

L'ANALYSE FONCTIONNELLE DU GÉNOME DE *MAGNAPORTHE GRISEA*, CHAMPIGNON PATHOGENE DU RIZ, UNE APPROCHE ESSENTIELLE POUR COMPRENDRE LE PROCESSUS INFECTIEUX

par Marc-Henri Lebrun¹

Les champignons, responsables d'importantes épidémies des plantes cultivées, présentent une très grande diversité aussi bien au niveau taxonomique que biologique (stratégie infectieuse, cycle). Malgré les progrès réalisés ces dix dernières années, nous ne connaissons qu'un nombre limité de gènes dont l'implication dans la pathogénie a été démontrée dans le cas de quelques espèces modèles (*Magnaporthe grisea*, *Colletotrichum spp.* ou *Ustilago maydis*). Le développement actuel de la génomique des champignons accélère le processus de découverte de ces gènes et permet d'appréhender le fonctionnement de la cellule fongique lors de l'infection. Cette meilleure compréhension des mécanismes impliqués dans le pouvoir pathogène des champignons est un enjeu majeur pour lutter efficacement contre ces maladies.

Le champignon *Magnaporthe grisea* est le principal agent pathogène du riz. Il est responsable de pertes de récoltes très importantes dans toutes les zones rizicoles tropicales. Pour lutter contre ce pathogène, de nombreux programmes d'amélioration des plantes sont conduits pour créer des cultivars résistants, ainsi que des programmes de recherche et de développement de fongicides efficaces. Le pathosystème *Magnaporthe grisea* – riz est aussi un bon modèle pour étudier le processus infectieux fongique au niveau moléculaire. En effet, le séquençage du génome de ce champignon haploïde (40 Mb, 14.000 gènes) a permis d'analyser l'organisation des chromosomes (distribution des transposons et des séquences microsatellites, organisation des centromères et des télomères), de construire des outils d'analyse globale de l'expression des gènes (puce à ADN) et des collections de mutants. Une trentaine de gènes de « pathogénie » a été identifiée par mutagenèse insertionnelle et par recombinaison homologue. Ces gènes sont dispersés dans le génome et encodent surtout des protéines de voies de signalisation ou de réseaux de régulations spécifiques de l'infection. L'étude d'environ 12.000 transformants (projet MGOS, NSF, USA) a conduit à une collection de 500 mutants non-pathogènes. Les modifications des profils d'expression de ces mutants sont étudiées à l'aide de puces à ADN correspondant à l'ensemble des gènes de *M. grisea*, afin d'identifier les fonctions cellulaires contrôlées par ces gènes. Ces technologies sont aussi utilisées pour identifier les gènes exprimés soit dans les structures spécifiques de l'infection (appressorium, hyphes infectieux), soit lors du développement fongique dans les tissus infectés. Ces données, encore en cours d'analyse, devraient permettre de décrire de manière exhaustive les fonctions cellulaires mises en place par le champignon lors de l'infection. L'ensemble de ces connaissances devrait contribuer de manière significative au développement de méthodes de lutte efficaces (fongicides, cultivars résistants) contre ces agents pathogènes.

¹ CNRS-Bayer CropScience, 14 rue P. Baizet, 69009 Lyon, France.
E-mail : Marc-Henri.Lebrun@bayercropscience.com