



Caractérisation génomique de l'ADN extracellulaire du RET (Root Extracellular Trap) et analyses transcriptomiques et protéomiques des cellules bordantes

Marie Chambard, Lysa N'guessan, Carole Plasson, Gaëlle Durambur,
Marie-Christine Kiefer-Meyer, Benjamin Lefranc, Jérôme Leprince, Azeddine
Driouich, Maïté Vicré, Marie-Laure Follet-Gueye, et al.

► To cite this version:

Marie Chambard, Lysa N'guessan, Carole Plasson, Gaëlle Durambur, Marie-Christine Kiefer-Meyer, et al.. Caractérisation génomique de l'ADN extracellulaire du RET (Root Extracellular Trap) et analyses transcriptomiques et protéomiques des cellules bordantes. 3ème Journées Scientifiques de la Fédération de Recherche Normandie-Végétal- FED4277, May 2019, Mont-Saint-Aignan, France. hal-02276917

HAL Id: hal-02276917

<https://normandie-univ.hal.science/hal-02276917>

Submitted on 3 Sep 2019

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.

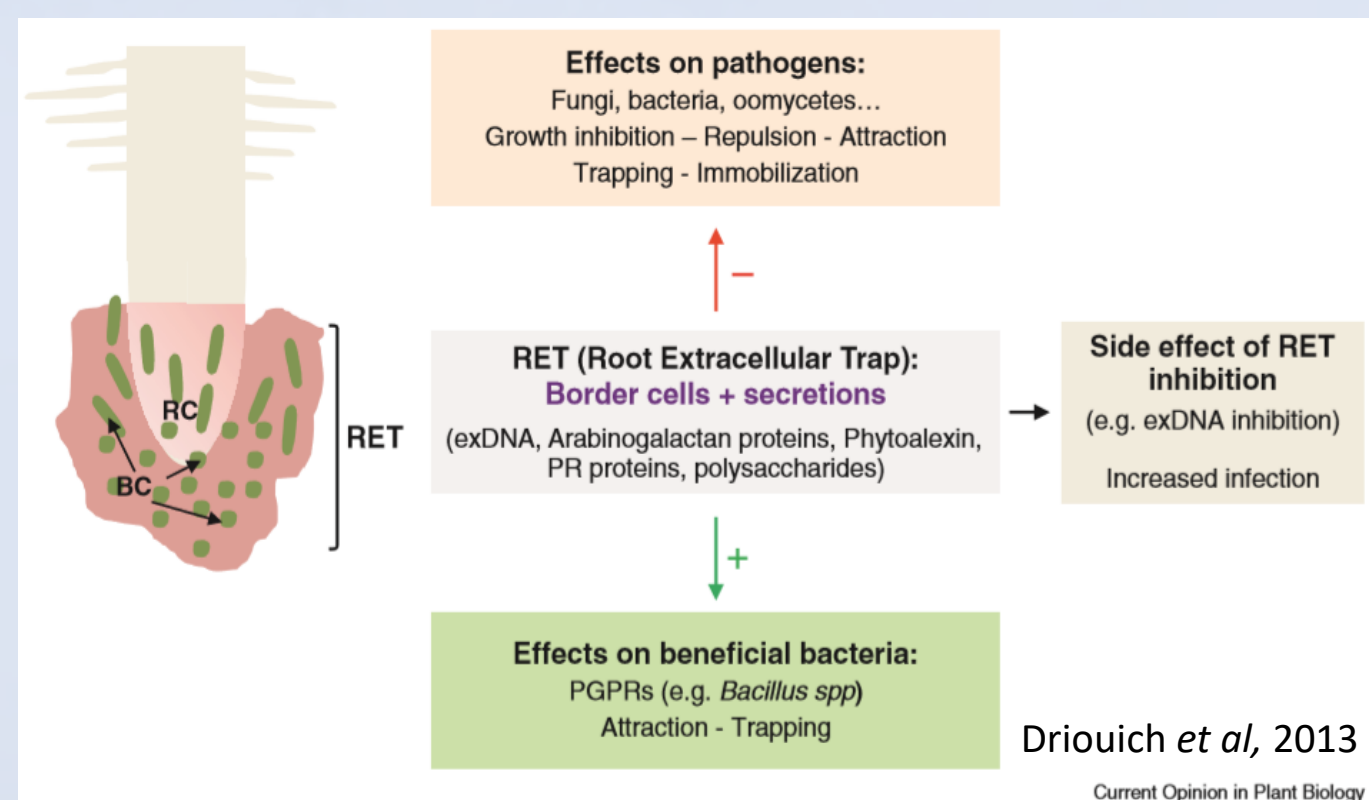
Caractérisation génomique de l'ADN extracellulaire du RET (Root Extracellular Trap) et analyses transcriptomiques et protéomiques des cellules bordantes.

Marie Chambard^{1,2}, Lysa N'GUESSAN^{1,2}, Carole Plasson^{1,2}, Gaëlle Durambur^{1,2}, Marie-Christine Kiefer-Meyer^{1,2}, Benjamin Lefranc³, Jérôme Leprince³, Azeddine Driouich^{1,2}, Maïté Vicré^{1,2}, Marie-Laure Follet-Gueye^{1,2}, Isabelle Boulogne^{1,2}.

(1) Laboratoire GlycoMEV EA 4358, Université de Rouen Normandie.
(2) Fédération de recherche Normandie Végétal - FED 4277
(3) PRIMACEN, Université de Rouen Normandie.

CONTEXTE ET OBJECTIFS

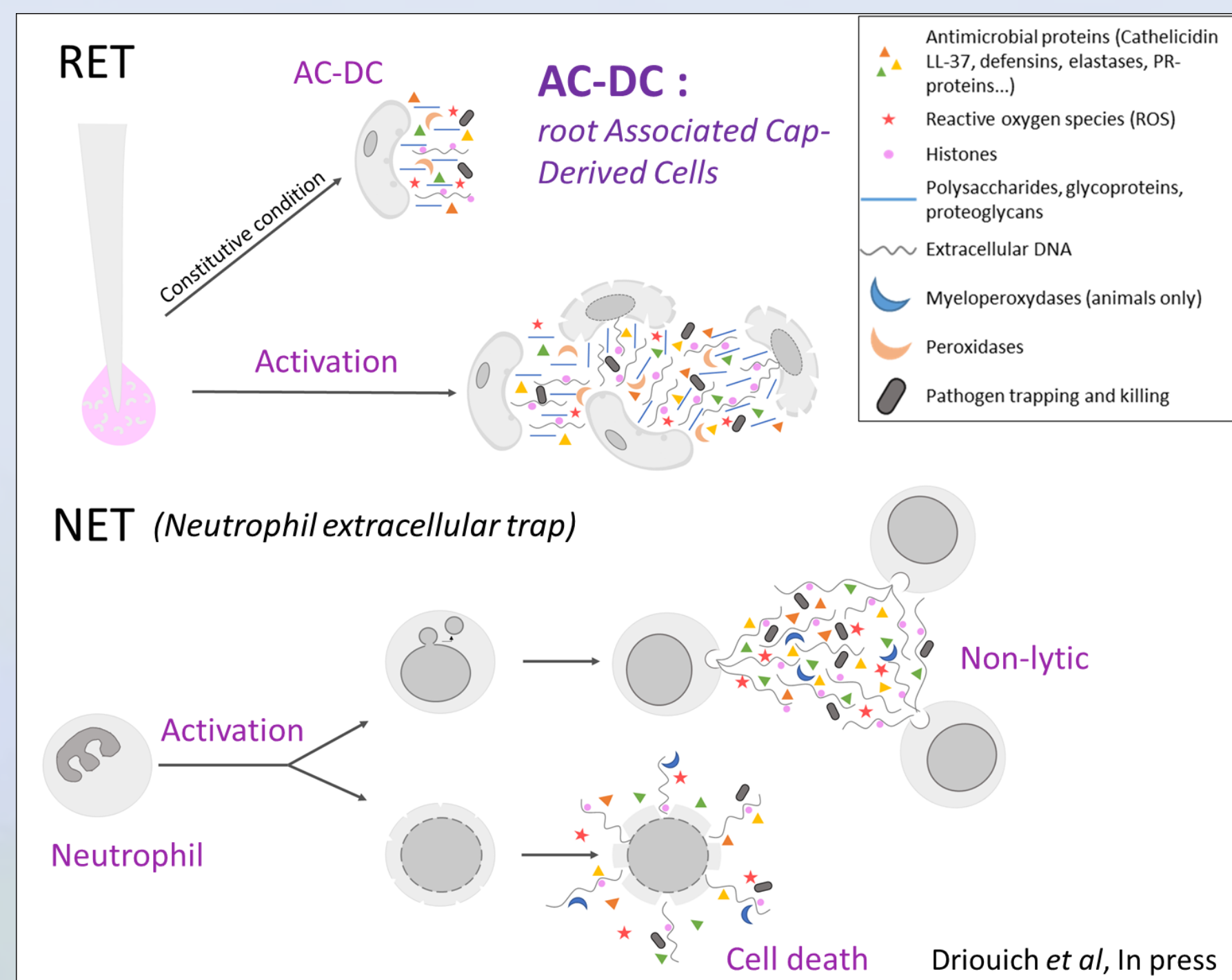
Le RET (Root Extracellular Trap)



Le RET est un système de défense de la racine, composé des cellules bordantes ou apparentées, ainsi que de leurs sécrétions, parmi lesquelles peut être présent de l'ADN extracellulaire (ADNex).

- Rôle des cellules bordantes dans la défense de la racine ?
- Rôle de l'ADNex dans la défense de la racine ?

RET vs NET, un cas de convergence fonctionnelle ?



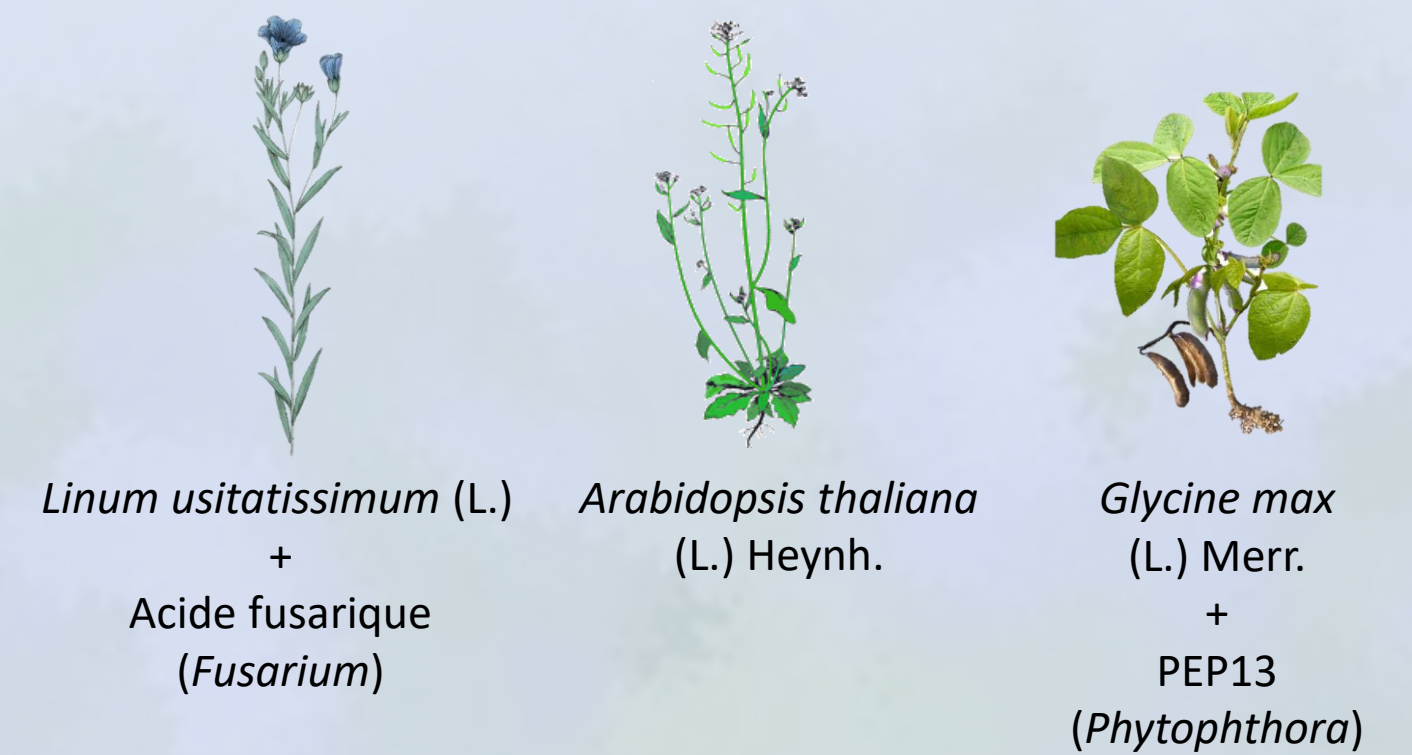
NET = système de défense assuré par les neutrophiles chez les mammifères

Objectifs

Effet d'éliciteurs microbiens sur l'organisation du RET (AC-DC + mucilage) et établissement d'une Gene Bank des AC-DC d'*A. thaliana*

- ADNex : Caractérisation moléculaire et fonctionnelle
- AC-DC : Analyses transcriptomique et protéomique

Matériel végétal :



MÉTHODES ET RÉSULTATS

Etude de l'ADNex

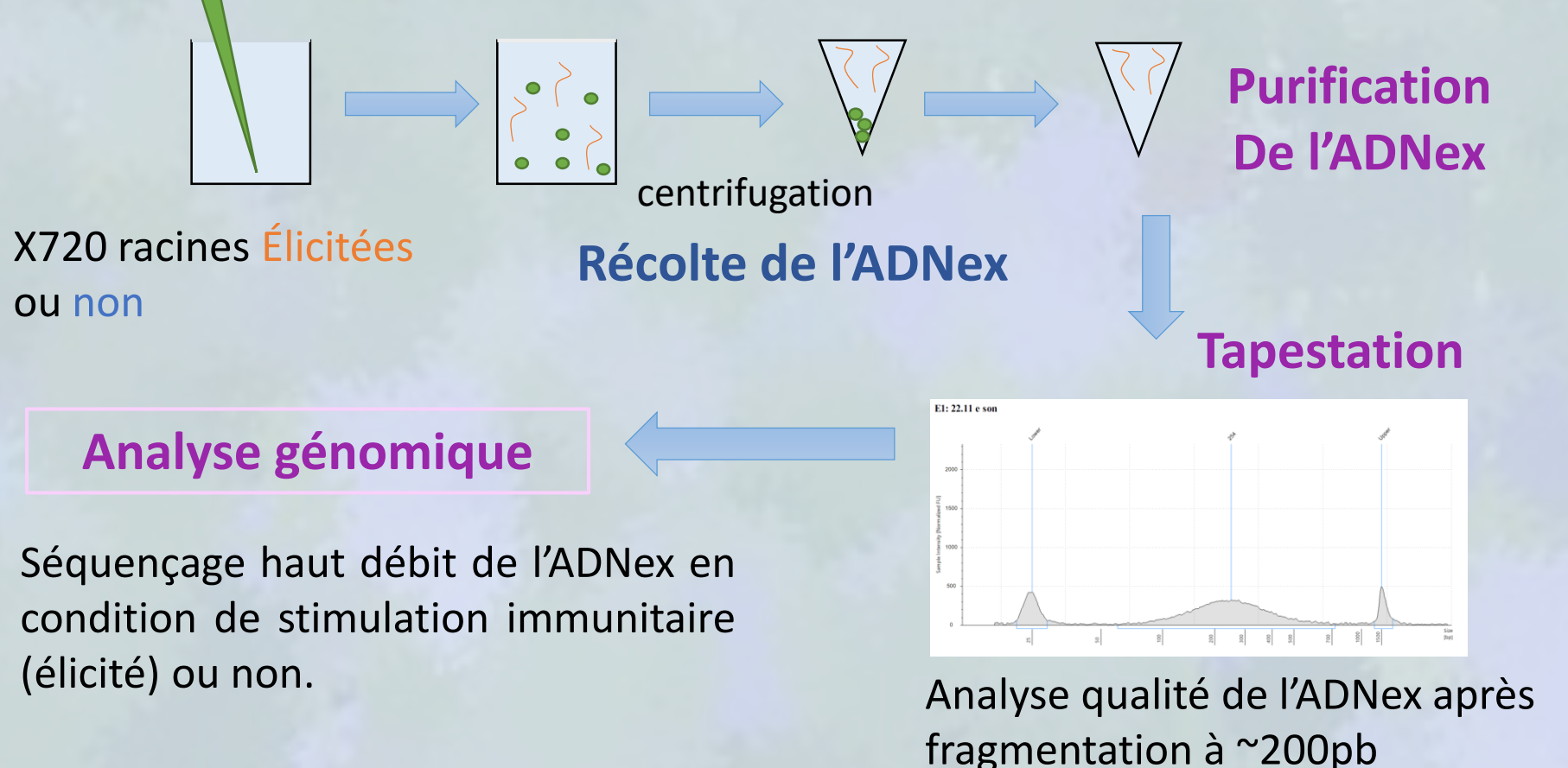
Visualisation microscopique de l'ADNex

Coloration au Sytox green

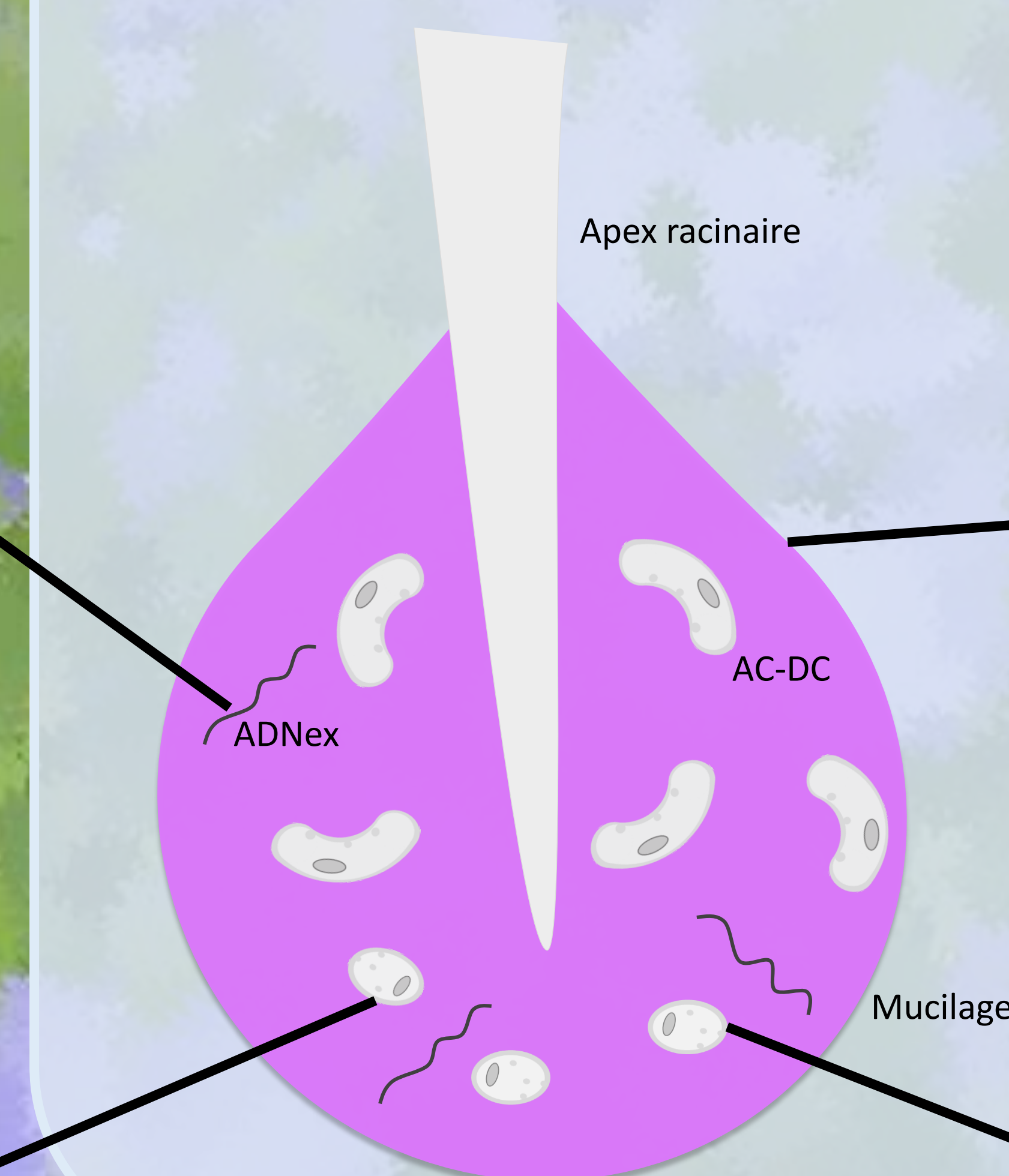


ADNex détecté → ADNex non détecté

Analyse génomique de l'ADNex (Glycine max)

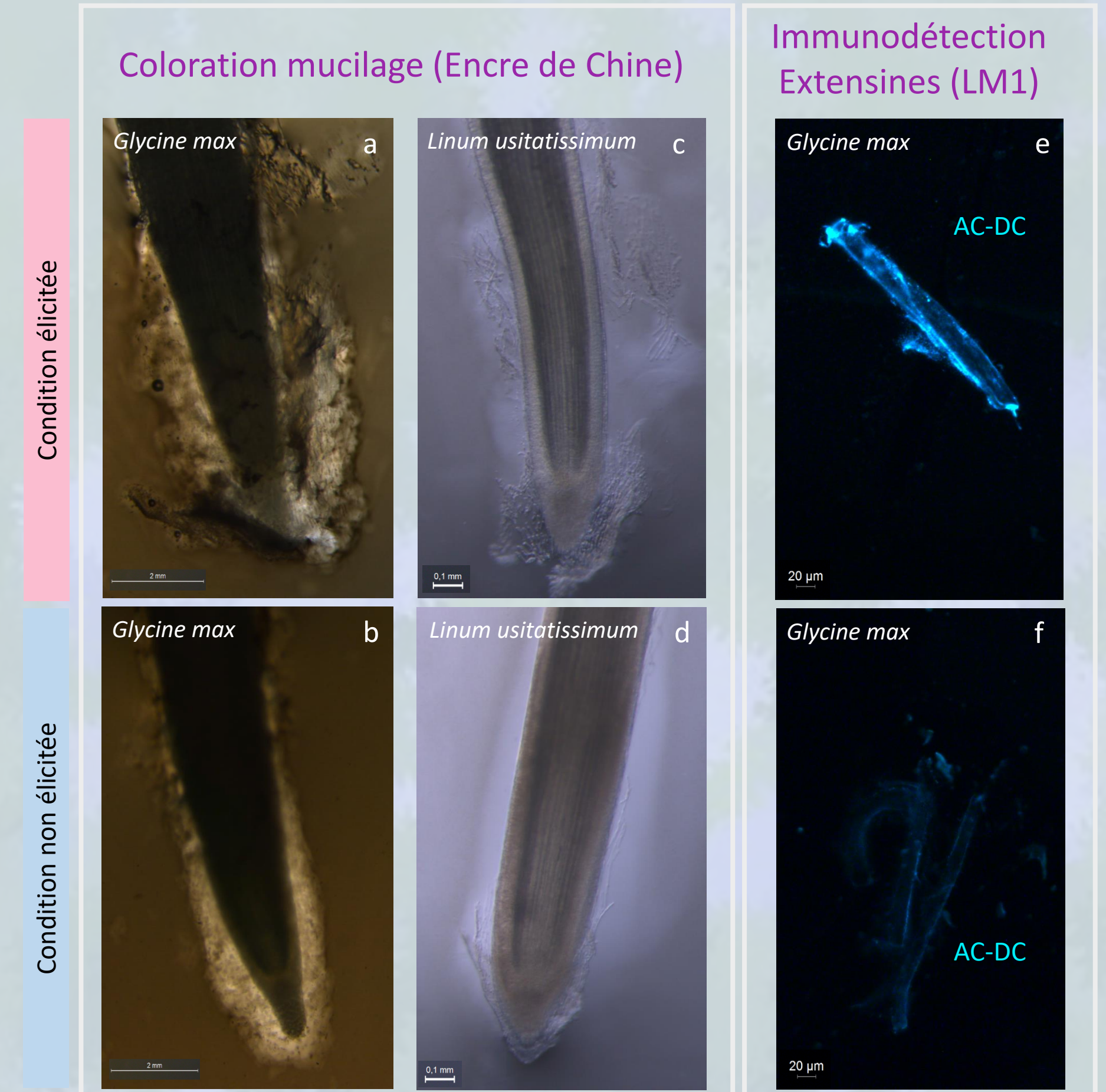


RET (AC-DC + mucilage)



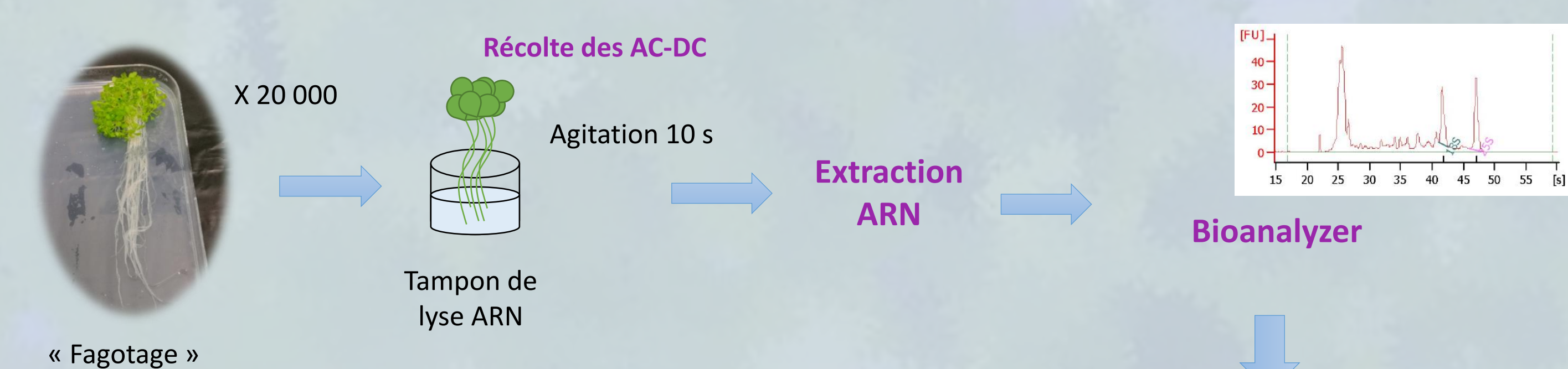
Visualisation microscopique du RET

Glycine max / Linum usitatissimum



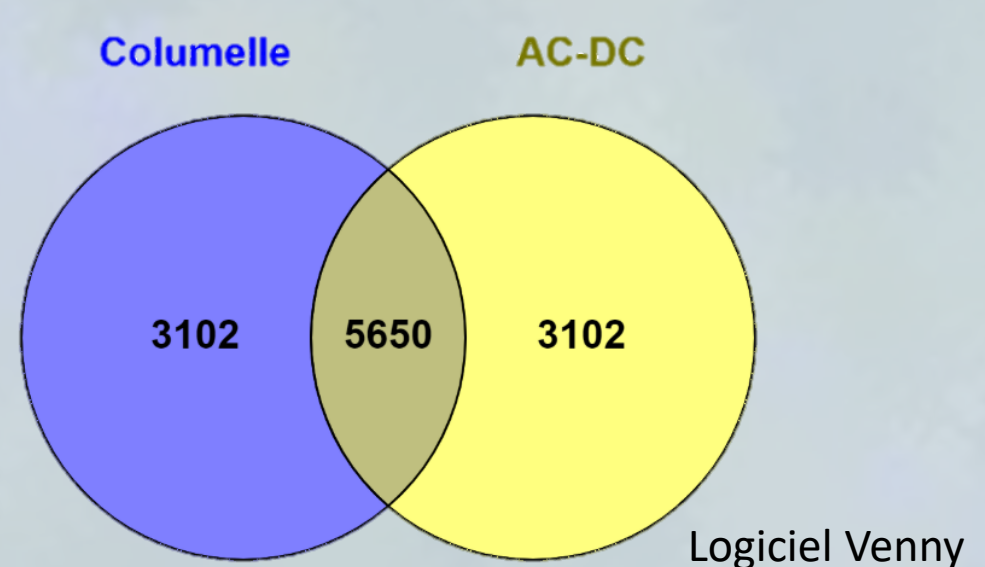
- Légère augmentation de la « quantité » de mucilage en condition élicitée (a, c) par rapport au contrôle (b, d).
- La détection des extensines à la surface des AC-DC (e, f) par l'anticorps LM1 semble légèrement augmentée par l'élicitation.

Transcriptomique des AC-DC (Arabidopsis thaliana)



Analyse méatranscriptomique

Exemple d'une comparaison avec des données de transcriptomique de racines d'*A. thaliana* (Brady et al., 2007)

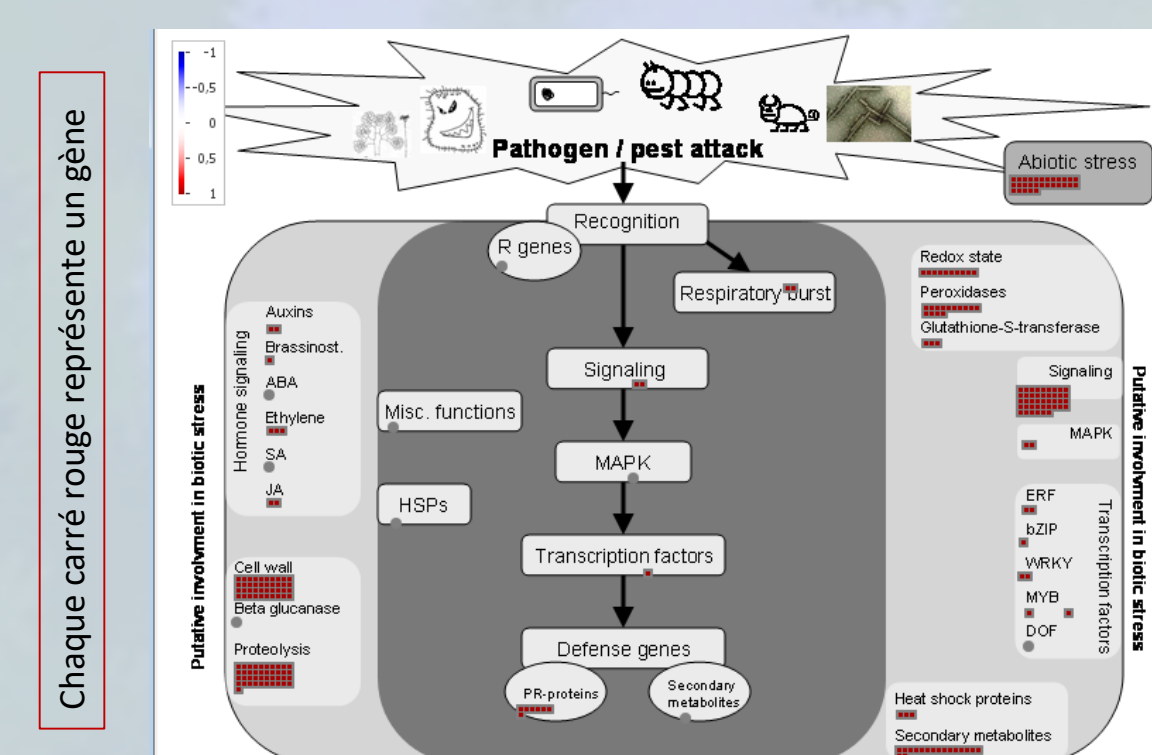


- Parmi les 8752 gènes les plus exprimés dans la **columnelle** (Brady et al., 2007), 5650 gènes sont aussi exprimés dans les **AC-DC**;
- Parmi les 8752 gènes les plus retrouvés lors du séquençage dans les **AC-DC**, 3102 gènes ne semblent pas être exprimés dans la **columnelle**.

Expression génique spécifique aux AC-DC

Analyse transcriptomique

Analyse fonctionnelle des gènes exprimés dans AC-DC: Gènes impliqués dans la réponse aux stress biotiques

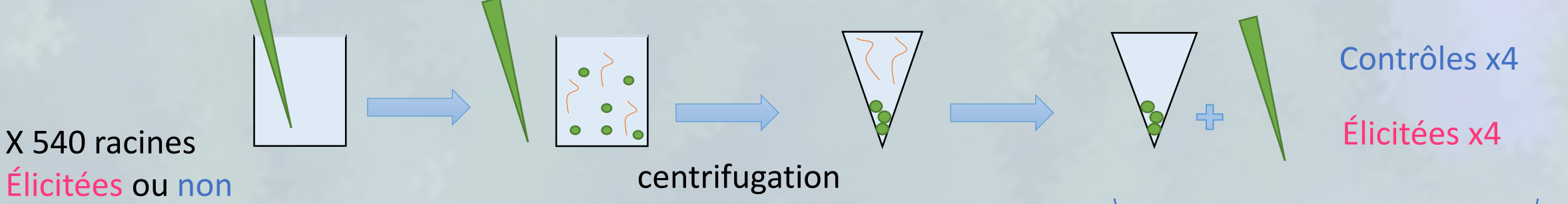


Logiciel MapMan (Gene count > 50 000)

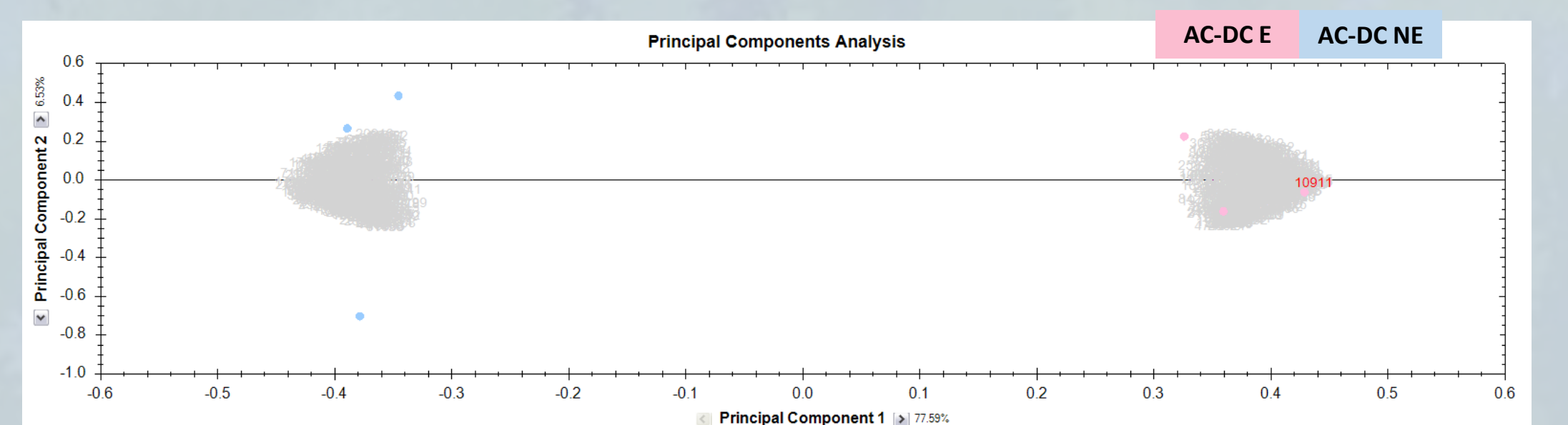
- 603 gènes analysés dont 212 (35%) impliqués dans la réponse aux stress biotiques
 - ✓ Structure de la paroi
 - ✓ Activité protéolytique
 - ✓ Signalisation cellulaire

Protéomique des AC-DC et racines (Glycine max)

Récolte



Analyse protéomique des protéines solubles (LC/Orbitrap)



Exemple d'analyse en composante principale des AC-DC en condition élicitée (E) ou non (NE)

- Identification de 1518 protéines dans les racines et AC-DC
- Identification de populations différentes entre conditions et tissus

Remerciements :

Nous remercions la région Normandie pour le financement de notre projet de recherche, ainsi que le Groupe Dauphinoise et la coopérative Terre de lin pour nous avoir fourni les graines de soja Castetis et les graines de lin Aramis. Nous remercions aussi les plateformes ProfilExpert, MGX, PISSARO et la Plateforme Rouennaise de Génomique.

Références :

Driouich, A., Follet-Gueye, M.L., Vicré-Gibouin, M., and Hawes, M. (2013). Root border cells and secretions as critical elements in plant host defense. *Curr. Opin. Plant Biol.* **16**, 489–495.
Driouich, A., Smith, C., Ropitiaux, M., Chambard, M., Boulogne, I., Bernard, S., Follet-Gueye, M.L., Vicré, M., Moore, J. (In press). Root extracellular traps in host defense, a case of functional convergence ? *Biological Reviews*.