. Mohammad Hajian Shahri^c et H. Hamid Afzali^a

^a*Department of Plant Protection K, Department of Plant Protection K, Mashhad Mashhad, Iran;*

^b*Gorgan University of Agricultura, Shahid Beheshti ave, 49137-Gorg Golestan- Gorgan, Iran;*

^c*Department of Plant Protection K, Khorasan Razavi agricultural Res, Mashhad Mashhad, Iran
kamran_ra@yahoo.com*

Cantaloupe (*Cucumis melo* L.) is grown in many parts of Iran. Khorasan Razavi province is the major area with more than 2000 ha under cultivation. *Pythium* species are the most serious fungal plant pathogens in various areas of Iran. In order to survey the role of *Pythium* species associated with cantaloupe root and crown rot, sampling were carried out from infected plants in different areas of Khorasan Razavi province during 2009-2010. The root pieces were washed and cultured on CMA-PARP medium. The isolates were purified by hyphal tip method and identified based on Vander plaats-Niterink mycological key. The pathogenic species were identified *Pythium aphanidermatum*, *P. ultimum* var. *ultimum*, *P. deliense*. The pathogenicity of the isolates were determined under greenhouse condition by using wheat grain inoculum to cantaloupe seedlings. The most prevalent *Pythium* species recovered were *P. aphanidermatum* (71.8%) followed by *P. ultimum* (22.3%) and *P. deliense* (5.9%). The results indicate that *P. aphanidermatum* is the most prevalent species isolated and is recovered in all the regions. *P. ultimum* was isolated from the melon fields of Neyshabour, Fariman and Mashhad. *P. deliense* was detected in Khaff and they have not been reported previously in Iran on cucurbits. This is the first comprehensive report on the identification and distribution of *Pythium* species causing root and stem rot on cantaloupes in the north east of Iran.

Optimisation du schéma de détection de *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* et impact des traitements phytosanitaires des semences de tomate sur la qualité de la détection

C. Fricot^a, A. Quillévére^b, C. Dousset^c, T. Baldwin^d, R. Germain^d, V. Grimault^a, M.-A. Jacques^e, R. Mathis^b, M. Larenaudie^b, M. Rolland^b et V. Olivier^c

^aSNES-GEVES, Rue Georges Morel, 49071 Beaucouzé, France; ^bBioGEVES, Rue Georges Morel, 49071 Beaucouzé, France; ^cANSES, 7 rue Jean Dixmèras, 49044 Angers, France; ^dUnion Française des Semenciers, 17 rue du Louvre, 75001 Paris, France; ^eINRA, IRHS UMR1345, Batiment C, 42 rue Georges Morel, BP 60057, 49071 Beaucouzé Cedex, France
valerie.olivier@anses.fr

Dans le cadre du Contrat de Branche “ Gestion de *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis*, un enjeu sanitaire majeur pour la production de tomate ”, le développement d’outils de détection moléculaire et l’optimisation du/des schéma(s) de détection constituaient un des axes d’amélioration des connaissances sur la détection de cette bactérie à partir des semences. Comparer les outils développés avec les méthodes disponibles et mesurer l’impact des traitements phytosanitaires appliqués aux semences contribuaient également à l’évaluation des performances des outils de détection. Après sélection d’outils performants permettant la détection/identification de Cmm (Mathis et al., 2012), l’étude a consisté à confronter ces outils à la flore des semences. En complément, l’impact des traitements phytosanitaires, quasi généralisés sur semences de tomate, sur la fiabilité des protocoles a été analysé. De plus, plusieurs méthodes d’extraction de la bactérie à partir des semences ont également fait l’objet de travaux. Deux pistes de détection moléculaire, la Bio-PCR et la PCR directe associées aux couples d’amorces les plus pertinents, ont été suivies. Le protocole de Bio-PCR bien que présentant des atouts en termes de sensibilité a manqué de fiabilité et de robustesse sur certains lots. Le protocole de PCR directe sur macérâts “ enrichis ” par une incubation de 3 jours constitue une alternative offrant de bonnes perspectives. Une grande hétérogénéité entre lots de la flore des semences avec un impact fort (par compétition et/ou inhibition) a été observée sur la totalité des protocoles. L’inclusion de témoins d’inhibition se révèle indispensable quels que soient les schémas de détection. De plus, l’analyse de semences contaminées après application de produits phytosanitaires couramment appliqués aux semences de tomate (pelliculant avec/sans fongicide, désinfectant, priming) a mis en évidence des différences entre protocoles et a permis de clarifier un schéma de détection. Ces données ont été prises en compte pour la révision des protocoles OEPP et de l’UFS et permettront d’améliorer la méthode française de référence après validation par un essai inter-laboratoires.

Rene Mathis, Celine Fricot, Magali Larenaudie, Thomas Baldwin, Rodolphe Germain, Valerie Olivier, Anne Quillevere, Mathieu Rolland, Valerie Grimault, 2012 : *Clavibacter michiganensis* subsp *michiganensis* : evaluation of different detection methods. Congrès de la Société Française de Phytopathologie du 5 au 8 juin 2012, Paris (poster)

First Report of Soft Rot caused by *Pectobacterium carotovorum* subsp. *brasileinsis* on potato in Morocco

M. Terta^a, U. Spirada^b, A. Faouzi^c, M. Melloul^d, E.M. El Fafime^d, R. Ait M'hand^a, E.H. Achbani^e, M. Barakate^f, F. Bouteau^g et M.M. Ennaji^a

^aUniversité Hassan II (UH2CM), LVHM-FSTM BP 146 Route de Rabat, 20650 Mohammedia, Maroc; ^bINRA, RABAT-Morocco, INRA, RABAT-Morocco, 10 000 Rabat, Maroc; ^cInstitut Pasteur-casablanca, Institut Pasteur-casablanca, 20 000 Casablanca, Maroc; ^dCNRST-Rabat, CNRST-Rabat, 10 000 Rabat, Maroc; ^eINRA-MEKHNES, INRA-MEKHNES, 50 000 Mekhnes, Maroc; ^ffaculte cadi ayyad -Marrakech, faculte cadi ayyad -Marrakech, 40 000 Marrakech, Maroc; ^gUniversité Paris Diderot, Sorbonne Paris Cité, LEM, IBP, 91405 Orsay, France
meriam_terta@hotmail.com

Pectobacterium is one of the major pectinolytic causal agent in most crop plants throughout the world, specially potato. Thirty one strains were isolated and purified from the samples. These strains were subject to morphological observation, biochemical, molecular and physiological identification. The molecular confirmation was conducted by DNA polymerase chain reaction by using Y1 and Y2 primers which are specific to amplify 434 bp open reading frames of pectate lyase pely genes of *P. carotovorum*. The PCR products were purified and sequenced, The BLAST results showed that each DNA band of all isolates presented high percentage of similarity with the periplasmic pectate lyase gene of *P. carotovorum* species placed in the GenBank. The phylogenetic tree analysis and comparison of the sequences showed that the strains were placed into groups, some strains had 99% similarity with periplasmic gene of *P. carotovorum* subsp. *carotovorum* and some strains were affiliate with (98%-99%) similarity with periplasmic pectate lyase of *P. carotovorum* subsp. *brasiliensis*. The BLAST results of the amino acids sequences showed the presence of a new mutations, at position 552 with replacement of glutamic acid by aspartic acid, Asn 495 Asp, Gln 519Lys, Asn 487 His and Thr 544 Ile. These mutations can be considered as a fingerprint of Moroccan strains. The nucleotide sequences of the genes encoding 16S rRNA from these strains, were determined and compared with sequences of the 16S rDNA genes of other in *Pectobacterium* spp order to determine and confirmed its relative phylogenetic position. The results of 16S rDNA grouped the isolated strains as *P. carotovorum* subsp. *carotovorum* and *P. carotovorum* subsp. *brasiliensis*. This is the first report of occurrence of *P. carotovorum* subsp. *brasiliensis* in Morocco.

Traditional culture-depending methods and molecular analysis by PCR-DGGE of microbial community in mushroom spent compost and its compost teas

M. Santos^a, F. Diáñez^a, F.J. Gea^b, M.A. Martínez^a, F. Marin^a, F. Carretero^a, J.A. Yau^a et M. Navarro^b

^aUniversidad de Almería, Carretera Sacramento s/n, 04120 Almería, Espagne; ^bCIES, C/ Peñicas, s/n. Apdo. 63, 16620 Quintanar Del Rey Cuenca, Espagne
fdianez@ual.es

The aim of our study was to determine differences in the composition of microbial populations in mushroom spent compost and its extracts. We developed Aerated Compost Teas (ACT) obtained in aerobic conditions and Non-aerated Compost Teas (NCT) fermented under anaerobic conditions. 100 L of water and 25 kg of compost were put into 250 L tanks, keeping the mixture under greenhouse conditions for 15 days. For ACT, aeration was obtained by introducing a suction pump inside the mixture, which caused the recirculation; on the other hand, NCT remained undisturbed for all time. Subsequently, compost teas were filtered to remove the solid fraction, and stored until use. Traditional culture-depending methods and Molecular Fingerprinting technique were combined to examine the microbial community in this compost and its extracts. For traditional culture-depending methods, bacteria and fungi total populations, yeasts, actinomycetes, proteolytic bacteria, Enterobacteriaceae genus, total coliforms and *Pseudomonas* fluorescent were quantify by counting the number of colony forming units in Petri dishes containing different growth media. Total bacteria and proteolytic bacteria were the most abundant groups, followed by total fungi. Actinomycetes were represented in minor proportion. On the other hand, ACT gave greater populations than NCT, except for proteolytic bacteria 16S ribosomal subunit gene amplification from total extracted DNA using PCR and Denaturing Gradient Gel Electrophoresis (PCR-DGGE) technique, was carried out for Molecular Fingerprinting. Most representative bacterial communities were selected, cloned into *Escherichia coli* and identified, so we could see the differences between the compost and ACT or NCT. *Chitinophaga ginsengisoli*, *Planctomyces limnophilus*, *Filimonas lacunae*, *Lewinella cohaerens*, *Pedobacter daechungensis*, *Iamia majanohamensis*, *Thermoanaerobacter brockii*, *Chitinophaga arvensicola*, *Lutispora thermophila*, *Marinobacter guinea*, *Methylobacterium iners*, *Chitinophaga ginsengisoli*, *Opiritutus terrae*, *Prostheco bacter de jongeeii*, *Flavobacterium sasangense*, *Nitrosomonas eutropha*, *Gemmatimonas aurantiaca*, *Hydrogenophaga caeni*, were the detected species in a greater proportion. To sum up, molecular methods have been more accurate to determine the composition of microbial populations, because of the ecological complexity of these samples and the large number of bacterial species not grown in available culture media. Key words: PCR-DGGE, mushroom spent compost, compost tea, ACT, NCT, microbial populations

Predictive Diagnosis of Pea Root Rot by Real Time PCR Quantification of Low Level of *A. euteiches* Oospores in Agricultural Soils

M.-A. Cannesan^a, M. Vicré-Gibouin^a, Y. Atia^b, L. Castel^b, A. Driouich^a, K. Laval^b, I. Gattin^b et C. Gangneux^b

^a*université de Rouen, UFR Des Sciences et Techniques, 76821cedex Mont Saint Aignan, France;*

^b*Esitpa - Agri'Terr - BioSol, 3 rue du Tronquet, CS40118, 76134 Mont-Saint-Aignan, France, Metropolitan
cgangneux@esitpa.org*

Pisum sativum is a major source of plant protein for animal feed and remains the first proteaginous crop in Europe. In France, pea crop surfaces have decreased drastically since the 1990's, mainly due to the end of the support of the Common Agricultural Policy for proteaginous crops and to their uncompetitive prices compared to soya. Concomitantly, the dramatic yield losses due to root rot caused by *Aphanomyces euteiches* critically exacerbated the situation. Today, this oomycota is considered as the first factor impairing the yield of this Fabaceae, and despite the new UE plan to promote proteaginous crops, alfalfa and lupin are now preferred by farmers, regarding the lower or non-susceptibility of these crops to *A. euteiches*, respectively. Considering the absence of chemical control for this disease and in a context of a reduction of the use of pesticides, only prophylactic approaches have to be considered for this phytopathology. Thus, soil assessments seem to be the only efficient control measure. Herein we propose a molecular test targeting ribosomal intergenic transcribed spacers (ITS1) in order to quantify *A. euteiches* preservation form (oospores) in agricultural soil. This new method, founded on quantitative PCR, should be a fast, cheaper alternative to soil disease index determination in order to establish a predictive diagnosis for agricultural soils concerning pea root rot. The multiple comparisons of ITS1 sequences of the different species of *Aphanomyces* and more precisely the most closely genetically related species *A. cladogamus*, *A. cochloides* and *A. iridis* has led to identify maximum diversity regions inside ITS1, allowing the design of specific primers targeting exclusively *A. euteiches*. After protocol optimizations in order to ensure specificity and sensitivity, especially in the presence of soil enzyme inhibitors, we evaluated the efficiency of the test for 95 *A. euteiches* strains isolated worldwide. All of them were successfully amplified when others *Aphanomyces* species were not. Furthermore, artificial inoculations of dilution series of *A. euteiches* oospores in sterilized soil allowed the detection of less than 10 oospores per gram of soil. At the present time, further development are being led in order to evaluate the influence of soil proprieties (pedology, microbial biodiversity, etc.) on the onset of pea root rot disease (i) by comparing disease indexes to *A. euteiches* oospore loads in different pedological contexts and/or (ii) in the presence of different biological pest control agents and (iii) in different agronomical applications. Thus, the specific and sensitive molecular method proposed in order to quantify *A. euteiches* oospores in soils turn out to be both a preventive test against the pea root rot for agriculture producers or advisers as well as an accurate monitoring tool for the assessment of agronomical practices or chemical/biological control agents on the dynamics of *A. euteiches*.

Transmission de *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* de la semence à la plantule de tomate et effet du greffage sur la contamination

M.-A. Jacques^a, C. Fricot^b, G. Orgeur^c, J.-P. Bargeolle^d et V. Grimault^b

^aINRA, IRHS UMR1345, Batiment C, 42 rue Georges Morel, BP 60057, 49071 Beaucouzé Cedex, France; ^bSNES-GEVES, Rue Georges Morel, 49071 Beaucouzé, France; ^cBioGEVES, Rue Georges Morel, 49071 Beaucouzé, France; ^dSAS René Briand, 17, rue de l'Officière, 44450 St Julien De Concelles, France
marie-agnes.jacques@angers.inra.fr

Le chancre bactérien dû à *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* (Cmm) est une pathologie majeure de la tomate dans l'ensemble des zones de production sur tous les continents. La principale méthode de lutte contre ce pathogène inscrit sur les listes (annexe II/A2) de quarantaine par l'OEPP repose sur la sélection sanitaire des semences et plants, la bactérie étant transmise par les semences. L'objectif du travail présenté est d'étudier la transmission de Cmm de la semence à la plantule et de déterminer l'effet des techniques actuelles de production telles que le greffage sur cette pathologie. Pour atteindre ces objectifs, une méthode d'inoculation des semences par scarification et infiltration sous vide a été mise au point et son efficacité évaluée. Cette méthode donne des résultats fiables et répétables et permet de moduler la charge bactérienne des graines inoculées. Il est dès lors possible de mesurer la relation entre charge bactérienne sur semences et taux de contamination des plantules et de préciser la taille des populations associées sur plantules. L'efficacité de transmission de Cmm de la semence à la plantule est variable en fonction de la variété et de la souche testée, cependant cette transmission est possible même pour de très faibles charges bactériennes sur semences. En conditions contrôlées lorsque les consignes d'hygiène sont respectées pour ne pas favoriser la dispersion inter-plants du pathogène, le greffage et/ou les conditions environnementales utilisées lors du greffage ne favorisent pas la contamination par Cmm. L'efficacité de transmission de Cmm de la semence à la plantule étant très élevée, la qualité sanitaire des semences doit être irréprochable pour ne pas favoriser la dispersion de ce pathogène, qui une fois installé persiste de manière durable dans l'environnement au cours d'une culture.

Temperature across scales, from phylloclimate to mesoclimate: what about foliar fungal pathogen development?

F. Bernard^a, I. Sache^b, F. Suffert^b et M. Chelle^a

^aINRA, UMR 1091 EGC, 78850 Thiverval-Grignon, France; ^bINRA, UR BIOGER-CPP, Campus AgroParisTech, 78850 Thiverval-Grignon, France
fbernard@grignon.inra.fr

Air temperature measured by weather stations is commonly used to describe the effect of temperature on the development of foliar fungal pathogens. However, leaf temperature is the actual temperature perceived by a leafborne fungus. Due to the leaf energy budget, leaf temperature can differ greatly from air temperature measured in the canopy, especially if measured by weather stations. The difference between air and leaf temperatures depends on the canopy architecture, but also on the climate features (cloudiness, wind regime, etc). Consequently, differences between air and leaf temperatures vary among leaf layers (spatial variations) and throughout the course of the epidemic (seasonal variations), supporting the need to take into account the temperature actually perceived by pathogens. The aim of this study is to quantify the effect of leaf temperature on the development of a foliar fungal pathogen using the pathosystem wheat-*M. graminicola* as the experimental model. Experiments were carried out in controlled conditions on adult plants to characterize the response of *M. graminicola* to a wide range of leaf temperatures. Infrared heat lamps positioned over some plants enhanced the range of mean leaf temperature. The temperature of each leaf was measured with T-type thermocouples during the whole experiment. Three isolates were used to inoculate 191 leaves. Chlorotic, necrotic and sporulating areas were assessed every 2-4 days on all inoculated leaves. We established, for the first time, the response curve of a leaf pathogen to leaf temperature. The disease development rate depended on leaf temperature. The latent period of *M. graminicola* was adequately adjusted to mean leaf temperature by a quadratic relationship. The latent period varied also between isolates and leaf layers. The final diseased area was greatly affected by mean leaf temperature. Our experimental and analytic framework could be generalized to other foliar fungal pathogens. The next step of this study will be the upscaling of the obtained relationship to disease dynamics observed on whole plants over a complete epidemic. In a longer term, the integration of these relations to epidemiological models is expected to improve the accuracy of models simulating and predicting epidemics.

Interactions au sein du complexe fusarien : conséquences sur le développement des champignons et leur production de toxines

D. Siou

*INRA - BIOGER, Avenue Lucien Brétignières, 78850 Thiverval - Grignon, France
dorothee.siou@hotmail.fr*

La fusariose de l'épi de blé est une maladie retrouvée dans toutes les régions céréalières. Elle est provoquée par un complexe de champignons phytopathogènes regroupant les genres *Microdochium* et *Fusarium*. Cette maladie a pour conséquences une réduction des rendements et une altération de la qualité des farines par la production de mycotoxines par les *Fusarium*. La lutte contre cette maladie est particulièrement difficile en raison de la diversité des espèces qui en sont responsables et qui possèdent des caractères épidémiologiques différents. De plus, plusieurs espèces peuvent être retrouvées à l'échelle de la parcelle et de l'épi. Il apparaît donc nécessaire d'étudier les interactions susceptibles de se produire au sein du complexe fusarien, pour comprendre le développement épidémique de cette maladie et son impact sur la qualité des récoltes. Pour comprendre ces interactions, des souches de différentes espèces ont été inoculées sur épis de blé en serre, seules ou en co-inoculation. Pour évaluer le développement de la fusariose, 2 variables ont été étudiées : la biomasse fongique, évaluée par Q-PCR, et les concentrations en toxines Déoxynivalénol et Nivalénol, déterminées par UPLC-UV/MSMS. Deux types d'inoculation ont été pratiquées : en spray (inoculation globale de l'épi) ou ponctuellement, par dépôt d'une goutte de suspension de spores. Dans le premier cas, les souches sont en compétition pour l'établissement des infections et la colonisation de l'épi alors que dans le second cas l'établissement de l'infection se fait de manière indépendante. Les résultats des inoculations par spray montrent une grande diversité dans les réponses à la présence de deux souches de deux espèces différentes sur un même épi. Pour certaines souches, la présence d'une autre espèce diminue sa biomasse. Pour d'autres, cette biomasse est augmentée ou encore pas ou très peu affectée par la présence de compétiteurs. Ces résultats conduisent à penser que, quelque soit l'espèce, certaines souches sont nettement plus compétitives que d'autres. Par contre, en termes de toxines produites, la réponse est plus homogène avec, dans la grande majorité des cas, une quantité de toxines produites inférieure à la quantité attendue (calculée à partir de la biomasse de champignon). Dans une autre approche, nous avons inoculé *F. graminearum* et *F. culmorum* de façon ponctuelle sur un épi. Cet épi a ensuite été découpé en trois parties (haute, médiane et basse) et la biomasse de champignon a été mesurée dans chaque partie. Les souches inoculées seules progressent dans tout l'épi mais sont surtout retrouvée vers le bas pour *F. graminearum*. En doubles inoculations nous avons montré que *F. culmorum* (inoculé dans la partie basse) limite la colonisation de *F. graminearum*. Dans cette approche, seule la compétition liée à la colonisation est étudiée et montre qu'elle est ralentie par la présence d'une espèce compétitrice.

Application du postulat de Koch sur *Diaporthe angelicae*/*Phomopsis dauci* : Agent pathogène responsable de la grillure d'ombelle sur *Daucus carota*

I. Serandat^a, J. Detoc^a, B. Mériaux^b, D. Lebourg^a, S. Leclerc^a et V. Grimault^c

^aGEVES-SNES, rue G Morel BP 90024, 49071 Beaucouzé, France; ^bFNAMS, Le verger, 49800 Brain Sur L'authion, France; ^cSNES-GEVES, Rue Georges Morel, 49071 Beaucouzé, France
isabelle.serandat@geves.fr

Depuis 2007, certaines parcelles de carotte porte-graine présentent des dégâts de grillures d'ombelles occasionnant des pertes de rendement. Des isollements réalisés sur ces symptômes ont permis de mettre en évidence le pathogène responsable, *Diaporthe angelicae*/*Phomopsis dauci*. Un travail bibliographique, a montré que ce pathogène sous le nom de *Phomopsis dauci* a été décrit dans les années 1950 aux Pays-Bas. L'objectif des essais étaient de démontrer le postulat de Koch pour définir *Diaporthe angelicae*/*Phomopsis dauci* comme la cause de la grillure d'ombelle. Les différents isolats du pathogène, issus des différents symptômes observés sur les débris de culture, ont été caractérisés morphologiquement et par la capacité de production de la forme sexuée et asexuée. La contamination artificielle de carottes porte graines a permis de reproduire les symptômes de grillure d'ombelles et de réisoler *Diaporthe angelicae*/*Phomopsis dauci*, montrant que ce champignon est bien le pathogène responsable des symptômes observés sur carotte et démontrant ainsi le postulat de Koch.

Etude de la dispersion aérienne de l'agent pathogène invasif du frêne, *Hymenoscyphus pseudoalbidus*

T. Scordia, C. Husson et B. Marçais

INRA, Route d'Amance, 54280 Champenoux, France
thomas.scordia@nancy.inra.fr

La chalarose est une nouvelle maladie émergente létale affectant sévèrement les frênes en Europe et tout particulièrement le frêne commun (*Fraxinus excelsior*). Observée pour la première fois dans les années 1990 en Pologne, elle s'est rapidement disséminée de façon massive en Europe. Elle est due à un champignon ascomycète *Hymenoscyphus pseudoalbidus* (forme asexuée *Chalara fraxinea*). En France, les premiers symptômes de cette maladie invasive ont été observés en Haute-Saône en 2007. Actuellement, elle est largement présente dans le nord et le nord-est du pays et poursuit sa propagation vers l'ouest et le centre. Elle se caractérise par des nécroses corticales de couleur brune-orangée sur les rameaux provoquant leurs flétrissements puis leurs dessèchements. Les feuilles et la base des troncs sont également fortement affectées. Toutes les catégories d'âges d'arbres sont attaquées. Dans le cas des maladies invasives, la question du mode de dissémination de l'agent pathogène a une importance particulière pour la compréhension des causes de leur émergence et pour la mise en place de conseils de gestion pour limiter les risques. Très peu de données sont actuellement disponibles sur les modes de dispersion de *H. pseudoalbidus*. L'étude que nous avons menée avait pour buts (i) de suivre la dynamique saisonnière de la sporulation de l'agent pathogène, (ii) de déterminer les types de spores impliquées, et (iii) d'estimer la distance maximale de dispersion des spores. L'inoculum aérien de l'agent pathogène a été quantifié par couplage d'une méthode de capture de spores sur filtre Whatman® et de PCR en temps réel utilisant des amorces et sonde Taqman® spécifiques à *C. fraxinea*. Le suivi temporel de la sporulation a été réalisé dans deux placettes de régénération naturelle de frênes fortement infectés situées en Lorraine où sont installés des pièges à spores relevés tous les quinze jours. Le dispositif du suivi spatial consiste en la pose de pièges en été sur un gradient de distance de 0 à 700 m par rapport à des frênes infectés. Nos résultats montrent que l'inoculum aérien de *H. pseudoalbidus* est produit dans l'air à partir de mai et atteint un pic au cours du mois de juin puis chute progressivement sans pour autant totalement disparaître jusqu'en février. En effet, à partir d'août, des spores continuent d'être produites mais à de très faibles quantités. Ces résultats montrent clairement que l'essentiel de l'inoculum est constitué d'ascospores produites par les apothécies présentes sur les rachis foliaires de l'année n-1 et que les conidies, spores asexuées du champignon, jouent un rôle mineur dans la dispersion de l'agent pathogène. Concernant l'étude spatiale, nous avons pu détecter la présence de spores de *H. pseudoalbidus* jusqu'à une distance de 400 m par rapport à la zone de frênes malades la plus proche.

Les cochenilles, des hémiptères peu connus comme vecteurs de virus

E. Herrbach, J. Le Maguet et G. Hommay

*INRA, UMR 1131 SVQV, 28 rue de Herrlisheim, 68021 Colmar, France
etienne.herrbach@colmar.inra.fr*

Les cochenilles (Insecta Hemiptera Coccoidea) sont bien connues en tant que ravageurs directs des nombreuses cultures dans le monde et elle sont très étudiées du fait de leur particularités biologiques souvent étonnantes. Toutefois, elles n'ont guère la réputation de vecteurs d'agents phytopathogènes, contrairement à d'autres hémiptères phytophages, tels que pucerons, cicadelles ou aleurodes. Pourtant, un certain nombre de cas de vection de virus par cochenilles sont connus depuis les travaux pionniers de A.F. Posnette sur le cacao dès 1940. Les espèces vectrices se recrutent principalement dans la famille des Pseudococcidae (cochenilles farineuses, mealybugs), mais aussi celle des Coccidae (lécanines et pulvinaires, soft scales). Les virus transmis appartiennent aux familles Caulimoviridae (genre Badnavirus), Closteroviridae (Ampelovirus) et Betaflexiviridae (Vitivirus) et infectent surtout des cultures de régions tropicales (cacao, ananas, bananier, canne à sucre) mais aussi plus tempérées (vigne, cerisier), avec parfois une sérieuse incidence économique. Cette communication se propose de faire un état des connaissances sur la vection de virus par cochenilles. Selon les derniers travaux, le mode de transmission est de type "semi persistant". De nombreuses questions scientifiques restent posées tant sur le rôle de ces insectes dans les épidémies virales que sur les mécanismes qui sous-tendent l'interaction virus-vecteur.

Evaluation of *Fusarium* wilt of melon (*Cucumis melo* L.) suppressive soils from the southwest of Spain

F. Diáñez^a, F. Carretero^a, M. Santos^a, F.J. Gea^b, M.A. Martínez^a, F. Marin^a, J.A. Yau^a et M. Navarro^b

^aUniversidad de Almería, Carretera Sacramento s/n, 04120 Almería, Espagne; ^bCIES, C/ Peñicas, s/n. Apdo. 63, 16620 Quintanar Del Rey Cuenca, Espagne
fdianez@ual.es

Fusarium oxysporum f. sp. *melonis* (Fom) causes Fusarium wilt of melon which is an economically important disease worldwide. This vascular wilt disease is one of the most difficult adversities to control, because the pathogen is soil-borne and remains viable in the soil on nonhost crop residues and roots grown in rotation or as chlamydospores for decades (Gordon et al. 1989). The most effective control measure to prevent Fusarium wilt is through host resistance or grafting on interspecific hybrid squash (*Cucurbita maxima* x *Cucurbita moschata*). Alternative methods of controlling the disease have been studied with emphasis on biological control. Difficulties in controlling Fusarium diseases have stimulated the search for biocontrol systems. Soil suppression is a fact for many plant diseases in different areas of the world, particularly those soils that are naturally suppressive to diseases induced by *Fusarium oxysporum* (Schlecht). The purpose of this research was to study the suppressiveness to Fusarium wilt of melon at four different allocations in the provinces of Cadiz and Seville (Southwest of Andalusia). Four different soils (S1, S2, S3 and S4) were artificially inoculated with *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* at doses of 10³ and 10⁶ CFU g⁻¹ of soil. For each sample heat-treated (autoclaved 1 hour at 121°C) and not heat-treated soils were done before inoculation, in order to determinate the causes of the suppressiveness. Bioassays with sowing a re-sowing melon seeds were done in 1L volume pots. The results showed a lowest disease incidence in the bioassay with S1, S2 and S3 with a disease incidence reduction of 70 %. The suppressiveness is kept after soil heat treatments, so the origin of suppressiveness could result from biotic and abiotic factors. Nevertheless, the soil S4 reduces the expression of the disease to 100 % but this one disappears when the soil is disinfected (biotic factors). Likewise, the resowing in the same pots, gives place to an increase of the suppressiveness in the soils. Microbial analyses of these soils reveal that there present different species of Trichoderma and Paecilomyces. These isolate showed the highest efficacy under *in vitro* against various phytopathogenic fungi.

References: Gordon TR, Okamoto D, Jacobson DJ (1989) Colonization of muskmelon and nonsusceptible crops by *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* and other species of *Fusarium*. *Phytopathology* 79: 1095-1100
Keywords: Fusarium wilt; Disease suppression; *Fusarium oxysporum* f.sp. *melonis*; Suppressive soils.

Caractéristiques génétiques et moléculaires de *Phytophthora infestans* agent causal du mildiou de la pomme de terre en TunisieK. Harbaoui et W. Hamada*INAT, 43, Av Charles Nicolle, 1082 Tunis, Tunisie*
w.hamada@yahoo.com

Une analyse a été menée sur une population de *Phytophthora infestans*, qui constitue une grave menace sur la pomme de terre et la tomate en Tunisie, isolée de différentes zones et saisons de culture de la Tunisie par marqueurs moléculaires type nucléaire ou mitochondrial. Bien que peu de diversité génétique existe au niveau mitochondrial, le génotypage par douze marqueurs microsatellites nucléaires a montré une grande diversité génétique au sein de la population. L'analyse phylogénique a révélé la présence de la lignée clonale importante NA-01 qui semblerait être le premier à être identifié en Afrique du Nord. Ce groupe clonal est caractérisé par la présence de type sexuel A1 et de l'haplotype Ia de l'ADNmt seulement. La structure génétique de la population a été fortement confirmée par l'approche basée sur les modèles très clairement montrée que la structuration entre la lignée clonale (NA-01) et dérivés génétiques (groupe II) des sous-populations. Le regroupement selon les saisons indique qu'au moins quelque uns des nouveaux génotypes générés par la reproduction sexuée se chevauche entre les saisons et la descendance sexuelle pourrait jouer un rôle important dans les épidémies des prochaines saisons. La population du pathogène varie avec la plante hôte comme sur la tomate principalement la descendance asexuée a été trouvée avec plus de haplotypes mitochondriaux mais de moins nucléaire contrairement à la pomme de terre. Les données montrent que la population de *P. infestans* actuellement est en train de changer et la lignée clonale ancienne est remplacée par une population plus complexe génétiquement diverse et sexuellement transmissible en deux sous-régions de la Tunisie. Ensuite, l'analyse de la diversité de virulence moyennant en partie les marqueurs moléculaires codant pour les effecteurs d'avirulence Avr3a et AVR4, fondée sur les SNP et détectée par PCR TaqMan, a révélé la présence des génotypes avirulent, virulent et des génotypes hétérozygote au sein des isolats tunisiens. D'autre part, dans toutes les régions d'échantillonnage, le caractère de virulence n'a jamais suivi l'ordre chronologique (année) de l'échantillonnage. Les gènes R de résistance les plus efficaces révélés en Tunisie sont R5, R8 et R9 qui ont concerné plus de 90% des isolats testés. En outre, la présence d'individus ayant moins de quatre facteurs de virulence et que les 2 facteurs de virulence étaient les races les plus fréquentes dans la population pourrait être due à la présence possible d'isolats avirulent et hétérozygotes. Cela implique que la population de *P. infestans* en Tunisie n'a pas subi de mutations dans les gènes Avr contrairement à ce qui a été rapporté dans d'autres pays. Dans l'ensemble, la population de *P. infestans* en Tunisie présente une structure génétique spécifique plus réconfortante que la situation dans de nombreux pays de part le monde.

Genetic Diversity of *Leptosphaeria maculans* and *L. biglobosa* of Phoma Stem Canker on Oilseed Rape in Lithuania

A. Piliponytė, I. Brazauskienė, E. Petraitienė et G. Brazauskas

Lith Res Cent for Agr and Forest, Instituto a. 1, Akademija, 58344 Akademija, Kėdainiai Distri, Lituanie
agne.piliponyte@lzi.lt

Phoma stem canker caused by *Leptosphaeria maculans* and *Leptosphaeria biglobosa* is a world-wide disease of oilseed rape, causing serious yield losses in Europe. Both of these species co-exist in Lithuania. Only *L. maculans* was identified in the 2006 and 2007 collections by species-specific PCR, whereas both species were detected in 2008 and 2009, with prevalence of *L. biglobosa* in 2008 (89% of tested isolates), and *L. maculans* in 2009 (57% of tested isolates). Both mating types of *L. maculans* were present in fungal populations in all years and all sampling sites. Amplified fragment length polymorphism (AFLP) analysis revealed differences between *L. maculans* and *L. biglobosa* species. Only 20 alleles (12.8 %) of 156 were identical. High genetic diversity was detected within and between populations of *L. maculans*. The presence and prevalence of *L. maculans* in Lithuania supports the assumption of eastward spreading of this fungus in Europe and suggests that there is a high risk of severe phoma stem canker epidemics in this country.

Température et croissance de *Fusarium oxysporum* f. sp. *albedinis*, agent

R. Arbadi^a, H. Kadi-Hanifi^a et F. Rahmania^b

^a*Faculté des Sciences Biologiques, BP. 32. El Alia, 160011 Alger, Algérie;* ^b*LRZA/FSB/USTHB, BP n° 31 El ALIA, 160011 Bab Ezzouar Alger, Algérie*
frahmania@gmail.com

Les conditions de l'apparition et de l'extension de la fusariose vasculaire du palmier dattier (*Phoenix dactylifera* L.), sont, à ce jour non connues. Nous avons analysé des séries climatiques sur plusieurs décennies et recherché les conditions climatiques qui prévalaient lors de l'apparition de nouveaux foyers du bayoud. Les séries complètes, disponibles pour certaines régions de notre pays, ont permis de conclure à un changement climatique traduit par une élévation de la température. Ce travail révèle que des périodes de gel ont précédé l'apparition de foyers. L'étude de la croissance du parasite soumis à la température correspondant à celle du gel puis remis en culture à la température optimale de sa croissance montre un changement important dans le développement du pathogène. Ce travail nous a permis de faire des corrélations de cause à effet.

Détection, par CG-SM, de saponines stéroïdes et d'acides gras chez le palmier dattier (Phoenix dactylifera L.) résistant au Fusarium oxysporum f. sp. albedinis

R. Gaceb-Terrak et F. Rahmania

*LRZA/FSB/USTHB, BP n° 31 El ALIA, 160011 Bab Ezzouar Alger, Algérie
frahmania@gmail.com*

L'analyse phytochimique de folioles de palmier dattier, Phoenix dactylifera L., effectuée sur le cultivar algérien, Takerboucht, (TK), résistant à la fusariose vasculaire due à Fusarium oxysporum f. sp. albedinis, est ici décrite pour la première fois. Vingt molécules sont détectées par chromatographie en phase gazeuse (CG) couplée à la spectrométrie de masse (SM). Dix-huit d'entre elles ont pu être identifiées. Cette étude a montré, d'une part, la richesse des palmes en acides gras et dérivés (53,9%). Les acides gras saturés (24,3%) et insaturés (24,4%) sont représentés par les esters méthyliques des acides palmitique (16,93%) et α -linoléique, ou oméga-3 (18,3%). D'autre part, ce screening a permis de déceler, chez le cultivar résistant, l'abondance de stéroïdes (33,8%), représentés par la yamogénine acétate (22,1%) et la diosgénine (11,7%) ; ces molécules dont les rôles sont reconnus pour être très importants chez l'homme, n'ont été détectées que chez TK. Seraient-elles impliquées, directement ou indirectement, dans la résistance de ce cultivar à la fusariose ? Enfin, le palmier dattier, connu pour son importance économique de par son fruit, pourrait constituer, à travers les nombreuses molécules que nous avons identifiées (Gaceb et Rahmania, 2010), une source potentielle considérable de substances organiques naturelles intéressantes dans divers domaines.

Comment créer de nouvelles variétés hybrides interspécifiques de bananiers malgré la présence de séquences virales endogènes infectieuses du Banana streak virus dans le génome *Musa balbisiana* ?

B. Farinas^a, M. Umer^a, L. Bonheur^a, F. Salmon^a, C. Jenny^a et P.-Y. Teycheney^b

^a*CIRAD-Bios, UMR AGAP, Station de Neufchâteau, 97130 Capesterre Belle-Eau, Guadeloupe;*

^b*CIRAD, UMR AGAP, Station de Neufchâteau, 97130 Capesterre Belle-Eau, Guadeloupe
teycheney@cirad.fr*

La création de nouvelles variétés interspécifiques de bananiers résistantes aux maladies est un enjeu économique et environnemental majeur pour l'ensemble des pays producteurs. Elle repose sur la combinaison de types parentaux *Musa acuminata* (A) et *Musa balbisiana* (B). Or, l'ensemble des ressources *M. balbisiana* connues héberge des séquences endogènes infectieuses du virus de la mosaïque en tirets du bananier (eBSV). Ces séquences s'expriment dans la descendance des croisements entre parents *M. acuminata* et *M. balbisiana* sous l'action de stress abiotiques activateurs (culture cellulaire, différences de température), conduisant à un risque d'activation à grande échelle lors du déploiement en parcelles de variétés hybrides interspécifiques. De fait, la présence d'eBSV infectieux dans le génome de *M. balbisiana* est devenue la principale contrainte pour la création de nouvelles variétés de bananiers. Les recherches entreprises au CIRAD (Iskra Caruana et al, 2010) ont montré que le génome de l'espèce modèle *M. balbisiana* Pisang Klutuk Wulung (PKW) héberge des eBSV de 4 espèces virales distinctes : BSOLV, BSGFV, BSimV et BSMysV. Ils ont également montré que les intégrations eBSOLV et eBSGFV dans le génome de PKW sont mono locus et di-alléliques, un seul des deux allèles étant infectieux, alors que les intégrations eBSimV sont également mono locus mais mono-alléliques, l'allèle unique étant infectieux. Ces travaux ont abouti à la mise au point d'outils moléculaires permettant de distinguer par PCR les deux types d'allèles. L'utilisation de ces outils nous a permis de caractériser vis-à-vis des allèles eBSOLV, eBSGFV et BSimV les ressources génétiques *Musa* du CIRAD contenant le génome *M. balbisiana*. Ce travail a mis en évidence une importante diversité des profils d'insertion eBSV dans ces ressources, qui présentent toutes les combinaisons possibles allèle infectieux / allèle non infectieux. Le potentiel d'activation des eBSV infectieux a été étudié dans une sélection d'accessions de génotypes variés, afin de valider par voie biologique le résultat de ces études structurales. Nous avons également mis en œuvre un programme ambitieux de création de ressources *M. balbisiana* améliorées, indemnes d'eBSV. Plusieurs géniteurs indemnes d'eBSOLV et/ou eBSGFV infectieux ont été obtenus, ce qui permet d'envisager l'utilisation de *M. balbisiana* pour la création de variétés interspécifiques sans danger d'activation d'eBSV infectieux.

Références : Iskra-Caruana ML, Baurens FC, Gayral P, Chabannes M. (2010). A four-partner plant-virus interaction: enemies can also come from within. *Mol. Plant Microb. Interact* 23: 1394-402

Mise au point d'un test de résistance de la laitue à *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae*

S. Perrot^a, J. Detoc^a, S. Aligon^a et V. Grimault^b

^aGEVES-SNES, rue G Morel BP 90024, 49071 Beaucozéz, France; ^bSNES-GEVES, Rue Georges Morel, 49071 Beaucozéz, France
sophie.perrot@geves.fr

Depuis sa découverte en 1995 au Japon, la fusariose vasculaire de la laitue s'est propagée à toutes les grandes régions productrices de laitue aux Etats-Unis puis en Europe. Ce pathogène est responsable de nombreux dégâts et cause des pertes économiques importantes car la plupart des groupes de cultivars de laitue sont sensibles à la maladie. Cette étude a été engagée à la demande de la section CTPS potagère afin de répondre aux besoins des obtenteurs dans le but d'intégrer un nouveau critère de DHS pour valoriser le travail de sélection réalisé ainsi que la résistance des variétés. L'objectif de ce travail était de mettre au point un test d'évaluation de la résistance de la laitue à *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae* race 1 en collaboration avec 7 obtenteurs. Un protocole a été validé sur un panel de variétés issues de différents type variétaux (définition des témoins, de la souche, du stade d'inoculation, de la concentration d'inoculum, de l'échelle de notation). De plus, les résultats permettent de mettre en évidence du matériel présentant différents niveaux de résistance intermédiaire. Le protocole mis au point sera proposé à la section CTPS pour la définition d'un nouveau critère de DHS.

Setting up a test to evaluate a new type of resistance of lettuce to *Bremia lactucae*

S. Perrot^a, S. Aligon^a, P. Coquin^b et V. Grimault^c

^aGEVES-SNES, rue G Morel BP 90024, 49071 Beaucouzé, France; ^bGEVES, Domaine de la Boisselière, 49250 Brion, France; ^cSNES-GEVES, Rue Georges Morel, 49071 Beaucouzé, France
sophie.perrot@geves.fr

Recently, lab tests carried out at seedling stage for evaluation of lettuce to *Bremia lactucae* for registration showed non consistent results compared to resistance in field for some varieties. There are therefore difficulties to claim resistance for registration with current UPOV and CPVO protocols. After discussion with CPVO and at IBEB, an experimental work was carried out at GEVES to propose an additional protocol for the resistance to *Bremia lactucae* characteristic. GEVES chose to work under controlled conditions to be sure of the identity of the race inoculated and to define the youngest stage for testing this resistance. The test was performed in climatic chamber, with low light and high humidity to compare three inoculation stages (cotyledons / 3-4 leaves/ 10-12 leaves). A resistance is observed when lettuce plantlets are inoculated at a later stage compared to classical seedling test. This resistance is more or less present at the stage 3-4 leaves but always present at the stage 10-12 leaves. Results were presented to IBEB and compared with results of an experimental work in a collaborative project carried out in Netherland. A Ringtest, planed in 2012 with each IBEB member, with more diverse genotypes is under progress to develop a new protocol (to define inoculation stage, and flexible enough to be applicable in all laboratories). This new protocol will be proposed to CPVO.

Identifying the components of a concentrated culture filtrate of *Phytophthora infestans* involved in the reduction of disease symptoms due to *Pectobacterium atrosepticum*

G. Saubeau^a, L. Legentil^b, G. Hamelin^c, C. Nugier Chauvin^b, V. Ferrières^b, D. Andrivon^a et F. Val^c

^aINRA, UMR1349 IGEPP, Domaine de la Motte, 35653 Le Rheu, France; ^bENSCR, Avenue du Général Leclerc, CS50387, 35708 Rennes Cedex 7, France; ^cAgrocampus Ouest - UMR1349 IGEPP, 65 rue de St Brieuc, 35000 Rennes, France

Crop protection currently relies on control methods combining chemical control with genetic and cultural techniques. However, the reduction by half of pesticide use targeted by the Ecophyto 2018 plan make it necessary to develop new methods of phytoprotection respectful towards environment. One of these could be the stimulation of plant defenses by natural molecules. A concentrated culture filtrate (CCF) of Pi was described as an elicitor of potato defense responses. It induces the phenylalanine ammonia-lyase (PAL) (Kröner et al., 2011) in potato tubers, the lipoxygenase in Solanacea cells (Desender et al., 2006) and it is also implicated in priming (Val et al., 2008). Here, we focused on the potential role of CCF in protection of potato tubers or leaves against *Pectobacterium atrosepticum* (Pa), a pectinolytic bacterium causing soft rot on tubers, and *Phytophthora infestans* (Pi), the oomycete causing late blight. Protection tests were performed on potato tubers slices (1 cm thick) for both pathogens, and on detached leaves for Pi only. CCF (400 µg/slice) applied 48h before inoculation with Pa (108 CFU/slice) induces a 40 % reduction of soft rot weight, but no reduction of the disease severity caused by Pi. CCF was then fractionated by gel filtration on a HiPrep 16/60 Sephacryl S-200 High Resolution column with water as solvent. Four fractions were obtained (F1, F2, F3 and F4) and tested for their protection effect on potato slices (400 µg/slice) against Pa. Only F1 induced the same protection level as the whole filtrate, and induced PAL activity; none of the other three fractions had a protection activity. F1 was further separated into 3 fractions (F1a, F1b and F1c) after another purification step, of which only F1b (400 µg/mL) induces protection. MALDI TOF analysis showed that F1b contains an elicitor (10357 Da) and an oligosaccharide (2500 Da), while its RMN spectrum reveals the absence of lipids. The elicitor (presumably infestatin), semi-purified on anion Hiscreen Capto DEAE, shows approximately the same protection activity as CCF. After removing the proteins present in F1b, a residual protection effect was observed, attributed to the oligosaccharides. We thus showed that the protection induced by CCF against Pa is probably due to infestatin associated with an oligosaccharide mix, is correlated with induction of response defenses, but is pathosystem-specific.

Effet du BTH sur les Défenses de la Vigne en Présence de Différents Pathogènes Obligatoires (*Plasmopara viticola* and *Erysiphe necator*)

M.-C. Dufour^a, C. Lambert^b, S. Cluzet^c et M.-F. Corio-Costet^d

^aINRA, UMR SAVE, 33883 Villenave D'Ornon Cedex, France; ^bUniversité de bordeaux, Gesvab, 33882 Villenave D'Ornon Cedex, France; ^cUniversité de bordeaux, Gesvab, ISVV, 33882 Villenave D'Ornon Cedex, France; ^dINRA, UMR SAVE, BP 81, BP 81, 33883 Villenave D'Ornon Cedex, France
dufour@bordeaux.inra.fr

La vigne est sensible à de nombreuses maladies et en particulier au mildiou et à l'oïdium (*Plasmopara viticola* et *Erysiphe necator*) nécessitant de nombreux traitements chimiques pour contrôler leurs épidémies ayant des conséquences sur l'environnement et la santé. Les stimulateurs de défense des plantes (SDP) semblent être une piste forte intéressante en tant que méthodes alternatives ou complémentaires pour limiter l'utilisation de pesticides conventionnels de la vigne car ils induisent à une résistance de la plante hôte multifactorielle. Le benzothiadiazole (BTH) ou acilbenzolar-S-méthyle, un analogue fonctionnel de l'acide salicylique, est décrit comme stimulant efficace de la SAR de mono et dicotylédones contre un large spectre de pathogènes. Le but de cette étude était de i) préciser le rôle BTH et sa capacité à induire une résistance de la vigne face à la diversité du mildiou et de l'oïdium rencontré dans les vignobles ii) de trouver des marqueurs moléculaires ou biochimiques de l'état de la défense de vigne dans des conditions contrôlées. Après traitement avec BTH, l'inhibition de la croissance des agents pathogènes a été mesurée et l'expression de gènes impliqués dans les mécanismes de défense de la vigne a été suivie en PCR quantitative en temps réel (RT-qPCR). Enfin, une analyse qualitative et quantitative des polyphénols et des stilbènes a été réalisée en parallèle, pour établir une corrélation entre le niveau d'expression des gènes impliqués dans leur biosynthèse et leur accumulation. Dans les interactions compatibles, sur un ensemble de 19 gènes étudiés, plus de 57% et 90% des gènes sont réprimés 24 heures après inoculation de *P. viticola* et *E. necator* respectivement, indiquant un contournement des réponses de défense de l'hôte pour leur développement. Le traitement avec le BTH permet d'inhiber la croissance des pathogènes de 61 à 98% et une modulation de l'expression des gènes en fonction de la variabilité inter et intra-espèces d'agents pathogènes. Une sur-expression différentielle de gènes codant pour des protéines liées à la pathogenèse (PR protéines) est observée dans les réponses de défense contre *P. viticola* et *E. necator* (PR-1, PR-2, PR-3, PR8, PR-10 ou PR-3, PR -10 et PR-6, respectivement). Le BTH conduit également à une régulation spécifique la voie indolique et en particulier de l'expression du gène codant pour l'anthranilate synthase (répression à 24 hpi, puis sur-expression). La quantification des polyphénols et des stilbènes a montré que l'accumulation de pterostilbène (dérivé méthylé du resvératrol) dans les feuilles pré-traitées est corrélée à l'efficacité biologique observée. L'expression significative sur des PR protéines et l'accumulation de pterostilbène semblent expliquer, à eux seuls, un niveau élevé de résistance contre l'oïdium et le mildiou et ils semblent être de bons candidats pour être des marqueurs de résistance et seraient forts utiles dans le développement des inducteurs dans la vigne.

CBC-CarBuCida: A Potential Pine Wood Nematode Biological Control Technology

C. Galhano^a, T. Cardoso^b, M. Costa^b, F. Martins^b et A. Moreira Da Silva^c

^aAgricultural College of Coimbra, Bencanta, CERNAS-Bencanta, 3040-316 Coimbra, Portugal;

^bAgricultural College of Coimbra, Bencanta, 3040-316 Coimbra, Portugal; ^cAgricultural College of Coimbra, Bencanta, Dep.Chemistry Coimbra University, 3040-316 Coimbra, Portugal
cicgalhano@esac.pt

The Pinewood Nematode (PWN), *Bursaphelenchus xylophilus*, was first discovered in Portugal in 1999, on the Setúbal peninsula. Precautionary restrictions were implemented throughout the country, and regular analyses are carried out to monitor its possible spreading. When detected, pine trees are felled in a 50-kilometre radius and the wood is used for pellets production. The exporting of non-certified untreated pine-wood has been banned by the Government. An infected pine tree is said to be worth only half of what a healthy pine tree is. Another issue worrying officials is that uncontrolled transporting of pine wood, except random inspection, could cause the disease to spread even further. On the other hand, the price of infected wood has fallen by 50% in Coimbra district, with locals worrying that logging businesses may go bankrupt due to the lack of healthy pine wood. Tens of thousands of trees have already died in Portugal and officials and experts fear that pine wilt disease, which has become out of control in the south-west corner of the continent, could spread further. Two species of pine are susceptible: the Maritime pine, which makes up almost a quarter of Portugal forests, and Scots pine, the most widespread pine species in Europe, often used for Christmas trees. Over the past ten years, millions of Euros have been invested in controlling this pine tree pest by felling and burning. Despite all the measures and concerns, more recently, outbreaks of the nematode were detected in other areas of Portugal, namely in Lousã, Arganil, and Penela. Based on this shocking ecological and economic scenario, it is undoubtedly a need to find management strategies that could be applied on PWN natural habitat as well as on wood products. The aim of this work is to study the potential of a new technology, based on a biological ingredient, to control the Pinewood Nematode. In vitro studies showed a remarkable efficacy of the biological ingredient and in situ studies are being conducted.

Drugs transporters in the fungus *Botrytis cinerea* during infection of treated and non-treated plants

E. Loisel^a, G. Mey^b, M.-C. Grosjean-Cournoyer^a, C. Bruel^a et F. Villalba^c

^aLaboratoire Mixte CNRS/UCBL/Bayer, 14-20 impasse Pierre baizet, 69009 Lyon, France; ^bLabo mixte CNRS Lyon I Bayer, 14 impasse P Baizet, 69263 Lyon Cedex 09, France; ^cBayercropscience, 14 impasse P Baizet, 69263 Lyon, France
elise.loisel@bayer.com

The grey mould fungus *Botrytis cinerea* causes losses of commercially important fruits, vegetables and ornamentals worldwide. Various fungicides with different modes of action are effective against this pathogen, but isolates with multiple fungicide resistance phenotypes (Multi Drug Resistance, MDR) have been observed with increasing frequencies. In fungi, two major types of membrane proteins participate to drug efflux: ATP binding cassette (ABC) and major facilitator superfamily (MFS) transporters. The activity of these proteins has often been correlated with their gene transcription level, and mutations leading to over-expression of individual genes has been shown to increase export and thereby reduce sensitivity to drugs. The objective of our work is to identify transporters involved in detoxication during infection of fungicide-treated plants. Gene expression profiling of the *Botrytis cinerea* ABC and MFS transporters genes has been investigated on non-treated and fungicide-treated plants using the Nimblegen microarray technology. This study aims at a better understanding of the putative role of the fungal efflux system in plant infection as well as in infection of treated plants.

Détection de mutations conférant la résistance aux strobilurines et aux benzimidazoles chez *Mycosphaerella fijiensis* à partir de l'observation de phénotypes de germination

J. Ngando,^a A. Rieux^b, A. Mehl^c, J. Carlier^b et L. De Lapeyre De Bellaire^d

^aCarbap, rue d'Inde, 842 Douala, Cameroun; ^bCIRAD-Bios, UMR BGPI, Campus international de Baillarg, 34398 Montpellier, France; ^cBayer CropScience, Aktiengesellschaft BCS AG-R-F-BF, 6240 Monheim, Allemagne; ^dCIRAD-Persyst, UPR Systèmes bananes et ananas, TA B-26 / PS4, Blvd. de la Liron, 34398 Montpellier, France

Des campagnes d'analyse du statut de la résistance au sein des populations fongiques de *Mycosphaerella fijiensis* sont régulièrement mises en œuvre dans les plantations industrielles de banane dessert afin d'orienter les stratégies de lutte chimique contre la Maladie des Raies Noires, une grave maladie foliaire du bananier. Dans la pratique, des tests de germination *in vitro* sont réalisés en routine pour détecter et quantifier les souches résistantes aux différents fongicides systémiques. Toutefois, l'observation des phénotypes de germination ne permet pas toujours une interprétation facile du statut des souches. L'objectif de la présente étude est de relier la présence des mutations qui confèrent la résistance aux benzimidazoles et aux strobilurines aux phénotypes de germination *in vitro*. Deux populations de 52 et 75 souches ont respectivement été génotypées par pyroséquençage pour la détection d'une part de la mutation G143A qui confère la résistance aux strobilurines et d'autre part de la mutation au point 198 du gène de la beta tubuline qui confère la résistance aux benzimidazoles. Chaque souche a été soumise à des tests de germination *in vitro* avec une série de fongicides à différentes concentrations dont le méthyl-thiophanate et le thiabendazole à des concentrations de 5 et 10 µg/mL pour les benzimidazoles et l'azoxystrobine et la trifloxystrobine à 10 et 30 µg/mL. La longueur des tubes germinatifs de chaque souche a été mesurée et différentes classes phénotypiques ont été établies tenant compte du mode d'action du fongicide. En présence de benzimidazoles on observe les phénotypes suivants : (i) absence de germination (NG), (ii) tubes germinatifs déformés (T), (iii) tubes germinatifs non déformés mais à croissance plus faible que celle du témoin (C) et (iv) tubes germinatifs semblables au témoin (N). Pour les strobilurines, la longueur du tube germinatif (L) et le pourcentage d'inhibition de croissance par rapport au témoin (GI) ont été mesurés. Les résultats ont montré que pour les benzimidazoles, les souches résistantes portant la mutation au codon 198 ont les phénotypes N, C ou N+C et dans quelques cas ne germaient pas. Les souches sensibles ne portant pas la mutation ont des tubes germinatifs déformés ou ne germent pas. Pour les strobilurines, le critère de la longueur absolue du tube germinatif ($L > 150 \mu\text{m}$) recommandé arbitrairement par certains auteurs (Frac), ne permet pas de détecter toutes les souches portant la mutation G143A. Il est également difficile de fixer une limite de pourcentage d'inhibition de croissance ($GI < 50\%$ par exemple) pour détecter toutes les souches portant cette mutation. Ainsi, pour cette classe de fongicides seul un test moléculaire permet de discriminer sans ambiguïté les souches portant ou non la mutation G143A.

Durability of plant major resistance genes to nematodes depends on the gene and on the genetic background, experimental evidence and consequences for breeding strategies

A. Barbary^a, A. Palloix^b, A. Fazari^a, N. Marteu^a, P. Castagnone-Sereno^a et C. Djian-Caporalino^a

^aINRA PACA, UMR1355, ISA, 400 Route des Chappes BP167, 06903 Sophia Antipolis, France;

^bINRA PACA, UR1052, GAFL, INRA-Avignon, BP 94, 84143 Montfavet, France
arnaud.barbary@sophia.inra.fr

Root-knot nematodes, *Meloidogyne* spp., are extremely polyphagous plant parasites worldwide. Since the use of most chemical nematicides is being prohibited, genetic resistance is an efficient alternative way to protect crops against these pests. However, resistance genes (R-genes) are limited and nematode populations are able to overcome them with time. Good management of these valuable resources is thus a key point of R-gene durability. In pepper, Me1 and Me3 are two dominant major resistance genes, currently used in breeding programs, that control *M. arenaria*, *M. incognita* and *M. javanica*, the three main root-knot nematodes species. These two genes differ in the hypersensitive response (HR) induced by nematode infection. In this study, they were introgressed in either a susceptible or a partially resistant genetic background in either homozygous or heterozygous allelic status. Confronting these genotypes with a high inoculation pressure of an avirulent *M. incognita* isolate demonstrated i) that the choice of the R-gene has to be considered since Me3 was broken down but not Me1, ii) that the genetic background plays an important role, Me3 being overcome more easily in a susceptible genetic background than in a partially resistant one, iii) that the allelic status has no effect for both genes. From the avirulent *M. incognita* isolate, a Me3 virulent laboratory-selected population was obtained by successive re-inoculation on a Me3 R-pepper line. This virulent line was tested on plants carrying the Me3 gene in different allelic status in a susceptible background. It showed that the number of alleles does not influence the selection pressure exerted on virulent root-knot nematode populations. Experiments are now underway to detect and localise QTLs of resistance to root-knot nematodes explaining the differences observed between susceptible and partially resistant genetic backgrounds, and to determine the effectiveness of their “protective” role on the major R-genes. All these results are of main importance for the creation of new varieties by breeders who have to take into account the plant material used and the resistance gene they want to introgress.

Activité comparée de trois inhibiteurs de l'enzyme de conversion de l'angiotensine dans la croissance et les taux hormonaux d'un ravageur des denrées stockées, *Ephesia kuehniella* Zeller

L. Kirane-Amrani et N. Soltani-Mazouni

Laboratoire de Biologie Animale, UNIVERSITE BADJI MOKHTAR ANNABA, ANNABA 23000, 23000 Annaba, Algérie
kiraneamrani@yahoo.fr

Le Captopril, Lisinopril et l'Enalapril sont des médicaments prescrits dans le traitement de l'hypertension artérielle chez les Mammifères. L'enzyme de conversion de l'angiotensine (ACE) des mammifères est cruciale dans l'homéostasie vasculaire des Mammifères. C'est une métallopeptidase de zinc ancrée à la surface des cellules et dont le rôle est le clivage d'un dipeptide C-terminale de l'angiotensine I pour produire un vasoconstricteur, l'angiotensine II. Chez les insectes, l'ACE est présente et joue un rôle différent de celui des Mammifères. Des études ont montré son rôle dans l'inhibition de l'hormone de mue (ecdystéroïdes) qui joue un rôle important dans le développement et la reproduction. Notre étude vise à évaluer l'effet de trois molécules sur le développement des chrysalides femelles d'un lépidoptère, ravageur des denrées stockées, *Ephesia kuehniella*. Ces molécules ont été diluées dans l'acétone et administrées par application topique à des chrysalides femelles nouvellement exuviées à la dose de 10 mg/ 2ml d'acétone. Les effets sont observés sur les types morphogénétiques induits, la durée du développement nymphal, la croissance pondérale et le profil des ecdystéroïdes au cours de la métamorphose. Les inhibiteurs de l'enzyme de conversion perturbent le développement et plusieurs types morphologiques sont observés selon l'importance de la transformation nympho-adulte: des adultes restant emprisonnés dans l'exuvie, des adultes muant partiellement et des adultes normaux. Chez ce dernier type, des malformations sont observées au niveau des élytres (courtes et froissées). Les traitements avec l'Enalapril et Lisinopril entraînent un allongement significatif de la durée du développement nymphal. Le dosage des ecdystéroïdes a été réalisé par une méthode immuno-enzymatique (EIA) dans le corps entier des chrysalides femelles à différents âges après traitement. L'efficacité des molécules sur l'évolution podérale et les taux hormonaux, montrent des effets plus marqués de l'Enalapril par rapport au Captopril et Lisinopril.

Management of *Bromus tectorum* and *Melilotus indica* through Allelopathy

N. Salhi

universite kasdi merba Ouargla, B P 511 Ouargla, 30000 Ouargla, Algérie
nesrinemed@yahoo.fr

The aim of the present study was to investigate the potential allelopathic effects of *Zygophyllum album*, *Euphorbia guyoniana*, *Retama retam*, (donor species) aqueous extract on germination efficiency of two weeds (*Bromus tectorum* and *Melilotus indica*) and one crop species (*Triticum aestivum*) under laboratory conditions. The germination percentage, plumule and radicle length of *Bromus tectorum* in mixed culture was completely inhibited at the highest concentration of aqueous extracts of the donor species level (10%). The two recipient species exerted weak measures as affected by the highest concentration level of all donors. This inhibition was markedly in obvious *Bromus tectorum* than in *Melilotus indica* indicating that *Bromus tectorum* is more sensitive to all of tested donors, while the *Melilotus indica* is more adapted to the aqueous extract than the *Bromus tectorum*.

Caractérisation morphologique des espèces fongiques responsables de l'antracnose sur pois, essais *in vitro* de l'action des polyphénols extraits de la plante hôte et du phoséthyl Aluminium sur la croissance mycélienne des souches de *Ascochyta*

S. Sahouli

*université de Mostaganem, 02 noui grinette mérine, 22410 Sidi Bel Abbes, Algérie
rabha1351@yahoo.fr*

Parmi les maladies que redoute le pois (*Pisum sativum* L.), l'antracnose cause des dégâts importants. Elle résulte d'attaques fongiques imputées à trois espèces du genre *Ascochyta*. L'objectif de la présente étude a pour but : L'identification des espèces de *Ascochyta* responsable de l'antracnose sur pois, ainsi que l'effet *in vitro* des polyphénols extraits de la plante hôte et du phoséthyl sur la croissance mycélienne des souches *Ascochyta*. La caractérisation morphologique des isolats étudiés basée sur l'aspect cultural de la colonie ainsi que la forme des pycniospores montre que les trois espèces, *Ascochyta pisi*, *Ascochyta pinodes* et *Ascochyta pinodella* sont présentes au niveau des isolats provenant de la zone d'étude. Le dosage des polyphénols foliaires du pois présente une teneur élevée chez les feuilles contaminées, en revanche, cette teneur est faible au niveau des feuilles saines. *In vitro*, l'activité antifongique des polyphénols sur la croissance mycélienne de *Ascochyta* est marquée par une inhibition. Cette dernière reste proportionnelle en fonction de la concentration des polyphénols et de l'espèce testée. L'arrêt total de la croissance mycélienne est obtenu à la dose de 100 µg/ml chez l'ensemble des souches testées. A l'exception de la dose 1000 ppm, le test *in vitro* de la confrontation du phoséthyl Aluminium avec les mêmes souches testées précédemment ne présente pas d'effet inhibiteur significatif sur la croissance fongique.

Résistance variétale des tubercules de pomme de terre vis-à-vis des pathogènes des genres *Pectobacterium* sp et *Dickeya* sp

R. Ladjouzi et R. Yahiaoui-Zaidi

Université de Béjaïa, Targa-Ouzemmour, Béjaïa, 06000 Béjaïa, Algérie
ladjouzir@yahoo.fr

Les maladies bactériennes de la pomme de terre représentent un handicap majeur pour l'économie agro-alimentaire mondiale, ainsi qu'en Algérie. Notre étude s'inscrit dans le cadre de la lutte prophylactique contre ces pathologies. Ainsi, nous avons évalué le degré de résistance naturelle des tubercules de différentes variétés de pommes de terre vis-à-vis des germes appartenant aux genres *Pectobacterium* et *Dickeya*, agents responsables de pourritures molles sur pommes de terre, ainsi que sur d'autres cultures végétales d'importance. Aussi nous avons utilisé deux souches appartenant au genre *Pectobacterium* (espèces ; *P. atrosepticum* 100T et *P. carotovorum* 98.1), ainsi qu'une seule souche du genre *Dickeya* (anciennement nommé *Pectobacterium chrysanthemi* 99.21). Tandis que le matériel végétal utilisé comprend quatre variétés locales de pommes de terre de consommation (deux cultivars à peau blanche : Timate et Diamant, ainsi que deux autres à peau rouge : Désirée et Kondor). Les tests ont été réalisés par la méthode d'inoculation des demi-tubercules, décrite par Ibrahim et al en 1978. La période d'incubation des échantillons est de cinq jours à une température comprise entre 22 et 25 °C. D'après les résultats obtenus, les bactéries testées présentent un net effet pathogène. *Pectobacterium atrosepticum* s'avère être les plus virulentes sur les quatre variétés de pomme de terre, *P. carotovorum* semblent moins agressifs, mais sont par contre plus largement présents. Tandis que les isolats du genre *Dickeya* sp présentent une virulence intermédiaire. En outre, on a constaté que les variétés Diamant puis Désirée sont les plus résistantes à la pourriture molle, tandis que les cultivars Timate et Kondor sont plus sensibles. Par ailleurs, vu que les symptômes engendrés sont pratiquement typiques et caractéristiques de chaque espèce de *Pectobacterium* et *Dickeya*, on peut affirmer que les essais d'infection sur demi-tubercules pourraient constituer un outil d'identification préliminaire assez fiable. Au terme de cette étude, il apparaît primordial d'approfondir la notion de résistance variétale de la plante et tubercules de pomme de terre qui pourrait se révéler une alternative intéressante aux autres méthodes classiques de lutte. De même, il serait aussi envisageable de l'extrapoler sur d'autres espèces végétales sensibles aux pourritures molles.

Évaluation de l'activité antifongique de *Solanum nigrum* sur deux séquences biologiques de *Fusarium oxysporum* f. sp. *radicis-lycopersici* : la croissance mycélienne et la sporulation

N. Kolai et F. Saiah

Université Mostaganem, lab.protection des végétaux, BP300, 27000 Mostaganem, Algérie
kolainaouel@yahoo.fr

Fusarium oxysporum f. sp. *radicis-lycopersici*, est parmi les champignons telluriques les plus agressifs, causant des flétrissements et des pourritures sur tomate. Dans le but de chercher d'autres alternatives de lutte contre ce champignon, nous étudions dans ce travail le pouvoir antifongique des extraits flavonoïques des feuilles et fruits de la morelle noire (*Solanum nigrum*). Cette aptitude a été recherchée *in vitro*, sur un milieu solide gélosé. Après stérilisation et répartition des milieux dans des boîtes de pétri à raison de 15 ml par boîte, les extraits flavonoïques (feuilles et fruits) sont dilués à 1/2 avec de l'eau distillé jusqu'à l'obtention des concentrations de (100% - 50% - 25% de l'extrait brut). 1ml de chaque concentration sont rajoutées à chaque boîte de Pétri contenant le milieu de culture en surfusion. Après solidification du celui-ci, l'ensemencement se réalise avec des explants de 5 mm de diamètre prélevés d'une culture âgée de 7 jours. Trois répétitions sont retenues pour chaque concentration. L'efficacité de chaque concentration étudiée, est estimée par le calcul du pourcentage d'inhibition de la croissance mycélienne et la sporulation du champignon testé, selon la formule de Rappilly, 1962. L'effet antifongique des extraits flavonoïques de la morelle noire est intéressant mais, s'est avéré différent sur les deux séquences biologiques de phytopathogène. Il semble que la sporulation est la plus affectée que la croissance mycélienne avec des valeurs inhibitrices presque identique pour les deux parties de la plante : Les concentrations en flavonoïdes des feuilles de *S.nigrum* réduisant 50% (IC50) et 90% (IC90) la croissance mycélienne sont de l'ordre de $3,24 \cdot 10^{-2}$ mg/g et $5,41 \cdot 10^{-2}$ mg/g respectivement, tandis que l'extrait des fruits a présenté une IC50 égale à 3,13 mg/g et $5,97 \cdot 10^{-2}$ mg/g respectivement. Par contre, sur la sporulation, on a enregistré des valeurs de CI50= 2,62% et CI90 = 4,22%, pour les feuilles et de CI50= 2,51% et CI90 = 4,00%, pour les fruits. Ces résultats bien que préliminaires, témoignent d'une bonne activité antifongique de la morelle noire, permettant de limiter et même de stopper le développement de l'agent pathogène.

Criblage et Caractérisation de Bactéries Antagonistes des Phytopathogènes Macergènes de la Pomme de Terre, *Pectobacterium* et *Dickeya*

Y. Raoul Des Essarts^a, A. Cirou^b, V. Hélias^c et D. Faure^d

^aFN3PT, ISV-CNRS, UMR 2355, 91198 Gif Sur Yvette, France; ^bISV-CNRS, 1 avenue de la Terrasse, 91198 Gif-Sur-Yvette, France, Metropolitan; ^cFN3PT, INRA, UMR 1349 IGEPP, 35327 Le Rheu, France; ^dISV-CNRS, 1 avenue de la Terrasse, 91198 Gif-Sur-Yvette, France
desessarts@isv.cnrs-gif.fr

La maladie de la jambe noire causée par les entérobactéries pectinolytiques des genres *Pectobacterium* et *Dickeya* est l'un des principaux motifs de refus de certification des pommes de terre de la filière plants en France et en Europe. Actuellement, il n'existe aucun traitement efficace pour lutter contre cette maladie, ni aucune variété végétale résistante. Cette étude explore une stratégie de bio-protection qui repose sur l'utilisation d'isolats bactériens capables d'inhiber la croissance bactérienne (antibiose) d'agents pathogènes appartenant aux genres *Pectobacterium* et *Dickeya*. Dans une première partie, ce travail montre que sur les 10000 bactéries isolées des différents sols français un peu moins de 150 isolats ont une activité d'antibiose *in vitro* contre les 4 pathogènes étudiés et que les meilleurs antagonistes de croissance appartiennent principalement à 2 genres bactériens, les *Pseudomonas* (60 %) et les *Bacillus* (30 %). Par la suite, des tests de contrôle de la virulence sur tranches de tubercules puis sur tubercules entiers ont permis d'apprécier de manière plus précise l'efficacité de chaque isolat à diminuer l'apparition des symptômes de pourritures molles causés par *Pectobacterium* et *Dickeya*. Ces tests ont conduit à sélectionner 2 isolats montrant une diminution des symptômes de virulence de *Dickeya*. Dans une dernière partie, ce travail a permis de tester, dans un pathosystème en serre développé avec le pathogène *D. dianthicola*, l'efficacité d'antibiose de ces 2 isolats choisis dans des conditions se rapprochant de celles du champ. Ces travaux permettront d'évaluer la possibilité d'utiliser des antagonistes naturels comme agents biologiques de lutte contre les bactéries pectinolytiques de la pomme de terre.

Lutte biologique contre *Pectobacterium* : Génomique de l'agent phytoprotecteur *Rhodococcus erythropolis* R138

A. Kwasiborski^a, S. Mondy^b, A. Cirou^a et D. Faure^b

^aISV-CNRS, 1 avenue de la Terrasse, 91198 Gif-Sur-Yvette, France, Metropolitan; ^bISV-CNRS, 1 avenue de la Terrasse, 91198 Gif-Sur-Yvette, France
kwasiborski@isv.cnrs-gif.fr

La bactérie rhizosphérique *Rhodococcus erythropolis* R138 est un agent de lutte biologique contre le pathogène de la pomme de terre *Pectobacterium* dont la virulence est régulée par quorum-sensing. Les capacités de dégradation des signaux de quorum sensing permettraient à *Rhodococcus* d'être une alternative intéressante aux produits chimiques. Le développement de ce produit phytosanitaire nécessite la définition de marqueurs moléculaires pour son suivi au champ et une meilleure connaissance des mécanismes de phytoprotection (quorum quenching) et appellent le séquençage complet de son génome. Le génome de *R. erythropolis* R138 a été obtenu en couplant des séquençages 454-Roche et Illumina puis l'assemblage a été finalisé par clonage et séquençage Sanger. En comparant ce génome à d'autres génomes disponibles de *Rhodococcus* et d'autres isolats de *R. erythropolis*, des régions spécifiques de *R. erythropolis* R138 seront recherchées et permettront de proposer des marqueurs moléculaires souche-spécifique permettant le suivi de l'agent biologique aux champs. Enfin, l'accès au génome de *R. erythropolis* R138 permettra de développer des approches fonctionnelles (transcriptomique et/ou protéomique) afin d'identifier et comprendre les gènes et fonctions impliqués dans l'antagonisme. Cette partie du projet nécessite la mise au point d'un modèle in situ permettant de co-inoculer sur pomme de terre l'antagoniste et le pathogène. Ainsi, la triple interaction hôte/antagoniste/pathogène sera prise en compte.

Etude de l'effet nématocide de saponines de la gypsophile sur la survie de deux nématodes en conditions contrôlées

F. Pensec^a, A. Marmonier^b, S. Gersch^b, J. Chong^a, M. Henry^c, G. Demangeat^b et C. Bertsch^a

^aLVBE Université de Haute Alsace, 33 rue de Herrlisheim, 68000 Colmar, France; ^bINRA Santé de la vigne, 28, rue de Herrlisheim, 68000 Colmar, France; ^cFaculté de Pharmacie, 5, rue Albert Lebrun, 54000 Nancy, France
flora.pensec@uha.fr

La maladie du court-noué de la vigne est une maladie à virus qui entraîne une dégénérescence ou un dépérissement de la vigne. Elle est présente dans la majorité des vignobles de par le monde. Elle conduit souvent à une baisse de rendement et de la qualité de la récolte et à un arrachage prématuré de la parcelle. Le virus dénommé Grapevine fanleaf virus (GFLV) est le principal agent responsable de cette maladie. En France, l'Arabis mosaic virus (ArMV) est également responsable de cette maladie mais dans une moindre mesure. Ces deux Nepovirus sont transmis naturellement et spécifiquement de vigne à vigne par deux espèces différentes de nématodes vecteurs : *Xiphinema index* pour le GFLV et *X. diversicaudatum* pour l'ArMV. Cette transmission a lieu lors de l'alimentation des nématodes au niveau des racines de vignes en croissance. La désinfection des sols permettait de contrôler les populations de nématodes vecteurs du court-noué sans pour autant les éradiquer. De plus, l'Aldicarbe (granulés) et le Dichloropropène (fumigants), molécules ayant une toxicité aiguë sont aujourd'hui interdits. Ainsi, aucune solution technique n'est disponible pour le viticulteur pour désinfecter le sol. De nombreuses études se tournent vers l'utilisation de produits d'origine végétale afin de diversifier les méthodes de lutte. Les saponines, composés préformés et stockés dans certaines plantes, participent aux défenses basales de la plante qui les produit et se révèlent avoir un potentiel de lutte très intéressant contre une large gamme d'agents pathogènes. Des expérimentations en milieu liquide, complétées par une étude en sol au laboratoire ont permis de montrer l'effet nématocide des saponines extraites des racines de la gypsophile (*Gypsophila paniculata*). Ces études constituent un modèle permettant de déterminer une dose conseillée d'apport de saponines dans un sol pour lutter contre ces deux nématodes. Afin d'estimer l'impact environnemental de l'utilisation des saponines de la gypsophile en tant que traitement nématocide, différents tests ont été réalisés sur des indicateurs de l'équilibre environnemental. Les indicateurs de la vie du sol sont la germination de *Glomus mosseae*, champignon mycorhizien de la vigne impliqué dans le cycle du phosphore, la nitrification et la respiration globale du sol. Les indicateurs de la vie aquatique sont les lentilles d'eau, les daphnies et les algues. L'ensemble de cette étude permet de déterminer une dose d'apport de saponines optimale pour lutter contre les nématodes sans impacter la vie du sol et du milieu aquatique proches de la zone de traitement.

Evolution de l'agressivité de *Melampsora larici-populina* suite à un évènement majeur de contournement d'un gène de résistance qualitative

B. Fabre, F. Halkett et P. Frey

INRA UMR1136 IAM, Route d'Amance, 54280 Champenoux, France
benedicte.fabre@nancy.inra.fr

La rouille du peuplier, causée par *Melampsora larici-populina* (Mlp), est une maladie foliaire très dommageable. Ce champignon effectue de nombreux cycles de multiplication asexuée durant la saison de végétation, provoquant des défeuillaisons précoces qui perturbent fortement la mise en réserve de substances azotées et carbonées. La plupart des cultivars de peuplier ont été sélectionnés vis-à-vis de leur résistance qualitative totale à Mlp (Lemoine & Pinon, 1978). Ainsi, depuis plusieurs décennies, de nombreux cultivars déployés ont été infectés suite au développement d'isolats virulents de Mlp. Planté depuis les années 1980, le cultivar 'Beaupré' a représenté plus de 80% des plantations du Nord de la France. Les premiers isolats capables de contourner sa résistance qualitative ont été mis en évidence en 1994 dans le Nord de la France (Pinon, 1995). Pour ce cultivar, la perte de croissance due à la rouille est estimée de 20% à 30% de la biomasse en première année d'infection, et de 50% à 60% de la biomasse les années suivantes (Gastine et al., 2006). Cette étude a pour but d'étudier un trait de vie particulier de la rouille, le temps de latence, afin de préciser si l'acquisition d'une nouvelle virulence chez le champignon s'est traduite par une modification de son agressivité. Le temps de latence est défini, ici, comme le temps nécessaire à la sporulation de 50% des urédies formées à la surface d'une feuille de peuplier. Quarante isolats de Mlp, capables d'infecter 'Beaupré' et récoltés de 1994 à 2006, ont été inoculés sur des feuilles du cultivar 'Robusta' (cultivar sensible à toutes les virulences connues de Mlp). Jusqu'au 13^{ème} jour post-inoculation, les urédies sporulant ont été dénombrées. Une courbe sigmoïde a été ajustée sur la cinétique d'apparition des urédies de chaque isolat grâce à une loi Probit (Shaner, 1980). Les courbes ainsi réalisées ont permis le calcul du temps de latence pour chaque isolat. Les résultats obtenus montrent une diminution du temps de latence au cours du temps. En 1994 et 1995, les temps de latence obtenus sont élevés, soit environ 10 jours. Une diminution forte en 2 ans des temps de latence est ensuite observée, suivie d'une stabilisation à environ 7,5 jours. Ces résultats suggèrent que la mutation de virulences apparue en 1994 aurait été accompagnée par une diminution de l'agressivité, qui aurait été restaurée quelques années plus tard.

Use of genome-wide analysis for deciphering the role of master regulators during the first stages of *Arabidopsis* infection by the enterobacterium *Dickeya dadantii*E. Chapelle^a, B. Alunni^a, J. Pédrón^a, P. Malfatti^b, L. Solier^a et F. Van Gijsegem^a^aUMR217 INRA/AgroParisTech/UPMC, 16 rue Claude Bernard, 75005 Paris, France; ^bUMR217 INRA-AgroParisTech-UPMC, 16 Rue Claude Bernard, 75005 Paris, France
vangijse@agroparistech.fr

The broad host range phytopathogenic bacterium *Dickeya dadantii* is the causal agent of soft rot disease in many crops and ornamentals. Soft rot symptoms are mainly caused by the production and secretion of plant cell wall-degrading enzymes (CWDE). Several other factors are however essential in the first stages of plant-bacterium interactions leading to an efficient plant colonization and ultimately to disease expression. The production of these diverse pathogenicity factors is finely tuned by complex and intertwined bacterial regulatory networks and the role of several global regulators involved in this control, such as PecS, GacA and MfbR, has been characterized. GacA and MfbR are required for the expression of virulence factors encoding genes both *in vitro* and *in-planta* while PecS prevents the early expression of these genes during the asymptomatic colonization phase of infection (Lebeau et al, 2008; Reverchon et al, 1994; 2010; Mhedbi-Hajri et al, 2011). To have a genome-wide view of the effects of these regulators on bacterial gene expression in planta, we devised a new method allowing the isolation of bacterial RNA from infected plant leaves during the early phases of infection. This permitted us to compare by microarrays the *D. dadantii* transcriptomic profiles in bacteria present on leaves surfaces and in planta. Comparisons of the profiles of a *pecS* mutant with those of the wild type parent revealed that, in bacteria present on surface leaves at the beginning of infection (6 hours post infection), about 400 genes are differentially modulated. In addition to genes involved in protein secretion or encoding secreted proteins (pectinases, proteases, type III effectors), the most represented categories included genes involved in metabolism, transport, motility/chemotaxis and encoding regulatory proteins. More than one half of these genes are also modulated in the wild type parent at the onset of maceration (24 hpi) as compared to their expression on leaves surfaces. By contrast, at the onset of maceration, only a few dozens genes show a differential expression in the *pecS* mutant as compared to the wild type parent. Among them are the genes clustered around the *pecS* gene and these genes are highly expressed throughout the infection both during the asymptomatic colonization phase and at the onset of maceration. Collectively, these data confirmed the role of PecS as a key regulator during the colonization phase of infection and allowed the identification of new genes putatively important in *D. dadantii* virulence.

Identification des moisissures pathogènes de quelques arbres fruitiers

S. Akroum

*Université de Jijel, Cité Ouled Aissa. BP98, 18000 Jijel, Algérie
muorka00@yahoo.com*

Les pathologies végétales causées par les moisissures sont à l'origine d'une grande perte agricole et économique et ce à cause de la grande capacité des moisissures à dégrader différents substrats, y compris les plus difficiles, ainsi qu'à la grande vitesse de dissémination de certaines espèces. Dans ce travail, nous nous sommes intéressés aux moisissures phytopathogènes altérant les pommiers, les poiriers et les vignes. Notre objectif était d'isoler et d'identifier le maximum d'espèces responsables des altérations de ces plantes. D'après les résultats obtenus, des espèces des genres *Peronospora*, *Rhizopus*, *Cladosporium*, *Aspergillus*, *Botrytis* et *Penicillium* étaient responsables des biotériorations des vignes, et des espèces de *Fusarium*, *Botrytis*, *Penicillium*, *Alternaria* et *Aspergillus* responsables des altérations des pommiers et des poiriers. Parmi les espèces ayant biotérioré au plus les plantes citées nous avons pu identifier *Penicillium chrysogenum*, *P. expansum*, *Botrytis cinerea*, *Rhizopus stolonifer*, *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus niger* et *Peronospora viticola*.

Determination of Phenolic Compounds of *Malva sylvestris* leaves and study of their antioxidant activity

H. Boutennoune^a, L. Boussouf^a, K. Madani^b et M. Kebieche^a

^auniversité de jijel, BP98 OULED AISSA JIJEL, 18000 Jijel, Algérie; ^bUniversité de Bejaia, Terga Ouzamour, Bejaia, 6000 Bejaia, Algérie
biologiehanane@yahoo.fr

Polyphenols are secondary plant metabolites, widely distributed in plants. Their health benefits arise from the antioxidative effects of these phytochemicals, which are based on their ability to scavenge different free radicals leading to the protection of biological molecules against oxidation. The antioxidants present in plant cells play a relevant role in controlling ROS (Reactive Oxygen Species) homeostasis through enzymatic and non-enzymatic reactions, acting in different cell compartments. In this study, methanol extract from *Malva sylvestris* was evaluated for its phenols content using Folin-Ciocalteu reagent and antioxidant activity using different methods: 1, 1- diphenyl 2- picryl-hidrazyl (DPPH) radical scavenging activity reducing activity of H₂O₂ and ferric reducing power assay. The result for total phenols content shows a high content of these compounds. An important content of flavonoids and flavonols was also detected. The results of the antioxidant activities obtained indicate that, about of measurement method, *Malva sylvestris* records a high capacity.

Polyphenols content and *in vitro* antioxidant activity of methanolic extract from *Mentha rotundifolia*

L. Boussouf^a, H. Boutennoune^a, K. Madani^b et M. Kebieche^a

^auniversité de jijel, BP98 OULED AISSA JIJEL, 18000 Jijel, Algérie; ^bUniversité de Bejaia, Terga Ouzamour, Bejaia, 6000 Bejaia, Algérie
boussouflilia@yahoo.fr

There is abundant evidence that a great number of aromatic, spicy, medicinal and other plants contain chemical compounds exhibiting antioxidant properties. With this respect a particular interest has been given to plant polyphenols. The natural polyphenols have an ideal structure for capturing of free radicals and it was found that their antioxidant activity surpasses the effect of known antioxidants, such as the vitamins A and E. In this study, methanol extract from *Mentha rotundifolia* was evaluated to investigate its phenols content, and *in vitro* antioxidant activity using three different methods: 1,1- diphenyl 2- picryl-hidrazyl (DPPH) radical scavenging assay, reducing activity of H₂O₂ and ferric reducing power assay. Total phenolic content was determined as gallic acid (GAE) equivalent. Flavonoids and flavonols contents were determined as quercetin (QE) equivalents. The obtained results showed that the total phenolic content was 498.24mg GAE/ g crud extract (CE). The amount of total flavonoids and flavonols were 104.97 mg QE/ g CE and 50 mg QE/g CE respectively. The results of the antioxidant activity indicated that *Mentha rotundifolia* recorded a good capacity.

Les glucanes périplasmiques osmorégulés contrôlent la virulence de *Dickeya dadantii* en modulant l'activation du système phosphorelais RcsCDB

S. Bontemps-Gallo, E. Madec, J. Dondeyne et J.-M. Lacroix

UGSF UMR 8576 CNRS Lille 1, Bâtiment C9 rue mendeleiev, 59655 Villeneuve D'Ascq, France, Metropolitan

bontemps.gallo.sebastien@gmail.com

Osmoregulated periplasmic glucans (OPGs) are general constituents of many Proteobacteria. Synthesis of these oligosaccharides is repressed by increased osmolarity of the medium and are important factors required for full virulence in many phyto or zoopathogens. The phytopathogen enterobacterium *D. dadantii* causes soft-rot disease on a wide range of plant species. The total loss of virulence of opg-negative strains of *D. dadantii* is linked to the constitutive activation of the RcsCD RcsB phosphorelay highlighting relationship between this phosphorelay and OPGs. OPGs control the RcsCD RcsB activation level in a concentration dependent manner. OPGs are required for proper activation of this phosphorelay by medium osmolarity and a high level of OPGs concentration *in planta* is needed to maintain the low level of activation of the RcsCD RcsB phosphorelay required for full virulence in *D. dadantii*.

Les glucanes Périplasmiques osmorégulés (OPG) sont des constituants généraux de l'enveloppe des Protéobactéries. La synthèse de ces oligosaccharides est réprimée par l'augmentation de l'osmolarité du milieu et ce sont d'importants facteurs de virulence pour de nombreuses bactéries phyto ou zoopathogènes. L'entérobactérie phytopathogène *D. dadantii* provoque la maladie de la pourriture molle sur un grand nombre d'espèces végétales. La perte totale de virulence des mutants Opg- est liée à l'activation constitutive du phosphorelais RcsCD RcsB mettant en évidence les relations unissant ce phosphorelais aux OPG. La concentration d'OPG contrôle le niveau d'activation l'activation du système RcsCD RcsB. Les OPG sont indispensables pour l'activation de ce phosphorelais par l'osmolarité du milieu et une forte concentration d'OPG *in planta* est nécessaire pour maintenir le bas niveau d'activation du phosphorelais RcsCD RcsB requis pour le bon déroulement de la virulence chez *D. dadantii*.

New enzymes involved in plant cell wall degradation secreted by the phytopathogenic bacteria *Dickeya dadantii*

S. Hassan et N. Hugouvieux-Cotte-Pattat

UMR5240 CNRS-UCBL-INSA, Domaine Scientifique de la Doua, bâtiment Lwoff, 10 rue Dubois, 69622 Villeurbanne, France
susanhasan_4@hotmail.com

Structure of the plant cell wall is dependent on a complex network of polysaccharides. It can be dissociated by the concerted action of depolymerising enzymes produced by plant-associated microorganisms. *Pectobacterium* and *Dickeya* species are highly pectinolytic bacteria responsible for soft-rot diseases of a wide range of plant species. They produce a complete set of pectinases as well as additional enzymes which lead to a complete degradation of the plant polysaccharides. Plant cell wall degrading enzymes may have industrial applications (food industries, pharmaceutical industries etc). Using diverse approaches, we identified novel enzymes produced by *Dickeya dadantii*. By screening a *D. dadantii* gene bank with a specific test, we detected two genes, *faeD* and *faeT*, encoding a new class of feruloyl esterases (4-hydroxy-3-methoxycinnamoyl-sugar hydrolase). By bioinformatics analysis, we disclosed a new pectate lyase gene, *pelN*. *FaeD* and *PelN* are extracellular proteins secreted by the Out system which mediates the secretion of the *D. dadantii* extracellular pectinases. In contrast, *FaeT* is a cytoplasmic protein. These enzymes were overproduced in *E. coli* to determine their main biochemical properties. *FaeD* and *FaeT* are activated by ferulic acid which also induces the expression of *faeD* and of the main *D. dadantii* pectate lyase genes. *PelN* has an unusual pectate lyase activity; it acts at neutral pH in the presence of Fe^{2+} as cofactor and its activity is weakly affected by pectins methylation.

***Agrobacterium tumefaciens* may take advantage of quorum-quenching lactonases to reduce the Ti-plasmid dissemination of the invading cheaters**M. Tannières et D. Faure*ISV-CNRS, 1 avenue de la Terrasse, 91198 Gif-Sur-Yvette, France
tannieres@isv.cnrs-gif.fr*

Quorum-sensing (QS) controls collective behavior in several bacterial plant pathogens, using N-acylhomoserine lactones (NAHLs) as cell-to-cell signals. In *Agrobacterium tumefaciens*, QS positively regulates the horizontal transfer of the tumor-inducing (Ti) plasmid, which encodes virulence functions, as well as synthesis and sensing of the NAHLs. However, several bacteria and eukaryotes, including *A. tumefaciens* and its plant hosts, express NAHL-degrading enzymes, such as NAHL-lactonases. The role of NAHL-lactonases in plant-pathogen interaction is still unclear. In this work, we tested the hypothesis by which the *Agrobacterium* and plant-host lactonases would contribute to reduce sexual cheating of *Agrobacterium* invaders, which do not produce NAHLs, but use those of others to promote horizontal transfer of their own NAHL-deficient Ti-plasmid. This work revealed unexpected roles of NAHL-lactonases in bacterial cheating and host-bacteria interactions.

Rôle du chimiotactisme dans la spécificité d'hôte des *Xanthomonas*

A. Indiana, A. Darrasse et M.-A. Jacques

INRA, IRHS UMR1345, Batiment C, 42 rue Georges Morel, BP 60057, 49071 Beaucouzé Cedex, France

marie-agnes.jacques@angers.inra.fr

Les *Xanthomonas* spp. sont des bactéries phytopathogènes responsables de maladies ayant un impact socio-économique majeur. Chez ces bactéries, l'adaptation à l'hôte est engagée dès les étapes précoces de l'interaction. En effet, Mhedbi-Hajri et collègues (2011) ont montré, par génétique d'association, que les répertoires des gènes codant des senseurs du chimiotactisme et des adhésines corrélaient avec le regroupement des souches en pathovar et donc avec leur pathologie (gamme d'hôte et spécificité tissulaire). L'objectif de ce travail est de démontrer par une démarche de génétique fonctionnelle l'implication du chimiotactisme dans la spécificité d'hôte de *X. campestris* pv. *campestris* (Xcc). Deux mutants ont été construits : l'un a été délété de *cheY*, gène codant une protéine clef dans la transmission du signal chimiotactique et l'autre d'un gène codant un senseur chimiotactique (MCP0324). Le mutant *cheY* est non tactique et est altéré, par rapport au parent sauvage, dans sa capacité à coloniser le radis, plante hôte, et la tomate, plante non-hôte. La souche délétée du senseur MCP0324 s'internalise efficacement dans les tissus foliaires des plantes non-hôtes telles que la tomate, le haricot ou la giroflée, contrairement au parent sauvage qui reste confiné à la surface des feuilles de ces plantes. En revanche, il est affecté dans sa capacité à s'internaliser dans les tissus foliaires de l'arabette, plante hôte, contrairement à la souche parentale. Ainsi, ce senseur détecterait une molécule répulsive chez la plante non-hôte et/ou attractive chez la plante hôte. Les différents résultats obtenus montrent l'importance du chimiotactisme dans la colonisation des plantes par Xcc conduisant ou non à son internalisation dans les tissus.

Implication des facteurs sigma dans la conservation des bactéries sur des graines d'*Arabidopsis thaliana*

S. Pochon^a, A. Boulanger^b, E. Lauber^b, M. Arlat^b, A. Darrasse^a et M.-A. Jacques^a

^aINRA, IRHS UMR1345, Batiment C, 42 rue Georges Morel, BP 60057, 49071 Beaucozéd Cedex, France; ^bINRA, UMR LIPM, chemin de Borde-Rouge, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France
marie-agnes.jacques@angers.inra.fr

Chez les bactéries, la mise en place d'une réponse adaptative dépend de l'initiation de la transcription dans laquelle interviennent les facteurs σ . Ces derniers sont généralement connus pour être impliqués dans la régulation du métabolisme azoté, la virulence et la réponse à de multiples stress. *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* ATCC33913 possède deux facteurs σ_{54} et plusieurs facteurs σ_{70} . Nous avons étudié le rôle de ces protéines lors de la phase de conservation des bactéries sur les graines. Deux simples mutants σ_{54} (Xcc Δ 1935 et Xcc Δ 2802), le double mutant correspondant et un simple mutant σ_{70} (Xcc Δ 1143) ont été construits par délétion. L'ensemble de ces souches présente une croissance *in vitro* en milieu liquide identique à celle de la souche sauvage. Nous avons évalué leur capacité d'adhésion *in vitro*, leur capacité de conservation *in vitro* en microcosme et *in vivo* sur des graines de l'écotype sensible d'*Arabidopsis thaliana* sf-2 à deux températures différentes (4°C et 25°C). Xcc Δ 2802 et le double mutant σ_{54} présentent des phénotypes similaires. En effet, leur capacité d'adhésion *in vitro* est fortement diminuée par rapport à la souche sauvage, ainsi que leur durée de conservation *in vitro* ou sur des graines d'*A. thaliana*. Les mutants Xcc Δ 1143 et Xcc Δ 1935 présentent respectivement le même comportement que la souche sauvage et un phénotype intermédiaire entre la souche sauvage et le simple mutant Xcc Δ 2802. La résistance de ces mutants à divers stress abiotiques (stress oxydatif et stress osmotique) et leur capacité à former des biofilms est en cours d'évaluation.

Caractérisation des métabolites de *Fusarium oxysporum* f. sp. *albedinis* (F.o.a.), agent causal du “ bayoud ” du palmier dattier, par HPLC-ESI-MS

T. Ait Kettout- Azouaoui^a, O. Puel^b, S. Tadrisc^c et F. Rahmania^d

^aLRZA/FSB/USTHB, BP n°32 El ALIA, 160011 Bab Ezzouar Alger, Algérie; ^bUMR TOXALIM UMR 1331 INRA, 180, Chemin de Tournefeuille,, 31931 Toulouse, France; ^cUMR TOXALIM UMR 1331 INRA, 80, Chemin de Tournefeuille,, 31931 Toulouse, France; ^dLRZA/FSB/USTHB, BP n°31 El ALIA, 160011 Bab Ezzouar Alger, Algérie
tazouaoui@usthb.dz

La souche de *Fusarium oxysporum* f. sp. *albedinis* (F.o.a.) que nous avons utilisée a été isolée à partir d'un rachis de palmier dattier présentant les symptômes de la fusariose vasculaire, ou bayoud, dans la région de Ghardaia au Nord- Sud de l'Algérie. Ce pathogène est cultivé *in vitro* sur milieu Gzapek-Glucose dont l'extrait est analysé par des méthodes chromatographiques. La comparaison du profil métabolique par HPLC-ESI-MS, (poids moléculaires et spectres UV), des molécules isolées de F.o.a. et d'autres formae speciales de *Fusarium oxysporum* (F. o. *canariensis*, F. o. *fabae*, F. o. *lactucae*, F. o. *lillii*, F. o. *lycopersici*, F. o. *melonis*), cultivées dans les mêmes conditions, nous a amené à révéler que 10 molécules sont spécifiques à F.o.a. Il s'agit des ions moléculaires de 247, 288 et 363 détectés en mode d'ionisation positive et 206, 200, 200, 268, 234, 358 et 356, détectés en mode d'ionisation négative. Ces composés n'ont jamais été ni isolés ni identifiés chez F.o.a., ce qui constitue une contribution importante à la connaissance de l'agent causal du bayoud. L'identification de ces métabolites est en cours dans notre laboratoire.

T-DNA mediated insertional mutagenesis: evidence of a new gene implied in the early phase of pathogenic development of *Botrytis cinerea*

S. Kaiser^a, L. Chandat^a, F. Villalba^b, M.P. Latorse^b, G. Billon-Grand^a, M. Viaud^c, J. Schumacher^d, P. Tudzynski^d, G. Mey^a et N. Poussereau^a

^aLabo mixt CNRS Lyon I Bayer, 14 impasse P Baizet, 69263 Lyon Cedex 09, France;

^bBayercropscience, 14 impasse P Baizet, 69263 Lyon, France; ^cUR BIOGER-CPP, INRA, Av. L. Brétignière, 78850 Grignon, France; ^dWest West Wihelms Universitat, Hindenburgplatz 55, 48143 Münster, Allemagne
nathalie.poussereau@univ-lyon1.fr

A collection of mutants of the grey mould fungus *Botrytis cinerea*, has been constructed in order to provide the support for the identification of both fungal functions that are essential for the pathogenic development and/or plant defence traits raised in the host plant. A random insertional mutagenesis strategy based on the *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation (ATMT) is used to enlarge an existing mutant library (2367 lines, Giesbert et al. 2011). 2144 additional T-DNA integrated transformants have been generated. The insertion sites of the T-DNA are being determined using TAIL-PCR and capacity to infect the host plant is assayed. These data are organized into a genome-orientated database of tagged genes and will be available for the scientific community. One exploitation of this mutant library focuses on the characterization of mutants whose parasitic development *in-planta* is hampered. We present here an example of the study of a new gene encoding a DnaJ domain protein. The T-DNA mutant exhibited a drastic alteration of the infectious process on bean leaves. Deletion of the studied gene confirmed this phenotype and revealed that colonization process was also altered on different host plants. A defect in penetration and an abnormal infection cushion formation were registered. A dramatic reduced conidiation and an abnormal hyphal morphology were also observed. Resistance/sensitivity to ROS, formation of ROS and oxalic secretion were investigated. Finally, *in vitro* assays for the secretion of lytic enzymes are currently developed to start the exploration of the secretome produced by this strain and attribute a function to this new gene.

Activité insecticide de *Bacillus thuringiensis* contre la mouche méditerranéenne des fruits *Ceratitis capitata* (wied.) dans la région de Tlemcen

Z. Salah, M. Kebdani, L. Tabti et N. Gaouar-Benyelles

Université Abou Bekr Belkaid, Fa, BP 119 Imama Tlemcen 13000 Algér, 13000 Tlemcen, Algérie
gaouarn@yahoo.fr

L'étude bioécologique de *Ceratitis capitata* (Diptera ; Tephritidae) a permis d'obtenir un certain nombre de résultats qui ont servi à connaître la répartition spatio-temporelle des attaques de la cératite sur les citrus sinensis de la variété Washington navel. Ainsi elle a permis d'estimer les taux de l'infestation des fruits et les dégâts occasionnés par ces phytoparasites dans la région de Tlemcen. Les travaux menés sur l'activité et le pouvoir insecticide du *Bacillus thuringiensis* Var israelensis de la forme commercialisé VECTOBAC 200UT/mg sur les différents stades de *Ceratitis capitata* ont été très encourageants; la bactérie *Bacillus thuringiensis* présente une activité insecticide contre les deux stades nuisibles de la cératite (Larve et adulte) avec une DL50 = 223,86 UT/ml et une DL80 = 669,32UT/ml grâce aux deux type de toxines synthétisées par cette bactérie. En effet, l'étude microbiologique a permis d'isoler cinq souches de *Bacillus thuringiensis*, Nous pouvons donc espérer une lutte microbiologique naturelle qui s'exercerait à partir de ces souches qui accompagnent d'une manière naturelle les oranges.

Comparison of colonization processes on sunflower cotyledons between *Botrytis cinerea* and *Sclerotinia sclerotiorum*

G. Billon-Grand^a, C. Rasclé^a, J. Rollins^b et N. Poussereau^a

^a*Labo mixt CNRS Lyon I Bayer, 14 impasse P Baizet, 69263 Lyon Cedex 09, France;* ^b*University of Florida, Department of Plant Pathology, Gainesville, FL 32611-0680, USA*
genevieve.billon-grand@bayer.com

During pathogenesis on sunflower cotyledons, *B. cinerea* (strain BO5.10) and *S. sclerotiorum* (strain S5) show a striking resemblance in symptom development. Based on the pH change profile of colonized tissues, the colonization process can be divided in two stages. The first stage is associated with a pH decrease, the second stage is correlated with a pH increase. For both fungi, citric and succinic acids are responsible for the observed pH decrease, oxalic acid being produced during the second stage of the colonization. The second stage is concomitant with a decrease in free amino acids and accumulation of ammonia in decaying tissues. Compared to *S. sclerotiorum*, *B. cinerea* produces 8-fold less oxalic acid and 2-fold more ammonia and these significant differences appear responsible for those observed for pH value fluctuations. At different stages of the colonization process, expression of genes encoding secreted proteases was investigated by RT-qPCR. This analysis shows that protease genes are predominantly activated during the second stage of the colonization process. Furthermore, the expression level of *B. cinerea* protease genes is from 2 to 4-fold higher than that of *S. sclerotiorum*. In this way, proteases potentially would be a more significant tool for the colonization process of *B. cinerea* relative to *S. sclerotiorum*. In vitro assays support these results. They also show that decreases in pH are linked to glucose consumption. For both fungi, these studies suggest that oxalic acid is not an essential factor for the colonization process on sunflower cotyledons since it is produced at a late stage of the colonization. They also suggest that *S. sclerotiorum* and *B. cinerea* significantly differ in glycolysis or in TCA cycle regulation. At last, they highlight that the pH dynamic, rather than the creation of a static acidic environment, seems to be important in determining colonization success.

Analyse fonctionnelle d'une protéine à domaine SCP-like de *Phytophthora parasitica* exprimée lors de la pénétration de la plante hôte

N. Minet-Kebdani, E. Evangelisti, F. Panabières et M. Gourgues

UMR ISA INRA 1355/UNS/CNRS 7254, 400 route des Chappes, BP 167, 06903 Sophia Antipolis, France, Metropolitan

Les oomycètes du genre *Phytophthora* sont des pathogènes filamenteux qui, du fait de leur morphologie, ont longtemps été confondus avec des champignons vrais. Les études phylogéniques ont montré que ces derniers étaient plus proches des algues brunes que des champignons filamenteux. Leurs caractéristiques physiologiques particulières font que les traitements de lutte actuels sont inefficaces contre la maladie. Il semble donc nécessaire de comprendre les mécanismes moléculaires impliqués dans l'interaction entre le pathogène et ses plantes hôtes afin de proposer de nouvelles méthodes de lutte efficaces contre ces pathogènes tout en étant respectueux de l'environnement. Afin d'identifier des méthodes de lutte capables d'interférer avec la mise en place de la maladie, nous étudions les étapes précoces des interactions compatibles entre *Phytophthora parasitica* et ses plantes hôtes. Cet oomycète a un large spectre d'hôtes qui comprend en particulier des solanacées comme le tabac et la tomate.

Au laboratoire, une analyse transcriptomique a été effectuée afin d'étudier les modulations de l'expression génique chez *P. parasitica* dans les premières heures de l'interaction avec la plante modèle *Arabidopsis thaliana*. Un groupe de gènes exprimés dans les structures dédiées à la pénétration (appressoria) et lors de l'invasion des premières cellules de l'hôte mais absents lors de la phase nécrotrophe de l'interaction ont été mis en évidence. Parmi ces gènes, nous avons choisi d'effectuer l'étude fonctionnelle d'un gène (*PpSCPL1*) codant pour une protéine sécrétée possédant un motif SCP-like extracellulaire. Ces protéines, riches en cystéines, sont retrouvées aussi bien dans les organismes eucaryotes que procaryotes. Chez les mammifères, elles jouent des rôles importants dans des processus biologiques variés allant de l'adhésion au contrôle de la différenciation cellulaire. Certaines de ces protéines sont des protéases, des inhibiteurs de protéases ou encore des inhibiteurs de canaux ioniques mais leur fonction moléculaire reste dans la plupart des cas inconnue. L'expression du gène *PpSCPL1* dans les appressoria a tout d'abord été validée par le biais de la transformation de *P. parasitica* avec une fusion transcriptionnelle entre le promoteur du gène *PpSCPL1* et le gène rapporteur *GUS*. L'effet de la protéine sur les mécanismes de défense de la plante a été analysé par le biais d'agro-infiltrations chez le tabac. La protéine *PpSCPL1* s'est montrée capable d'interférer avec la mort cellulaire déclenchée en réponse à une élicitrine (Cryptogéine de *Phytophthora cryptogea*) et le gène d'avirulence *AvrPTO* de *Pseudomonas syringae*.

L'analyse fonctionnelle visant à sur-exprimer la protéine chez le tabac par le biais d'un vecteur viral ou encore chez *A. thaliana* par le biais de transformations stables est en cours d'analyse. Les effets de la protéine sur l'interaction avec les pathogènes ou sur le développement végétal seront présentés.

LongSage Gene-Expression Profiling of *Botrytis cinerea* germination suppressed by resveratrol, the major grapevine phytoalexin

C. Zheng^a, M. Choquer^b, B. Zhang^c, H. Ge^a, S. Hu^c, H. Ma^a et S. Chen^d

^aChina Agricultural University, College of Agriculture & Biotech, 100193 Beijing, Chine;

^bUMR5240, Univ. Lyon 1 - CNRS, Laboratoire Mixte, BAYER, 14 impasse Pierre Baizet BP99163, 69263 Lyon Cedex09, France; ^cChinese Academy of Science, Beijing Institute of Genomics, 100029 Beijing, Chine; ^dChina Agricultural University, College of Food Science, 100083 Beijing, Chine
mathias.choquer@bayer.com

The Ascomycetes *Botrytis cinerea* is one of the most studied necrotrophic phytopathogens and one of the main fungal parasites of grapevine. As a defense mechanism, grapevine produces a phytoalexin compound, resveratrol, which inhibits germination of the fungal conidium before it can penetrate the plant barriers and lead to host cell necrotrophy. To elucidate the effect of resveratrol on transcriptional regulation in *B. cinerea* germlings, two LongSAGE (long serial analysis of gene expression) libraries were generated *in vitro* for gene-expression profiling: 41,428 tags and among them, 15,665 unitags were obtained from resveratrol-treated *B. cinerea* germlings, and 41,358 tags, among them, 16,362 unitags were obtained from non-treated *B. cinerea* germlings. In-silico analysis showed that about half of these unitags match known genes in the complete *B. cinerea* genome sequence. Comparison of unitag frequencies between libraries highlighted 110 genes that were transcriptionally regulated in the presence of resveratrol: 53 and 57 genes were significantly down- and up-regulated, respectively. Manual curation of their putative functional categories showed that primary metabolism of germinating conidia appears to be markedly affected under resveratrol treatment, along with changes in other putative metabolic pathways, such as resveratrol detoxification and virulence-effector secretion, in *B. cinerea* germlings. We propose a hypothetical model of cross talk between *B. cinerea* germinating conidia and resveratrol-producing grapevine at the very early steps of infection.

(The first three authors contributed equally to this work.)

CRISPR-associated sequence diversity within *Xanthomonas albilineans*, the causal agent of leaf scald disease of sugarcaneI. Pieretti^a, M. Marguerettaz^a, S. Bolot^b, S. Carrère^b, S. Cociancich^a, J. Gouzy^b, P. Rott^a et M. Royer^a^aCIRAD, UMR BGPI, TA A-54/K Campus Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 5, France; ^bINRA, UMR LIPM, chemin de Borde-Rouge, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France
isabelle.pieretti@cirad.fr

Xanthomonas albilineans is a xylem-invading pathogen that causes leaf scald, a lethal disease of sugarcane. Unlike other xanthomonads, *X. albilineans* exhibits a large intra-species variability which was previously observed with different genetic markers (PFGE for Pulsed Field Gel Electrophoresis and MLSA for Multi Locus Sequence Analysis). The CRISPR systems (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) are repetitive structures in bacteria and Archaea composed of exact 24- to 48-bp repeated sequences (or "repeats") separated by unique sequences of similar length (or "spacers"). Over 40 gene families, which are found nowhere except near these repeats, have been designated collectively as CRISPR-associated (cas) genes. CRISPR/cas systems participate in an antiviral response, probably by an RNA interference-like mechanism. Analysis of the variability of CRISPR spacers is currently used to perform diversity or epidemiological studies in bacteria. The genome sequence of *X. albilineans* revealed the occurrence of two different CRISPR/cas systems in this pathogen. The first system, called CRISPR-1, is associated with seven cas genes and contains repeats of 31 base pairs. It is similar to the CRISPR system found in several sequenced species of *Xanthomonas*. The second system, called CRISPR-2, is associated with six cas genes and contains repeats of 28 base pairs. There is only one *Xanthomonas* pathovar that is known to contain a similar CRISPR-2 system, namely *X. campestris* pv. *raphani*. In this study, we analyzed the polymorphism of the two different CRISPR/cas systems among 21 strains spanning the genetic diversity of *X. albilineans*. We have either sequenced PCR products resulting from amplification of spacers or cas genes, or used sequences from draft genome sequences. Whereas CRISPR-2 is ubiquitous within the 21 strains, CRISPR-1 is absent in three strains. The loss of CRISPR-1 by a common ancestor of these three strains is in accordance with the MLSA phylogeny. As described in other bacteria, we observed a variability of the CRISPR spacers, not only between phylogenetically distant strains, but also between closely related strains (acquisition of new spacers at the 5' leader-proximal end of CRISPR and deletion or replacement of some spacers in the central region). This polymorphism within *X. albilineans*, which is congruent with previous MLSA and PFGE results, provides a better resolution of the phylogeny of *X. albilineans* strains.

Evolution and variability of the cyst nematode virulence factor Gp-Rbp1 in South American populations of *Globodera pallida*

J. Carpentier^a, M. Manzanares-Dauleux^b, M.-C. Kerlan^a et E. Grenier^a

^aINRA UMR IGEPP, Domaine de la motte, 35653 Le Rheu, France; ^bAgrocampus Ouest UMR IGEPP, rue de St Brioux, 35000 Rennes, France
eric.grenier@rennes.inra.fr

The potato cyst nematode, *Globodera pallida*, is a plant parasite originating from South America. Based on neutral markers it has been showed that Peruvian populations of this nematode are structured in 5 clades in which independent transitions occurred from wild to cultivated potatoes. Recently, Gp-Rbp-1 has been described as the effector of the Effector Triggered Immunity (ETI) reaction mediated by the potato resistance gene Gpa2. It was also showed that the P/S 187 polymorphism occurring in the B30.2 domain of Gp-Rbp-1 is involved in the recognition of this effector by Gpa2. In order to get a more in depth knowledge of the evolution of Gp-Rbp-1, we have studied the variability and selection pressures occurring on this gene using a set of 14 native South American populations in which Gp-Rbp-1 was amplified, cloned and sequenced to construct a dataset of 178 gene sequences. Factorial analysis revealed that Gp-Rbp-1 sequences isolated in populations coming from the same geographic area tend to group together. However, analysis of the distribution of the P/S 187 mutation in various South American populations showed no geographic structure according to the reported 5 clades. Using the site specific model of PAML we were able to detect 8 new sites under positive selection: 6 of them are localised in the B30.2 domain involved in protein-protein interactions. The functional implication of these new sites in the interaction of Gp-Rbp-1 with Gpa2 has been studied by Agrobacterium transient transformation assay.

Analyse comparative des SNPs et du plasmide pEM65 dans des isolats marocains d'*E. amylovora* par rapport aux souches de références CFBP1430 et ATCC49946

M. Moumni^a, N. Hannou^a, S. Mondy^b, M.A. Barny^c et D. Faure^b

^aUniversité Moulay Ismail, faculté des sciences BP:11201, 50000 Meknès, Maroc; ^bISV-CNRS, 1 avenue de la Terrasse, 91198 Gif-Sur-Yvette, France; ^cAgroParisTech, 16 rue Claude Bernard, 75231 Paris, France
mmoumni2001@yahoo.fr

Le feu bactérien, causé par l'entérobactérie *Erwinia amylovora*, est une maladie dévastatrice des rosacées à pépin comme le poirier et le pommier, qui s'est déclarée au Maroc en 2006. Quatre isolats marocains d'*E. amylovora* ont été séquencés par Hi-Seq Illumina. L'objectif de ce travail est l'analyse comparative des génotypes avec la séquence du génome de la souche CFBP 1430 et la souche ATCC 49946. Cette étude est basée sur les SNPs et le contenu en plasmide(s). Les souches marocaines ont montré des caractéristiques originales, dont la présence non systématique du plasmide pEM65. Ces observations sont en faveur d'une évolution de la population marocaine par rapport à la souche CFBP1430. Ils peuvent également renseigner sur une origine possible de l'épidémie au Maroc.

***Xanthomonas campestris* pv *campestris*, du génome à la variation phénotypique**

M. Arlat, S. Bolot, S. Carrère, G. Déjean, T. Dugé De Bernonville, A. Genissel, E. Guy, F. Hantelys, E. Lauber, M. Lautier, N. Maryani, L. Noël, B. Roux et C. Zischek

INRA, UMR LIPM, chemin de Borde-Rouge, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France
matthieu.arlat@toulouse.inra.fr

Comment exploiter la séquence des génomes de 45 souches de *Xanthomonas campestris* pour mieux comprendre sa diversité phénotypique et son adaptation aux crucifères?

SuperSAGE analysis of the interaction between the model legume plant *Medicago truncatula* and the fungal pathogen *Ascochyta pisi*

Y. Mabrouk^a, C. Ameline-Torregrosa^a, C. Ben^b, R. Horres^c, B. Rotter^c, G. Kahl^c, P. Winter^c, L. Gentzbittel^b et M. Rickauer^b

^aUniversité de Toulouse, UMR 5245 CNRS-INP-UPS, ENSAT, Ecolab, 18 chemin de borderouge, 31326 Castanet Tolosan, France; ^bINP-ENSAT, ECOLAB, UMR 5245 CNRS-INP-UPS, 18 chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France; ^cGenXPro Ltd, Frankfurt Innovation, Center Biotechnology, Altenhöfer, 60438 Frankfurt, Allemagne
yassine.mabrouk@fst.rnu.tn

Legume plants play an important role in ecology and agronomy due to their symbiotic interactions with nitrogen-fixing bacteria. They provide protein-rich food to animals and humans in the absence of nitrogen fertilizers, contributing thus to a sustainable agriculture. However, their culture may suffer high yield losses due to diseases and pests. Among the foliar fungal diseases, *Ascochyta* blight is one of the most severe and affects many legume crops worldwide. In our work, we established that the pathogen of Pea, *Ascochyta pisi*, is also a pathogen of the model plant *Medicago truncatula*, and we took advantage of this pathosystem to identify genes putatively involved in tolerance or susceptibility to the disease by an improved derivative of Serial Analysis of Gene Expression. The quantitative gene expression profile of two differentially susceptible lines (mock-inoculated and inoculated with *A. pisi*) was assessed by SuperSAGE on pooled material of a time-course experiment. The 4 libraries generated more than 16 Mio sequenced 26 bp-Tags. Statistical analysis of the 38018 unique sequences (uniTags) identified 2343 annotated genes and revealed a significant differential expression for 1696 among them. BLAST2Go annotation showed that a majority (>75%) of the sequences belonged to the classes metabolic process, cellular process, response to stimulus and biological regulation. The two *M. truncatula* lines were susceptible, but differed in the speed of disease development. Gene expression profiles of these two lines in response to *A. pisi* showed quantitative and qualitative differences.

Les dionyvirus endogènes, composants majeurs du génome des plantes et fossiles de pararetrovirus à l'organisation génétique atypique

A. Geering^a, N. Choisine^b, S. Sclabrin^c, M. Zytnicki^b, H. Quesneville^b et P.-Y. Teycheney^d

^aQAAFI, Ecosciences Precinct, 41 Boggo Road, Qld 4102 Dutton Park, Australie; ^bURGI, INRA Versailles, Route de St Cyr, 78026 Versailles, France; ^cIGA, Via J Linussio 51, 33100 Udine, Italie; ^dCIRAD, UMR AGAP, Station de Neufchâteau, 97130 Capesterre Belle-Eau, Guadeloupe
teycheney@cirad.fr

Des analyses *in silico* nous ont permis d'identifier la présence de séquences endogènes d'espèces virales Caulimoviridae dans le génome de plantes mono- et dicotylédones tempérées et tropicales appartenant à 11 familles botaniques. Le génome complet de 11 espèces virales distinctes a été reconstitué à partir des séquences virales endogènes identifiées. L'analyse phylogénique de ces génomes montre qu'ils appartiennent à un nouveau genre monophylétique de la famille Caulimoviridae pour lequel nous proposons le nom de dionyvirus. L'organisation génétique des dionyvirus diffère de celles des autres membres connus de la famille Caulimoviridae. Nos données démontrent par ailleurs que certains dionyvirus ancestraux possédaient un génome bipartite, et qu'ils pourraient avoir joué un rôle dans l'évolution de virus primitifs vers les virus retrotranscrits actuels, qui ont des génomes monopartites. La cartographie des séquences endogènes dionyvirus a été réalisée à l'échelle des génomes complets du clémentinier, du pêcher, du peuplier, de la pomme de terre, du riz, de la tomate, du sorgho et de la vigne. L'étude de la distribution de ces séquences montre qu'elles ont envahi le génome de nombreuses plantes, et que certaines d'entre elles constituent une partie importante du génome de ces plantes, parfois équivalente en proportion à celle de certains éléments transposables. L'identification de petits ARN interférents (siRNA) spécifiques de dionyvirus endogènes et leur cartographie sur les génomes viraux démontre pour sa part l'existence de mécanismes de régulation de l'expression de ces séquences virales endogènes et/ou leur possible rôle bénéfique dans des mécanismes de défense antivirale.

Genotypic Variation in the Banana Response to the Fungal Pathogen *Mycosphaerella fijiensis*

F. Carreel^a, C. Dasilva^b, K. Labadie^b, M. Souquet^a, R. Habas^c, L. Pignolet^c, M.-F. Zapater^c et N. Yahiaoui^a

^aCIRAD, UMR AGAP, F-34398 Montpellier Cedex 5, France; ^bCEA/GENOSCOPE, 2 Rue Gaston Crémieux, 91000 Evry, France; ^cCIRAD, UMR BGPI, 34398 Montpellier Cedex 5, France
francoise.carreel@cirad.fr

Mycosphaerella fijiensis is a hemibiotrophic ascomycete causing the black leaf streak disease (BLS) of banana that is commonly called Black Sigatoka disease. After a period of epiphytic growth on the leaf surface, fungal hyphae penetrate the leaf through the stomata. The fungus grows then in the mesophyll intercellular space, without penetrating leaf cells. This biotrophic phase can last for a few weeks before the appearance of the first symptoms of the necrotic phase. Despite the economical importance of the BLS disease, little is known on the physiological events occurring during the pathogen life cycle in the plant. To learn more about these physiological events, we established a bioassay based on detached leaves maintained *in vitro*, associated to phenotyping with an image analysis software package (Visilog® Noesis) that allows monitoring of the reaction of banana cultivars to *M. fijiensis* strains. In a preliminary experiment, we also analysed transcriptome changes in three accessions showing contrasted reactions to *M. fijiensis*, using gene expression profiling by RNASeq. First results of this analysis will be presented.

Identification des bases moléculaires de *Co-x*, un gène de résistance atypique à l'antracnose chez le haricot commun

M. Richard^a, S. Pflieger^a, M. Sévignac^a, V. Thareau^a, B. Alunni^b, W. Marande^c, H. Berges^c et V. Geffroy^d

^aIBP, Université Paris Sud 11, Bat. 630, 91405 Orsay Cedex, France; ^bUMR217 INRA/AgroParisTech/UPMC, 16 rue Claude Bernard, 75005 Paris, France; ^cINRA - CNRGV, Chemin de Borde rouge, 31320 Castanet Le Tolosan, France; ^dIBP, INRA Le Moulon, UPS 11, 91405 Orsay Cedex, France

Chez le haricot, plusieurs énormes clusters de gènes de résistance, tous cartographiés en extrémité de groupes de liaison et regroupant de nombreuses spécificités de résistance vis-à-vis de différents agents pathogènes, ont été identifiés. Le séquençage de deux d'entre eux, les clusters *B4* et *Co-2*, situés à l'extrémité des chromosomes 4 et 11, respectivement, a montré qu'ils hébergeaient chacun près de 50 séquences de type NB-LRR. L'annotation de ces séquences a également permis de caractériser un ADN satellite (nommé "*kipu*"), étroitement lié aux séquences NB-LRR au niveau de ces 2 clusters et également présent sur presque toutes les extrémités sub-télomériques des chromosomes du haricot. Un 3ème locus complexe de résistance a été identifié à une extrémité du groupe de liaison 1. Ce cluster contient, entre autre, *Co-x*, une spécificité de résistance vis-à-vis d'une souche très virulente de *Colletotrichum lindemuthianum* (agent de l'antracnose) chez le génotype andin JaloEEP558. Contre toute attente, l'analyse de la séquence de cette région chez le génotype andin G19833 (génome séquencé), a révélé une absence totale de NB-LRR, mais la présence de *kipu*, attestant de sa localisation subtélomérique. Le clonage positionnel de *Co-x* a été entrepris afin d'identifier les bases moléculaires de cette spécificité de résistance atypique. Dans un premier temps, la spécificité *Co-x* a été localisée dans un intervalle de 714,5 kb borné par les marqueurs PCR CV542014 et SCA00008M5. Afin de préciser la localisation de *Co-x*, de nouveaux marqueurs PCR ont été générés dans cet intervalle et testés sur l'ADN génomique de 16 RILs présentant un évènement de recombinaison entre les marqueurs CV542014 et SCA00008M5. Ces analyses ont permis de retrouver la zone contenant *Co-x* à un intervalle de 62 kb. L'annotation expertisée de cette région a permis d'identifier trois types de gènes candidats : (i) un gène codant une protéine kinase présentant de fortes homologies de séquence avec *AtCCR3* (ARABIDOPSIS THALIANA CRINKLY4 RELATED 3) ainsi que trois gènes correspondants à des formes tronquées de *AtCCR3*, (ii) un gène présentant de fortes homologies de séquence avec *AtNFXL2* codant une protéine à domaine doigt de Zinc et enfin, (iii) trois gènes codant des phospholipases C. L'identification de la zone cible chez le génotype JaloEEP558 (*Co-x*) est en cours par une approche de banque BAC non griddée. En parallèle, la technique de VIGS (Virus Induced Gene Silencing) est actuellement en cours de mise au point sur le haricot commun afin de procéder à une validation fonctionnelle des différents candidats susceptibles d'incarner la spécificité de résistance *Co-x*.

A small RNA Deep Seq approach to unravel the microRNA regulations of root diseases in the model legume *Medicago truncatula*

C. Ben^a, E. Sallet^b, N. Shamandi^a, S. Amatya^a, C. Lelandais^c, J.-P. Combier^d, J. Gouzy^b, M. Crespi^c, M. Rickauer^a et L. Gentzbittel^a

^aINP-ENSAT, ECOLAB, UMR 5245 CNRS-INP-UPS, 18 chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France; ^bINRA, UMR LIPM, chemin de Borde-Rouge, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France; ^cISV, CNRS, bat 23 - avenue de la Terrasse -, 91198 Gif-Sur-Yvette Cedex, France; ^dLRSV, UMR 5546 CNRS/UPS, 24, chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France
ben@ensat.fr

MicroRNAs (miRNAs) are small non-coding RNAs of about 21nt and important regulators of gene expression. In *Medicago truncatula*, about 600 miRNAs have been identified but the extent to which the miRNA pathways contribute to innate immunity during plant-pathogen interactions remains unknown.

The bacterium *Ralstonia solanacearum* (R.s.) and the fungus *Verticillium albo-atrum* (Vaa) are soil-borne pathogens that cause wilt disease in hundreds of plant species including the model legume *Medicago truncatula* (M.t.). To decipher the putative role of microRNAs in the regulation of wilt diseases, we deep-sequenced six small RNAs libraries constructed from roots of compatible (M.t. A17/R.s.GMI1000, M.t. F83005.5/VaaV32) and incompatible (M.t. F83005.5/R.s.GMI1000, M.t. A17/VaaV32) interactions and corresponding mock inoculated controls (MirMed Genoscope project). Statistical comparative analysis of the libraries through logistic regression allowed us to identify differential and specific microRNAs. Expression patterns for some new miRNAs have been validated through qRT-PCR.

Bacterial wilt disease was subjected to a more detailed analysis. miR393, a miRNA known to be involved in the regulation of both developmental processes and defence against foliar pathogenic bacteria in *Arabidopsis thaliana*, increases tolerance to R.s. : miR393 over-expression in hairy-roots via *Agrobacterium rhizogenes* transformation induced a significant delay in symptoms appearance compared to control plants. Differential expression patterns of this miRNA and its corresponding target Mt-TIR1 in compatible and incompatible interactions with R.s. were shown by qRT-PCR analyses. These results indicate a role of miR393 and of auxin in the regulation of basal defence responses towards R. s. in the model legume plant *M. truncatula*.

Validation fonctionnelle de gènes candidats pour des gènes de résistance aux maladies chez le haricot commun (*Phaseolus vulgaris*) à l'aide d'une approche VIGSS. Pflieger^a, C. Mazoyer^a, F. Mary^a et V. Geffroy^b^aIBP, Université Paris Sud 11, Bat. 630, 91405 Orsay Cedex, France; ^bIBP, INRA Le Moulon, UPS 11, 91405 Orsay Cedex, France

Les travaux de génomique réalisés ces dernières années dans notre laboratoire ont montré l'existence de 2 clusters majeurs de gènes de résistance au champignon *Colletotrichum lindemuthianum* dans le génome du haricot commun : les clusters *B4* et *Co-2* (cartographiés respectivement sur les chromosomes 4 et 11). Chaque cluster contient plus de 30 séquences NBS-LRR (*Nucleotide Binding Site- Leucin Rich Repeat*) qui correspondent à la classe majeure de gènes de résistance identifiés chez les plantes. Ces séquences NBS-LRR constituent de bons gènes candidats pour les gènes de résistance présents aux clusters *B4* et *Co-2*. Nous avons entrepris la validation fonctionnelle des séquences NBS-LRR en utilisant une approche VIGS (*Virus Induced Gene Silencing*). L'approche VIGS permet d'obtenir rapidement l'extinction transitoire d'un gène cible dans des espèces récalcitrantes à la transformation stable tel que le haricot commun. Elle nécessite l'utilisation d'un vecteur viral capable d'infecter le génotype d'intérêt. Des premières études ont montré que le BPMV (*Bean pod mottle virus*), un vecteur viral couramment utilisé chez le soja (*Glycine max*), est également utilisable chez le haricot commun, cv. Black Valentine (ZHANG *et al.* 2010 ; DIAZ-CAMINO *et al.* 2011). L'approche VIGS est génotype-dépendante car son succès nécessite que le génotype testé soit sensible au vecteur viral. Alors que tous les génotypes cultivés de soja sont sensibles au BPMV, seuls quelques génotypes de haricot commun (incluant le cv. Black Valentine) présentent cette caractéristique. Nous présentons ici les premiers résultats qui concernent (1) la mise au point de l'approche VIGS sur le cv. Black Valentine dans nos conditions de laboratoire, (2) le test de l'approche VIGS sur des génotypes d'intérêt du laboratoire tels que BAT93, JaloEEP558, G19833. Les perspectives futures de ce travail sont d'utiliser l'approche VIGS pour éteindre l'expression des séquences NBS-LRR candidates et d'évaluer l'incidence sur le niveau de résistance à *Colletotrichum lindemuthianum*. Ce travail permettra l'identification de la séquence sous-jacente à un gène de résistance donné. D'un point de vue plus appliqué, la connaissance de la séquence des gènes de résistance aux maladies permettra d'augmenter l'efficacité des programmes de sélection pour la construction de cultivars résistants aux maladies.

ZHANG, C., J. D. BRADSHAW, S. A. WHITHAM and J. H. HILL, 2010 The Development of an Efficient Multipurpose Bean Pod Mottle Virus Viral Vector Set for Foreign Gene Expression and RNA Silencing. *Plant Physiology* 153: 52-65. DIAZ-CAMINO, C., P. ANNAMALAI, F. SANCHEZ, A. KACHROO and S. A. GHABRIAL, 2011 An effective virus-based gene silencing method for functional genomics studies in common bean. *Plant Methods* 7.

Caractérisation des facteurs de transcription impliqués dans la régulation de la synthèse de phytotoxines chez *Botrytis cinerea*

H. Sghyer, B. Dalmais, A. Simon et M. Viaud

UR BIOGER-CPP, INRA, Av. L. Brétignière, 78850 Grignon, France
viaud@versailles.inra.fr

Botrytis cinerea est l'ascomycète polyphage responsable de la pourriture grise sur plus de 200 plantes hôtes dont la vigne. Ce champignon nécrotrophe secrète des métabolites secondaires phytotoxiques, dont l'acide botcinique (BOA) et le botrydial (BOT), qui induisent la mort cellulaire chez l'hôte et permettent la colonisation des tissus végétaux (Dalmais et al., 2011). Les clusters de gènes permettant la synthèse de ces toxines ont été récemment caractérisés : - Le cluster BOA contient 17 gènes (BcBOA1-17). Deux de ces gènes codent pour les enzymes clefs, les polyketides synthases (BcBOA6 et 9). Les autres gènes codent pour d'autres enzymes de synthèse et pour un facteur de transcription qui pourrait être spécifique des gènes BcBOA (BcBOA13; Dalmais et al., 2011). - Le cluster BOT contient 5 gènes (BcBOT1-5) dont un code pour l'enzyme clef, la sesquiterpène cyclase (BcBOT2) et 4 codent pour les autres enzymes de biosynthèse du botrydial (Pinedo et al., 2008). A l'inverse du cluster BOA et de beaucoup de clusters du métabolisme secondaire fongique, le cluster BOT ne contient pas de gène codant pour un facteur de transcription. Le suivi du transcriptome de *B. cinerea* lors de la formation des structures d'infection et de la colonisation des baies de vigne a montré que les clusters BOA et BOT sont co-régulés et sur-exprimés au cours du cycle infectieux. Néanmoins, les mécanismes mis en œuvre pour réguler la synthèse de ces toxines restent méconnus. Dans ce cadre, notre objectif est d'identifier et de caractériser les facteurs de transcription (FTs) qui régulent les gènes BcBOA et BcBOT. Deux approches sont développées dans ce projet : (1) la caractérisation du rôle du FT BcBOA13 par inactivation du gène et mesure du niveau d'expression (Q-RT-PCR) des gènes BcBOA et BcBOT dans le mutant K.O. (2) l'identification de nouveaux FTs régulant les gènes BcBOA et BcBOT par : (2a) analyse in silico des promoteurs des gènes BcBOT et BcBOA (2b) validation des sites putatifs par clonages en amont du gène rapporteur codant pour la Green Fluorescent Protein (GFP), et suivi de l'expression dans le champignon (2c) recherche des FTs interagissant avec les régions promotrices identifiées par criblage d'une banque " Simple-Hybride " contenant l'ensemble des 419 FTs prédits lors de l'analyse du génome de *B. cinerea* (Amselem et al., 2011, A. Simon ; Projet SPE 2009-2011). Ces approches visent à identifier l'ensemble des FTs, spécifiques et globaux, qui régulent la synthèse des toxines et, plus généralement, à une meilleure compréhension de la régulation du métabolisme secondaire indispensable au cycle infectieux du champignon.

Dalmais et al. (2011) Mol Plant Pathol, 12(6):564-79. Pinedo et al.. (2008) ACS Chem Biol 3:791-801. Amselem et al. (2011) PLoS Genetics, 7(8):e1002230.

Linking lab-measured pathogen performance to the local disease spread in natural populations of the *Plantago* powdery mildew

C. Tollenaere^a, E. Haon-Lasportes^b, C. Lo^a, S. Soubeyrand^b et A.-L. Laine^a

^a*University of Helsinki, PO Box 65 (Viikinkaari 1), FI-00014 Helsinki, Finlande;* ^b*INRA, Biostatistique et Processus Spat, F-84914 Avignon, France*
charlotte.tollenaere@helsinki.fi

Measures of pathogen fitness obtained through controlled experimental infections are always assumed to relate closely to the performance of the pathogen strains in the wild but this relationship has never been clearly tested. Disease spread in natural populations is actually expected to be influenced not only by the pathogen virulence but also by the host resistance profile and the environmental conditions. The goal of this study is to establish the link between lab-measures of pathogen fitness and the actual pathogen spread in the natural populations. Four patches (300-2000m²) of *Plantago lanceolata* infected by the powdery mildew fungus *Podosphaera plantaginis* were followed weekly during the summer 2011 (epidemiological data recorded both on a grid and a transect). Phenotypes of pathogen strains were characterized by controlled infection of randomly chosen sympatric plant genotype and the genetic structure of the pathogen was assessed using SNP markers.

Worldwide population genetic analyses suggests Himalaya as a centre of diversity for *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* with high sex ability and temperature adaptation

S. Ali^a, J. Enjalbert^b, P. Gladieux^c, M. Leconte^a, A. Gautier^a, A.-M. Justesen^d, M. Hovmøller^d et C. De Vallavieille-Pope^a

^aINRA, BIOGER-CPP, 78850 Thiverval-Grignon, France; ^bINRA, UMR 320 Génétique Végétale, 91190 Gif Sur Yvette, France; ^cUniversity of California, Department of Plant and Microbia, Berkeley, AK CA 94720-3, USA; ^dAarhus University, Flakkebjerg, Department of Agroecology, DK-4200 Slagelse, Denmark
bioscientist122@yahoo.com

Identification of centre of genotypic and phenotypic diversity and zone of sex occurrence is crucial for understanding the evolutionary potential of crop pathogens and subsequent disease management. *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* (PST) is an economically important pathogen with worldwide distribution but unknown centre(s) of diversity and previously considered clonal. However, high diversity has been shown very recently in Pakistan (Bahri et al. 2011) and recombination in China (Mboup et al. 2009). To explore the worldwide population structure of PST and identify the centre of diversity and potential zones of sex occurrence, a set of 409 isolates were genotyped with 20 SSR markers representative of worldwide geographical origins. We confirmed the existence of population subdivision at worldwide level with 6 genetic clusters according to their geographical origin, suggesting the independent maintenance of each population. A very low diversity and clonal population structure was observed in NW European, Middle-Eastern, Mediterranean, African, and American populations, while a high genotypic diversity and recombination signature was present in Asiatic populations near to Himalayan Chain (China, Nepal and Pakistan). These populations had also a high sex ability in terms of telial production and more phenotypic variance for temperature adaptation. Our results thus suggest Himalayan populations as centre of diversity for PST and could be the potential zone of sex occurrence and thus probable centre of origin. Additionally we identified the Middle-East as the origin of the high temperature adapted aggressive strain (Milus et al. 2009), and confirmed the NW European origin of South American population while the Mediterranean origin of South African isolates. This information could be useful for understanding the evolutionary potential of the pathogen and its subsequent management at worldwide and local level.

Multifaceted evolution of Type Three Effector genes in *Xanthomonas axonopodis*

C. Rousseau^a, P. David^a, C. Brin^b, A. Darrasse^a, M.-A. Jacques^a, C. Manceau^a, S. Poussier^c, C. Lemaire^d et T. Boureau^a

^aINRA, IRHS UMR1345, Batiment C, 42 rue Georges Morel, BP 60057, 49071 Beaucouzé Cedex, France; ^bINRA, UMR IRHS, 49071 Beaucouzé, France; ^cUniversité de la Réunion, UMR PBVMT, 97715 Saint-Denis-De-La-Réunion, France; ^dUniversité d'Angers, IRHS UMR1345, Batiment C, 42 rue Georges Morel, BP 60057, 49071 Beaucouze Cedex, France
tristan.boureau@univ-angers.fr

Type three effectors (T3Es) are major virulence factors for Gram-negative bacterial pathogens. In plant pathogenic bacteria, T3Es play a dual role in the interaction as they promote virulence on susceptible hosts, whereas they trigger specific defenses in resistant plants. Consequently, this results in a coevolutionary conflict between hosts and pathogens, where successful pathogens escape plant recognition by evolving their repertoire of T3Es. In the present study, we analyzed the molecular evolution of two T3E genes: *avrBs2* and *xopN*. Sequences of these genes were obtained from a collection of strains of *Xanthomonas axonopodis*. The collection used encompassed strains representative of 17 distinct pathovars. Each pathovar groups strains displaying pathogenicity on the same host plants. Thus the dataset allowed to test whether host-imposed selection occurred on *avrBs2* and *xopN*. We analyzed the polymorphism and constructed phylogenies of each of these two genes. We then aimed at detecting selective pressures acting on both promoter and coding regions. Indeed, selective pressures acting on promoter regions are poorly documented, even though they may affect the level of expression of coding regions. For both *avrBs2* and *xopN*, lateral transfer events were detected that involved the non-coding and/or coding regions between strains sharing a same ecological niche. Overall, coding sequences of these T3E genes appear under purifying selection. Specific features of the evolution of *avrBs2* in *X. axonopodis* seem to occur in the promoter region. Indeed, results obtained suggest that for some strains, positive selection acted on the *avrBs2* promoter region, and impacted the strength of the *avrBs2* promoter. To our knowledge, these results are the first evidence that selection acting on promoter sequences may play a role in the evolution of T3Es. The evolution of *xopN* in *Xanthomonas* contrasts with that of *avrBs2*. Indeed comparative analysis of *xopN* in several species of *Xanthomonas* suggests that *xopN* in *X. axonopodis* has emerged from the insertion of a DNA sequence into the T3E gene *xopAB*. Several sites appear under diversifying selection. Interestingly, these sites are located within domains of XopN predicted to interact with host proteins involved in plant defences. However, no obvious correlation could link specific alleles to specific host plants, suggesting that these events are not the result of the sole host-imposed selection. Phenotyping by chlorophyll fluorescence imaging shows that the deletion of *xopN* increases pathogenicity in *X. a. pv. phaseoli*, whereas it is reported to decrease pathogenicity in *X. a. pv. vesicatoria*, suggesting that different alleles of *xopN* may play a different role in the interaction.

Diversité génétique de *Mycosphaerella graminicola* en région Nord-Pas de Calais

A. Siah^a, L. El Chartouni^b, B. Tisserant^b, C. Deweer^a, P. Reignault^c et P. Halama^a

^aISA-BioGAP, 48 Boulevard Vauban, F-59046 Lille Cedex, France; ^bUCEIV-EA4492-ULCO, BP 699, F-62228 Calais, France; ^cUCEIV-EA4492-ULCO-GIS PhyNoPi, 50 rue Ferdinand Buisson B.P.699, F-62228 Calais, France
ali.siah@isa-lille.fr

La septoriose du blé causée par *Mycosphaerella graminicola* (anamorphe: *Zymoseptoria tritici*) est depuis quelques années la maladie la plus fréquente et la plus nuisible sur les cultures de blé en France et à travers le monde. Plusieurs études récentes de populations de *M. graminicola* ont confirmé le haut niveau de diversité génétique de ce champignon, mais ont également montré une structuration de ces populations. Dans le prolongement de la caractérisation d'une population française (Siah et al., 2010; El Chartouni et al., 2011) et afin d'estimer la diversité génétique et le potentiel de la reproduction sexuée de *M. graminicola* dans la région Nord-Pas de Calais, 258 isolats monospores ont été isolés en 2009 à partir de 11 sites distincts, puis typés avec 8 marqueurs microsatellites et caractérisés pour les mating types (types sexuels). Les prélèvements ont été réalisés dans la quasi-totalité des cas suivant une méthode d'échantillonnage hiérarchique, à partir de parcelles de blé non traitées avec des fongicides et naturellement infectées par le parasite. Vingt-quatre isolats issus de plantes différentes ont été isolés par site, à l'exception de deux sites pour lesquels 20 et 22 isolats ont été obtenus. Les résultats ont révélé la présence d'une diversité génotypique très élevée au sein de la population, avec la détection de 257 haplotypes parmi les 258 isolats testés (fraction clonale = 0,4 %). Les deux clones obtenus sont originaires de la même parcelle. En ce qui concerne la diversité allélique, le nombre d'allèles le plus élevé a été décelé pour le marqueur microsatellite ST1A4 pour lequel 17 allèles différents sont observés. Le nombre d'allèles le plus faible a été observé pour le marqueur ST2C10 présentant 6 allèles distincts. Des valeurs élevées des indices de Nei (0,63) et de Shannon (1,39) ont également été mises en évidence, ce qui indique une diversité génique élevée pour la population. Par ailleurs, la caractérisation des mating types a montré une distribution équilibrée des deux types sexuels au sein de chaque site prélevé. Ce résultat, ainsi que les diversités génique et génotypique élevées obtenues dans cette étude, suggèrent des cycles de reproduction sexuée fréquents pour cette population de *M. graminicola* issue de la région Nord-Pas de Calais et soulignent ses spécificités, qui seront discutées.

Evolution des populations de *Leptosphaeria maculans* en France en relation avec le déploiement de résistances spécifiques chez le colza

M.-H. Balesdent^a, S. Bichot^b, L. Coudard^c, M. Leflon^b, T. Rouxel^c et X. Pinochet^b

^aINRA / UR BIOGER-CPP, avenue Lucien Brétignières, 78850 Thiverval-Grignon, France;

^bCETIOM, Avenue Lucien Brétignières, 78850 Thiverval Grignon, France; ^cINRA / UR 1290 BIOGER-CPP, avenue Lucien Brétignières, 78850 Thiverval-Grignon, France
mhb@versailles.inra.fr

La lutte contre *Leptosphaeria maculans*, agent de la nécrose du collet du colza, est essentiellement génétique et exploite à la fois des gènes de résistance majeurs, spécifiques, dirigés contre certaines races de l'agent pathogène et des résistances générales à caractère quantitatif. L'expérience du contournement très rapide du gène de résistance *Rlm1* dans les populations françaises de *L. maculans* à la fin des années 1990, nous a conduits à mieux caractériser à la fois la structure en races des populations de *L. maculans* et les gènes de résistance spécifiques présents dans les variétés commercialisées. Des collectes de souches de *L. maculans* ont été réalisées à dix ans d'intervalle, en échantillonnant, à partir de symptômes développés sur une variété non discriminante, de 80 à 100 souches par site dans 17 (2000-2001) et 8 (2009-2010) sites. Ces souches ont été caractérisées pour leurs allèles d'avirulence *AvrLm1* à *AvrLm7* et *AvrLm9*. Cette étude met en évidence une très nette diminution de la fréquence des souches *AvrLm1* (3,12% contre 19,1% en 2000) pour une diminution plus limitée des souches *AvrLm4* (3,6% contre 8,6% en 2000). Tout comme en 2000, les populations sont virulentes à plus de 99% vis-à-vis des gènes *Rlm2* et *Rlm9* et avirulentes (100%) pour *Rlm6*. Suite au déploiement récent de la résistance *Rlm7* (moins de 1% des surfaces en 2005, autour de 25% dès 2008), des souches virulentes *avrLm7* sont détectées dans la moitié des sites échantillonnés en 2009/2010, contre un seul site en 2000. Ces souches représentent 3,9% des populations actuelles de *L. maculans* mais avec des fréquences variant de 0 à 22,5% selon les sites. Cette analyse traduit le probable début du contournement de *Rlm7*. Celui ci semble toutefois moins rapide que celui observé par le passé pour *Rlm1*, ce qui pourrait être lié soit à des conditions climatiques défavorables à la maladie pendant plusieurs années, soit à un meilleur niveau de résistance générale des variétés *Rlm7* commercialisées, soit à un coût de fitness important engendré par l'acquisition de la virulence, soit enfin à la prise en compte par les agriculteurs des conseils d'alternance des variétés et des types de résistance. Cette étude confirme enfin la résurgence de l'avirulence *AvrLm3* chez 100% des souches virulentes sur *Rlm7*. L'ensemble de ces résultats contribuera à mieux gérer les résistances spécifiques actuellement exploitables.

Ce travail a bénéficié du soutien financier du CTPS (Projet EVOLEP C03-2008-Phoma), et du contrat de Branche MAP 2000-2003

impact des hôtes alternatifs sur les traits d'histoire de vie des espèces fongiques de l'ascochyte des légumineuses

C. Le May et M. Guibert

INRA Agrocampus Ouest UMR IGEPP, 65 rue de Saint Briec, 35042 Rennes, France
lemay@agrocampus-ouest.fr

Many studies have been undertaken to know how the fungi responsible for plant diseases can survive year after year. Fungi display different strategies to survive and colonise the crops. These strategies seem to have different importance, depending on the fungi species, cropping practices and climatic factors. A passage through alternative hosts can modify the pathogenic fitness of fungi (Abbo et al., 2007; Akinsamni et al., 2007). The knowledge of ecology of alternative hosts and the way they affect the pathogen fitness would be precious to allow a management over many years and on a larger scale than the field itself. Ascochyta blight is a disease complex involving two main separate pathogens, *Dydimella pinodes* and *Phoma medicaginis* var *pinodella* (Bretag et al., 2006). Four main primary sources of inoculum have been described: seeds, stubble, soil and volunteer plants (Tivoli & Banniza, 2007). The purpose of this study is to evaluate the evolution of the fitness components of *D. pinodes* and *P. pinodella* after being grown for ten generations on a pea cultivar (Lumina) or on an alternative host (common vetch, alfalfa, clover, horse bean). Plants were maintained in growth chambers at 18-20°C and 12h photoperiod for three weeks before the inoculation of the two fungi. Seven days after the inoculation, the fungi were isolated. Necrosis area was measured to estimate the aggressiveness of these isolates on pea plants by using the ASSESS software (7 days after inoculation), and the production of pycnidiospores was estimated with a Malassez cell (14 days after inoculation) (Schoeny et al., 2008). No adaptation on the different legume species was observed for both pathogens. Mains results showed differences in the effect of the passage according to the alternative host-plant. Average aggressiveness of *D. pinodes* was found higher than the one of *P. pinodella*. Concerning the reproductive fitness, no difference was observed between the control isolates of the two fungi and the other isolates. This study showed that some behaviour modifications could occur between pathogen agents and its host. The possible application of such studies could be a help to estimate the risk of cropping pea according to cultivated and wild potential host-plant.

Etude de la microflore endophyte colonisant le bois de ceps ayant exprimés ou non les symptômes foliaires d'une maladie du bois de la vigne, l'Esca

E. Bruez Emilie^a, J. Vallance Jessica^a, J. Gerbore^a, P. Lecomte^a, L. Guerin-Dubrana^a, V. Laval^b, A. Gautier^c, M.-H. Lebrun^b et P. Rey^a

^aUMR 1065 SAVE, Santé et Agroécologie vignoble, INRA/Bordeaux Sciences Agro, 33883 Villenave D'orion, France; ^bUR 1290 BIOGER, CPP-INRA-AgroParisTech, Avenue Lucien Bretignières, 78850 Thiverval-Grignon, France; ^cINRA, BIOGER-CPP, 78850 Thiverval-Grignon, France
emilie.bruez@bordeaux.inra.fr

Il est actuellement estimé que les maladies du bois de la vigne rendent improductif environ 11% du vignoble français. Le développement de l'Esca (la principale maladie du bois de la vigne) a été étudié en comparant chez des plants relativement jeunes (10 ans), matures (20-25 ans) et âgés (58 ans), ayant exprimé ou non des symptômes d'Esca, la microflore fongique et bactérienne qui colonise le bois des ceps. Chez les ceps jeunes, les analyses réalisées par technique d'empreinte moléculaire, i.e. par SSCP (Single Strand Conformation Polymorphism) indiquent une évolution de la microflore fongique en fonction des mois de prélèvement des échantillons de bois (un prélèvement par saison). Cette évolution est nette entre janvier et avril mais elle n'est pas ou peu observée entre juin et septembre. Pour la microflore bactérienne, cette évolution est très marquée tout au long de l'année. Il est important de noter que les communautés bactériennes colonisant les plants asymptomatiques et symptomatiques se différencient uniquement en hiver. Pour les communautés fongiques, il semblerait qu'il y ait aussi une séparation en hiver, néanmoins elle est moins accentuée que pour les bactéries. Les communautés fongiques et bactériennes sont généralement plus abondantes dans les tissus non nécrosés que dans les tissus nécrosés, elles sont aussi généralement différentes dans les 2 types de bois. De nombreux champignons potentiellement pathogènes ou potentiellement protecteurs (au moins 90 espèces et 44 genres) colonisent le bois sain de jeunes plants de vigne âgés de 10 ans, une compétition entre ces différents champignons existe certainement au sein du tronc. Lorsque les ceps sont plus matures (20-25) ou âgés (58 ans) le développement des nécroses est de plus en plus prononcé. Seules quelques espèces fongiques particulières colonisent ces zones nécrosées. Des analyses des communautés cultivables ainsi que des approches de séquençage sont utilisées pour répondre aux questions suivantes : pourquoi l'importante diversité microbienne observée chez les ceps jeunes tend à systématiquement diminuer chez les plants matures et âgés ? Quels sont les facteurs responsables de cette évolution ? Quel est le rôle des bactéries colonisant le bois sain des ceps, en particulier chez les plants jeunes ? Ces points seront discutés.

Mycovirus transmission revisited by *in-planta* pairings of vegetatively incompatible isolates of *Cryphonectria parasitica*

C. Robin^a et J. Brusini^b

^aINRA, BIOGECO, UMR1202, 69 route d'Arcachon, 33610 Cestas, France; ^bUniversity of Florida, Department of Biology, PO Box 118525, Florida, Gainesville, 326118525, USA
robin@bordeaux.inra.fr

In disease ecology, parasite transmission is a key parameter important at both epidemiological and evolutionary scales. The horizontal transmission of mycoviruses is usually described as being strongly restricted by the vegetative compatibility system of the host since vegetatively incompatible fungi will not undergo vegetative fusion, thus limiting mycovirus transmission. Most of our knowledge and predictive capability regarding these host/parasite systems are derived from studies pairing fungal mycelia on artificial medium [5]. We tested the hypothesis that such laboratory studies underestimate the migration capability of mycoviruses between different vegetative types. We developed a bioassay to assess *in-planta* transmission of *Cryphonectria Hypovirus1* (CHV1) between several incompatible isolates of *Cryphonectria parasitica*. *In planta* rates of CHV1 transmission between isolates exhibiting different vegetative compatibilities were always higher than rates assessed *in vitro*. Transmission between incompatible isolates also was observed when spores were used to transmit CHV1 to the recipient mycelia. Although some previous studies reported a higher CHV1 transmission in the field than *in vitro*, we provide the first experimental evidence of a subtract effect on CHV1 ability which could account for higher transmission rates *in-planta* than *in vitro*. It also can account for the *in vivo* formation of heterokaryons between *C. parasitica* field isolates that are vegetatively incompatible. Another original result is the first description of a "diagonal" transmission of CHV1 via asexual spores. The consequence of the permeability of the vegetative compatibility system for mycovirus transmission has been already investigated. Analysing the evolutionary consequences of the diagonal transmission on the evolution of CHV1 virulence is now required. These results offer new opportunities for biological control of fungal diseases with mycoviruses, the major constraints of these methods being the supposed restricted spread of the biological agents and a laborious application method.

Diversité phénotypique et déterminisme génétique de l'adaptation aux variations de pH dans les populations du champignon tellurique responsable du piétin-échaudage du blé

L. Lebreton, S. Daval, A.-Y. Guillerm-Erckelboudt, C. Gracianne, K. Gazengel, M. Boutin et A. Sarniguet

*INRA - UMR IGEPP, Domaine de la Motte, 35650 Le Rheu, France
lionel.lebreton@rennes.inra.fr*

Le pH est un facteur déterminant dans le développement des maladies fongiques telluriques des plantes car il affecte les phases saprophytiques et parasitaires du cycle de vie des champignons. Pour survivre aux variations de pH dans les sols ou à la surface des racines, ces organismes ont développé un moyen de percevoir le pH extérieur via la voie de signalisation Pal de réponse au pH, ainsi que des mécanismes d'adaptation. Si la réponse physiologique des champignons à ces variations de pH est connue, il existe en revanche peu d'informations sur la diversité phénotypique et le déterminisme génétique de la réponse des populations parasitaires à ces variations. Le piétin-échaudage (P-E) du blé, dû au champignon ascomycète tellurique *Gaeumannomyces graminis* var. *tritici* (Ggt), est une maladie du système racinaire du blé se développant dans toutes les régions tempérées dans des sols de pH moyen compris entre 6 et 8,5. Cependant le champignon est localement soumis dans la rhizosphère du blé à des pH plus acides (< 5) et il existe une corrélation entre la sévérité du P-E et le pH des sols rhizosphériques.

La sensibilité au pH du milieu de 83 souches de Ggt d'une collection mondiale a été étudiée par la mesure de la croissance des souches sur milieu minéral tamponné à pH 4,6, 6 et 7. Une forte variabilité intra-spécifique de croissance existe puisque 20,5 % des souches poussent mieux à pH 4,6 qu'à pH 6 et 7 alors que les autres poussent mieux à pH neutre ou légèrement acide. La capacité à modifier le pH environnant de 3 souches de profils de sensibilité contrastés a été testée sur milieux non tamponnés préalablement ajustés à pH 5,6 ou 8. En milieu acide, ces souches sont toutes capables d'alcaliniser à distance le milieu mais des variations importantes entre souches existent concernant la distance et l'intensité d'alcalinisation. En milieu basique, ces souches acidifient leur milieu mais plus localement sous la zone de croissance du champignon. L'analyse par RT-PCRq de la variabilité d'expression des gènes de la voie Pal en fonction du pH et en fonction de la souche suggère une implication potentielle de cette voie dans la variabilité de réponse phénotypique de croissance pH-spécifique et souche-spécifique.

Cette étude doit permettre de mieux appréhender l'impact du pH sur les traits d'histoire de vie des populations de champignons telluriques parasites de plantes et sur le développement des épidémies dues à ces champignons.

Impact of deoxynivalenol on the soil fauna and the soil microflora

M. Abid, J. Leplat, L. Fayolle, E. Gautheron, C. Heraud, N. Gautheron, V. Edel-Hermann, C. Cordier et C. Steinberg

INRA UMR AGROECOLOGIE Pôle IPM, 17 Rue Sully, BP 86510, 21065 Dijon Cedex, France

F. graminearum is an important pathogen that causes head blight of cereal crops as wheat and maize. It also produces the mycotoxins (as Deoxynivalenol=DON) which are toxic to the human and animals. During the off season the pathogen survives in the soil, on weeds and in crop residues. A 24 weeks study was conducted in controlled conditions (microcosms of natural soil, 17°C, 80% WHC) to test whether the presence of DON in the wheat crop residues gives competitive advantage to *F. graminearum* over the other soil fauna and microflora to survive and develop a primary inoculum during the decomposition process. This study was carried out in the presence of the whole soil biota (i.e. fungi, bacteria, protozoa, nematodes and earthworms). In this experimental approach, wheat straw was inoculated with *F. graminearum*. The latter were placed on the soil surface or incorporated into the natural soil. This experiment was conducted with (1mg DON/kg soil-straw mixture) and without DON. The molecular biomass of fungi, bacteria and *F. graminearum* was determined by qPCR (real time polymerase chain reaction). The results recommended that DON played a significant role when the straw was mixed in the soil. The changes in the community structure of fungi, bacteria, protozoa and nematodes were determined by T-RFLP (terminal restriction fragment length polymorphism). The presence of DON played significant role on the structure of bacterial and protozoan community while the nematode and fungal communities remained unaffected. The earthworms (*Lumbricus terrestris*) mass was noted by regular weighing at each sampling time. The results showed that they were not affected by the presence of DON in the wheat crop residues. The results suggested that DON in wheat straw showed an impact on the biotic components of the soil but the impact depended on the communities and on the location of the wheat residues. It was concluded that although DON is deleterious to some of the communities but still the competitive advantage of the presence of DON to *F. graminearum* is not clear.

Identifying the genetic bases of natural variation in resistance to a pathogenic fungus in a population of a perennial plant: the example of *Quercus robur* and oak powdery mildew

B. Barrès^a, P. Garnier-Géré^a, A. Bérard^b, C. Bodénès^a, A. Boland-Augé^c, C. Burban^a, E. Chancerel^a, O. Fabreguettes^a, C. Lepoittevin^a, C. Plomion^a, C. Robin^a, G. Saint-Jean^a et M.-L. Desprez-Loustau^a

^aINRA, BIOGECO, UMR1202, 69 route d'Arcachon, 33610 Cestas, France; ^bINRA, EPGV, US1279, CNG, 2 rue Gaston Crémieux, 91057 Evry, France; ^cCEA, CNG, 2 rue Gaston Crémieux, 91057 Evry, France

benoit.barres@pierroton.inra.fr

Biotic factors are important forces shaping diversity in natural plant populations. Because of the perennial nature of trees, they have to face multiple parasitic pressures throughout their lives. This should have an evolutionary impact on the defense system of these species. Several strategies can be involved in resistance to parasites, and they rely on numerous genes, most of which are unknown and have small effects on resistance. Our study aimed at detecting the genetic bases underlying variation in disease resistance of oaks (*Quercus robur*) to a foliar pathogen (powdery mildew caused by *Erysiphe albitoides* and *Erysiphe quercicola*) under natural conditions, by combining pedigree- and population-based association mapping approaches. Phenotypic variation was characterized for 1,310 oak seedlings (structured in one population of 15 open pollinated progenies and one controlled-crossing progeny) exposed to three different powdery mildew pressures under natural conditions (obtained by manipulating inoculum levels by fungicides and inoculations). Several components of the response to powdery mildew were taken into account: receptivity (date of the beginning and length of the period of leaf susceptibility), compatibility (percentage of infected leaf area) and tolerance (impact on growth) during 3 years. All seedlings were genotyped at 1,123 SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) distributed in 502 genes previously selected on the basis of their functional annotation. Cross-validation of the genes associated with phenotypic variation in the QTL and population association mapping analyses was used to identify candidate genes for disease resistance (*sensu lato*) which will be further studied for deciphering their evolutionary trajectories.

Characterization of *Arabidopsis thaliana* mutants resistant to the type three-secreted effector DspA/EA. Launay, R. Vedel, O. Patrit, A. Degrave, M. Moreau et M. Fagard*UMR217, 16 rue Claude Bernard, 75005 Paris, France, Metropolitan alban.launay@gmail.com*

The bacterium *Erwinia amylovora* (*Ea*) is the causal agent of fire blight a disease which affects the pyreae tribe of Rosaceae (apple tree, pear tree...). This disease is characterized by necrotic symptoms on leaves and fruits which gives a "burned" aspect to the plant. Pathogenicity of *Ea* depends on a type-three secretion system (1), a syringe-like protein complex which allows the bacteria to translocate effectors into the cell, for instance the effector DspA/E essential for the pathogenicity. On the host plant, this effector induces a necrosis, an oxidative burst (2) and suppresses callose-deposition (3). However, the molecular function of DspA/E in the plant cell is not yet known. Our team chose to use the model plant *Arabidopsis* to study these mechanisms. Indeed, *Ea* induces necrotic symptoms and multiplies transiently *in planta* and it is DspA/E-dependent (4). Moreover inhibition of plant protein synthesis by cycloheximide leads to an increase in necrotic symptoms and bacterial multiplication (5). To study the function of DspA/E in plant cells, transgenic plants which express DspA/E under the control of an estradiol-inducible promotor, were produced. When the line carrying DspA/E is sown on estradiol, it leads to the expression of DspA/E which is toxic for the plant cell. An EMS mutagenesis was performed on one of yours transgenics lines carrying DspA/E. The progeny from this mutagenesis line was sown on estradiol to identify individuals resistant to DspA/E toxicity. Four putative mutants were confirmed and are currently being characterized. Phenotypical analysis of these mutants will be shown together with the strategy adopted for the identification of mutations which is currently in progress.

References cited:

1. Barny, M.A., Guinebretiere, M.H., Marçais, B., Coissac, E., Paulin, J.P. and Laurent, J. and Katagiri, F. (1990) Cloning of a large gene cluster involved in *Erwinia amylovora* CFBP1430 virulence. *Molecular microbiology*, 4, 777-786.
2. Venisse, J.S., Barny, M.A., Paulin, J.P. and Brisset, M.N. (2003) Involvement of three pathogenicity factors of *Erwinia amylovora* in the oxidative stress associated with compatible interaction in pear. *FEBS letters*, 537, 198-202.
3. DebRoy, S., Thilmony, R., Kwack, Y.B., Nomura, K. and He, S.Y. (2004) A family of conserved bacterial effectors inhibits salicylic acid-mediated basal immunity and promotes disease necrosis in plants. *Proceedings PNAS*, 101, 9927-9932.
4. Degrave, A., Fagard, M., Perino, C., Brisset, M.N., Gaubert, S., Laroche, S., Patrit, O. and Barny, M.A. (2008) *Erwinia amylovora* type three-secreted proteins trigger cell death and defense responses in *Arabidopsis thaliana*. *Mol Plant Microbe Interact*, 21, 1076-1086.
5. Moreau M., Degrave A., Vedel R., Bitton F., Patrit O., Renou J-P., Barny M.A. and Fagard M. (2012) EDS1 contributes to Nonhost resistance of *Arabidopsis thaliana* against *Erwinia amylovora*. *Mol Plant Microbe Interact*, 25, 421-430.

Analysis of *Arabidopsis thaliana* iron-deficiency and immunity responses triggered by microbial siderophoresA. Aznar^a, N. Chen^a, M. Rigault^a, J.-P. Renou^b, D. Expert^a et A. Dellagi^a^aUMR217, 16 rue Claude Bernard, 75005 Paris, France, Metropolitan; ^bURGV, UMR INRA 1165, CNRS 8114, 2 Rue Gaston Crémieux, 91057 Evry, France

Iron is essential for most forms of life. It is required in metabolic processes as respiration or photosynthesis. However, iron is weakly bio-available in environment and toxic in its free form because it can form reactive oxygen species by catalyzing the Fenton reaction. Under iron deficiency, microbes secrete low molecular weight molecules with high iron affinity, called siderophores. The ferri-siderophore complexes are specifically recognized at the cell envelope and generally transported inside the microbial cell where iron is made available. Siderophores are required for the full virulence of several micro-organisms including bacteria and fungi infecting animals (1) or plants (2). In our laboratory, we have shown that chrysobactin is a siderophore secreted by the phytopathogenic enterobacterium *Dickeya dadantii* and is required for systemic progression of soft rot symptoms on *Arabidopsis* and *Saintpaulia ionantha*. We have also shown that deferrioxamines are siderophores secreted by the phytopathogenic enterobacterium *Erwinia amylovora* and are required for full virulence on apple seedlings and flowers. A recent study showed that purified siderophores infiltrated into *Arabidopsis* leaves trigger an iron deficiency signal which leads to transcriptional activation of root genes known to be involved in iron uptake and a defense signal which leads to the accumulation of salicylic acid as well as the transcriptional activation of PR genes in leaves (3). The activation of the iron deficiency and defense signals by siderophores is independent of the siderophore chemical structure. In order to identify genes involved in the cross-signaling leading to these responses, a transcriptomic study was performed. We identified genes differentially expressed in leaves and roots of *Arabidopsis* plants, in response to the siderophore deferrioxamine leaf treatment. This analysis will be presented, and phenotypic characterization of candidate *Arabidopsis* genes involved in siderophore-mediated signaling will be presented.

Literature cited

(1) Ong ST, Ho JZ, Ho B, Ding JL (2006). *Immunobiology*, 211:295-314.(2) Lemanceau P, Expert D, Gaymard F, Bakker P, Briat JF (2009) *Plant Innate Immunity* Vol. 51, pp 491-549. London: Academic Press Ltd-Elsevier Science Ltd(3) Dellagi A, Segond D, Rigault M, Fagard M, Simon C, Saindrenan P, Expert D (2009). *Plant Physiology*. 150(4):1687-96.

Réponse biochimique de l'olivier aux attaques de bioagresseurs bactériens et fongiques

N. Gaouar-Benyelles^a, F. Ilias^b, C. Beghdad^c et K. Medjdoub^c

^aUniversité Abou Bekr Belkaid, Fa, BP 119 Imama Tlemcen 13000 Algér, 13000 Tlemcen, Algérie;

^buniversité de Tlemcen ALGERIE, BP119 IMAMA TLEMCEN ALGERIE, 13000 Tlemcen, Algérie;

^cDépartement de Biologie. Faculté, BP119 IMAMA TLEMCEN ALGERIE, 13000 Tlemcen, Algérie
gaouarn@yahoo.fr

L'étude de l'infestation de l'olivier par la flore pathogène qui lui est associée d'une part ; l'étude phytochimique des composés phénoliques sécrétées par cet arbre d'autre part, ont permis de savoir que la flore microbienne de nos olives est composée de onze genres de champignons et sept genres de bactéries. La comparaison des teneurs en composés phénoliques entre les fruits sains et infectés, a permis de connaître la stratégie de défense biochimique de cet arbre. Mots-clés : olivier; microflore; composés phénoliques

Lutte biologique contre le mildiou de la pomme de terre

S. Moumene^a, S. Zanoune^b, M. Laidani^b et Z. Bouznad^c

^aUniversité Saad Dahlab de Blida, BP.270, Douirète ,Blida, 09100 Blida, Algérie; ^bI.N.P.V d'El Harrach, Rue Hacene Badi El Harrach, 16000 Alger, Algérie; ^cE.N.S.A d'El Harrach, Rue Hacene Badi El Harrach, 16000 Alger, Algérie
moumene_saida@yahoo.fr

Le mildiou ou brûlure tardive causé par *Phytophthora infestans*, est l'une des maladies les plus redoutables de la pomme de terre *Solanum tuberosum* L. En effet, les fongicides du groupe des phenylalamides dont la matière active est à base de Metalaxyl ont été largement utilisés pour son contrôle. Cependant, ces derniers demeurent inefficaces face aux souches agressives du type A2. Dans le but de rechercher d'autres méthodes alternatives de lutte, nous avons opté pour l'antagonisme *in vivo* de onze isolats Algériens de *Trichoderma* sp. et le pouvoir antifongique *in vivo* des préparations à base de plantes : l'ortie (*Urtica dioica*), la prêle des champs (*Equisetum arvense*), la sauge (*Salvia officinalis*), le pacanier (*Carya illinoensis*), le romarin (*Rosmarinus Officinalis*), le pistachier lentisque (*Pistacia lentiscus*), la menthe odorante (*Mentha suaveolens*) et les algues brunes marines du genre *Laminaria*, à l'égard de deux isolats algériens du type A1 et A2 de *Phytophthora infestans*. Ce qui consiste à l'inoculation *in vitro* des feuilles détachées de deux variétés de pomme de terre Spunta et Kondor issues d'une culture en pots où différents types de traitements ont été effectués, en application préventive ; par l'incorporation des poudres végétales ou des isolats antagonistes au sol avant plantation, l'arrosage par les extraits aqueux des végétaux ou la pulvérisation des plants de pomme de terre par les suspensions d'antagonistes et par le trempage des feuilles détachées dans les extraits aqueux purs et dilués (à 20%) ou dans les suspensions conidiennes des antagonistes avant l'inoculation et un mode curatif après inoculation. Ainsi, la réduction de la maladie enregistrée pour l'antagonisme a été plus importante pour la souche A1 et sur la variété Spunta, elle a atteint les 88.2% pour le mode d'application préventif par incorporation au sol et a avoisiné les 80% pour les modes d'application préventif par trempage et curatif. Ainsi, la plus forte inhibition de la maladie (97.5%) a été enregistrée avec l'incorporation au sol des deux isolats de *Trichoderma* sp. (TCO et celui prélevé d'El Amra malade). Par ailleurs, l'ensemble des espèces végétales testées ont montré une forte réduction de la maladie et une importante inhibition de la sporulation, notamment avec, *Mentha suaveolens* et *Laminaria* sp. sur la variété Spunta, pour les deux souches A1 et A2 de *P. infestans*. Ainsi, les traitements préventifs se sont révélés les plus efficaces. Ce présent travail a confirmé *in vivo* le pouvoir antagoniste des isolats Algériens de *Trichoderma* sp. et le pouvoir antifongique des préparations à base de plantes et d'algues *in vivo* vis-à-vis de *P. infestans* pour leur application en plein champ et l'exploitation de leurs potentialités biofongicides dans la gestion du mildiou de la pomme de terre en Algérie.

VvNPR1.1 est l'orthologue d'AtNPR1 et sa surexpression provoque l'activation constitutive des gènes PR et la résistance à *Erysiphe necator* chez *Vitis vinifera*G. Le Henanff^a, S. Farine^a, F. Kieffer-Mazet^a, A.-S. Miclot^b, P. Mestre^c, C. Bertsch^d et J. Chong^d

^aLVBE, Université de Haute Alsace, 33 rue de Herrlisheim, 68000 Colmar, France; ^bINRA Colmar UMR 1131, 28 rue de Herrlisheim, 68000 Colmar, France; ^cINRA Colmar UMR 1131 INRA et UdS, 28 rue de Herrlisheim, 68000 Colmar, France; ^dLVBE Université de Haute Alsace, 33 rue de Herrlisheim, 68000 Colmar, France
julie.chong@uha.fr

La compréhension des bases moléculaires des mécanismes de résistance de la Vigne aux agresseurs biotiques constitue un prérequis à la recherche de moyens de lutte alternatifs aux pesticides. Chez *Arabidopsis*, NPR1 (Non expressor of PR genes 1) joue un rôle clé dans la voie de signalisation régulée par l'acide salicylique et responsable de la mise en place de la résistance aux agents pathogènes biotrophes et de la résistance systémique acquise (SAR). Nous avons identifié deux gènes homologues d'AtNPR1 chez la Vigne : VvNPR1.1 et VvNPR1.2. La caractérisation fonctionnelle de ces deux gènes montre que la surexpression de VvNPR1.1 dans le mutant *npr1-2* d'*Arabidopsis* permet, contrairement à VvNPR1.2, de restaurer l'expression de PR1 après traitement par du SA ou inoculation bactérienne, ainsi que la résistance à *Pseudomonas syringae* pv. *maculicola*, un agent pathogène virulent. VvNPR1.1 apparaît donc comme l'orthologue fonctionnel d'AtNPR1, alors que VvNPR1.2 assure vraisemblablement une fonction différente. La surexpression stable de VvNPR1.1 en fusion avec la GFP a également pu être réalisée chez *V. vinifera* cv. Chardonnay, grâce à une technique de transformation par *A. tumefaciens* de cals embryogènes de Vigne. Les résultats obtenus sur les plantules transformées montrent une localisation constitutive de VvNPR1-GFP dans le noyau, ainsi qu'une expression élevée des protéines PR en l'absence d'infection. De plus, les vignes surexprimant VvNPR1-GFP montrent clairement une augmentation de la résistance vis-à-vis de l'infection par *Erysiphe necator*, l'agent de l'oïdium. La forte conservation de séquence des gènes VvNPR1 chez les Vitaceae ainsi que l'ensemble de ces résultats souligne l'importance de la voie régulée par le SA et NPR1 pour la résistance aux agents pathogènes biotrophes chez la Vigne.

Exploring preformed defense allows the identification of new disease regulators in riceX. Grand^a, E. Chanclud^a, R. Espinoza^a, S. Cros^a, C. Michel^a, J. Jacobs^b et J.-B. Morel^a

^a*Inra, UMR BGPI, Campus de Bailarguet, TA A 54/K, 34398 Montpellier, France;* ^b*Bayer BioScience N.V, Technologiepark 38, B9052 Gent, Belgique*
jbmorrel@cirad.fr

Elevated constitutive expression of components of the defense arsenal is associated to quantitative resistance to the rice blast fungus, a phenomenon called preformed defense. While the role of many disease regulators in inducible defense systems has been extensively studied, little attention has been paid so far to genes that regulate preformed defense. In this study, we show by micro-array analysis across rice diversity that the preformed defense phenomenon impacts on a large number of defense-related genes without apparently affecting other biological processes. Using a guilt-by-association strategy, we identify four positive regulators of preformed defense that promote constitutive expression of known defense markers and partial resistance to rice blast. The HSF23 gene encodes for a putative member of the heat shock transcription factor family, while CaMBP encodes for a putative Calmodulin-binding protein. Both HSF23 and CaMBP strongly affect preformed defense and also plant growth. We also identified a gene called ZBED and one called AGO that act as positive regulators of resistance, modifying neither preformed defense nor development of the plant. Additionally we identified the OB-fold gene as a negative regulator of blast resistance which could be involved in RNA stabilization. Taken together our results prove that our strategy of combining analysis of gene expression diversity with guilt-by-association is a powerful way to identify disease resistance regulators in rice.

The extracellular matrix of a *Botrytis cinerea* cell wall mutant overstimulates host plant immunity

C. Kunz^a, D. Arbelet^b, T. Fontaine^c, K. Gajek^b, M. Choquer^d, S. Assié^b, S. Morx^b, E. Blondet^b, P. Malfatti^a, E. Simond-Côte^b et M.-C. Soulié^b

^aUMR217 INRA-AgroParisTech-UPMC, 16 Rue Claude Bernard, 75005 Paris, France; ^bUniversité Pierre et Marie Curie, 16 rue Claude Bernard, 75231 Paris, France; ^cInstitut Pasteur, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15, France; ^dUMR5240, Univ. Lyon 1 - CNRS, Laboratoire Mixte, BAYER, 14 impasse Pierre Baizet BP99163, 69263 Lyon Cedex09, France
marie-christine.soulie@upmc.fr

Botrytis cinerea is an important phytopathogenic fungus which causes grey mould on a wide range of food plants especially grapevines, soft fruits and vegetables. A number of fungicides, including systemic compounds have been used extensively and serious problems of resistance have arisen. Effective control of *B. cinerea* relies on the development of new strategies. The fungal cell wall is a dynamic structure that protects the cell from different environmental stresses suggesting that wall-synthesizing enzymes are of great importance for fungal virulence and could be a suitable target for fungicides. Chitin, a β -1,4 N-acetylglucosamine polymer, is biosynthesized by a family of membrane proteins, the chitin synthases (CHS). Seven classes of *B. cinerea* CHS have been identified and corresponding genes sequenced. Several mutants, including class I Bcchs1 (Soulié *et al* 2003), class III Bcchs3a (Soulié *et al* 2006), class IV BcchsIV, class VI Bcchs6 and class VII Bcchs7, were constructed by reverse genetics. Mutation in the Bcchs6 gene was revealed to be lethal (unpublished data). The four mutants show different levels of aggressiveness and particularly Bcchs3a mutant with a drastic reduced virulence whatever the host plant tested. This phenotype could be due to the altered cell wall structure causing increased plant defense induction. To examine this hypothesis we tested it on different *Arabidopsis thaliana* mutants defective in plant defence. We found that Bcchs3a mutant recovered virulence on pad2 and pad3 mutants leaves defective in camalexin production. Moreover, this mutant was not more susceptible *in vitro* toward camalexin than the wild type strain but induced a strong camalexin accumulation at the infection site on ecotype Col0 (Arbelet *et al* 2010). Microscopic analyses have revealed a thick extracellular matrix (ECM) around Bcchs3a hyphae *in vitro* and in planta. The ECM composition in neutral hexoses showed an increase in mannose and galactose (58 and 48% respectively) for Bcchs3a mutant compared to the wild type strain Bd90. We suggest that a new pathogen-associated molecular pattern (PAMP) present in the Bcchs3a ECM could be recognized by a carbohydrate-binding protein receptor like MBL, inducing defense responses such as camalexin production. Preliminary results show an elicitor role for Bcchs3a ECM. Altogether, our results suggest that BCCHS3a and BCCHS6 proteins are valuable antifungal targets for the phytopathogenic fungus *B. cinerea*.

Priming for Plant Defense and Reduced Pathogen Colonization in Tomato Roots by the Endophytic Strain *Fusarium oxysporum* 47S. Aimé, C. Alabouvette, C. Steinberg et C. Olivain*INRA UMR AGROECOLOGIE Pôle IPM, 17 Rue Sully, BP 86510, 21065 Dijon Cedex, France
chantal.olivain@dijon.inra.fr*

Among the soil-borne populations of *Fusarium oxysporum*, some strains are pathogenic, other are non pathogenic and among these non pathogenic strains some are able to protect the plant against infection by pathogenic strains. The biological control activity of these protective *F. oxysporum* is exerted directly by interactions with the pathogen and indirectly by activation of the plant-mediated resistance (Alabouvette et al. 2009). Aimé *et al* (2008) have compared PR gene expression in tomato inoculated with a virulent strain of *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol8) and the biocontrol strain *F. oxysporum* 47 (Fo47). Results suggested that Fo47 induces priming rather than elicitation of the plant defense reactions. This study was aiming at verifying this hypothesis. An *in vitro* method enabling to inoculate tomato roots with Fo47 and 48 h later with Fol8 was developed. The roots were sampled at different time intervals, RNA extracted and expression of 10 defense related genes was assessed by RT-qPCR. Two housekeeping genes (beta-tubulin and PP2Acs) were used as endogenous reference genes for the normalization of the expression levels of the target genes. Fungal colonization of the roots was quantified by qPCR tagging specific markers of the strains. Three genes encoding GluA (acidic extracellular β -1,3-glucanase), Chi3 (acidic extracellular chitinase) and PR-1a (PR-1 protein isoform PR-P6) were primed in roots pre-treated with Fo47, 48h after having been challenged with the pathogen. In cotyledons, these genes were over-expressed 96 h after inoculation with Fo47. Moreover pre-treatment with Fo47 reduced significantly root colonization by Fol8 from 6 days to 2 weeks after inoculation. These results show that colonization of tomato roots by Fo47 is able to induce a primed state of roots which results in a higher expression level of defense-related genes upon pathogenic *F. oxysporum* attack. Priming is one of the mechanisms of action of Fo47 which is shared with other endophytic bio-control agents such as effective strains of fluorescent *Pseudomonas* spp. and of *Trichoderma* spp. Whether this reduced colonization by the pathogen results from the primed state of the root or from a direct competition between the fungi needs further investigation.

Caractérisation d'inhibiteurs de protéases lors de l'interaction entre la vigne et *Botrytis cinerea*

C. Gérard, J. Crouzet, C. Clément, F. Mazeyrat-Gourbeyre, L. Monti-Dedieu et F. Baillieul

URCA, UFR SEN, Moulin de la Housse Bat 18, 51687 Reims, France
 clementine.gerard@etudiant.univ-reims.fr

Parmi les protéines PR (Pathogenesis-Related) impliquées dans la défense des plantes, la famille des PR-6 comprend des inhibiteurs de protéases (IP), principalement étudiés pour leur implication dans la résistance aux insectes ravageurs. Différentes études suggèrent que le champignon *Botrytis cinerea* dégrade les protéines de défense de la vigne en produisant des protéases (1). Chez la carotte, l'ajout de pepstatine, un inhibiteur chimique de protéases aspartiques, réduit l'infection par *B. cinerea* (2). A l'appui de ces données, nous émettons l'hypothèse que l'induction d'IP pourrait aider la vigne à contrer l'infection par *B. cinerea*. Deux IP, faisant respectivement partie de la famille des Potato inhibitor I et Kunitz Soybean Trypsin Inhibitor ont été sélectionnés pour leur action potentielle vis-à-vis des protéases du champignon. Afin de vérifier la capacité des IP à inhiber les protéases fongiques et à limiter la dégradation des protéines de défense, des IP recombinants ont été obtenus par transformation de la levure *Pichia pastoris*. Les premières confrontations avec le champignon en tests *in vitro*, en présence d'extraits protéiques de baies, seront initiées prochainement. Parallèlement, le profil d'expression des deux IP montre que ceux-ci sont induits au cours de la maturation, et malgré tout, *B. cinerea* peut infecter la baie mûre. Ils sont également induits suite à l'infection de baies ou de feuilles par *B. cinerea*, mais plus tardivement que les protéases du champignon et bien après les premières lésions causées par l'agent pathogène. Ces résultats suggèrent que la présence des deux IP dans la baie mûre n'est pas suffisante pour stopper le champignon, et qu'ils sont induits trop tardivement pour avoir un effet contre lui. Dans la perspective d'agir sur leur régulation, l'expression des IP a été étudiée en réponse à l'application de molécules signal et d'éliciteurs. Leur expression peut être induite par différents traitements. Une approche de localisation tissulaire des ARNm par hybridation *in situ* a été développée afin de vérifier si les sites d'expression des IP correspondent aux sites de développement du champignon. Les premiers résultats sur baies vertes blessées montrent que les deux IP s'expriment majoritairement au niveau de l'endosperme et de l'épiderme des pépins. Ainsi une localisation inadaptée de ces protéines pourrait être une cause de leur inefficacité. D'autres études *in situ* sont en cours concernant des baies mûres saines, traitées par des éliciteurs et infectées par *B. cinerea*. Enfin, pour vérifier un potentiel effet protecteur *in-planta* contre le champignon, la réalisation de vignes transgéniques surexprimant les IP a été initiée (collaboration avec la plateforme de transformation génétique de l'INRA de Colmar).

(1) Marchal *et al* (2006). Journal of Agricultural Food and Chemistry. 54 : 5157-5165.

(2) Movahedi S. and Heale J. B. (1990). Physiological and Molecular Plant Pathology. 36, 4 : 289-302.

Role the group 1 solanaceous plant protein REMORIN in virus propagation: involvement of phosphorylation events

V. Germain^a, A. Perraki^a, S. German-Retana^b, E. Bayer^a et S. Mongrand^a

^aUMR5200 CNRS-Univ. Bordeaux, Lab Biogenèse Membranaire, 146 rue Léo Saignat, case 92, 33076 Bordeaux Cedex, France; ^bINRA, UMR BFP 1332, Virologie, BP81, Université de Bordeaux, F-33883 Villenave D'ornon, France
veronique.germain@u-bordeaux1.fr

Remorins (REM) constitute a family of proteins exclusively found in vascular plants. Although their role in plant development and physiology is still largely unknown clues about the function of groups 1 and 2 are starting to emerge. Thus, group 2 REM has been implicated in plant response to biotic stress, such as nodulation via the interaction with symbiotic factors (Lefebvre et al., 2010). Group1 REM was shown to play a role in the viral propagation of the Potato Virus X (PVX), a member of Potexvirus, a widespread genus of agronomically important RNA viruses. In the latter case, functional analyses in transgenic tomato over- or under-expressing REM have clearly demonstrated an antagonistic correlation between the level of the REM protein and the local and systemic spread of PVX (Raffaëlle et al., 2009). Moreover, REM has been found to interact with one of the three viral proteins required for cell-to-cell movement, the protein Triple Gene Block 1 (TGB1). In order to investigate in more details the role of REM in virus propagation, we are currently undertaking complementary approaches. First, we want to determine if the role of REM in cell-to-cell movement is restricted to the PVX or also affects other viruses that encode TGB1 movement proteins. Therefore, transgenic *Nicotiana benthamiana* lines overexpressing GFP-REM were generated and will be infected with a range of viruses from different genera. Second, as REM was initially identified as a protein phosphorylated in response to oligogalacturonides (Farmer et al., 1989), we performed *in vitro* biochemical analyses to identify if REM is also subjected to such post-translational modifications during the PVX infection process. We showed that REM is phosphorylated in the presence of a plasma membrane-associated kinase, activated in PVX infected tissues, suggesting that the activity of the membrane-associated kinase is increased in response to the viral infection. Current work is focusing on the biochemical characterization of this(these) kinase(s). The role of the phosphorylation will also be tested by analyzing the PVX movement in leaves transiently expressing the different phosphomutants. Taken all together, these data should give new insights on the use of the host protein Remorin to restrain virus spread and how this mechanism is regulated. see also poter :”The anchoring mechanism of Remorin proteins to the plant membrane rafts is essential for the regulation of virus propagation” by A. Perraki et al.

Etude de l'interaction entre *Medicago truncatula* L. et *Ascochyta rabiei* (Pass.) LabrD. Mahiout^a, M. Rickauer^b, B.S. Bendahmane^a et M. Youcef Benkada^a

^aUniversité Mostaganem, Laboratoire de Protection, des Végétaux, Dept. Agronomie, 27000 Mostaganem, Algérie; ^bINP-ENSAT, ECOLAB, UMR 5245 CNRS-INP-UPS, 18 chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France
djamelmahiou@yahoo.fr

Nous avons testé au laboratoire la réaction de deux lignées (A17 et F83005.5) de *M. truncatula* vis-à-vis du pathogène *Ascochyta rabiei*, responsable de l'antracnose du pois chiche (*Cicer arietinum* L.). Cette maladie cause des pertes allant jusqu'à 100% des récoltes. Des inoculations par suspension conidienne ont été réalisées sur plantes entières et feuilles détachées. Dans les deux essais et sur les deux lignées, des symptômes ont été observés, le champignon a colonisé les tissus foliaires et a produit des pycnides. Nous avons ensuite étudié le comportement de ces lignées et débuté une étude de l'expression de gènes associés à la défense, par qRT-PCR. Des folioles inoculées par *Ascochyta rabiei* ont été récoltées au moment de l'inoculation (T0), à 1, 2 et 3 dpi pour l'extraction de l'ARN. Huit gènes représentant des mécanismes de défense différents ont été retenus pour ce travail : PR protéines, phytoalexines, et inhibiteurs de protéase. Ils peuvent contribuer chacun soit directement soit indirectement à la défense contre des attaques de pathogènes. Le "gène de ménage" EF1- α est utilisé pour la normalisation. Les résultats ont été analysés grâce au logiciel S.D.S. 2.2.2. Les gènes codant pour les protéines de défense PR1, PR5 et β -1-3 Glucanase ont montré des profils d'expression différents chez les deux lignés. Leur induction a été plus précoce chez la lignée A17 en comparaison avec la lignée F83005.5. Par contre, le gène codant la PR10 a été induit pour F83005.5 alors que son profil d'expression n'a pas changé chez A17. Le gène codant la chitinase, enzyme de dégradation de parois fongiques a été réprimé transitoirement chez les deux lignées. Concernant les gènes impliqués dans la voie de biosynthèse des flavonoïdes, le gène PAL n'a pas montré de modification de son expression. Le gène de la flavone synthase, participant à la biosynthèse des flavonoïdes a été réprimé à 3 dpi pour les deux lignées. La chorismate synthase (synthèse de la phénylalanine) a été significativement induite à 2 dpi pour F83005.5 mais son profil est resté identique au témoin chez A17. Un autre patron d'expression est observé pour le gène de la protéine inhibitrice de protéinases à sérine (PI 20). Nous avons observé une induction transitoire chez la lignée A17, qui n'a pas eu lieu chez la lignée F83005.5. Malgré des différences très subtiles dans la sensibilité des deux lignées de *M. truncatula* vis-à-vis d'*A. rabiei*, notre étude montre une différence nette dans la régulation de gènes de défense.

A highly dynamic transcriptome governs the onset of compatible interaction between *Arabidopsis thaliana* roots and *Phytophthora parasitica*

J.-Y. Le-Berre, M. Gourgues, C. Morabito, H. Keller, F. Panabières et A. Attard

UMR ISA INRA 1355/UNS/CNRS 7254, 400 route des Chappes, BP 167, 06903 Sophia Antipolis, France, Metropolitan
agnes.attard@sophia.inra.fr

Oomycetes from the genus *Phytophthora* are fungus-like pathogens that are devastating for agriculture and natural ecosystems. Due to their particular physiological characteristics, no sustainable management strategy of these microorganisms is currently available. To develop new plant protection approaches, it appears essential to decipher the molecular mechanisms that govern the interaction between *Phytophthora* species and their host plants. In this context, our laboratory aims at understanding the molecular events underlying the onset of the compatible interaction between plant roots and *Phytophthora* species. For this purpose, we took advantage of a system involving the model plant *Arabidopsis thaliana* and the wide host range pathogen, *Phytophthora parasitica*. We monitored transcript accumulation during the thirty first hours of *A. thaliana* root infection by *P. parasitica* motile zoospores. Infection steps ranging from penetration, biotrophy and to the switch to necrotrophy were analyzed. We show that the interaction transcriptome is highly dynamic, and that a subset of genes is activated as soon as the first contact between plant roots and the oomycete occur. To examine the molecular dialogue establishing between both partners of the interaction, and to identify plant functions that are modulated by *P. parasitica*, we selected twenty-one candidate genes that are highly modulated during the first hours of infection. The characterization of corresponding knock-out mutants revealed genes contributing either to the susceptibility, or the resistance of *A. thaliana*. These results and the functional analysis of candidate genes will be presented and discussed.

Evidence for the ability of exogenous trehalose to induce defences during biotic stress: the wheat-powdery mildew interactionC. Tayeh^a, B. Randoux^a, N. Bourdon^a, P. Jacques^b et P. Reignault^a^a*UCEIV-EA4492-ULCO-GIS PhyNoPi, 50 rue Ferdinand Buisson B.P.699, F-62228 Calais, France;*^b*Université Lille1, ProBioGem, Boulevard Paul Langevin, F-59655 Villeneuve D'ascq, France
christine.tayeh@univ-littoral.fr*

Powdery mildew would be one of the most damaging wheat (*Triticum aestivum*) diseases without the extensive use of conventional fungicides. It is caused by *Blumeria graminis* f.sp. *tritici* (Bgt), an obligate biotrophic fungus that invades wheat aerial parts. Several resistance inducers have been shown to protect wheat from Bgt: trehalose (TR), salicylic acid, heptanoyl salicylic acid, Iodus40®, Milsana®, nonacetylated and acetylated oligogalacturonides (Reignault et al., 2001; Muchembled et al., 2006; Randoux et al., 2006; Renard-Merlier et al., 2007; Randoux et al., 2010). A preventive treatment of wheat with TR, a disaccharide mostly studied for its role in protection against abiotic stress, activates plant defence responses such as papilla deposition, phenylalanine ammonia-lyase (PAL) and peroxidase activities. Our work aimed at characterizing for the first time at the molecular level the mode of action of TR and to assess elicitation or priming effects. A range of defence responses was investigated: PR-proteins synthesis, reactive oxygen species (ROS) metabolism, lipid peroxidation, phenylpropanoid and octadecanoid pathways. The expression level of genes involved in these pathways was measured using real-time qPCR in time course experiments. We first established basal defence responses against Bgt in susceptible wheat, which occurred within the 21 first hours post inoculation (hpi). First defence reactions involved the octadecanoid pathway and the ROS metabolism with the lipoxygenase (*lox*) and the oxalate oxidase (*oxo*) genes induction respectively, while the glutathione-S-transferase (*gstf*) gene expression remained unchanged, followed by the up-regulation of chitinases and PR1-encoding genes. Finally, the PAL (*pal*) gene, acting upstream of the phenylpropanoid pathway, and the phospholipase C (*lipC2*) gene expression, for the lipid metabolism, were induced. TR priming activity was assessed in plantlets pre-treated with TR and challenged with Bgt. Earlier and lower inductions of chitinases-encoding genes and *oxo* were recorded, as well as an additional later one. The PR1-encoding gene and the Lipid Transfer Protein (*ltp*) genes were also induced earlier, whereas the *lox* gene expression was delayed. TR eliciting activity was assessed in non-infected treated plantlets compared to control ones treated with water. Chitinases and PR1-encoding genes were up-regulated early, as well as *oxo*. Lipid metabolism was also modulated with early and late induced expressions of *ltp* and *lox* genes, respectively. Enzymatic assays are being conducted in order to confirm the involvement of genes products in the stimulation of wheat defences. Direct infiltration of a TR solution in wheat leaves was also performed to assess per se biological activities of such an hydrophilic molecule independently of its weak ability to penetrate the hydrophobic plant cuticle. Interestingly, only chitinases-encoding genes showed higher induction levels in these conditions. Molecular modifications of TR that could improve its penetration ability are also undertaken, in order to increase its resistance inducer activity

Antagonisme Potentiel de Quelques Bactéries Aériennes vis-à-vis de la Tuberculose de l'OlivierN.S. Iacobellis^a, P. Lo Cantore^a et N. Ghanney^b

^aUniversità degli Studi della Basilicata, Via Nazario Sauro, 85, 85100 Potenza, Italie; ^bInstitut des Régions Arides, 22.5 Rte Djorf, 4119 Médenine, Tunisie
nadia.ghanney@gmail.com

Dans toutes les régions oléicoles, l'olivier (*Olea europea* L.) est attaqué par divers parasites, y compris la bactérie *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi*, l'agent causal de la tuberculose de l'olivier, une maladie caractérisée par des excroissances (noeuds, galles), principalement sur les jeunes tiges en raison de phytohormones (AIA, cytokinines) provoquant une altération de l'équilibre hormonal des tissus infectés. La maladie semble réduire de manière significative la production d'olives et provoquer l'altération des olives de table vertes qui sont de mauvais goût, amer, salé, aigre ou rance. Aucune information n'est disponible à ce jour sur l'effet quantitatif et qualitatif possible de la maladie sur l'huile. Les bactéries, exsudant de fissures de noeuds ou galles, et se développant comme des épiphytes sur les plantes hôtes, nettement plus élevées au printemps et en automne, sont la principale source d'inoculum. L'infection du matériel de multiplication infecté est importante dans la diffusion à longue distance de l'agent pathogène tandis que les plantes infectées dans un champ apparaissent en tant que centre de diffusion des agents pathogènes favorisés principalement par les pluies venteuses, les aérosols, l'élagage, la récolte de fruits, etc. Considéré comme le manque de variétés résistantes, mais des variétés tolérantes à la maladie sont disponibles, la tuberculose de l'olivier est principalement contrôlée, mais avec un succès limité, par des pulvérisations des composés de cuivre. Dans ces considérations, de nouvelles mesures apparaissent dont l'isolement de bactéries épiphytes antagonistes à l'agent causal de la tuberculose de l'olivier ; *P. savastanoi* pv. *savastanoi*. Des isolats bactériens obtenus à partir du phylloplan de l'olivier et appartenant au genre *Bacillus*, *Pseudomonas* et *Burkholderia* ont inhibé *in vitro* la croissance des souches de *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi*. En test de pathogénicité, certains isolats de *Bacillus* spp. ont sensiblement inhibé et / ou ralenti la formation de noeuds ou galles. Au contraire aucun effet significatif n'a été observé dans le cas d'une formulation commerciale à base de *Bacillus* spp. utilisée pour la comparaison. Pour conclure, bien que des études supplémentaires soient nécessaires, les bactéries antagonistes apparaissent comme un outil potentiel pour le développement des mesures de contrôle de la tuberculose de l'olivier aussi bien dans les vergers que dans les pépinières.

UGT76E12, a glycosyltransferase of secondary metabolism involved in immune response of *Arabidopsis thaliana* against *Pseudomonas syringae* pv. tomato

L. Didierlaurent^a, Y. Deveaux^a, D. Heinz^b, B. Camara^c, S. Kaufmann^c, M. Dufresne^a, P. Saindrenan^a et M. Garmier^a

^a*IBP Univ Paris-Sud 11, Rue de Noetzlin, 91405 Orsay, France;* ^b*Institut de Biologie Moléculaire, CNRS, 12 rue du Général Zimmer, 67084 Strasbourg, France;* ^c*Institut de Biologie des plantes, CNRS-Université Paris-Sud 11, bât. 630, 91405 Orsay Cedex, France*
laure.didierlaurent@u-psud.fr

Glycosylation is one of the most widespread means of regulation of biological properties of secondary metabolites and particularly of their antimicrobial activity. In *Arabidopsis thaliana*, the glycosylation is performed by glycosyltransferases (UGTs) encoded by a multigenic family. The expression of UGT76E12 is strongly induced in *Arabidopsis* in response to the hemibiotrophic virulent bacteria *Pseudomonas syringae* pv. tomato (Pst DC3000). T-DNA insertion mutants exhibit an increased susceptibility to Pst DC3000 and to the virulent biotroph oomycete *Hyaloperonospora arabidopsidis*, demonstrating a role for UGT76E12 in basal resistance to these pathogens. Lines overexpressing UGT76E12 have been generated and exhibit a transient phenotype in response to Pst DC3000. UGT76E12 (promo_UGT76E12 ::GUS) is particularly expressed in floral organs during development, but also in tissues surrounding wounding. Transcriptomic analyses suggested an early involvement of UGT76E12 in resistance against Pst and revealed that UGT76E12 expression is co-induced with genes involved in biosynthesis of terpenoids. Implication of these secondary metabolites in plant resistance against insects has been largely demonstrated, however it remains unclear if they also participate in plant defence towards pathogens. Metabolic profiling by GC-MS focused on terpenoid derivatives are in progress to identify UGT76E12 substrate.

Use of *Arabidopsis thaliana* cells to analyse the pathogenicity of *Pectobacterium carotovorum*

M. Kettani-Halabi^a, D. Tran^a, M. Terta^b, R. Ait M'hand^b, F. Val^c, M.M. Ennaji^b et F. Bouteau^a

^aUniversité Paris Diderot, Sorbonne Paris Cité, LEM, IBP, 91405 Orsay, France; ^bUniversité Hassan II (UH2CM), LVHM-FSTM BP 146 Route de Rabat, 20650 Mohammedia, Maroc; ^cAgrocampus Ouest - UMR1349 IGEPP, 65 rue de St Brieuc, 35000 Rennes, France
mohamed.kettani-halabi@u-psud.fr

Pectobacterium carotovorum are important plant pathogens that cause plant soft rot symptoms. They induce important economical wastes. These enterobacteria display high diversity worldwide. Their pathogenesis depends on production and secretion of virulence factors such as plant cell wall-degrading enzymes (PCWDE), type III effectors, a necrosis-inducing protein. These factors are tightly regulated by quorum sensing. *P. carotovorum* also present pathogen-associated molecular patterns (PAMPs) that could participate in their pathogenicity. In this study, we correlate plant cell death and pectate lyases activities after coinfection of *Arabidopsis thaliana* cells suspension with different *P. carotovorum* strains. We demonstrate that lipopolysaccharides (LPS, considered as PAMPs) from *P. carotovorum* have a dual effect: (i). they could prevent *P. carotovorum* induced cell death in *Arabidopsis thaliana* cells, as observed with non-pathogenic LPS from *Escherichia coli* and *Pseudomonas aeruginosa* and (ii) they could also induced a programmed cell death of a part of the plant cell population, when non-pathogenic LPS did not. Moreover, the classification of strains, depending on their virulence, is the same when we compare quantity of symptoms on potato and plant cell death in coculture. Therefore, *Arabidopsis thaliana* cells could be an alternative tool to evaluate rapidly and efficiently the pathogenicity of different *P. carotovorum* strains.

Archipelago-wheat: defining the Wheat Arsenal against Microbial Pathogens

E. Gobbato^a, T. Langin^b, M.-H. Lebrun^c et J.-B. Morel^d

^aINRA UNR-BGPI, Campus Internat. de Baillarguet, 34398 Montpellier, France; ^bUMR-GDEC, INRA Site de Crouël, 234 avenue du Brézet, 63100 Clermont-Ferrand, France; ^cUR 1290 BIOGER, CPP-INRA-AgroParisTech, Avenue Lucien Bretignières, 78850 Thiverval-Grignon, France; ^dInra, UMR BGPI, Campus de Baillarguet, TA A 54/K, 34398 Montpellier, France
enrico.gobbato@supagro.inra.fr

The amount of data generated from studies on defence responses against pathogen attacks in cereals has increased dramatically in the recent years. Taking advantage of this wealth of information we performed a meta-analysis implementing publicly available gene expression and functional validation data in order to define the wheat defence arsenal. In particular the results from 12 wheat defence gene expression surveys (66K Affymetrix chip based) were combined with functional validation studies in wheat (11 publications) and in other cereals (73 publications) through translation into wheat. Additionally we integrated unpublished data derived from functional validation experiments in rice performed in our lab and from gene expression studies carried out within the TWIST project. This analysis led on one hand to the identification of specific markers for the response to pathogens of the genera *Mycosphaerella*, *Fusarium*, *Magnaporthe*, *Puccinia* and *Blumeria* and on the other to the definition of a set of 12 universal marker genes for defence. Most importantly the collected information allowed the identification of a reservoir of 427 potential targets for wheat disease resistance breeding programs, 303 of which not yet functionally validated. A case study on transcription factors (41 of the novel candidates identified) corroborated the validity of our approach as it demonstrated that our criteria based on transcriptional regulation had the potential to single out genes previously demonstrated to play a role in defence responses in cereals. For candidate genes functional validation a genuine translational approach is being followed taking advantage of resources available not only in wheat but also in rice.

Etude du métabolisme des polyamines et des réactions de défense induites au cours de l'interaction entre la vigne et une bactérie bénéfique *Pseudomonas fluorescens* PTA-CT2

C. Gruau^a, P. Trotel-Aziz^a, S. Villaume^a, F. Rabenoelina^a, C. Clément^b, F. Baillieul^b et A. Aziz^a

^aURCA, UFR SEN, Moulin de la Housse, Bat 18, B.P. 1039, 51687 Reims Cedex 2, France; ^bURCA, UFR SEN, Moulin de la Housse Bat 18, 51687 Reims, France
charlotte.gruau@univ-reims.fr

Les polyamines (PAs) (putrescine, spermidine et spermine) sont des molécules ubiquistes, de nature polycationique qui sont impliquées dans l'adaptation et la résistance des plantes aux stress biotiques et abiotiques (1). Leur contribution dans les mécanismes de défense au cours de l'interaction plante/agent pathogène a fait récemment preuve de quelques démonstrations, mais peu d'informations sont disponibles quant à leur rôle au cours de l'interaction plante/micro-organisme bénéfique. De nombreuses bactéries bénéfiques sont capables de protéger les plantes contre des agents phytopathogènes en favorisant la mise en place d'une résistance systémique induite (ISR). Chez la vigne, l'ISR s'avère déterminante dans la protection contre *Botrytis cinerea* (2). Parmi les bactéries que nous avons étudiées, *Pseudomonas fluorescens* PTA-CT2 est la plus efficace en terme de protection et de potentialisation de réactions de défense vis-à-vis de *B. cinerea* (3). Cependant, les événements responsables de la mise en place de l'ISR ne sont que partiellement élucidés. L'objectif de ce travail est donc d'évaluer l'impact de PTA-CT2 sur les déviations du métabolisme des polyamines en lien avec la mise en place des réactions de défense. PTA-CT2 appliquée au niveau des racines de vitroplants de vigne provoque des modifications locales et systémiques de la teneur en PAs et des défenses basales. Une diminution forte et rapide de la teneur en putrescine racinaire est suivie par une accumulation de putrescine et de spermidine au niveau des tiges puis des feuilles. Des résultats préliminaires suggèrent que l'accumulation des PAs au niveau de l'appareil aérien ne serait pas liée à l'induction de l'expression des gènes codant des enzymes de leurs voies de biosynthèse. Les modifications du métabolisme des PAs sont associées à l'induction des réactions de défense de la vigne. Une augmentation de l'expression de gènes codant la phenylalanine ammonia lyase (PAL) et des stilbène synthases (STS) est suivie par l'accumulation de phytoalexines stilbéniques (resvératrol et viniférine) dans les feuilles et les tiges. L'expression de gènes codant des protéines PR (pathogenesis-related) est également stimulée. L'expression de PR1 est induite transitoirement dans les tiges et celle de PR6 est induite rapidement dans les racines et tardivement dans les feuilles. Les corrélations entre les déviations du métabolisme des PAs et l'expression des réactions de défense suggèrent un rôle des PAs dans la cascade des événements impliqués dans l'ISR chez la vigne. L'utilisation d'inhibiteurs spécifiques d'enzymes du métabolisme des PAs permettra de déterminer l'impact de la modulation de leur production/dégradation sur la mise en place des réactions de défense et sur la résistance induite par PTA-CT2 chez la vigne face à *B. cinerea*.

(1) Hussain SS, et al. *Biotechnol Adv* (2011) 29: 300-311 (2) Magnin-Robert M, et al. *Eur J Plant Pathol* (2007) 118: 43-57 (3) Verhagen B, et al. *Phytopathology* (2011) 101: 768-777

Effect of *Fusarium mycotoxin* deoxynivalenol on *Nicotiana tabacum* cells: signaling events leading to PCD

A. Yekkour^a, D. Tran^b, M. Kettani-Halabi^b, F. Mathieu^c, J. Briand^b, R. Errakhi^d, A. Lebrihi^d, N. Sabaou^a et F. Bouteau^b

^aEcole Normale Supérieure de Kouba, LBSM, B.P. 92, 16050 Vieux-Kouba, Algérie; ^bUniversité Paris Diderot, Sorbonne Paris Cité, LEM, IBP, 91405 Orsay, France; ^cUniversité de Toulouse, LGC UMR 5503, 1 avenue de l'Agrobiopôle, 33320 Castanet-Tolosan Cedex, France; ^dUniversité Moulay Ismail, Marjane 2, BP 298, 50050 Meknès, Maroc
quoc-tuan.tran@u-psud.fr

Fusarium spp. is considered to be one of the most problematic phytopathogenic fungi for crop culture all over the world. Through this genus, *F.culmorum* and *F.graminearum* are the etiological agents of head blight in monocotyledonous plants such as wheat and barley. *Fusarium* blights are responsible for devastating disease that causes extensive yield and quality losses to cereals in humid and semi-humid regions. These pathogenic fungi produce a wide range of mycotoxins amongst which trichothecens, a group of sesquiterpenoid secondary metabolites, are potential hazard for both human health and agriculture concerns. The deoxynivalenol (DON), a type B trichothecens, is believed to play a determinant role in the pathogenesis and disease aggressiveness toward Triticeae, however little is known about DON-induced plant responses. Using cultured cells of *Nicotiana tabacum* BY2, we have studied the effect of DON on the early signaling responses. Here, we showed that DON could induce programmed cell death (PCD) in BY2 cells with typical cell shrinkage. This cell death was clearly established to be dependent on a biphasic ROS generation possibly linked to a mitochondrial dysfunction and a transcriptional down-regulation of alternative oxidase (AOX) gene. Pharmacological experiments further suggested that ion channels modulation in response to DON could participate to signaling events leading to PCD.

Rôle d'une nouvelle thiorédoxine plastidiale dans la réponse immune innée chez *Arabidopsis thaliana*

A.-S. Bohrer, E. Issakidis-Bourguet et H. Vanacker

*IBP, Université Paris Sud 11, Bat. 630, 91405 Orsay Cedex, France
anne-sophie.bohrer@u-psud.fr*

Les mécanismes de signalisation redox sont connus pour jouer un rôle lors de l'adaptation des plantes aux conditions environnementales et aux stress (biotiques et abiotiques). Un des principaux acteurs impliqués dans la régulation du statut redox cellulaire est une famille multigénique de petites (12-14kDa) oxydoréductases ubiquistes appelées thiorédoxines (TRXs). Les TRXs présentent deux résidus cystéines dans leur site actif conservé (WCGPC) qui sont directement impliqués dans la régulation de protéines cibles via des échanges de groupements thiol/disulfide. Chez *Arabidopsis thaliana*, 20 TRXs ont été identifiées et classées en 6 groupes selon leur homologie de séquences et leur localisation subcellulaire (TRX h, o, f, m, x et y). Parmi celles-ci, 9 TRXs plastidiales ont été identifiées et étudiées dans notre laboratoire par des approches biochimiques. Il a été montré que les TRXs de types f et m peuvent réguler, par oxydo-réduction, l'activité de plusieurs enzymes impliquées dans le métabolisme primaire tandis que les TRXs de types x et y peuvent servir de substrat réducteur pour des enzymes antioxydantes telles que les peroxyrédoxines (PRX). En 2004, un criblage double hydride a été réalisé, utilisant comme appât la protéine de résistance de tomate Cf-9 au champignon *Cladosporium fulvum*. Cela a permis l'identification d'une TRX putative, appelée CITRX (Cf-9-interacting thioredoxin), supposée cytosolique [1]. Il a été montré que la CITRX jouait le rôle de régulateur négatif de la mort cellulaire (HR) et des réponses de défense induites via Cf-9, impliquant pour la première fois une thiorédoxine dans les mécanismes de résistance des plantes aux pathogènes. Récemment, chez *Arabidopsis thaliana*, l'orthologue très conservé de la CITRX, la TRXz, a été localisé expérimentalement dans les plastes [2]. Cette nouvelle TRX plastidiale a été caractérisée biochimiquement dans notre laboratoire et son rôle au cours de la réponse de défense basale est étudié.

[1]: Rivas S, Rougon-Cardoso A, Smoker M, Schausser L, Yoshioa H and Jones JDG; The EMBO Journal (2004) 23, 2156-2168

[2]: Arsova B, Hoja U, Wimmelbacher M, Greiner E, Üstün S, Melzer M, Petersen K, Lein W and Börnke F; The Plant Cell (2010) 22, 1498-1515

Involvement of border cells from flax (*Linum usitatissimum*) in root defense

B. Plancot^a, R. Jaber^a, C. Santaella^b, J. Leprince^c, M.-L. Follet Gueye^a, A. Driouich^a et M. Viché-Gibouin^a

^auniversité de Rouen, UFR Des Sciences et Techniques, 76821cedex Mont Saint Aignan, France;

^bLaboratoire LEMIR, Université Aix-Marseille, 13115 Cadarache, France; ^cPRIMACEN, Université de Rouen, 76821cedex Mont-Saint-Aignan, France
barbara.plancot@univ-rouen.fr

Plant pathogens such as fungi and bacteria cause many of the most serious crop diseases. Recognition of conserved epitopes of microbe-derived molecules called Microbe-Associated Molecular Patterns (MAMPs) such as flagellin 22 and peptidoglycan is essential to induce active defense responses in plants (Millet et al., 2010). Such molecules are widely used to stimulate the plant innate immune response. MAMPs recognition is known to trigger an oxidative burst resulting in reactive oxygen species (ROS) formation and the deposition of callose, a β -1,3 glucan polymer which provides a physical barrier to pathogen attack (Millet et al., 2010). To date very little is known on MAMP-mediated responses in roots (Attard et al., 2010).

Root border cells are defined as cells that originate from the root cap meristematic cells and that disperse into the rhizosphere (Hawes et al., 2000; Driouich et al., 2010). Due to their particular position at the root-soil interface, these cells play a key role in root-microorganism interactions (Wen et al., 2009; Cannesan et al., 2011). Root tips of plants belonging to the Brassicaceae family such as the plant model *Arabidopsis thaliana* and flax do not produce "classical" border cells but they do release atypical cells termed "border-like cells" or BLC (Viché et al., 2005; Driouich et al., 2012). While border cells have been largely studied in many species such as pea, there is relatively little information available so far regarding BLC functions due to their recent discovery (Viché et al., 2005; Driouich et al., 2010).

The objective of our project is to unravel the role of BLC in plant-pathogen interaction taking advantage of the plant model flax, an economically-important crop grown for both its cellulose-rich fibers and its seeds. Fusarium wilt caused by the soil-borne fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *linii* is one of the most devastating diseases of flax. Two flax varieties (Drakkar and Barbara) presenting different levels of sensitivity to *F. oxysporum* are used in this study. We found that elicitors (peptidoglycan, fusaric acid and elicitor isolated from pathogenic *Fusarium oxysporum*) triggered the production of ROS such as H₂O₂ and singlet oxygen ¹O₂ in flax root BLC. This enhanced production of ROS was accompanied by an accumulation of callose in BLC suggesting a role of these cells in root defense against pathogen.

Attard et al., (2010) New Phytologist 187:449-460. Cannesan et al., (2011) Annals of Botany. 108: 459-469. Driouich et al., (2010) Journal of Experimental Botany 61:3827-3831 Driouich et al., (2012) Signaling and communication in Plants pp 91-107. Hawes et al., (2000) Trends in Plant Sciences 5 : 128-133 Millet et al., (2010) The Plant Cell 22: 973-990 Viché et al., (2005) Plant Physiology 138 : 998-1008 Wen and al. (2009) Plant Physiology 151: 820-829.

Analyse transcriptomique des réponses d'*Arabidopsis* à l'infection par *Dickeya dadantii*

J. Pédrón^a, Y. Kraepiel^a, A.-L. Laborie^a, J.-P. Renou^b et F. Van Gijsegem^a

^aUMR217 INRA/AgroParisTech/UPMC, 16 rue Claude Bernard, 75005 Paris, France; ^bURGV, UMR INRA 1165, CNRS 8114, 2 Rue Gaston Crémieux, 91057 Evry, France
vangijse@agroparistech.fr

Dickeya dadantii est une entérobactérie phytopathogène à large spectre d'hôte provoquant des symptômes de pourriture humide chez de nombreuses plantes d'intérêt économique mais aussi chez la plante modèle *Arabidopsis thaliana*. Les réponses végétales à l'infection par *D. dadantii* ont été analysées en suivant par microarrays les profils d'expression génique d'*Arabidopsis* lors des étapes précoces de l'infection (12 et 24 hpi). 270 gènes végétaux modulés ont été identifiés, induits pour la quasi-totalité d'entre eux; parmi eux, une soixantaine sont activés dès 12 hpi. Plus de la moitié de ces gènes sont associés au métabolisme des acides aminés, principalement aromatiques, et au métabolisme secondaire. Par ailleurs, près de la moitié des gènes modulés à 12 et 24 hpi sont impliqués dans deux voies métaboliques : d'une part le métabolisme (biosynthèse et dégradation) des indole glucosinolates, et, d'autre part, la biosynthèse et la signalisation de l'acide jasmonique (JA). L'activation au cours de l'infection de tous ces gènes a été validée par qRT-PCR. D'un point de vue fonctionnel, si les mutants affectés dans la synthèse ou la signalisation par le JA montrent une plus grande susceptibilité à *D. dadantii*, la synthèse ou la modification des indole glucosinolates ne semble pas jouer de rôle majeur dans l'interaction entre cette bactérie et *Arabidopsis*. Des résultats préliminaires indiquent que l'activation de ces deux voies pourrait être connectée. Par ailleurs, l'identification des facteurs bactériens impliqués dans l'activation des voies de biosynthèse des indole glucosinolates et de l'acide jasmonique est en cours.

A study of the infection and defence mechanism of *Medicago truncatula* root-inoculated by *Verticillium albo-atrum*

M. Toueni

ECOLAB-Dynabio, 18, Chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet Tolosan, France
maoulida.toueni@ensat.fr

Verticillium wilt, caused by the soilborne fungus *Verticillium albo-atrum* (Vaa) affects many economically important plant species including alfalfa, hop, ornamental trees and fruit trees. We study the interaction between *Medicago truncatula* and Vaa V32, a strain isolated from alfalfa to understand the mechanisms involved in the response to this root pathogen. Root inoculation of *M. truncatula* line F83005.5 with a spore suspension of V32 induces typical wilt symptoms whereas line Jemalong A17 is resistant to the fungus.

Root colonization was studied using laser scanning confocal microscopy, with the aid of a selected GFP-expressing monosporic strain of Vaa V32. 7 days post inoculation, Vaa mycelium was not observed in the A17 resistant line xylem. We will use wheat germ agglutinin to see if Vaa has been eliminated or under metabolic repression. Our first results show that Vaa is suppressed *in-planta*. The putative implication of methyl jasmonate (MeJA), salicylic acid (SA), auxin (2,4-D and NAA) and abscisic acid in the interaction between *M. truncatula* and Vaa was explored by exogenous treatments, one day before inoculation. Significant results were obtained with SA only. It appeared that exogenous treatments of SA protect *M. truncatula* against Vaa. Endogenous level of MeJA and SA will also be quantified after inoculation of A17 and F83005.5 with Vaa.

To determine the plant defense mechanisms triggered in roots by Vaa, we quantified the production of H₂O₂ and phenolic compounds.

The present study gives many information about the mechanisms involved in this new pathosystem. Since the A17 resistant line is able to suppress Vaa in planta, it would be interesting to identify the signal involved in the suppression of Vaa.

We thank the team of the microscopy platform for valuable help.

***Brachypodium distachyon*, une graminée modèle pour l'étude des interactions plante-pathogène**

T. Marcel^a, R. Niks^b, J.C. Wang^b, S. Antelme^c, J.-B. Morel^d, M. Dufresne^e, T. Langin^f, D. Fernandez^g, S. Bellaïfiore^g, J. Chen^g, C. Brugidou^h et R. Sibout^c

^aINRA-AgroParisTech, UR1290 BIOGER-CPP, Avenue Lucien Brétignières BP01, 78850 Thiverval-Grignon, France; ^bWageningen University, Laboratory of Plant Breeding, Droevendaalsesteeg 1, 6708 PB Wageningen, Pays-Bas; ^cINRA-AgroParisTech, UMR1318 IJPB, Route de St-Cyr (RD10), 78026 Versailles Cedex, France; ^dInra, UMR BGPI, Campus de Bailarguet, TA A 54/K, 34398 Montpellier, France; ^eIBP Univ Paris-Sud 11, Rue de Noetzelin, 91405 Orsay, France; ^fUMR-GDEC, INRA Site de Crouël, 234 avenue du Brézet, 63100 Clermont-Ferrand, France; ^gCentre IRD, UMR 186 IRD-UM2-Cirad, 911 avenue Agropolis, 34394 Montpellier Cedex 5, France; ^hCentre IRD, UMR 5096 UP-IRD-CNRS, 911 avenue Agropolis, 34394 Montpellier Cedex 5, France
tmarcel@versailles.inra.fr

Brachypodium (alias *Brachypodium distachyon*) est utilisée comme plante modèle pour les études de génomique des céréales. Il y a notamment un intérêt croissant pour l'utilisation de *Brachypodium* dans l'étude des principaux pathogènes des céréales. L'identification des gènes de *Brachypodium* impliqués dans l'interaction avec ces pathogènes permettra de rechercher leurs gènes orthologues dans le génome des céréales. Ces gènes pourront servir à la construction de génotypes résistants aux différents pathogènes étudiés. Nous suivons deux approches visant à tirer profit de la diversité naturelle de *Brachypodium* afin d'identifier de tels gènes impliqués dans les interactions plante-pathogène. Tout d'abord, *Brachypodium* est une espèce hôte pour plusieurs pathogènes des céréales et toutes formes de résistance identifiées dans *Brachypodium* contre ces pathogènes pourra être exploitée. *Brachypodium* est en effet un hôte pour les champignons pathogènes *Magnaporthe oryzae* (Routledge et al. 2004; Wang et al. 2011) et *Fusarium graminearum* (Peraldi et al. 2011) qui infectent les cultures de riz, blé et orge, respectivement. Dans les cas où *Brachypodium* est une espèce non-hôte (toutes les accessions sont résistantes à tous les isolats du pathogène) à d'autres pathogènes des céréales, des espèces apparentées à ces pathogènes peuvent être collectées sur *Brachypodium* dans la nature. Cette approche a récemment été proposée par Barbieri et al. (2011) qui ont montrés qu'il existait des accessions sensibles et résistantes à la rouille *Puccinia brachypodii*. Nous avons établi une core collection de 40 lignées fixées diploïdes de *Brachypodium* maximisant la représentation de la diversité phénotypique et génotypique de l'espèce. Nous avons utilisé cette collection pour déterminer le rang d'hôte de *Brachypodium* aux champignons pathogènes *Magnaporthe oryzae*, *Fusarium graminearum*, *Puccinia graminis*, *P. striiformis*, *P. brachypodii*, et le nématode des racines du riz *Meloidogyne graminicola* et le rice stripe virus (RSV). Cette étude apporte un aperçu des possibilités qu'offre *Brachypodium* comme plante modèle pour l'étude des interactions avec les principaux pathogènes des céréales.

Barbieri M, Marcel TCM, Niks RE (2011) Host status of false brome grass (*Brachypodium*) to the leaf rust fungus *Puccinia brachypodii* and the stripe rust fungus *P. striiformis*. *Plant Disease* 95: 1339-1345.

Peraldi A, Beccari G, Steed A et al. (2011) *Brachypodium distachyon*: a new pathosystem to study *Fusarium* head blight and other *Fusarium* diseases of wheat. *BMC Plant Biology* 11: 100.

Routledge APM, Shelley G, Smith JV et al. (2004) *Magnaporthe grisea* interactions with the model grass *Brachypodium distachyon* closely resemble those with rice (*Oryza sativa*). *Molecular Plant Pathology* 5: 253-265.

Wang X-Y, Wang J-Y, Jiang H et al. (2011) Pathogenicity of rice blast fungus *Magnaporthe oryzae* on *Brachypodium distachyon*. *Chinese Journal of Rice Science* 25: 314-320.

LIF2, an RNA binding protein interacting with a PRC1 subunit is involved in stress responses and defense against pathogens in *Arabidopsis thaliana*

C. Le Roux^a, D. Latrasse^a, N. Houba-Hérin^a, P. England^b, M. Fagard^c, S. Germann^a, F. Granier^a, L. Taconnat^d, J.-P. Renou^d et V. Gaudin^a

^aIJPB, Route de Saint-Cyr, 78026 Versailles, France; ^bInstitut Pasteur, 25-28 rue du Docteur Roux, 75015 Paris, France; ^cUMR217, 16 rue Claude Bernard, 75005 Paris, France, Metropolitan; ^dURGV, UMR INRA 1165, CNRS 8114, 2 Rue Gaston Crémieux, 91057 Evry, France
clementine.le-roux@versailles.inra.fr

The chromatin is a dynamic structure regulated by a combination of histone and non-histone proteins. It participates to gene expression control in developmental process and in response to environmental conditions. Recent studies have demonstrated that non-coding RNAs can act as cofactors in chromatin complexes such as Polycomb Repressive Complexes (PRC). In plants, LIKE HETEROCHROMATIN PROTEIN 1 (LHP1) is a subunit the plant PRC1 complex that recognizes the trimethylation of histone H3 lysine 27, a silencing epigenetic mark deposited by the PRC2 complex. We identified LIF2, an RNA recognition motif (RRM) protein belonging to the large hnRNP protein family, as a partner of LHP1 in *Arabidopsis thaliana*. This result suggests a role of RNAs in the plant PRC1 regulation. LIF2 has a nucleocytoplasmic localization and is involved in cell identity and cell fate decision. Transcriptome analyses conducted in *lif2* mutant revealed a significant enrichment in stress-response genes. We further investigated the role of LIF2 in stress responses. We show that biosynthesis and major transduction pathway's actors in plant defense are misexpressed in *lif2*. We studied the response of the *lif2* mutant to jasmonates and salicylic acid, which are major regulators of plant responses to various environmental stresses and to *Pseudomonas syringae*, a biotroph pathogen. Our results highlight a novel link between plant defense response and the regulation by RNA-Polycomb complexes.

Identification and validation of reference genes for normalization of transcripts levels in roots of potatoes infected by nematodes

P. Castro-Quezada^a, J. Aarrouf^b, M. Claverie^a, E. Grenier^c, M.-C. Kerlan^c, B. Favery^d, V. Lefebvre^a et B. Caromel^a

^aINRA-UR1052, GAFL, BP 94, Allée des Chênes, 84143 Montfavet, France; ^bUAPV Avignon, Labo EA 4279, Pôle Agrosociences, BP 21239, 301 Rue Baruch de Spinoza, 84916 Avignon, France; ^cINRA UMR IGEPP, Domaine de la motte, 35653 Le Rheu, France; ^dINRA, Institut Sophia-Agrobiotech, 400 route des Chappes, 06903 Sophia Antipolis, France
patricio.castro@avignon.inra.fr

Potato cyst nematodes induce changes in gene expression after infecting the roots. For studying gene expression, reverse transcription quantitative real-time PCR (RT-qPCR) is now a standard method. However, for accurate quantification of transcripts, a set of internal control genes, stable under different experimental conditions, is necessary for transcript normalization. Very few experimental data on suitable reference genes are available for plant-nematode interactions. In this study, we tested eight potential candidate reference genes identified through a microarray study performed on the pathosystem *Arabidopsis*/*Meloidogyne* for normalizing levels of potato gene transcripts, after invasion by nematodes. The transcription profiles of these genes were assessed by RT-qPCR. Samples used in these experiments were RNAs, issued from roots of infected and uninfected potato plants, carrying resistant or susceptible alleles against *Globodera pallida*, following a kinetic of four days. Analyses were performed using the geNorm and NormFinder softwares. Our results showed that the eight candidate reference genes were stably expressed in our conditions. For accurate normalization in RT-qPCR studies, RPN7 (26S proteasome regulatory subunit, involved in protein synthesis) and MST2 (mercaptopyruvate sulfurtransferase) were the top ranked genes and, therefore, are reliable reference genes in compatible and incompatible potato-nematode interactions.

Identification of key genes underlying quantitative resistance to *Xanthomonas campestris* in *Arabidopsis thaliana*

C. Huard-Chauveau^a, M. Debieu^a, L. Perchepped^a, A. Genissel^b, C. Glorieux^c, N. Faure^c, J. Bergelson^d, F. Roux^c et D. Roby^a

^aLIPM INRA-CNRS, BP 52627, 31326 Castanet-Tolosan, France; ^bINRA, UMR LIPM, chemin de Borde-Rouge, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France; ^cGEPV, CNRS 3268, USTL, 59655 Villeneuve D'Ascq, France; ^dDept of Ecology and Evolution, Université de Chicago, Chicago, Chicago, IL 60637, USA
carine.chauveau@toulouse.inra.fr

Pathogens are a threat for crops and natural populations. A major challenge in plant breeding and evolutionary biology is to identify the genetic and molecular bases for natural resistance variation in plant species. The identification of genes underlying natural resistance variation might have enormous practical implications by increasing crop yield and quality, and give fundamental insights in the prediction of evolutionary trajectories of natural populations. We aimed at identifying key genes underlying quantitative resistance in *Arabidopsis thaliana* to a pathogen species of the bacterial foliar community, i.e. *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc). Black rot of crucifers caused by Xcc is possibly the most important disease of crucifers worldwide, and the genetic bases for resistance to this disease are not yet understood. Consequently, they were investigated by analysis of natural variation of resistance to Xcc in various *Arabidopsis* accessions. We report the identification, map-based cloning and functional validation of a QTL (QRX3/RKS1) which confers resistance to several Xcc races in *Arabidopsis thaliana*. This gene encodes an apparent pseudokinase whose transcription level variation is involved in natural variation of resistance to Xcc. The genomic region associated with QRX3/RKS1 was also identified by performing Genome Wide Association (GWA) mapping at different spatial scales, making unequivocally QRX3/RKS1 a major contributor at the species level. Data will be presented concerning the functional analysis of this novel quantitative resistance gene.

AUTHOR INDEX

Aarrouf, J.	170	Billon-Grand, G.	118, 120
Abdul-Razzak, A.	30	Blaise, F.	38
Abid, M.	143	Blondeau, K.	38
Acelin, G.	30	Blondet, E.	151
Achbani, E.H.	76	Bodénès, C.	144
Acina-Mambole, I.	73	Bohrer, A.-S.	164
Adreit, H.	49	Boissinot, S.	57
Aimé, S.	152	Boland-Augé, A.	144
Ait Kettout- Azouaoui, T.	117	Bolot, S.	123, 126
Ait M'hand, R.	76, 160	Bonheur, L.	73, 90
Akroum, S.	109	Bonneau, S.	17
Alabouvette, C.	152	Bontemps-Gallo, S.	112
Ali, S.	135	Boonham, N.	15
Aligon, S.	91, 92	Boulanger, A.	116
Alizon, S.	21	Bourcy, M.	59
Alunni, B.	108, 130	Bourdon, N.	157
Amatya, S.	131	Boureau, T.	62, 136
Ameline-Torregrosa, C.	127	Boussouf, L.	110, 111
Andanson, A.	54	Bouteau, F.	76, 160, 163
Andrivon, D.	93	Boutennoune, H.	110, 111
Antelme, S.	168	Boutin, M.	142
Anzala, F.	73	Bouznad, Z.	148
Arbadi, R.	88	Bove, E.	62
Arbelet, D.	151	Boyd, L.	34
Arlat, M.	116, 126	Brault, V.	57
Assié, S.	151	Brazauskas, G.	87
Atia, Y.	78	Brazauskienė, I.	87
Attard, A.	40, 156	Briand, J.	163
Audusseau, C.	72	Briand, M.	68
Azeddine, S.	35	Brin, C.	44, 136
Aziz, A.	162	Brocard, L.	59
Aznar, A.	146	Bruel, C.	96
Bach, J.	35	Bruetz Emilie, E.	66, 140
Baillieul, F.	153, 162	Brugidou, C.	168
Baldwin, T.	75	Brusini, J.	141
Balesdent, M.-H.	38, 138	Burban, C.	144
Balidas, S.	17	Cacas, J.-L.	58
Ballini, E.	64	Camara, B.	159
Bansept-Basler, P.	34	Campbell, D.	18
Barakate, M.	76	Candresse, T.	29, 30, 73
Barbary, A.	98	Cannesan, M.-A.	60, 78
Barbe, V.	44	Cardoso, T.	95
Bargeolle, J.-P.	79	Carlier, J.	49, 97
Barny, M.A.	41, 125	Caromel, B.	170
Barrès, B.	53, 144	Carpentier, J.	124
Basbouss, I.	59	Carreel, F.	129
Bastien, P.	18	Carrère, S.	44, 123, 126
Bataillon, T.	43	Carretero, F.	77, 85
Bayer, E.	154	Caruana, M.L.	24
Bayles, R.	34	Cassam, N.	19
Beffa, R.	35	Castagnone-Sereno, P.	98
Beghdad, C.	147	Castel, L.	78
Belgareh-Touzé, N.	41	Castro-Quezada, P.	170
Belin, E.	62	Cayrel, A.	59
Bellafiore, S.	168	Cayzac, L.	62
Ben, C.	127, 131	Cesari, S.	65
Bendahmane, B.S.	155	Chabirand, A.	19
Bérard, A.	144	Chancerel, E.	144
Bergelson, J.	171	Chanclud, E.	150
Berges, H.	130	Chandat, L.	118
Bernard, F.	80	Chapelle, E.	108
Bertsch, C.	106, 149	Chapuis, S.	57
Bichot, S.	138	Chelle, M.	80
Billard, A.	35	Chen, J.	168

Chen, N.	146	Errakhi, R.	163
Chen, S.	122	Espinoza, R.	150
Choisne, N.	46, 128	Evangelisti, E.	40, 121
Chong, J.	106, 149	Expert, D.	146
Choquer, M.	122, 151	Fabre, B.	53, 54, 107
Cilas, C.	24	Fabre, F.	32
Cirou, A.	104, 105	Fabre, S.	18
Claverie, M.	170	Fabreguettes, O.	144
Clément, C.	153, 162	Fagard, M.	41, 145, 169
Cluzet, S.	33, 94	Faouzi, A.	76
Cociancich, S.	44, 123	Farinas, B.	90
Combiér, J.-P.	131	Farine, S.	149
Coquin, P.	92	Faure, C.	73
Cordier, C.	143	Faure, D.	39, 104, 105, 114, 125
Corio-Costet, M.-F.	33, 94	Faure, N.	171
Cosson-Jean, V.	59	Favery, B.	170
Costa, M.	95	Fayolle, L.	143
Coudard, L.	138	Fazari, A.	98
Crespi, M.	131	Fernandez, D.	168
Cros, S.	150	Ferrières, V.	93
Crouzet, J.	153	Fillinger, S.	28, 35
Crowet, J.-M.	58	Filloux, D.	73
Dalmais, B.	133	Fischer-Le Saux, M.	68
Darrasse, A.	62, 115, 116, 136	Follet Gueye, M.-L.	60, 165
Dasilva, C.	129	Fontaine, T.	151
Daval, S.	142	Fournier, E.	49, 54
Daverdin, G.	38	François, C.	72
David, P.	136	Frey, P.	53, 54, 107
Day, T.	21	Fricot, C.	17, 75, 79
De Lapeyre De Bellaire, L.	97	Fudal, I.	38, 45
De Vallavieille-Pope, C.	22, 135	Gaceb-Terrak, R.	89
Debieu, D.	35	Gajek, K.	151
Debieu, M.	171	Galhano, C.	95
Degrave, A.	145	Gangneux, C.	78
Déjean, G.	126	Gaouar-Benyelles, N.	119, 147
Dellagi, A.	146	García-Arenal, F.	26
Demangeat, G.	106	Garmier, M.	159
Denoëud, F.	18	Garnier-Géré, P.	144
Desprez-Loustau, M.-L.	144	Gattin, I.	78
Detoc, J.	82, 91	Gaudin, V.	169
Deveaux, Y.	159	Gautheron, E.	143
Deweër, C.	137	Gautheron, N.	143
Diáñez, F.	77, 85	Gautier, A.	135, 140
Didierlaurent, L.	159	Gazengel, K.	142
Djian-Caporalino, C.	98	Ge, H.	122
Doizy, A.	38	Gea, F.J.	77, 85
Dollet, M.	18	Geering, A.	46, 128
Dondeyne, J.	112	Geffroy, V.	130, 132
Dousset, C.	75	Genissel, A.	126, 171
Driouich, A.	60, 78, 165	Gentzbittel, L.	127, 131
Ducasse, A.	51	Gérard, C.	153
Dufour, M.-C.	33, 94	Gerbore, J.	66, 140
Dufresne, M.	63, 159, 168	Germain, R.	75
Dugé De Bernonville, T.	126	Germain, V.	154
Durand, K.	17, 62	German-Retana, S.	29, 30, 154
Dutheil, J.	43	Ger mann, S.	169
Dzahini-Obiatèy, H.	24	Gersch, S.	106
Edel-Hermann, V.	143	Ghanney, N.	158
El Chartouni, L.	137	Gigot, C.	22
El Fafime, E.M.	76	Giraud, E.	37
El Ghalid, M.	45	Gladièux, P.	135
England, P.	169	Glaser, N.	45
Enjalbert, J.	135	Glorieux, C.	171
Ennaji, M.M.	76, 160	Gobbato, E.	161

Gomez, C.	44	Kadi-Hanifi, H.	88
Gomez, R.-M.	73	Kahl, G.	127
Gourgues, M.	40, 121, 156	Kaiser, S.	118
Gourion, B.	59	Kale, S.	38
Gouzy, J.	123, 131	Kaufmann, S.	159
Govetto, B.	40	Kebdani, M.	119
Gracianne, C.	142	Kebe, I.	24
Graille, M.	38	Kebieche, M.	110, 111
Grand, X.	150	Keller, H.	156
Granier, F.	169	Kerlan, M.-C.	124, 170
Grenier, E.	124, 170	Kettani-Halabi, M.	160, 163
Griffiths, S.	34	Kieffer-Mazet, F.	149
Grimault, V.	17, 75, 79, 82, 91, 92	Kim, J.-G.	71
Grizard Damien, D.	66	Kirane-Amrani, L.	99
Grognard, F.	54	Koebnik, R.	44
Grosjean-Cournoyer, M.-C.	96	Kolai, N.	103
Gruau, C.	162	Kouakou, K.	24
Guerin-Dubrana, L.	140	Kraepiel, Y.	166
Guibert, M.	139	Kroj, T.	65
Guillas, I.	41	Kuhn, M.-L.	40
Guillaumes, J.	62	Kunz, C.	151
Guillerm-Erckelboudt, A.-Y.	142	Kwasiborski, A.	105
Guy, E.	126	Labadie, K.	129
Habas, R.	129	Labarde, A.	38
Halama, P.	137	Laborie, A.-L.	166
Halkett, F.	53, 54, 107	Lachaise, H.	28, 35
Hamada, W.	86	Lacroix, J.-M.	112
Hamelin, G.	93	Ladjouzi, R.	102
Hamid Afzali, H.	74	Laidani, M.	148
Hannou, N.	125	Laine, A.-L.	48, 134
Hantelys, F.	126	Laleve, A.	28
Haon-Lasportes, E.	134	Lambert, C.	33, 94
Harbaoui, K.	86	Lanen, C.	35
Hassan, S.	113	Lange, D.	73
Hawes, M.	60	Langin, T.	161, 168
Heinz, D.	159	Larenaudie, M.	75
Hélias, V.	104	Latorse, M.P.	118
Henry, M.	106	Latrasse, D.	169
Heraud, C.	143	Lauber, E.	116, 126
Herrbach, E.	84	Launay, A.	145
Hommais, F.	39	Lautier, M.	126
Hommay, G.	84	Laval, K.	78
Horres, R.	127	Laval, V.	140
Hostachy, B.	19	Le Gall, O.	29
Houba-Hérin, N.	169	Le Henanff, G.	149
Houvenaghel, M.-C.	30	Le Maguet, J.	84
Hovmøller, M.	135	Le May, C.	139
Hu, S.	122	Le Roux, C.	169
Huard-Chauveau, C.	171	Le-Berre, J.-Y.	156
Huber, L.	22	Lebourg, D.	82
Hügelland, M.	44	Lebreton, L.	142
Hugouvieux-Cotte-Pattat, N.	113	Lebrihi, A.	163
Husson, C.	83	Lebrun, M.-H.	140, 161
Iacobellis, N.S.	158	Leclerc, S.	82
Ilias, F.	147	Lecomte, P.	140
Indiana, A.	115	Leconte, M.	22, 135
Issakidis-Bourguet, E.	164	Lefebvre, V.	170
Jaber, R.	165	Leflon, M.	138
Jacobs, J.	150	Legentil, L.	93
Jacques, M.-A.	17, 62, 75, 79, 115, 116, 136	Lelandais, C.	131
Jacques, P.	157	Lemaire, C.	136
Jarsch, I.	58	Leplat, J.	143
Jenny, C.	90	Lepoittevin, C.	144
Justesen, A.-M.	135	Leprince, J.	165

Leroux, P.	28, 35	Moury, B.	32
Linglin, J.	38, 45	Muller, E.	24
Lins, L.	58	N'guyen, T.	64
Lo Cantore, P.	158	Navarro, M.	77, 85
Lo, C.	134	Neema, C.	51
Loisel, E.	96	Nesme, X.	16
Ma, H.	122	Ngando,, J.	97
Mabrouk, Y.	127	Niks, R.	168
Macadré, C.	63	Noël, B.	18
Madani, K.	110, 111	Noël, L.	126
Madec, E.	112	Noëll, J.	44
Magnin Noel, N.	66	Notteghem, J.-L.	64
Mahiout, D.	155	Nugier Chauvin, C.	93
Mailleret, L.	32, 54	O'Sullivan, D.	34
Maisonneuve, B.	51	Olivain, C.	152
Malfatti, P.	108, 151	Olivier, V.	17, 75
Manceau, C.	136	Ollivier, B.	38, 45
Manzanares-Dauleux, M.	124	Orgeur, G.	17, 79
Marais, A.	73	Oro, F.	24
Marande, W.	130	Ott, T.	58
Marçais, B.	83	Paillard, S.	72
Marcel, T.	168	Palloix, A.	98
Marguerettaz, M.	44, 123	Panabières, F.	40, 121, 156
Marin, C.	18	Park, D.S.	71
Marin, F.	77, 85	Pasquet, J.-C.	63
Marmonier, A.	106	Patrit, O.	145
Marteu, N.	98	Pavis, C.	73
Martínez, M.A.	77, 85	Pédrón, J.	108, 166
Martins, F.	95	Pensec, F.	106
Mary, F.	132	Perchepied, L.	171
Maryani, N.	126	Perraki, A.	58, 154
Massé, D.	19	Perrot, S.	91, 92
Mathieu, F.	163	Petraitienè, E.	87
Mathis, R.	17, 75	Pflieger, S.	130, 132
Maumené, C.	22	Pieretti, I.	44, 123
Mazeyrat-Gourbeyre, F.	153	Pignolet, L.	129
Mazoyer, C.	132	Piliponyté, A.	87
Medjdoub, K.	147	Pinochet, X.	138
Mehl, A.	97	Pislariu, C.	59
Melloul, M.	76	Planamente, S.	39
Merdinoglu, D.	33	Plancot, B.	60, 165
Mergaert, P.	59	Plomion, C.	144
Mériaux, B.	82	Pochon, S.	116
Mestre, P.	149	Poliakoff, F.	69, 70, 72
Mey, G.	96, 118	Ponchet, M.	40
Michel, C.	150	Popp, C.	58
Miclot, A.-S.	149	Porcel, B.	18
Mideo, N.	21	Portier, P.	68
Milazzo, J.	49	Poussereau, N.	118, 120
Minet-Kebdani, N.	40, 121	Poussier, S.	44, 136
Mississo, A.	24	Priol, B.	62
Mohammad Hajian Shahri, M.	74	Puel, O.	117
Mondy, S.	39, 105, 125	Quesneville, H.	46, 128
Mongrand, S.	58, 154	Quillévéré, A.	17, 75
Montarry, J.	27	Rabenoelina, F.	162
Monti-Dedieu, L.	153	Raffaele, S.	58
Morabito, C.	156	Rahmania, F.	88, 89, 117
Moreau, M.	145	Rahnama, K.	74
Moreira Da Silva, A.	95	Randoux, B.	157
Morel, J.-B.	64, 150, 161, 168	Raoul Des Essarts, Y.	104
Moréra, S.	39	Rascle, C.	120
Morx, S.	151	Ratet, P.	59
Moumene, S.	148	Rausch, S.	44
Moumni, M.	125	Ravigné, V.	49, 54

Regnault-Roger Catherine, C.	66	Soltani-Mazouni, N.	99
Reignault, P.	137, 157	Sorel, M.	30
Renou, J.-P.	146, 166, 169	Soubeyrand, S.	134
Revers, F.	57	Soulié, M.-C.	151
Rey, P.	66, 140	Souquet, M.	129
Richard, M.	130	Soyer, J.	45
Rickauer, M.	127, 131, 155	Spirada, U.	76
Rieux, A.	97	Steinberg, C.	143, 152
Rigault, M.	146	Stukenbrock, E.	43
Rivas, S.	56	Sturm, N.	18
Rivoal, C.	72	Suffert, F.	23, 80
Robin, C.	141, 144	Susi, H.	48
Robin, G.	44	Süssmuth, R.	44
Roby, D.	171	Svanella-Dumas, L.	29, 30
Rodriguez, C.	57	Tabti, L.	119
Rolland, M.	75	Tack, A.	48
Rollins, J.	120	Taconnat, L.	169
Rott, P.	44, 123	Tadrist, S.	117
Rotter, B.	127	Taghouti, G.	68
Roumagnac, P.	73	Tannières, M.	114
Rousseau, C.	62, 136	Tassus, X.	69, 70
Rousseau, D.	62	Tayeh, C.	157
Rousseau, E.	32	Terta, M.	76, 160
Roux, B.	126	Teycheney, P.-Y.	46, 73, 90, 128
Roux, F.	171	Thareau, V.	130
Rouxel, M.	50	Tharreau, D.	49, 54, 64
Rouxel, T.	38, 45, 138	Tisserant, B.	137
Royer, M.	44, 123	Tollenaere, C.	48, 134
Sabaou, N.	163	Toquin, V.	28
Sache, I.	23, 80	Toueni, M.	167
Sahouli, S.	101	Tran, D.	160, 163
Saiah, F.	103	Trotel-Aziz, P.	162
Saïndrenan, P.	63, 159	Tudzynski, P.	118
Saint-Jean, G.	144	Tyler, B.	38
Saint-Jean, S.	22	Udvardi, M.	59
Saison, A.	70	Umber, M.	90
Salah, Z.	119	Val, F.	93, 160
Saleh, D.	49	Valade, R.	51
Salhi, N.	100	Vallance Jessica, J.	66, 140
Sallet, E.	131	Van Baalen, M.	21
Salmon, F.	90	Van Gijsegem, F.	108, 166
Samaneh, T.	74	Van Tilbeurgh, H.	38
Santaella, C.	165	Vanacker, H.	164
Santos, M.	77, 85	Vedel, R.	145
Sarniguet, A.	142	Verdier, V.	44
Saubeau, G.	93	Viaud, M.	118, 133
Scalabrin, S.	46	Vicré-Gibouin, M.	60, 78, 165
Schierup, M.	43	Villalba, F.	96, 118
Schumacher, J.	118	Villaume, S.	162
Sclabrin, S.	128	Visage, M.	69
Scordia, T.	83	Völler, G.	44
Serandat, I.	82	Walker, A.-S.	28
Sévignac, M.	130	Wang, J.C.	168
Sghyer, H.	133	Wincker, P.	18
Shamandi, N.	131	Winter, P.	127
Siah, A.	137	Xhaard, C.	53
Siamer, S.	41	Yahiaoui, N.	129
Sibout, R.	168	Yahiaoui-Zaidi, R.	102
Simon, A.	133	Yau, J.A.	77, 85
Simond-Côte, E.	151	Yekkour, A.	163
Siou, D.	81	Yoon, B.-S.	71
Sofer, L.	57	Youcef Benkada, M.	155
Solier, L.	108	Zanoune, S.	148
Solignac, P.	35	Zapater, M.-F.	129

Zhang, B.	122	Zytnicki, M.	46, 128
Zheng, C.	122		
Ziegler-Graff, V.	57		
Zischek, C.	126		

Liste des participants

Aarouf	Jawad	jawad.aarouf@univ-avignon.fr	Université d'Avignon
Abid	Muhammad	muhammad.abid@dijon.inra.fr	INRA
Ahmed	Ould El Hadj	erraha2000@yahoo.fr	ISET
Aimé	Sébastien	sebastien.aime@dijon.inra.fr	INRA Umr Agroecologie
Ait Kettout	Tassadit	t_aitkettout@yahoo.fr	FSB/USTHB, ALGER, ALGERIE
Akroum	Souad	muorka00@yahoo.com	université de jijel
Alabouvette	Claude	c.ala@free.fr	Agrene
Ali	Sajid	bioscientist122@yahoo.com	INRA
Alizon	Samuel	samuel.alizon@ird.fr	CNRS
Arlat	Matthieu	matthieu.arlat@toulouse.inra.fr	LIPM
Attard	Agnès	attard@sophia.inra.fr	INRA
Audeon	Colette	audeon@versailles.inra.fr	INRA
Aznar	Aude	aude.aznar@agroparistech.fr	UMR217 INRA-AgroParisTech-UPMC
Bach	Jocelyne	jocelyne.bach@versailles.inra.fr	INRA-AgroParisTech UR1290 BIOGER-CPP
Baillieul	Fabienne	fabienne.baillieul@univ-reims.fr	université de reims champagne-ardenne
Balesdent	Marie Hélène	mhb@versailles.inra.fr	INRA
Ballini	Elsa	ballini@supagro.inra.fr	Montpellier SupAgro
Bansept	Pauline	pauline.bansept@niab.com	NIAB
Barbary	Arnaud	arnaud.barbary@sophia.inra.fr	Institut Sophia Agrobiotech
Barrès	Benoit	benoit.barres@pierroton.inra.fr	INRA
Benizri	Emile	emile.benizri@ensaia.inpl-nancy.fr	Université de Lorraine - ENSAIA
Bernard	Frédéric	fbernard@grignon.inra.fr	INRA - UMR EGC
Biass-Morin	Cathy	cathy.biass-morin@versailles.fr	Ville de Versailles
Bieysse	Daniel	bieysse@cirad.fr	CIRAD-BIOS
Billon-Grand	Geneviève	genevieve.billon-grand@bayer.com	UMR5240-Université Lyon I-CNRS-BAYER
Blaise	Françoise	blaise@versailles.inra.fr	INRA-AgroParisTech
Blanchet	Sophie	sophie.blanchet@u-psud.fr	IBP
Bohrer	Anne-Sophie	anne-sophie.bohrer@u-psud.fr	Institut de Biologie des Plantes
Bonneau	Caroline	caroline.bonneau@vilmorin.com	VILMORIN
Bonnet	Gregori	gregori.bonnet@syngenta.com	Syngenta Seeds SAS
Bontemps-Gallo	Sébastien	bontemps.gallo.sebastien@gmail.com	UGSF UMR 8576 CNRS Lille1
Boonham	Neil	Neil.Boonham@fera.gsi.gov.uk	The Food and Environment Research Agency
Bouanane	Samira	samtaleb-@hotmail.com	Département de Biologie, Faculté SNV
Bourcy	Marie	marie.bourcy@isv.cnrs-gif.fr	ISV-CNRS
Boureau	Tristan	tristan.boureau@univ-angers.fr	Université Angers
Boussouf	Lilia	boussouflilia@yahoo.fr	université de jijel algérie
Boutennoune	Hanane	biologiehanane@yahoo.fr	
Bressan	Mélanie	mbressan@esitpa.org	Unité Agri'Terr, Equipe BioSol, ESITPA
Bruez	Emilie	emilie.bruez@bordeaux.inra.fr	INRA
Carreel	Françoise	francoise.carreel@cirad.fr	CIRAD
Castro-Quezada	Patricio	jawad.aarouf@univ-avignon.fr	INRA-UR1052
Cayrel	Anne	anne.cayrel@isv.cnrs-gif.fr	ISV-CNRS
Cécile	Ben	ben@ensat.fr	INP Toulouse
Cesari	Stella	stella.cesari@supagro.inra.fr	INRA UMR BGPI

Chauveau	Carine	Carine.Chauveau@toulouse.inra.fr	LIPM
Chong	Julie	julie.chong@uha.fr	LVBE, Université de Haute Alsace
Choquer	Mathias	mathias.choquer@bayer.com	Université lyon 1 - UMR5240
Cilas	Christian	christian.cilas@cirad.fr	CIRAD
Cociancich	Stéphane	stephane.cociancich@cirad.fr	CIRAD
Corbière	Roselyne	Roselyne.Corbier@rennes.inra.fr	INRA
Corio-Costet	Marie-France	coriocos@bordeaux.inra.fr	INRA
Cotte-Pattat	Nicole	Nicole.Cotte-Pattat@insa-lyon.fr	Microbiologie Adaptation et Pathogénie
Couleaud	Gilles	G.COULEAUD@arvalisinstitutduvegetal.fr	ARVALIS - Institut du végétal
Cousin	Arnaud	arnaud.cousin@basf.com	BASF
David	Perrine	perrine.david@hmclause.com	HM.CLAUSE
Debieu	Danièle	debieu@versailles.inra.fr	INRA
Dellagi	Alia	dellagi@agroparistech.fr	AgroParisTech
Delmotte	François	delmotte@bordeaux.inra.fr	INRA Bordeaux
Desprez-Loustau	Marie-Laure	loustau@bordeaux.inra.fr	INRA, UMR BIOGECO
Diáñez Martínez	Fernando	fdianez@ual.es	Departamento de Producción Vegetal
Didierlaurent	Laure	laure.didierlaurent@u-psud.fr	Institut de Biologie des Plantes
Dollet	Michel	michel.dollet@cirad.fr	CIRAD
Dominique	Barry-Etienne	dominique.barry@alcina.fr	Société Alcina
Driouich	Azeddine	Azeddine.Driouich@univ-rouen.fr	Labo Glyco-MEV Université de Rouen
Ducasse	Aurelie	aurelie.ducasse@versailles.inra.fr	INRA BIOGER-CPP
Dufour	Marie-Cécile	dufour@bordeaux.inra.fr	INRA
Dumont	Olivier	ODumont@dow.com	Dow AgroSciences SAS
Evangelisti	Edouard	edouard.evangelisti@sophia.inra.fr	Institut Sophia Agrobiotech
Fabre	Bénédicte	benedicte.fabre@nancy.inra.fr	INRA
Fabre	Frédéric	frederic.fabre@avignon.inra.fr	INRA
Fagard	Mathilde	fagard@agroparistech.fr	INRA, LIPP UMR 217
Faure	Denis	faure@isv.cnrs-gif.fr	CNRS
Fourrier	Céline	celine.fourrier@anses.fr	Anses- LSV Unité de Mycologie
Francois	Christelle	christelle.francois@anses.fr	Laboratoire de la santé des végétaux
Franquet	Nathalie	nathalie.franquet@anses.fr	ANSES
Frey	Pascal	frey@nancy.inra.fr	INRA
Fudal	Isabelle	fudal@versailles.inra.fr	INRA
Gaceb-Terrak Et Touam	Rabéa Et Dalila	gaceb_terrak@yahoo.fr	Univ. Sci. et Techno. USTHB
Galhano	Cristina	cicgalhano@esac.pt	Agricultural College Coimbra
Gangneux	Christophe	cgangneux@esitpa.org	Esitpa - Agri'Terr - BioSol
Gaouar-Benyelles	Nassira	gaouarn@yahoo.fr	Université de Tlemcen Algérie
Garcia Arenal	Fernando	fernando.garciaarenal@upm.es	Universidad Politécnica de Madrid
Garmier	Marie	marie.garmier@u-psud.fr	Université Paris Sud
Geffroy	Valérie	valerie.geffroy@u-psud.fr	INRA
Gérard	Clémentine	clementine.gerard@etudiant.univ-reims.fr	Université de Reims Champagne Ardenne
Germain	Véronique	veronique.germain@u-bordeaux1.fr	UMR5200 CNRS Université de Bordeaux
German-Retana	Sylvie	german@bordeaux.inra.fr	INRA
Ghanney	Nadia	nadia.ghanney@gmail.com	Institut des Régions Arides (IRA)
Gigot	Christophe	cgigot@grignon.inra.fr	INRA
Giraud	Eric	eric.giraud@ird.fr	IRD

Gobbato	Enrico	enrico.gobbato@supagro.inra.fr	INRA
Gourgues	Mathieu	mathieu.gourgues@sophia.inra.fr	Institut Sophia Agrobiotech-Equipe IPO
Gourion	Benjamin	benjamin.gourion@isv.cnrs-gif.fr	Institut des sciences du végétal CNRS
Gout	Lilian	gout@agroparistech.fr	AgroParisTech
Grenier	Eric	eric.grenier@rennes.inra.fr	INRA
Grimault	Valérie	valerie.grimault@geves.fr	GEVES/SNES
Gruau	Charlotte	charlotte.gruau@univ-reims.fr	URVVC EA 2069
Guinet	Cécile	cecile.guinet@anses.fr	ANSES LSV Unité de Mycologie
Halama	Patrice	patrice.halama@isa-lille.fr	Institut Supérieur d'Agriculture
Halkett	Fabien	halkett@nancy.inra.fr	INRA
Hamada	Walid	w_hamada@yahoo.com	INAT
Hami	Manel	manelhami@yahoo.fr	Université badji Mokhtar Annaba
Hassan	Sozan	susanhasan_4@hotmail.com	INSA Lyon
Herrbach	Etienne	etienne.herrbach@colmar.inra.fr	INRA
Herrou	Mael	mherrou@50.cerfrance.fr	CER FRANCE NORMANDIE
Ilias	Faiza	faizahope@yahoo.fr	Université Abou Bekr Belkaid
Ioos	Renaud	renaud.ioos@anses.fr	ANSES, Laboratoire Santé des Végétaux
Jacques	Marie-Agnès	marie-agnes.jacques@angers.inra.fr	INRA
Jaunet	Thierry	thierry.jaunet@hmclause.com	HM.CLAUSE
Kettani-Halabi	Mohamed	mohamed.kettani-halabi@u-psud.fr	Institut de Biologie des Plantes - IBP
Kim	Jeong-Gu	jkim5aug@yahoo.com	NAAS
Kirane-Amrani	Leila	kiraneamrani@yahoo.fr	Laboratoire de Biologie Animale Appliq
Kolai	Naouel	kolainaouel@yahoo.fr	UNIVERSITE
Kwasiborski	Anthony	Anthony.Kwasiborski@isv.cnrs-gif.fr	CNRS
Lacroix	Jean-Marie	Jean-Marie.Lacroix@univ-lille1.fr	UGSF UMR 8576 CNRS Lille 1
Ladjouzi	Rachid	ladjouzir@yahoo.fr	Université Abderrahmane Mira de Bejaia
Laine	Anna-Liisa	anna-liisa.laine@helsinki.fi	University of Helsinki
Laleve	Anaïs	anais.laleve@versailles.inra.fr	INRA
Lannou	Christian	christian.lannou@versailles.inra.fr	BIOGER Epidémiologie
Latorse	Marie-Pascale	marie-pascale.latorse@bayer.com	BAYER SAS Bayer Cropscience
Launay	Alban	alaunay@agroparistech.fr	UMR217 IINRA-AgroParisTech-UPMC
Laval	Valérie	valerie.laval@versailles.inra.fr	INRA unité BIOGER_CPP
Le Hingrat	Yves	yves.lehingrat@fnpppt.fr	FN3PT
Le May	Christophe	lemay@agrocampus-ouest.fr	INRA AGrocampus Ouest
Le Roux	Clémentine	Clementine.le-roux@versailles.inra.fr	INRA
Lebreton	Lionel	lionel.lebreton@rennes.inra.fr	UMR IGEPP
Lebrun	Marc-Henri	marc-henri.lebrun@versailles.inra.fr	UR1290 INRA BIOGER-CPP
Legall	Olivier	olegall@bordeaux.inra.fr	IPV, UMR GDPP, IBVM
Lemaire	Olivier	olivier.lemaire@colmar.inra.fr	INRA de Colmar - UMR 1131 équipe ViVe
Loisel	Elise	elise.loisel@bayer.com	Laboratoire Mixte CNRS/INSA/UCBL/bayer
Mabrouk	Yassine	YASSINE.MABROUK@FST.RNU.TN	ECOLAB, ENSA TOULOUSE
Mahiout	Djamel	djamelmahiout@yahoo.fr	Université Abdelhamid ben badis
Mallard	Stéphanie	stephanie.mallard@vilmorin.com	Vilmorin
Manceau	Charles	charles.manceau@anses.fr	ANSES
Mandago	Jean Bedel	m_jeanbedel@yahoo.fr	Institut Centrafricain de Recherche Ag
Marcel	Thierry	tmarcel@versailles.inra.fr	INRA Bioger-CPP

Massé	Delphine	delphine.masse@anses.fr	ANSES-laboratoire santé des végétaux
Massot	Mathilde	mathilde.massot@valinov.fr	VEGEPOLYS Innovation
Maxime	Guérin	maxime.guerin@plante-et-cite.fr	Plante & Cité
Mazoyer	Céline	celine.mazoyer@agrocampus-ouest.fr	Institut de Biologie des Plantes
Medjdoub	Kenza	faizahope@yahoo.fr	Université Abou Bekr Belkaid
Minet	Naïma	naima.minet@sophia.inra.fr	INRA
Montarry	Josselin	josselin.montarry@rennes.inra.fr	INRA, UMR1349 IGEPP
Morais	David	david.morais@versailles.inra.fr	INRA
Morel	Jean-Benoit	jbmorel@cirad.fr	INRA
Moumene	Saida	moumene_saida@yahoo.fr	Université Saad Dahlab de Blida
Moumni	Mohieddine	mmoumni2001@yahoo.fr	Université Moulay Ismail
Muller	Emmanuelle	emmanuelle.muller@cirad.fr	CIRAD
Neema	Claire	neema@agroparistech.fr	Montpellier Supagro
Nesme	Xavier	nesme@univ-lyon1.fr	INRA-Université de Lyon
Ngando Essoh Otto	Josué	josuengando@yahoo.fr	Cirad
Nguyen	Thi Thu Thuy	thuyhuaf@gmail.com	INRA
Noell	Julie	julie.noell@cirad.fr	CIRAD
Olivain	Chantal	chantal.olivain@dijon.inra.fr	INRA
Olivier	Valérie	valerie.olivier@anses.fr	Laboratoire de la santé des végétaux
Pariaud	Bénédicte	benedicte.pariaud@vilmorin.com	VILMORIN
Pasquet	Jean-Claude	jean-claude.pasquet@u-psud.fr	Institut de Biologie des Plantes
Patrit	Oriane	oriane.patrit@agroparistech.fr	LIPP
Pensec	Flora	flora.pensec@uha.fr	LVBE Université de Haute Alsace
Perraki	Artemis	artperraki@hotmail.com	UMR 5200 CNRS Université de Bordeaux
Pieretti	Isabelle	isabelle.pieretti@cirad.fr	CIRAD
Piliponyté	Agné	agne.piliponyte@lzi.lt	Institute of Agriculture
Planamente	Sara	Sara.Planamente@isv.cnrs-gif.fr	CNRS
Plancot	Barbara	plancotbarbara@yahoo.fr	Labo Glyco-MEV Université de Rouen
Pope	Claude	pope@grignon.inra.fr	INRA
Poussereau	Nathalie	nathalie.poussereau@bayer.com	Université Lyon 1 - UMR5240
Poussier	Stéphane	stephane.poussier@univ-reunion.fr	Université de la Réunion
Profizi	Camille	cprofizi@soufflet-group.com	Groupe SOUFFLET
Rahmania	Fatma	frahmania@gmail.com	Univ.des Sci.et de la Tech. Houari Bou
Rahnama	Kamran	kamran_ra@yahoo.com	Gorgan university of Agricultural scie
Raoul Des Essarts	Yannick	Yannick.Raoul-Des-Essarts@isv.cnrs-gif.fr	CNRS
Ratet	Pascal	Pascal.Ratet@isv.cnrs-gif.fr	Institut des Sciences du Végétal CNRS
Reignault	Philippe	philippe.reignault@univ-littoral.fr	Université du Littoral Côte d'Opale
Revers	Frédéric	revers@bordeaux.inra.fr	INRA
Rey	Patrice	patrice.rey@agro-bordeaux.fr	UMR Santé et Agroécologie du Vignoble
Richard	Manon	manon.richard@u-psud.fr	Institut de Biologie des Plantes
Rigault	Martine	martine.rigault@agroparistech.fr	UMR217 INRA-AgroParisTech-UPMC
Rivas	Susana	Susana.Rivas@toulouse.inra.fr	LIPM
Robin	Cécile	robin@bordeaux.inra.fr	INRA
Rouxel	Mélanie	melanie.rouxel@bordeaux.inra.fr	INRA Bordeaux, UMR SAVE
Royer	Monique	monique.royer@cirad.fr	CIRAD
Royer	Rodolphe	rodolphe.royer@beckerunderwood.com	becker underwood

Sache	Ivan	sache@grignon.inra.fr	INRA
Sadallah	Said	sadallah2s@hotmail.com	Université 20 Aout 1955-Skikda Algerie
Sahouli	Safia	rabha1351@yahoo.fr	université de djelfa algérie
Saison	Anne	anne.saison@anses.fr	ANSES LSV
Salhi	Nasrine	nesrinemed@yahoo.fr	universitie Kasid Merbah ouargla
Santos Hernández	Mila	msantos@ual.es	Departamento de Producción Vegetal
Santrac	Ines	ines.santrac@philagro.fr	Philagro France
Saoud	Zahia	saoud_z@yahoo.fr	faculté de pharmacie d'Alger
Saubeau	Guillaume	saubeau@agrocampus-ouest.fr	INRA Agrocampus Ouest UMR 1349 IGEPP
Scordia	Thomas	thomas.scordia@nancy.inra.fr	INRA
Serandat	Isabelle	isabelle.serandat@geves.fr	GEVES/SNES
Siah	Ali	ali.siah@isa-lille.fr	Institut Supérieur d'Agriculture
Siamer	Sabrina	sabrina.siamer@u-psud.fr	INRA/Agroparistech/UPMC
Simond-Cote	Elizabeth	elizabeth.simond-cote@upmc.fr	UPMC, LIPP UMR217
Siou	Dorothee	dorothee.siou@grignon.inra.fr	INRA
Sorel	Maud	maud.sorel@bordeaux.inra.fr	INRA UMR 1332
Soulie	Marie-Christine	marie-christine.soulie@upmc.fr	Université Pierre et Marie Curie
Soyer	Jessica	jessica.soyer@versailles.inra.fr	INRA
Steinberg	Christian	christian.steinberg@dijon.inra.fr	INRA
Stukenbrock	Eva	eva.stukenbrock@mpi-marburg.mpg.de	Max-Planck-Institute for terrestrial Microbiology INRA
Suffert	Frédéric	fsuffert@grignon.inra.fr	INRA
Svanella-Dumas	Laurence	svanella@bordeaux.inra.fr	INRA, UMR BFP 1332
Tannieres	Melanie	Melanie.Tannieres@isv.cnrs-gif.fr	CNRS
Tassus	Xavier	xavier.tassus@anses.fr	ANSES LSV
Tayeh	Christine	christine.tayeh@univ-littoral.fr	Université du Littoral Côte d'Opale
Terta	Meriam	meriam_terta@hotmail.com	FST-Mohammedia Maroc
Teycheney	Pierre-Yves	teycheney@cirad.fr	CIRAD-Bios, UMR AGAP
Tharreau	Didier	tharreau@cirad.fr	CIRAD, UMR BGPI
Tollenaere	Charlotte	charlotte.tollenaere@helsinki.fi	University of Helsinki
Toueni	Maoulida	maoulida.toueni@ensat.fr	ECOLAB - Dynabio
Tran	Daniel	quoc-tuan.tran@u-psud.fr	Université Paris Diderot
Val	Florence	Florence.val@agrocampus-ouest.fr	UMR IGEPP, INRA, Agrocampus Ouest
Valade	Romain	romain.valade@versailles.inra.fr	INRA UR1290 BIOGER-CPP
Van Gijsegem	Frédérique	vangijse@agroparistech.fr	INRA/AgroParisTech/UPMC
Viaud	Muriel	viaud@versailles.inra.fr	INRA
Vicre	Maité	maite.vicre@univ-rouen.fr	Labo Glyco-MEV Université de Rouen
Walker	Anne-Sophie	walker@versailles.inra.fr	INRA BIOGER-CPP
Yahiaoui	Nabila	nabila.yahiaoui@cirad.fr	CIRAD