

## Présentation des projets financés au titre de l'édition 2008 du Programme Génomique Végétale

<b>ACRONYME et titre du projet</b>	<b>Page</b>
<b>DELICAS</b> - Association mapping et phénotypage par modèle pour l'identification de marqueurs moléculaires liés à l'élaboration et à la limitation du rendement chez la canne à sucre.	3
<b>DLVITIS</b> - Structure génétique et déséquilibre de liaison chez 3 espèces du genre <i>Vitis</i>	5
<b>DROMADAIR</b> - Un maïs adapté à la sécheresse : développement de l'épi et surface foliaire	7
<b>METAQTL</b> - Méthodes et outils bioinformatiques pour la méta-analyse de QTL et l'intégration des méta-QTL, des cartes physiques et des séquences de génome.	9
<b>NEWNAM</b> - Création d'une nouvelle ressource pour la validation de gènes chez le blé: une population emboîtée de génétique d'association	11
<b>TWIST</b> - Analyse du transcriptome des interactions entre le blé et le champignon pathogène <i>Septoria tritici</i> ( <i>Mycosphaerella graminicola</i> )	13
<b>MUSCARES</b> - Génomique comparée de <i>Vitis vinifera</i> et <i>Muscadinia rotundifolia</i> pour l'analyse de la résistance aux maladies chez les <i>Vitaceae</i>	15
<b>SAFEGRAPE</b> - Génomique de l'interaction vigne - bioagresseurs : facteurs de virulence de <i>Botrytis cinerea</i> & mécanismes moléculaires de la résistance induite	17
<b>WALLARAY</b> - Biopuces à polysaccharides pariétaux en génomique fonctionnelle	19
<b>MOVIE</b> - Bases moléculaires des résistances aux virus contrôlées par des facteurs de l'hôte nécessaires au cycle infectieux	21

<b>MS-DMIND</b> - Extraction de connaissances par analyse multi échelle, appliquée à l'étude des processus moléculaires impliqués dans des stress biotiques et abiotiques.	23
<b>NEMATARGETS</b> - Identification de nouveaux gènes-cibles pour le développement de stratégies spécifiques dirigées contre les nématodes parasites de plantes	25
<b>PHOSPHOSTIM</b> - Réponses de phosphorylation de la racine d'Arabidopsis à des stimuli biotiques, abiotiques et nutritionnels	27
<b>SCRIPS</b> - Peptides de Signalisation et Régulateurs du Cytosquelette Impliqués dans la Sensibilité des Plantes aux Maladies	29
<b>SYMBIMICS</b> - Dissection moléculaire de l'interaction symbiotique rhizobium-légumineuse : une approche combinée de micro-dissection laser et de séquençage massif d'ESTs	31
<b>VIROMOUV</b> - Identification de facteurs de l'hôte impliqués dans le mouvement à longue distance des virus de plante	33
<b>CACAOBAC</b> - Construction d'une banque BAC de cacaoyer Criollo ; séquençage et analyse bioinformatique des extrémités de BAC	35
<b>CITRUSSEQ</b> - Séquençage complet du génome d'un haploïde de clémentinier	37
<b>MUSATRACT</b> - Séquençage du génome du bananier (Musa)	39
<b>SEQTRYPLANT</b> - Obtention de la séquence complète du génome de deux trypanosomes de plantes Titre	40
<b>RICE RLK.O.Me</b> - Le phénomène des LRR-RLK du riz : leur implication dans la réponse aux stress et les processus de développement par analyse systématique de K.O.s	42
<b>GENOME CAFE</b> - Analyses de séquences d'extrémités de clones BAC comme étape préliminaire au séquençage du génome des caféiers	44

# Programme Génomique Végétale

Edition 2008

## Titre du projet

**DELICAS** - Association mapping et phénotypage par modèle pour l'identification de marqueurs moléculaires liés à l'élaboration et à la limitation du rendement chez la canne à sucre.

## Résumé

Le projet DELICAS a pour objectif d'identifier des marqueurs moléculaires associés à des gènes impliqués dans l'élaboration du rendement et la résistance aux bioagresseurs chez la canne à sucre.

La création de nouvelles variétés productives et résistantes aux bioagresseurs est un objectif prioritaire pour le maintien de la compétitivité de la filière sucrière à la Réunion. Les apports de la génomique à la création variétale restent actuellement limités, notamment en raison du faible nombre de marqueurs moléculaires utilisables en sélection qui ont pu être identifiés jusqu'à aujourd'hui.

Les progrès réalisés dans la modélisation écophysiological du fonctionnement de la canne à sucre et des céréales permettent aujourd'hui d'envisager d'utiliser la modélisation pour décomposer les processus d'élaboration du rendement, afin de faciliter l'identification de gènes d'intérêt. Parallèlement, des travaux récents ont montré que le déséquilibre de liaison présent chez la canne à sucre permettait d'utiliser la stratégie de l'association mapping pour marquer des gènes d'intérêts. Compte tenu des handicaps que constituent l'importance de la taille du génome de la canne à sucre et l'extinction du déséquilibre de liaison avec la distance génétique, cette stratégie nécessite cependant une couverture dense du génome par des marqueurs moléculaires.

Pour atteindre l'objectif du projet, nous proposons :

- une étude de la faisabilité et de l'intérêt du phénotypage par modèle écophysiological,
- un phénotypage d'une core collection (i) pour l'élaboration du rendement, par modèles écophysiologicals et (ii) pour la résistance à la maladie de la feuille jaune,
- un génotypage dense de la core collection en combinant plusieurs technologies (DArT, AFLP, SSR),
- la détection d'associations marqueurs - traits par association mapping,
- la mise au point de marqueurs proches de QTL ou gènes connus, utilisables comme marqueurs diagnostic dans une population de cultivars

- la mise en place de bases de données permettant l'accès aux données pour la communauté scientifique et les sélectionneurs.

Les résultats attendus sont (i) une meilleure connaissance du déterminisme génétique et l'identification de régions du génome impliquées dans l'élaboration du rendement et la résistance à la maladie de la feuille jaune (ii) de nouvelles méthodologies et outils de phénotypage par modèle écophysio-logique, (iii) la mise en place d'outils de gestion et d'exploitation des données.

**Partenaires**

CIRAD UMR C53 (partenaire coordinateur)  
CERF  
CIRAD UPR SCA 102  
CIRAD UMR 1098  
CIRAD UPR 59

**Coordinateur**

Samuel NIBOUCHE  
[samuel.nibouche@cirad.fr](mailto:samuel.nibouche@cirad.fr)

**Aide de l'ANR**

792 256 euros

**Début et durée**

Janvier 2009 - 48 mois

**Référence**

ANR-08-GENM-001

### Titre du projet

## DLVITIS - Structure génétique et déséquilibre de liaison chez 3 espèces du genre *Vitis*

### Résumé

Dans l'objectif de réponse aux nouveaux défis de la viticulture, les objectifs de la sélection vigne sont de créer de nouvelles variétés accumulant une résistance durable aux pathogènes et une adaptation aux nouvelles conditions climatiques, tout en maintenant une qualité optimale de la vendange.

Ces différents caractères doivent être accumulés à partir de différentes sources : différentes espèces de *Vitis* pour la résistance et l'adaptation à l'environnement et *Vitis vinifera* pour la qualité. Pour faciliter de tels transferts, il est primordial de connaître les bases génétiques de ces caractères.

Cependant, les connaissances des bases génétiques de ces caractères complexes sont extrêmement réduites chez la vigne comparé à d'autres cultures, principalement parce que les études QTLs sont très longues et très lourdes chez les plantes pérennes ligneuses.

Afin de permettre d'accélérer et de simplifier la recherche de QTLs et de faire un inventaire plus complet des facteurs génétiques contrôlant des caractères d'intérêt, nous proposons d'avoir recours à la méthode de génétique d'association appliquée à l'ensemble du génome (ou "genome-scan"). En effet cette méthode permet de prendre avantage de la large variabilité des ressources génétiques disponibles et de bénéficier du nombre important de recombinaisons accumulées dans un tel matériel.

Des données sur l'étendue du déséquilibre de liaison chez la vigne et de la structure des populations étudiées sont primordiales pour la réalisation de telles études chez des espèces aussi différentes que *Vitis vinifera*, *V. riparia*, *V. cinerea* ou *V. aestivalis*. C'est l'objectif que nous nous sommes donnés pour le présent projet.

Pour *Vitis vinifera*, espèce pour laquelle nous disposons déjà de données sur la structure des populations, nous proposons d'estimer l'étendue du DL pour 4 populations présentant des histoires évolutives différentes, afin de comparer le DL en fonction des populations.

Pour 2 autres espèces, *V. riparia* et *V. cinerea*, après une analyse de la structure de populations issues de prospections aux USA, nous envisageons de définir 2 échantillons les moins

structurés possibles pour étudier l'étendue du DL après avoir vérifié la synténie avec *V. vinifera*.

Enfin, nous proposons d'effectuer des tests locaux de la méthode génome-scan pour la résistance au mildiou chez les espèces (phénotypage effectué dans le cadre du projet) et de la taille de la baie pour *Vitis vinifera*.

**Partenaires** INRA UMR 1097 (partenaire coordinateur)  
INRA UMR 1131  
INRA UPR 875

**Coordinateur** Patrice THIS  
[patrice.this@supagro.inra.fr](mailto:patrice.this@supagro.inra.fr)

**Aide de l'ANR** 425 526 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 36 mois

**Référence** ANR-08-GENM-002

### Titre du projet

## **DROMADAIR - Un maïs adapté à la sécheresse : développement de l'épi et surface foliaire**

### Résumé

Le maïs est le principal consommateur de l'eau d'irrigation en France, bien que son métabolisme C4 lui confère une faible conductance stomatique et une excellente efficacité de l'eau. Son niveau d'irrigation est dû à sa grande sensibilité au déficit hydrique, liée à l'avortement des grains. Les hypothèses centrales de ce programme sont (i) l'avortement des grains, qui se produit dans la partie apicale des épis, est lié au gradient d'âge physiologique entre les ovules du haut de l'épi, plus jeunes, et les ovules de la base, plus âgés. Les ovules qui n'ont pas atteint un âge critique lors de la pollinisation des ovules basaux sont orientés vers l'avortement. Le déficit hydrique augmente ce gradient de développement, si bien que les génotypes ayant les gradients les plus marqués ou les plus sensibles au déficit hydrique auront une plus grande propension à l'avortement apical. (ii) Une nutrition carbonée adéquate pendant la période post floraison peut réduire l'effet des gradients de développement. La variabilité génétique de cette nutrition dépend largement du maintien de la croissance foliaire en déficit hydrique, qui détermine l'interception lumineuse et la photosynthèse.

WP1 : Maintien de la croissance végétative en déficit hydrique : cartographie fine de QTLs et analyse physiologique des processus

physiologiques impliqués.

Des QTL de maintien de la croissance foliaire ont été détectés dans 3 populations de cartographie, et confirmés dans des lignées

quasi isogéniques. Les objectifs seront

- De disséquer ces QTLs avec une approche de cartographie fine.

- D'identifier les mécanismes candidats et les gènes associés à deux de ces QTLs. Ceci sera réalisé dans des séries alléliques de lignées

d'introgession à ces QTLs. Les lignées seront analysées (i) sur des processus hydrauliques (l'hypothèse la plus plausible actuellement),

en particulier le contrôle stomatique et la conductivité hydraulique des tissus, (ii) sur d'autres caractères qui peuvent affecter la croissance,

(iii) sur les transcrits et protéines de la zone de croissance foliaire de plantes irriguées ou en déficit hydrique.

WP2. Déterminismes de l'avortement des grains en déficit hydrique

-Le rôle des gradients de développement dans l'avortement sera testé sur 7 lignées contrastées, avec des séries chronologiques de croissance et de développement d'ovules à plusieurs positions sur l'épi, chez des plantes irriguées ou en déficit hydrique.

Les gradients seront également analysés par des analyses transcriptomiques, protéomiques et métabolomiques sur les mêmes

échantillons. Nous testerons ensuite la cohérence des classements, entre génotypes, de l'avortement et des gradients de développement.

-Une analyse QTL de l'avortement sera réalisée en conditions sèche et irriguée dans 3 expériences au champ, sur un backcross avancé

dont le donneur est une lignée tropicale reconnue pour la stabilité de son développement reproducteur.

Si des QTLs stables sont observés, une analyse suivra sur des NILs correspondant à ces QTLs.

WP3 Depuis les mécanismes vers le champ : conséquences sur le rendement des mécanismes et loci étudiés en WP1 et WP2

Les NILs analysées en WP1 et WP2 seront évaluées au champ, afin de tester l'effet des mécanismes et des régions génomiques étudiés

sur le rendement dans des scénarios climatiques contrastés. Ceci sera réalisé sur les lignées et sur leurs hybrides F1 avec des testeurs

élite. Les résultats expérimentaux seront analysés avec l'aide d'un modèle récemment publié.

**Partenaires**

INRA UMR 759 (partenaire coordinateur)  
Syngenta Seeds  
Biogemma  
INRA UMR 320  
INRA UMR 619  
INRA UMR 1097

**Coordinateur**

François TARDIEU  
[ftardieu@supagro.inra.fr](mailto:ftardieu@supagro.inra.fr)

**Aide de l'ANR**

783 825 euros

**Début et durée**

Janvier 2009 - 48 mois

**Référence**

ANR-08-GENM-003



# Programme Génomique Végétale

Edition 2008

## Titre du projet

**METAQTL** - Méthodes et outils bioinformatiques pour la méta-analyse de QTL et l'intégration des méta-QTL, des cartes physiques et des séquences de génome.

## Résumé

Au cours des dernières années, de nombreux programmes ont produits énormément de données à l'échelle des génomes en génétique ou en génomique. Pour tirer pleinement partie de ces données, il est nécessaire de les intégrer à plusieurs niveaux de résolution. La cartographie de QTL est généralement réalisée à partir de plusieurs types de population. Des méthodes d'intégration de QTL ont été développées pour capitaliser sur l'ensemble des résultats obtenus et prédire plus précisément la position de QTL. D'autres méthodes ont également été mises au point pour construire des cartes génétiques consensus facilitant la recherche de co-localisations entre gènes candidats et QTL. Ces méthodes ont été implémentées dans le logiciel BioMercator lors de précédents projets soutenus par Génoplante ou le Generation Challenge Programme. De nouveaux développements méthodologiques améliorant les approches de méta-analyse de QTL sont disponibles et pourraient être implémentées dans ce logiciel. Il est également urgent de franchir une nouvelle étape dans l'intégration des données de génétique et de génomique en développant une nouvelle version de BioMercator capable de projeter des méta-QTL sur une carte physique ou sur la séquence d'un génome. Cela permettra d'intégrer la cartographie de QTL avec les annotations du génome habituellement disponibles dans les navigateurs génomiques (modèles de gènes, polymorphism, etc...).

Pour faciliter l'exploitation des nouvelles données intégratives produites à l'aide de BioMercator, la base de données GnpIS (précédemment connue sous le nom de Génoplante-Info) devra également être modifiée pour 1) être capable de stocker les nouveaux types de données issus de BioMercator dans GnpMap et GnpGenome et 2) permettre leur interrogation et visualisation.

Les nouveaux développements bioinformatiques proposés seront utiles à une large communauté scientifique, tout en satisfaisant les particularités de différentes espèces végétales. Pour garantir la pertinence de ces nouveaux outils, ce projet propose de rassembler un large panel de généticiens et

génomiciens s'intéressant à différentes espèces (maïs, blé, pêcher, abricotier, chêne, peuplier). Ces chercheurs contribueront à la définition du cahier des charges, aux développements méthodologiques nécessaires et à la validation des nouvelles versions de BioMercator et GnpIS. Les nouveaux outils créés par ce projet seront directement exploités dans plusieurs projets européens ou nationaux parmi lesquels GrasBioFuel, HyperMaize, SharCo et seront également utiles dans les programmes de Biogemma et Syngenta. Ce projet correspond également aux besoins exprimés dans l'axe B.3 de l'appel d'offre car les logiciels produits aideront la communauté scientifique à gérer, intégrer et exploiter les nombreuses données de génétique et de génomique disponibles et à venir. Ce projet a été labélisé par le pôle de compétitivité « Céréales Vallée »

**Partenaires** INRA UMR 320 (partenaire coordinateur)  
INRA UPR 1164  
INRA UR 588  
INRA UMR 1202  
INRA UMR 1095  
INRA UMR 1090  
Biogemma  
Syngenta seeds

**Coordinateur** Johann JOETS  
[joets@moulon.inra.fr](mailto:joets@moulon.inra.fr)

**Aide de l'ANR** 341 354 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 36 mois

**Référence** ANR-08-GENM-004

# Programme Génomique Végétale

Edition 2008

## Titre du projet

**NEWNAM - Création d'une nouvelle ressource pour la validation de gènes chez le blé: une population emboîtée de génétique d'association**

## Résumé

Le blé tendre est l'une des céréales les plus cultivées au monde: chaque année, plus de 550 millions de tonnes de blé sont utilisées pour les alimentations humaine et animale. Si la sélection conventionnelle a permis d'augmenter considérablement le rendement et la qualité du blé ces dernières 50 années, il paraît évident aujourd'hui que ces efforts ne sont plus suffisants pour faire face à la demande toujours croissante.

Il est donc indispensable de développer de nouveaux outils et de nouvelles méthodologies qui aideront les sélectionneurs et les scientifiques à faire progresser rapidement la génétique du blé. Dans ce cadre, les études d'association font l'objet d'une attention considérable de la part de la communauté de la génétique des plantes qui crée et utilise différents types des ressources génétiques afin de cartographier finement des QTL, de valider des gènes candidats ou d'identifier des allèles d'intérêt.

Récemment, le domaine de la génétique d'association, en particulier chez le maïs, s'est impliqué dans la création et l'utilisation d'un nouveau type de population destiné à rassembler les avantages des deux principales méthodes d'analyses permettant de disséquer

les caractères quantitatifs, les analyses de liaisons et les analyses de LD (Linkage disequilibrium). Cette population, inspirée de la génétique animale, constitue un outil performant pour valider rapidement et en grande quantité des gènes candidats et pour caractériser finement des QTL chez les plantes.

Le projet NEWNAM propose de développer chez le blé l'une de ces nouvelles populations, une population NAM (pour Nested Association Mapping). Le projet mettra à disposition des sélectionneurs et des scientifiques une ressource de cartographie génétique à haute résolution pilotée par le phénotypage. Cette population sera développée par 2 laboratoires leaders en génomique et en génotypage.

## Partenaires

Biogemma (partenaire coordinateur)  
INRA UMR 1095 INRA UMR 1095  
INRA UMR 1090

**Coordinateur** Sébastien PRAUD  
[sebastien.praud@biogemma.com](mailto:sebastien.praud@biogemma.com)

**Aide de l'ANR** 201 583 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 48 mois

**Référence** ANR-08-GENM-005

### Titre du projet

**TWIST - Analyse du transcriptome des interactions entre le blé et le champignon pathogène *Septoria tritici* (*Mycosphaerella graminicola*)**

### Résumé

Le blé est une des plantes les plus cultivées et les plus consommées dans le monde. En effet, le blé correspond à environ 35% des besoins alimentaires mondiaux actuels et il est attendu que la demande en blé augmente fortement au cours des prochaines décades. Les maladies fongiques sont un problème majeur pour la production de blé. Parmi celles-ci, la septoriose (STB) provoquée par le champignon, *Septoria tritici* (ST, syn. *Mycosphaerella graminicola*) est responsable de graves dommages foliaires et d'importantes pertes de rendement en Europe. Jusqu'à présent, la lutte contre cette maladie dépend principalement de traitements fongicides. Cependant, ces traitements sont de moins en moins efficaces. En effet, l'apparition depuis 2003 de souches de *S tritici* fortement résistantes aux strobilurines en Europe et la perte progressive de la sensibilité aux triazoles des populations Européennes de *S tritici* rendent moins efficace les traitements fongicides (Maufras et al., 2006). Cette perte d'efficacité des traitements fongicides nécessite de développer des méthodes de lutte alternatives. De plus, les nouvelles directives Européennes ont pour objectif de réduire les traitements phytosanitaires de 50% in 2012. Ces évolutions récentes (perte d'efficacité des fongicides, nouvelles législation) ont conduit à un regain d'intérêt pour l'utilisation de cultivars de blé résistants à cette maladie. Cependant, la plupart des cultivars de blé actuels sont sensibles à cette maladie (Bernicot, 2006). Cette situation conduit les entreprises de sélection Européennes à considérer la résistance à la septoriose comme un critère prioritaire de sélection du blé pour la résistance aux maladies. Un investissement important est donc nécessaire pour mieux comprendre cette maladie et ses interactions avec le blé (TWIST) et identifier/caractériser les résistances génétiques du blé (complète, partielle) à cette maladie (FSOV 2006 et 2008). Ces études sont un a priori nécessaire pour pouvoir utiliser ces résistances dans les programmes de sélection.

Le projet TWIST a pour objectif d'accroître nos connaissances des interactions entre le blé et *S. tritici* en utilisant des approches de génomique fonctionnelle. Le projet TWIST se propose de réaliser des expériences de transcriptomique à

grande échelle des tissus de blé infectés afin d'identifier les gènes du blé et du champignon exprimés au cours de l'infection. Cette analyse conduira à des ensembles pertinents de gènes présentant des profils d'expression soit caractéristique des interactions résistantes et ou susceptibles. Les gènes dont l'expression est associée soit aux réactions de résistance du blé à la septoriose, soit aux conditions de susceptibilité permettront de définir des ensembles de gènes candidats qui seront utiles pour le développement de projets sur le contrôle génétique de la résistance du blé à cette maladie (marqueurs physiologiques de la résistance ou de la sensibilité, gènes candidats pour le développement de plantes transgéniques, gènes liés aux QTL de résistance). Les gènes fongiques identifiés dans TWIST permettront d'identifier des facteurs potentiellement impliqués dans la pathogénie (effecteurs) ou des marqueurs de la réponse fongique aux réactions de défense de la plante.

**Partenaires** INRA UMR 1290 (partenaire coordinateur)  
Biogemma  
INRA UMR 385  
INRA UMR 118

**Coordinateur** Marc Henri LEBRUN  
[mhlebrun@versailles.inra.fr](mailto:mhlebrun@versailles.inra.fr)

**Aide de l'ANR** 156 071 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 24 mois

**Référence** ANR-08-GENM-006

### Titre du projet

**Muscares - Génomique comparée de *Vitis vinifera* et *Muscadinia rotundifolia* pour l'analyse de la résistance aux maladies chez les *Vitaceae***

### Résumé

La viticulture est une composante majeure de l'agriculture française, non seulement en termes économiques mais aussi en termes culturels. La viticulture française est menacée par plusieurs bioagresseurs. La stratégie actuelle de lutte contre ces maladies est l'utilisation de fongicides.

Cette pratique est coûteuse et a des conséquences négatives sur l'environnement. La recherche de nouvelles méthodes pour lutter contre les agents pathogènes de la vigne est donc une priorité pour la viticulture française. Une alternative à l'utilisation généralisée des fongicides, plus rentable et plus respectueuse de l'environnement, est l'utilisation de variétés de vigne résistantes aux agents pathogènes. Cependant, toutes les variétés de vignes cultivées européennes sont sensibles aux bioagresseurs. La résistance doit donc être introduite à partir d'autres *Vitaceae* résistantes à travers des programmes d'amélioration qui garantissent la qualité du vin.

*Muscadinia rotundifolia* est une espèce proche de *Vitis vinifera* possédant des résistances multiples qui est utilisée comme donneur de résistance dans les programmes d'amélioration à l'INRA. Malgré son importance pour l'amélioration de la vigne, les connaissances sur la génétique et/ou la génomique de *M. rotundifolia* sont très limitées. La connaissance des similarités entre les génomes de *Vitis* et *Muscadinia* permettrait d'optimiser l'utilisation de cette dernière en programmes d'amélioration. La combinaison d'études de macrosynthénie (carte génétique comparée des deux espèces) et de microsynthénie (cartes physiques locales) permettraient l'identification et l'isolement de gènes de résistance de *M. rotundifolia*. L'addition d'études cytologiques permettrait d'étudier les mécanismes d'introgession d'une espèce à  $2n=40$  chromosomes vers une espèce à  $2n=38$  chromosomes.

L'objectif de ce projet est d'accélérer la caractérisation fonctionnelle de la résistance à plusieurs agents pathogènes chez *M. rotundifolia*. Des étapes préliminaires de développement des ressources pour l'analyse et l'exploitation de la synthénie entre les deux espèces seront nécessaires pour atteindre notre objectif. Les étapes de ce projet, qui implique une charge importante en analyse bioinformatique, sont les suivantes :

1. Développement de marqueurs moléculaires pour la cartographie génétique chez *M. rotundifolia*.
2. Cartographie génétique chez *M. rotundifolia* et développement d'une carte génétique comparée avec *V. vinifera*.
3. Analyse de la microsynchronie entre *M. rotundifolia* and *V. vinifera* dans deux régions du génome impliquées dans la résistance à des maladies.
4. Constitution d'une collection de gènes potentiels de résistance NBS-LRR de *M. rotundifolia* et analyse fonctionnelle préliminaire de ces gènes candidats.

Les résultats attendus pour ce projet sont :

Création de nouveaux marqueurs moléculaires et d'une carte génétique saturée chez *M. rotundifolia*.

Établissement d'une carte physique partielle chez *M. rotundifolia* basée sur la synchronie avec *V. vinifera*.

Compréhension de la macro et micro synchronie existant entre *V. vinifera* and *M. rotundifolia*, en particulier dans des régions riches en gènes de résistance.

Identification et isolement de gènes de résistance candidats chez *M. rotundifolia*

Compréhension des mécanismes d'introgession entre *V. vinifera* et *M. rotundifolia* et mise au point des outils pour son analyse cytologique chez la vigne.

Finalement, l'identification et le clonage d'une partie des gènes résistance de *M. rotundifolia* établiront les bases pour la création d'une collection de lignées de vigne transgéniques exprimant les différents gènes. Cette collection sera un outil très important pour étudier la résistance aux différents agents pathogènes qui attaquent la vigne dans le futur.

#### Partenaires

INRA UMR 1131  
 INRA UMR 1290 (partenaire coordinateur)  
 CNRS UMR5240  
 INRA UMR1088  
 U de Reims EA 2069

#### Coordinateur

Pedro MESTRE  
[mestre@colmar.inra.fr](mailto:mestre@colmar.inra.fr)

#### Aide de l'ANR

429 620 euros

#### Début et durée

Janvier 2009 - 36 mois

#### Référence

ANR-08-GENM-007



# Programme Génomique Végétale

Edition 2008

## Titre du projet

**SAFEGRAPE** - Génomique de l'interaction vigne - bioagresseurs : Facteurs de virulence de *Botrytis cinerea* & mécanismes moléculaires de la résistance induite

## Résumé

La vigne est une culture majeure pour l'agriculture française (9,5 milliards € dont 5,8 à l'exportation). Toutefois l'espèce cultivée (*Vitis vinifera*) est confrontée à de sévères difficultés car elle est sensible à de nombreuses maladies dont la pourriture grise (champignon nécrotrophe *Botrytis cinerea*) et le mildiou (oomycète biotrophe *Plasmopara viticola*). De nombreux traitements fongicides (230 millions €/an) sont donc nécessaires pour contrôler ces pathogènes, ce qui a un impact économique et pose des questions environnementales. Les mécanismes de l'infection par la pourriture grise et le mildiou ainsi que ceux de défense de la vigne restent largement méconnus. Une meilleure connaissance permettrait de développer de nouvelles stratégies de lutte basées sur des molécules fongicides plus respectueuses de l'environnement et sur la stimulation des défenses naturelles. Il a été récemment démontré que la molécule d'origine biologique PS3 confère la résistance aux deux pathogènes (Partenaire 3). Néanmoins, les mécanismes impliqués dans cette stimulation des défenses naturelles restent à établir. Les génomes de *B. cinerea* et de *V. vinifera* séquencés au Genoscope et les nouveaux outils de génomique disponibles offrent l'opportunité d'avoir, pour la première fois, une vue intégrée de la physiologie de l'interaction qui s'établit entre la vigne et ses pathogènes. Dans ce contexte, l'objectif majeur du projet « SafeGrape » est de révéler les mécanismes moléculaires impliqués dans l'infection de la vigne par des approches transcriptomiques. Différents scénarios d'infection seront étudiés afin de comparer les réactions de défense de feuilles de vigne infectées par un agent nécrotrophe (*B. cinerea*) versus un agent biotrophe (*P. viticola*) en présence ou non de PS3. L'interaction *B. cinerea* / *V. vinifera* sera approfondie par une étude transcriptomique de l'infection de baies de raisin (collaboration avec S. Delrot, INRA, Bordeaux). Une première facette du projet est consacrée à l'hôte. Les tissus infectés seront échantillonnés au cours d'une cinétique d'infection et des profils d'expression seront obtenus en utilisant des puces contenant l'ensemble des gènes de *V. vinifera*. Les orthologues des gènes candidats identifiés seront recherchés chez *Arabidopsis* afin d'être étudiés par génétique

inverse. Les gènes les plus pertinents seront validés par génétique inverse chez la vigne. Ces données devraient contribuer à identifier les mécanismes moléculaires impliqués dans la résistance de la vigne (priming, signalisation, mort cellulaire programmée). Une seconde facette du projet est consacrée aux gènes fongiques impliqués dans le développement et le processus infectieux. Les profils transcriptomiques des gènes de *B. cinerea* seront suivis au cours de l'infection de feuilles et de baies. De plus, les stades précoces de l'infection seront étudiés par un système expérimental in vitro basé sur l'utilisation d'une surface hydrophobe mimant la surface de la feuille. Les fonctions des gènes candidats identifiés par leur profil d'expression seront validées par inactivation ou surexpression de gènes. Ces gènes fongiques pourront constituer des marqueurs d'infection et de nouvelles cibles pour le développement de molécules anti-fongiques. La dernière partie du programme sera consacrée à l'identification d'outils moléculaires utiles pour suivre l'infection et la résistance aux vignobles (outils d'aide à la décision). Ce travail sera réalisé en collaboration étroite avec les professionnels (Comité Interprofessionnel des Vins de Champagne et le Bureau interprofessionnel des Vins de Bourgogne). L'ensemble de ce projet contribuera à élaborer des stratégies de protection de la vigne qui soient efficaces et respectueuses de l'environnement.

**Partenaires**

INRA UMR 1290 (partenaire coordinateur)  
CNRS UMR5240  
INRA UMR1088  
U de Reims EA 2069

**Coordinateur**

Muriel VIAUD  
[viaud@versailles.inra.fr](mailto:viaud@versailles.inra.fr)

**Aide de l'ANR**

359 173 euros

**Début et durée**

Janvier 2009 - 36 mois

**Référence**

ANR-08-GENM-008

### Titre du projet

## WALLARAY - Biopuces à polysaccharides pariétaux en génomique fonctionnelle

### Résumé

Le projet rassemble des équipes de recherche de plusieurs instituts publics CEA, CNRS et INRA, des universités de Grenoble et Toulouse et de la société privée Genoptics. Ces équipes développent des recherches dans les domaines de la physico-chimie, la chimie, la biologie structurale et la biologie végétale.

Les parois cellulaires sont des structures composites naturelles, renfermant essentiellement des polymères de fortes masses moléculaires (polysaccharides et lignines) et des protéines interagissant avec ces polymères. Les parois cellulaires sont des structures dynamiques impliquées dans la division, l'expansion, la différenciation et l'adhérence cellulaire contrôlant ainsi la morphologie de la plante. Les parois sont également la source de signaux oligosaccharidiques: leur reconnaissance moléculaire contrôle des processus liés au développement et même l'issue d'interactions entre plantes et microorganismes. Ces dernières années, des progrès décisifs en génomique, protéomique, glycomique et bio-informatique ont considérablement augmenté nos connaissances des gènes et des protéines liés à la paroi, en particulier les gènes et les protéines interagissant, ou encore modifiant les polysaccharides pariétaux. Toutefois, très peu d'entre eux ont une fonction expérimentalement démontrée. Ainsi, toutes les données structurales ou fonctionnelles concernant l'interaction du glycome pariétal (défini comme l'ensemble de structures glucidiques de la paroi) et du protéome pariétal (l'ensemble des protéines) sont d'un grand intérêt afin de comprendre la dynamique et la signalisation pariétale.

Le but du projet est de développer des biopuces à polysaccharides pariétaux comme outils innovants pour sélectionner des protéines capables d'interactions et évaluer leur spécificité. Le projet rassemble des nouvelles technologies déjà éprouvées: de la constitution de collections de polysaccharides pariétaux et leur fixation à une surface, à la production de protéines pariétales et l'analyse de leurs interactions avec des polysaccharides par imagerie en résonance plasmonique de surface, au développement de logiciels pour la prédiction des interactions protéines-polysaccharides.

La compréhension des interactions protéines/polysaccharides

au niveau des surfaces cellulaires complète les données de protéomique et de glycomique, et représente une étape essentielle en post-génomique. Par ailleurs, les parois des plantes sont les constituants les plus abondants de la biomasse végétale. Les matériaux de la paroi (cellulose, pectines) ont été largement exploités par les industries alimentaires et non-alimentaires. Avec la reconnaissance actuelle des molécules glucidiques comme vecteurs de propriétés biologiques, les sociétés de glyco-biotechnologie sont apparues. Les biopuces à polysaccharides seront un outil utile pour l'élaboration de nouveaux matériaux, la découverte ou la modification d'enzymes intervenant sur les polysaccharides pariétaux, l'amélioration des espèces végétales

**Partenaires** CNRS UPR 5301 (partenaire coordinateur)  
INRA UPR 1268  
UT3 Paul SabatierUMR5546  
CEA Grenoble  
GENOPTICS SA

**Coordinateur** Serge PEREZ  
[Serge.Perez@cermav.cnrs.fr](mailto:Serge.Perez@cermav.cnrs.fr)

**Aide de l'ANR** 152 534 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 12 mois

**Référence** ANR-08-GENM-009

### Titre du projet

**MOVIE - Bases moléculaires des résistances aux virus contrôlées par des facteurs de l'hôte nécessaires au cycle infectieux**

### Résumé

Ces dernières années, une augmentation globale de l'incidence des maladies provoquées par les phytovirus a été observée, probablement en lien avec l'intensification des pratiques culturales, l'altération du climat (présentant un impact direct sur les vecteurs viraux) et la globalisation du marché. Dans ce contexte, le développement de variétés possédant des résistances génétiques au virus constitue la solution la plus attractive et respectueuse de l'environnement. Cependant le développement de telles variétés présente certaines limitations : (i) l'identification de gènes de résistance chez de nombreuses espèces peut être difficile (temps de génération, taille des génomes...) et (ii) des gènes dominants de résistance totale, facilement utilisables dans les programmes de sélection, ne sont pas toujours disponibles dans la diversité naturelle des espèces. De plus le développement de systèmes de résistance efficaces et durables peut nécessiter la combinaison de gènes affectant différentes étapes du cycle infectieux du pathogène. Du fait de leurs petits génomes codant pour peu de protéines, les virus dépendent totalement de facteurs de l'hôte pour accomplir leur cycle infectieux. Dans ce système, l'absence ou la modification d'un de ces facteurs (également appelé facteur de sensibilité) conduit à une résistance totale ou partielle des plantes hôtes. Dans la diversité naturelle, ces versions non-fonctionnelles de facteurs nécessaires au cycle viral correspondent à des gènes récessifs de résistance. Ces dernières années, un des résultats majeurs sur les études des interactions plantes-virus, a certainement été l'identification de certains facteurs d'initiation de la traduction en tant que facteurs de l'hôte nécessaires au cycle viral et déterminants majeurs de la sensibilité vs. résistance aux virus à ARN chez de nombreuses espèces végétales. Bien que le rôle de ces facteurs dans la résistance apparaisse très conservé au sein du règne végétal, les résultats obtenus dans le cadre du projet TRANSVIR Génoplante 2006-2007 mettent en avant une importante diversité dans l'utilisation de ces facteurs par les virus. En parallèle à ces travaux, d'autres gènes récessifs de résistance aux virus ont été identifiés et montrés comme ne correspondant pas à des facteurs d'initiation de la

traduction. Ces gènes constituent donc de très bons candidats pour l'identification de nouveaux facteurs de l'hôte nécessaires au cycle infectieux.

Dans ce contexte, les objectifs du projet MOVIE sont (i) de caractériser les mécanismes moléculaires à l'origine de la spécificité d'utilisation des facteurs d'initiation de la traduction par différents virus à ARN afin de définir des critères pour une utilisation efficace et durable de ces facteurs de résistance, (ii) d'étudier le rôle potentiel des facteurs d'initiation de la traduction dans la résistance au virus du court-noué chez la vigne et (iii) d'identifier des nouveaux facteurs de l'hôte nécessaires au cycle infectieux en tant que cibles pour la lutte génétique. En plus de connaissances fondamentales sur les bases moléculaires des interactions plantes-virus, les résultats de ce projet faciliteront l'exploitation de ces facteurs nécessaires au cycle viral en tant que cibles pour l'amélioration de la résistance des plantes aux virus.

**Partenaires** INRA UPR 1052 (partenaire coordinateur)  
IRD UMR 5096 CNRS  
IRD UMR 186  
INRA UMR1131

**Coordinateur** Carole CARANTA  
[carole.caranta@avignon.inra.fr](mailto:carole.caranta@avignon.inra.fr)

**Aide de l'ANR** 454 082 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 36 mois

**Référence** ANR-08-GENM-010

# Programme Génomique Végétale

Edition 2008

## Titre du projet

**MS-DMIND** - Extraction de connaissances par analyse multi échelle, appliquée à l'étude des processus moléculaires impliqués dans des stress biotiques et abiotiques.

## Résumé

En général, les relations entre les caractéristiques moléculaires d'une protéine (séquence et structure 3D) et les fonctions biologiques dans lesquelles elle est impliquée sont difficiles à établir. Dans les bases de données, les fonctions biologiques sont souvent décrites sous forme de langage naturel, sans réelle standardisation, ce qui accroît potentiellement les sources d'erreurs, et empêche une exploitation automatique des données fonctionnelles. A l'heure actuelle, il n'existe pas de systèmes qui permettent de relier facilement toutes les données moléculaires pertinentes pour la compréhension d'un processus biologique, depuis les annotations d'une séquence de gène dans le génome, en passant par les propriétés physico-chimiques d'un acide aminé dans son interaction avec un ligand, jusqu'aux réactions en jeu dans un stress biotique ou abiotique, par exemple.

De nouveaux modèles de connaissance ont été développés récemment afin de représenter les différentes échelles impliquées dans les relations séquence-structure-fonction. Il a été démontré qu'une modélisation centrée sur le positionnement standardisé des acides aminés permet une meilleure compréhension des corrélations séquence-structure (modèle IMGT). Parallèlement, un nouveau schéma multi échelle (BioPsi) permet la description des processus biologiques en utilisant un nombre limité d'actions élémentaires.

Nous proposons d'intégrer ces différentes approches afin de développer un nouveau type de systèmes d'information qui permettra d'avoir une représentation standardisée des relations séquence-structure-fonction. Notre système devra être assez générique pour être appliqué à tout type de famille protéique. Nous nous focaliserons, dans ce projet, sur la famille des ns-LTP (non-specific lipid transfer proteins) qui sera particulièrement adaptée à la validation de notre méthodologie.

## Partenaires

CIRAD UMR 1098 (partenaire coordinateur)  
CNRS FRE 3009

**Coordinateur** Manuel RUIZ  
[manuel.ruiz@cirad.fr](mailto:manuel.ruiz@cirad.fr)

**Aide de l'ANR** 235 482 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 36 mois

**Référence** ANR-08-GENM-011



### Titre du projet

**NEMATARGETS** - Identification de nouveaux gènes-cibles pour le développement de stratégies spécifiques dirigées contre les nématodes parasites de plantes

### Résumé

Les nématodes parasites de plantes (PPN) sont capables d'infecter presque toutes les cultures économiquement importantes et sont responsables de pertes estimées au niveau mondial à plusieurs milliards d'euros par an. Jusqu'à une période très récente, les nématicides chimiques représentaient un des moyens les plus importants pour contrôler les populations de nématodes. Cependant, ces composés sont non spécifiques, notoirement toxiques et constituent une grave menace pour l'écosystème du sol, les eaux souterraines et la santé humaine. En outre, les consommateurs sont devenus de plus en plus sensibles à la mise en place d'une agriculture compétitive produisant une nourriture sûre et respectueuse de l'environnement. Ainsi la totalité des substances nématicides a été progressivement interdite au cours de ces dernières années.

Face à cette situation, il devient nécessaire et urgent d'identifier de nouvelles cibles originales et spécifiques pour développer de nouvelles stratégies de lutte contre les PPN. Ces stratégies incluent aussi bien le développement de nouvelles drogues plus spécifiques et plus sûres que la création de nouvelles plantes résistantes aux nématodes. L'analyse du premier génome de PPN, le nématode à galles *Meloidogyne incognita*, a permis de mettre en évidence des gènes «spécifiques » qui pourrait constituer des cibles potentielles pour le développement de stratégies anti-parasitaires. Pour confirmer la pertinence de ces gènes comme cibles potentielles pour lutter contre les PPN, nous proposons de générer des données de génomique/transcriptomique à haut débit chez d'autres espèces PPN pour lesquelles peu de données ont été produites à grande échelle. Le postulat de base est que si les gènes candidats identifiés chez *M. incognita* sont plus largement conservés chez d'autres PPN, mais restreints uniquement à ces groupes de nématodes, ces gènes peuvent alors être considérés comme jouant un rôle important dans le cycle de vie de ces parasite de plantes.

L'analyse bio-informatique nous permettra d'identifier les candidats les plus prometteurs en fonction de leurs profils de

présence/d'absence, de leurs degré de conservation et de leurs niveaux relatifs d'expression. Par la suite ils seront validés par une analyse fonctionnelle avec des expériences de localisation et d'inactivation d'ARN chez *M. incognita*. L'objectif du projet NEMATARGETS est de combiner une analyse détaillée du génome de *M. incognita* avec la génération et l'analyse de données du transcriptome à grande échelle de quatre autres nématodes parasites de plantes. Cette approche présente le double avantage d'être moins onéreuse que le séquençage entier des génomes de ces espèces de nématodes et de fournir une validation des gènes candidats par la mise en évidence de leur expression. Ce projet développera une approche multidisciplinaire combinant la bio-informatique et la génomique fonctionnelle sur des données de génomique à grande échelle produites chez des nématodes ayant des stratégies de parasitisme différentes.

**Partenaires** INRA UMR 1301 (partenaire coordinateur)  
CEA Génoscope

**Coordinateur** Pierre ABAD  
[abad@sophia.inra.fr](mailto:abad@sophia.inra.fr)

**Aide de l'ANR** 291 927 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 36 mois

**Référence** ANR-08-GENM-012

### Titre du projet

## PHOSPHOSTIM - Réponses de phosphorylation de la racine d'*Arabidopsis* à des stimuli biotiques, abiotiques et nutritionnels

### Résumé

Les plantes sont constamment soumises à des contraintes environnementales, comme des attaques par des pathogènes, des changements drastiques de la température et de la lumière ambiantes, ou un apport limitant en eau ou en nutriments. La combinaison de ces contraintes détermine l'état de stress général de la plante et, à terme, sa croissance et son développement. Le projet PhosphoStim vise à accroître notre connaissance des composants moléculaires fondamentaux qui déterminent la réponse des plantes à des stimuli biotiques et abiotiques.

Du fait de leur capacité à percevoir et répondre à de multiples signaux, les racines jouent un rôle déterminant dans l'adaptation des plantes aux agressions de l'environnement. La régulation du statut hydrique de la plante, et de l'absorption de l'eau du sol en particulier, représente un autre aspect central de cette adaptation. PhosphoStim s'intéressera aux mécanismes biologiques fondamentaux impliqués, sur la base d'une analyse génomique de la régulation des protéines. Plus spécifiquement, le projet sera centré sur la phosphorylation des protéines, qui est reconnue comme un processus central dans la réponse des plantes aux signaux de l'environnement.

Un panel de huit stimuli représentatifs sera utilisé pour caractériser la capacité de réponse du transport racinaire d'eau à un large spectre de signaux abiotiques et biotiques. Ces stimuli couvriront les effets de stress hydriques et ioniques (traitements par du mannitol et du chlorure de sodium), de stress nutritionnels [carence et apport en nitrate ( $\text{NO}_3^-$ ) ou phosphate ( $\text{H}_3\text{PO}_4$ )], du saccharose (un métabolite signal important), d'espèces activées de l'oxygène et de l'azote [peroxyde d'hydrogène ( $\text{H}_2\text{O}_2$ ), oxyde nitrique ( $\text{NO}$ )], et d'une protéine élicitrice bactérienne (flagelline).

Les aquaporines sont des protéines canal à eau qui rendent compte de la capacité des racines à absorber l'eau du sol et à réguler ce processus en réponse à de multiples signaux. Les aquaporines sont régulées par phosphorylation, notamment sous l'effet de protéines kinases dépendantes du calcium (CDPKs). Une analyse exhaustive de l'expression des aquaporines et de leur phosphorylation en réponse aux huit

stimuli sera réalisée par des approches de protéomique et phospho-protéomique quantitatives. Les CDPKs sont spécifiques des plantes et leur rôle central dans la signalisation cellulaire est encore mal compris. Dans ce projet, la fonction générale des CDPKs dans la réponse des plantes à des signaux métaboliques et environnementaux sera explorée, à l'aide d'une combinaison d'approches génétiques et biochimiques. Ainsi, PhosphoStim devrait révéler de nouveaux liens entre les CDPKs, les aquaporines, et la tolérance des plantes à des contraintes biotiques et abiotiques. L'identification de régulateurs centraux et de nouveaux matériels végétaux possédant une tolérance modifiée aux contraintes environnementales est également prévue.

Cette recherche fondamentale, qui traduit un nouveau type d'approche intégrative, sera menée par trois laboratoires, tous intéressés par la réponse des plantes aux stress, et apportant leurs expertises respectives dans la régulation des aquaporines et du transport d'eau, la protéomique, et la fonction des protéines kinases. PhosphoStim fournira également un cadre pour le développement de nouvelles techniques en phospho-protéomique quantitative des protéines membranaires. Enfin, en produisant de nouvelles approches pour contrôler l'état de stress des plantes et de nouvelles voies de sélection de plantes résistantes aux stress, PhosphoStim pourra contribuer dans le futur à l'amélioration des performances des plantes cultivées sous contraintes environnementales.

**Partenaires** CNRS UMR 5004 (partenaire coordinateur)  
INRA UPR 1199  
CNRS UPR 2355

**Coordinateur** Christophe MAUREL  
[maurel@supagro.inra.fr](mailto:maurel@supagro.inra.fr)

**Aide de l'ANR** 547 942 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 36 mois

**Référence** ANR-08-GENM-013

### Titre du projet

## SCRIPS - Peptides de Signalisation et Régulateurs du Cytosquelette Impliqués dans la Sensibilité des Plantes aux Maladies

### Résumé

Les mécanismes moléculaires impliqués dans la résistance des plantes aux microorganismes pathogènes ont fait l'objet de nombreuses études dans la dernière décennie. Ces études ont permis de nombreuses applications dans le contrôle de ces agents pathogènes. En revanche, nos connaissances sur la sensibilité des plantes et le développement des maladies demeurent limitées. Des études récentes montrent cependant que les agents pathogènes manipulent à leur profit des fonctions cellulaires clef des plantes et peuvent contourner, voire inhiber les réponses de défense de l'hôte. L'identification de nouvelles composantes végétales indispensables au développement de l'agent pathogène devrait permettre d'élaborer des stratégies de lutte novatrices vis-à-vis des agents pathogènes. Le projet proposé constitue la suite du projet ANR Génoplante AFINDIS, qui a permis de combiner les efforts de trois laboratoires publics de recherches afin de comprendre les mécanismes moléculaires de la sensibilité des plantes à trois agents pathogènes d'importance agronomique, que sont les nématodes à galles, les oomycètes, et les bactéries telluriques. Des analyses du transcriptome de la plante modèle *Arabidopsis* en réponse à l'infection par *Meloidogyne incognita*, *Hyaloperonospora parasitica* et *Ralstonia solanacearum* ont montré que des fonctions essentielles de la plante sont manipulées au cours du développement de la maladie provoquée par ces agents pathogènes. Une analyse fonctionnelle de gènes jouant des rôles clefs dans l'architecture cellulaire, la signalisation cellulaire, et la défense a été réalisée dans le précédent projet. Plusieurs de ces gènes dérégulés pendant le développement de la maladie se sont avérés essentiels pour l'interaction compatible, avec un ou plusieurs des trois agents pathogènes *M. incognita*, *H. parasitica*, et *R. solanacearum*. Parmi eux, les composants du complexe de perception de certains peptides de signalisation tels que *Clavata 3* et les phytosulphokines impliqués dans le développement de la plante apparaissent comme des éléments centraux pour l'infection par les agents pathogènes. De plus, la Protéine Associée aux Microtubules *AtMAP65-3*, qui joue un rôle clef dans l'organisation des réseaux de microtubules, a été

montrée comme nécessaire à l'infection par chacun des trois agents pathogènes. Une approche de génétique directe a permis d'isoler des mutants qui permettront d'identifier les composantes végétales impliquées dans la régulation de MAP65-3. Nous proposons maintenant de focaliser notre recherche sur ces trois gènes sélectionnés afin de caractériser leur rôle pendant le développement de la maladie provoquée par les trois agents pathogènes. L'objectif de ce projet est d'élucider les mécanismes moléculaires impliqués dans la signalisation peptidique (Clavata, phytosulphokine) et des régulateurs de cytosquelette (MAP65-3) dans la sensibilité des plantes aux maladies. Dans ce but, différents outils produits pendant AFINDIS (tels que des lignées présentant une inactivation ou une surexpression de gènes, des lignées marqueurs, des mutants EMS) seront exploités. De plus, la recherche de protéines interagissant avec ces composantes sera entreprise. Le projet contribuera à l'amélioration des connaissances sur les fonctions végétales qui sont manipulées par les différents agents pathogènes et nécessaires au développement de la maladie. Nos résultats devraient permettre d'identifier des nouvelles cibles permettant de contrôler ces maladies.

**Partenaires**

INRA UMR 1301 (partenaire coordinateur)  
INRA UMR 1301  
CNRS UMR 2594

**Coordinateur**

Bruno FAVERY  
[favery@sophia.inra.fr](mailto:favery@sophia.inra.fr)

**Aide de l'ANR**

511 874 euros

**Début et durée**

Janvier 2009 - 36 mois

**Référence**

ANR-08-GENM-014

### Titre du projet

**SYMBIMICS** - Dissection moléculaire de l'interaction symbiotique rhizobium-légumineuse : une approche combinée de micro-dissection laser et de séquençage massif d'ESTs

### Résumé

Les légumineuses ont la propriété unique parmi les plantes cultivées de croître efficacement sans engrais azotés et d'enrichir le sol en azote organique. Cette caractéristique, particulièrement intéressante pour l'agriculture durable et la protection de l'environnement, est directement liée à leur capacité d'établir des interactions symbiotiques avec des bactéries fixatrices d'azote, les rhizobia, au sein d'un organe spécialisé, le nodule racinaire. Nous proposons de réaliser une étude globale et tissu-spécifique de l'expression génique des deux partenaires de cette symbiose, en utilisant l'interaction *Sinorhizobium meliloti* 2011-*Medicago truncatula* comme système modèle. Pour ce faire, nous exploiterons les développements les plus récents dans le domaine du séquençage à grande profondeur et de la microdissection laser. Ces sauts technologiques nous permettront d'analyser une interaction plante-microorganisme et un processus organogénétique, par une étude sensible et quantitative de l'expression génique, à une échelle génomique et avec une haute résolution spatiale.

Plusieurs questions clef relatives aux étapes successives de l'interaction symbiotique seront abordées, grâce à la complémentarité des équipes partenaires, expertes en microbiologie, génomique bactérienne et végétale, biologie cellulaire et bioinformatique. En particulier, nous identifierons des ensembles de gènes, y compris faiblement exprimés, associés à (i) la signalisation symbiotique (ii) l'infection bactérienne (iii) la différenciation coordonnée de la plante et de la bactérie (iv) la fixation de l'azote et les échanges trophiques entre les deux partenaires (v) la région nodulaire post-symbiotique (saprophytique).

Des informations précieuses seront générées permettant d'identifier de nouveaux transcrits et d'analyser leur localisation, leur abondance et leur structure (codant vs. non codant, sites de d'initiation, épissages alternatifs...). Un cadre solide sera obtenu pour l'annotation (ou la réannotation) du génome et l'analyse globale de l'expression génique. Pour compléter ce cadre, le génome de la souche 2011 de *S. meliloti* sera séquençé et comparé à celui de *S. meliloti* 1021,

mieux adaptée à la luzerne (*M. sativa*) mais n'établissant pas de symbiose efficace avec *M. truncatula*.

Ce projet aboutira au développement de techniques moléculaires et cytologiques efficaces pour l'analyse du transcriptome bactérien et végétal par dissection laser - séquençage. Des outils bioinformatiques seront aussi développés pour exploiter et représenter au mieux les données massives du séquençage profond.

**Partenaires** CNRS UMR 2594 (partenaire coordinateur)  
INRA UMR 444  
INRA UPR 875

**Coordinateur** Pascal GAMAS  
[Pascal.Gamas@toulouse.inra.fr](mailto:Pascal.Gamas@toulouse.inra.fr)

**Aide de l'ANR** 606 496 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 36 mois

**Référence** ANR-08-GENM-015



### Titre du projet

**VIROMOUV - Identification de facteurs de l'hôte impliqués dans le mouvement à longue distance des virus de plante**

### Résumé

Les virus de plante sont d'importants pathogènes responsables de sérieux dégâts sur de nombreuses cultures économiquement importantes. Leur impact sur les cultures est non seulement économique mais aussi environnemental en raison des nombreux traitements chimiques (insecticide et nématicides en particulier) appliqués pour éliminer leurs vecteurs, source majeure de leur dissémination naturelle. Malgré l'utilisation de gènes de résistance naturelle dans de nombreuses espèces végétales, les virus sont très souvent capables de contourner ces résistances du fait de leur grande variabilité intrinsèque et de leur importante capacité à évoluer. La découverte de nouveaux gènes de l'hôte capables d'interagir avec les virus et une meilleure compréhension de leur fonction dans le cycle viral constitue ainsi un important déficit pour les années à venir, pouvant éventuellement conduire à un meilleur contrôle de ces pathogènes. Bien que le mouvement à longue distance des virus de plante soit la cible de nombreux gènes de résistance, ce mécanisme est actuellement mal connu. Le but de ce projet est d'identifier chez une espèce sauvage (*Arabidopsis thaliana*) de nouveaux gènes de l'hôte impliqués dans cette importante étape du cycle viral en utilisant des approches génétique, biochimique et de génomique. Les différentes tâches développées seront :

- le criblage d'une nouvelle banque d'ADNc de cellules compagnes en utilisant le système double-hybride chez la levure avec pour appât des protéines virales connues pour être impliquées dans le mouvement à longue distance des virus. Cette approche permettra l'identification de protéines de plante interagissant directement avec les facteurs viraux testés.
- l'identification de protéines de plante qui co-purifient avec les particules virales à partir de tissus enrichis en phloème et l'évaluation de leur rôle potentiel dans le mouvement des virus dans le phloème.
- la comparaison des profils d'expression de gènes entre cellules compagnes infectées et saines afin d'identifier des gènes potentiellement impliqués dans l'infection virale. Ces gènes peuvent être soit des gènes induits participant à la défense antivirale, soit des gènes exploités par les virus pour

favoriser leur propagation et/ou inhiber des gènes de résistance.

Le rôle potentiel des différents facteurs de plantes identifiés dans le mouvement à longue distance des virus sera alors évalué.

Le projet sera développé avec deux virus modèles appartenant à des familles différentes (Potyviridae et Luteoviridae). Nous comptons ainsi identifier potentiellement des mécanismes communs impliqués dans le mouvement à longue distance des virus mais aussi caractériser des particularités propres de virus génétiquement et morphologiquement différents.

En parallèle, la construction d'une base de données de gènes exprimés dans les cellules compagnes sera réalisée à partir du séquençage de clones issus de la banque d'ADNc.

Les retombées de ce projet auront des impacts fondamentaux mais aussi pratiques :

- Etendre nos connaissances dans le champ des interactions plante/virus. Quelles sont les protéines qui interagissent avec les virions ou des protéines virales impliquées dans le mouvement à longue distance des virus ? Comment contrôlent-elles le mouvement des virus dans les situations compatibles (maladie) et incompatibles (résistance) ? Quels sont les gènes dérégulés suite à l'infection virale spécifiquement dans les cellules du phloème ?

- Identifier les gènes orthologues dans des espèces de cultures. S'ils existent, des allèles de résistance pourront-ils être identifiés dans la variabilité naturelle de ces espèces, ou, alternativement, créés artificiellement ? Cela permettra éventuellement de proposer aux améliorateurs de nouvelles sources de résistance pour optimiser à la fois les spectres d'action des résistances et leur durabilité.

**Partenaires**

INRA UMR 1090 (partenaire coordinateur)  
CNRS UPR 2357  
INRA UMR 1131

**Coordinateur**

Frederic REVERS  
[revers@bordeaux.inra.fr](mailto:revers@bordeaux.inra.fr)

**Aide de l'ANR**

653 060 euros

**Début et durée**

Janvier 2009 - 36 mois

**Référence**

ANR-08-GENM-016

# Programme Génomique Végétale

Edition 2008

## Titre du projet

**CACAOBAC** - Construction d'une banque BAC de cacaoyer Criollo ; séquençage et analyse bioinformatique des extrémités de BAC

## Résumé

La constitution de ressources moléculaires telle que la construction d'une banque BAC et le séquençage des extrémités de BAC représente un préalable important permettant de faciliter l'assemblage et l'orientation des contigs lors du séquençage de génomes complets. Dans l'objectif de séquencer le génome du cacaoyer (variété Criollo), dans le cadre d'un consortium international, ce projet vise à constituer 2 (6X) banques BAC et à séquencer leurs extrémités pour constituer une telle ressource moléculaire. Une base de données sera constituée pour stocker et exploiter l'information contenue dans ces séquences par des analyses bioinformatiques. *Theobroma cacao* est une espèce ligneuse fruitière diploïde ( $2n=2x=20$ ) possédant un petit génome (380Mb). Elle appartient à la famille des Malvales proche de l'espèce modèle *A. thaliana*. La variété « ancienne » de Criollo est autocompatible et a une base génétique très étroite. Elle est représentée par des individus complètement homozygotes représentant de bons candidats pour le séquençage complet du génome de *T. cacao*.

La variété Criollo est la première variété de cacaoyer à avoir été domestiquée il y a plus de 2000 ans par les Maya et les Aztèques. Elle constitue à présent l'une des 2 variétés de cacaoyer aromatiques, avec la variété Nacional d'Equateur, qui donne un chocolat fin très recherché par les chocolatiers, et qui est acheté à un prix supérieur sur le marché international. Elle représente ainsi une niche économique importante pour plusieurs pays d'Amérique latine, d'Amérique centrale et des Caraïbes. Elle est cependant sensible à un grand nombre de maladies, et la création de nouvelles variétés Criollo productives, résistantes aux maladies, et gardant les mêmes qualités sensorielles que la variété ancienne, passe par une meilleure connaissance des bases génétiques et moléculaires de ces caractères d'intérêt. Le séquençage complet du génome de *T. cacao* sera un apport déterminant pour l'amélioration de cette espèce et de la variété Criollo en particulier. Deux banques BAC (6X) seront construites à partir d'un individu homozygote Criollo. Le séquençage des extrémités de BAC sera réalisé par le Genoscope. Une base de données sera élaborée pour stocker

et exploiter ces séquences. L'analyse bioinformatique de ces séquences permettra d'avoir une première vision d'ensemble de la structure du génome du cacaoyer, et en particulier de l'importance des séquences répétées et de la densité de gènes. L'annotation de ces séquences sera faite en comparaison avec notre base de données d'EST récemment produite ainsi qu'avec les bases de données internationales. La proximité phyllogénétique de *T. cacao* avec *A. thaliana* permettra de réaliser des études de microsyténie entre les 2 espèces, qui pourront être faites à partir des paires de séquences d'extrémités de BAC de cacaoyer.

Ce projet apportera une connaissance accrue du genome du cacaoyer permettant d'améliorer de façon plus efficace et plus durable les variétés de cacaoyer, source de devises importante pour les pays en voie de développement et pour 14 millions de petits planteurs.

**Partenaires** CIRAD UMR 1098 (partenaire coordinateur)

**Coordinateur** Claire LANAUD  
[claire.lanaud@cirad.fr](mailto:claire.lanaud@cirad.fr)

**Aide de l'ANR** 133 050 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 36 mois

**Référence** ANR-08-GENM-017

# Programme Génomique Végétale

Edition 2008

## Titre du projet

## **CITRUSSEQ** - Séquençage complet du génome d'un haploïde de clémentinier

### Résumé

Les agrumes sont produits dans le monde entier entre les 40° parallèles nord et Sud, aussi bien pour le marché interne que pour l'exportation. Il constitue la plus importante production fruitière au niveau mondial (105 millions de tonne) et possède des qualités nutritionnelles élevées. L'agrumiculture doit toutefois faire face à des contraintes biotiques et abiotiques croissantes qui affectent la production dans la plupart des régions. Dans le même temps existe une forte demande du marché pour une diversification variétale et des fruits de qualité élevée. L'amélioration génétique apparaît ainsi comme un élément clef pour le développement durable de l'agrumiculture. Les progrès génétiques sont toutefois freinés par la complexité du système de reproduction (apomixie, stérilité, autoincompatibilité...), la structure génétique du complexe d'espèces et une phase juvénile très longue. La nécessité de développer les outils génomiques est ainsi devenue évidente pour (i) accélérer l'acquisition de connaissances sur les caractéristiques agronomiques importante telle la tolérance aux maladies et stress abiotiques, l'élaboration de la qualité des fruits et (ii) développer des marqueurs précoces de sélection. Des travaux importants ont été conduits ces 5 dernières années pour le développement de base de données d'ESTs. 223000 séquences provenant principalement de l'oranger (*C. sinensis*) du Clémentinier (*C. clementina*) et du Poncirus trifoliata sont ainsi disponibles dans la base de données GenBank dbEST. Dans le même temps des banques BAC d'oranger et de clémentinier ont été établies et des cartes physiques sont en cours d'élaboration. Un séquençage limité (1.2x) du génome de l'oranger a mis en évidence les très importantes difficultés liées à une forte hétérozygotie. Cela a conduit le Consortium International de Génomique des Agrumes (ICGC) à décider d'établir la séquence complète de référence des agrumes à partir d'un haploïde de Clémentinier. Le génome haploïde des agrumes est estimé à 372MB pour 9 chromosomes. Dans le cadre du projet global de ICGC d'effectuer le séquençage complet du génome (couverture 8x à 10x) par 'Whole-Genome-Shotgun', l'objectif de ce projet ANR est de réaliser une couverture de 4x et de développer une carte génétique saturée du clémentinier pour ancrer et orienter les contigs. Ce

projet ANR regroupe 4 équipes françaises et deux partenaires associés espagnols, avec des compétences très complémentaires dans les domaines de la biologie et la génétique des agrumes, de la génomique, du séquençage et du génotypage haut débit. La carte génétique de référence sera basée sur des marqueurs SSR et des SNPs identifiés dans des séquences de fin de BAC et des gènes de clémentinier. Le Génoscope établira des banques d'insert de 3kb et de 10kb et séquencera l'équivalent de 4 fois le génome haploïde. Les données de séquences des différents centre de séquençages impliqués au niveau international seront réunies et l'assemblage réalisé avec Arachne. En vue de l'annotation automatique, les transcrits de feuilles de l'haploïde de clémentinier seront séquencés avec la technologie 454 en complément des données de séquences pleines longueurs existantes pour le clémentinier diploïde. Ce projet qui produira la première séquence complète de référence du génome des agrumes, annotées et analysée, constitue une étape clef pour pouvoir aborder les futurs développements de la génomique sur les espèces cultivées diploïdes fortement hétérozygote. Sur le long terme, il contribuera à l'optimisation des stratégies et méthodes d'innovation variétale et donc au développement d'une agrumiculture durable.

**Partenaires**

CEA Génoscope UMR 8030 (partenaire coordinateur)  
CIRAD UPR 75  
INRA UPR 1103  
INRA UPR 1279

**Coordinateur**

Olivier JAILLON  
[ojailon@genoscope.cns.fr](mailto:ojailon@genoscope.cns.fr)

**Aide de l'ANR**

1 233 807 euros

**Début et durée**

Janvier 2009 - 24 mois

**Référence**

ANR-08-GENM-018

# Programme Génomique Végétale

Edition 2008

<b>Titre du projet</b>	<b>MUSATRACT - Séquençage du génome du bananier (Musa)</b>
<b>Résumé</b>	<p>La banane est la quatrième plus importante plante cultivée dans les pays en développement. Il existe un besoin urgent de sélectionner des cultivars de banane plus adaptés en terme de résistance aux pathogènes, de productivité et d'adaptation aux conditions locales de culture. Les programmes d'amélioration font face à de nombreuses difficultés pour identifier les facteurs génétiques impliqués. Dans ce contexte, la séquence du génome complet de la banane serait d'une aide inestimable. Un consortium international s'est constitué dans ce but. Deux initiatives (l'une au Département d'Energie aux Etats-Unis et l'autre d'entreprises privées) sont en cours d'évaluation. Nous proposons dans ce projet une contribution de grande ampleur (environ quatre équivalents génome) à cet effort de séquençage. Nous proposons également d'améliorer la carte génétique du bananier, ce qui permettra de relier directement les contigs issus du séquençage aux chromosomes. Enfin, nous développerons une annotation globale du génome.</p>
<b>Partenaires</b>	CEA Génoscope UMR 8030 (partenaire coordinateur) Cirad UMR 1098
<b>Coordinateur</b>	Patrick WINCKER <a href="mailto:pwincker@genoscope.cns.fr">pwincker@genoscope.cns.fr</a>
<b>Aide de l'ANR</b>	1 857 734 euros
<b>Début et durée</b>	Janvier 2009 - 24 mois
<b>Référence</b>	ANR-08-GENM-019

### Titre du projet

## SEQTRYPLANT - Obtention de la séquence complète du génome de deux trypanosomes de plantes

### Résumé

Les génomes de trois trypanosomes pathogènes pour l'homme ont été récemment séquencés et comparés. Pour ce projet nous proposons le séquençage comparé de deux trypanosomatides de plante (Eucaryote, Trypanosomatidae, *Phytomonas sp.*). Le premier est un isolat pathogène du "groupe H" (Hart1). Ce groupe comprend des trypanosomatides pathogènes associés avec des dépérissements du cocotier (hartrot), du palmier à huile (marchitez sorpresiva), du caféier (Nécrose du phloème du caféier) et de fleurs de la famille des Zingiberaceae (Dépérissement jaune d'*Alpinia purpurata*) en Amérique Latine et dans la Caraïbe. Ils sont transmis spécifiquement par des insectes hétéroptères et se multiplient dans la sève des plantes. Ils sont responsables de dommages économiques importants et sont la cause de traitements insecticides fréquents, chers et polluants dans le bassin amazonien. Le second se comporte plutôt comme un symbiote. Il s'agit de l'isolat (E.M.1) du "groupe D" obtenu à partir d'une plante à latex (*Euphorbia pinea*) dans le sud de la France. Il est également transmis par insectes et vit dans les tubes laticifères. Il ne provoque pas de maladie. Les deux groupes H et D sont phylogénétiquement éloignés et leur organisation chromosomique est très différente. Le nombre de chromosomes pour H est de 7 et il est de 21 pour le groupe D.

Un bénéfice évident de cette demande de séquençage sera obtenu avec les perspectives d'utilisation des résultats en termes d'évolution moléculaire et les relations avec les autres protozoaires Kinetoplastidae. Chez l'homme, l'animal, les trypanosomes et les leishmanies provoquent de sérieuses maladies dont la maladie du sommeil, la maladie de Chagas et le kala azar, tandis que les *Phytomonas* - genre arbitraire - trypanosomatides trouvés chez les plantes et les insectes peuvent être pathogènes ou de type symbiotique.

Des études comparées entre les trypanosomes de l'homme, de l'animal et des plantes nous permettront ainsi qu'à toute la communauté de la parasitologie d'identifier des ensembles de gènes spécifiquement reliés à différents mécanismes pathologiques. Par ailleurs, nous aurons une meilleure compréhension de la biologie des *Phytomonas*, de leur chaîne



métabolique et des gènes impliqués dans leur pathogénicité, ce qui pourrait nous ouvrir de nouvelles voies de contrôle plus sûrs. Un troisième et important aspect de cette proposition réside dans la nécessité de changements dans la taxonomie de ce qui était les "lower trypanosomatids" (trypanosomatides d'insecte/plante). Parce qu'il n'était pas possible de cultiver *in vitro* les trypanosomatides de plantes avant 1982 – et plusieurs sont très difficilement cultivables - ils sont très peu étudiés en comparaison des trypanosomes humains ou animaux. Cependant le monde des trypanosomes de plantes est vaste, et les limites entre les trypanosomes de plantes et les trypanosomes d'insectes sont incertaines. D'ailleurs des trypanosomatides d'insectes (*Herpetomonas*, *Leptomonas*, *Crithidia*) peuvent se multiplier dans les plantes.

**Partenaires** CIRAD UPR 29 (partenaire coordinateur)  
CEA Génoscope UMR 8030

**Coordinateur** Michel DOLLET  
[michel.dollet@cirad.fr](mailto:michel.dollet@cirad.fr)

**Aide de l'ANR** 277 295 euros

**Début et durée** Janvier 2009 - 36 mois

**Référence** ANR-08-GENM-020

### Titre du projet

**RICE RLK.O.Me - Le phénomène des LRR-RLK du riz : leur implication dans la réponse aux stress et les processus de développement par analyse systématique de K.O.s**

### Résumé

Les plantes sont constamment exposées à une grande variété d'agressions abiotiques (e.g. sécheresse et salinité accentuées par le changement climatique) et biotiques (e.g. attaques de pathogènes fongiques et bactériens) réduisant leur rendement. Au niveau moléculaire la perception des stimuli extracellulaires et l'activation des réactions de défense font intervenir un réseau complexe de cascades de signalisation dans lesquelles la phosphorylation de protéines joue un rôle central. L'objectif global de ce projet est d'analyser systématiquement le rôle d'une famille de receptor-like kinases, les Leucine-rich Repeats receptor-like kinases (LRR-RLKs) chez la plante modèle *Oryza sativa* par analyse de mutants. Plusieurs études (principalement conduites chez *Arabidopsis thaliana*) ont montré que certains membres de cette famille sont impliqués dans les voies de réponse au stress et de développement. Peu d'études ont encore été conduites chez le riz, confirmant que ces récepteurs sont de bonnes cibles candidates pour identifier de nouveaux acteurs dans les voies de tolérance aux stress biotique et abiotique chez les céréales.

Une analyse préalable sur la famille des LRR-RLKs a montré que le génome du riz renferme 320 membres. Nous proposons de cribler systématiquement les lignées mutantes des collections internationales pour ces gènes tirant avantage en premier lieu de la disponibilité de la collection d'insertions ADN-T et Tos17 du cv. Nipponbare générée en partie par notre laboratoire. Les outils bioinformatiques développés dans notre laboratoire (GreenPhylDB, OrygenesDB et OryzaTagLine) ont été et seront exploités pour : analyser les relations d'orthologie des LRR-RLKs chez différentes espèces de céréales (GreenPhylDB), identifier des insertions cataloguées par leur Flanking Sequence Tag (FST) dans les collections internationales (OrygenesDB) et obtenir l'information phénotypique des lignées qui ont pu être déjà caractérisées phénotypiquement. Les descendances homozygotes mutantes seront criblées sous différents stress biotiques et abiotiques et observées pour leurs altérations morphologiques à différents stades de croissance depuis le stade plantule en boîte de Petri jusqu'à la floraison et le

remplissage du grain en serre. Le projet Rice RLK.O.me vise également à caractériser finement des nouveaux gènes impliqués dans les réactions de défense et le développement adaptatif sous stress. Ces gènes seront des cibles potentielles pour l'amélioration des céréales notamment pour la sélection de cultures résistantes à la sécheresse et aux pathogènes fongiques.

**Partenaires**

CIRAD UMR 1098 (partenaire coordinateur)  
INRA UMR 385 Cirad

**Coordinateur**

Emmanuel GUIDERDONI  
[emmanuel.guiderdoni@cirad.fr](mailto:emmanuel.guiderdoni@cirad.fr)

**Aide de l'ANR**

260 345 euros

**Début et durée**

Janvier 2009 - 36 mois

**Référence**

ANR-08-GENM-021

# Programme Génomique Végétale

Edition 2008

## Titre du projet

**GENOME CAFE** - Analyses de séquences d'extrémités de clones BAC comme étape préliminaire au séquençage du génome des caféiers

## Résumé

L'utilisation effective des ressources génétiques caféières est considérée comme essentielle pour les programmes d'amélioration génétique dans une perspective de développement durable. Toutefois, malgré son importance économique et sociale dans de nombreux pays de part le monde, le caféier a fait l'objet de relativement peu d'étude concernant la description de son génome. Alors que le coût des techniques de séquençage était jusqu'à présent une limite importante, la récente émergence de technologies plus performantes offre de nouvelles perspectives. Un réseau international visant au séquençage du génome du caféier a ainsi pu être établi. Le présent projet vise d'une part à soutenir la participation de partenaires français à cette initiative internationale et d'autre part à générer des connaissances de base sur le génome des caféiers. Les séquences d'extrémités de 73728 clones BACs (i.e. bacterial artificial chromosome) représentant environ 0.1X du génome de *Coffea canephora* seront déterminées et analysées. Les séquences obtenues seront extrêmement utiles (i.e. pair-end tags) lors des étapes d'assemblage des contigs de séquences. De plus, les séquences seront analysées afin de développer de nouveaux marqueurs moléculaires (i.e. SSR) qui seront utilisés afin de compléter les cartes génétiques de *C. canephora* et *C. arabica*. Enfin, les séquences d'extrémités de clones BACs seront utilisées afin d'évaluer des caractéristiques du génome des caféiers. Les éléments transposables et les séquences correspondantes à des gènes putatifs seront recherchés et annotés. Les séquences identifiées d'éléments transposables (ET) seront ordonnées par classe de ET, et la fréquence des différentes familles de TE au sein du génome de *C. canephora* sera estimée. Les gènes putatifs serviront à estimer la proportion de gènes transcrits chez le caféier et seront utilisés dans des études sur l'évolution des gènes et sur la synténie.

## Partenaires

IRD UMR 186 (partenaire coordinateur)  
Cirad UMR 1098  
IRD UMR 188  
IRD CNRS UMR 5096

**Coordinateur** Philippe LASHERMES  
[Philippe.Lashermes@mpl.ird.fr](mailto:Philippe.Lashermes@mpl.ird.fr)

**Aide de l'ANR** 234 828 euros

**Début et durée** Janvier 2009 – 18 mois

**Référence** ANR-08-GENM-022