



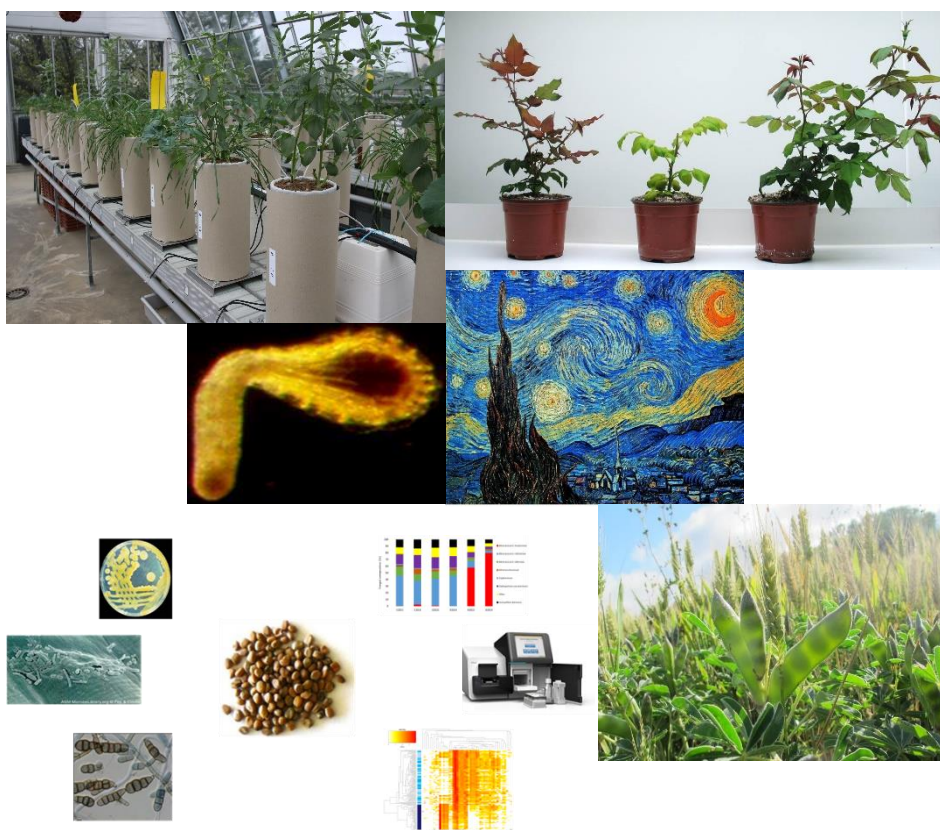
Journée des doctorants de SFR QUASAV

9^e édition

Jeudi 24 Novembre 2016

UFR Sciences – Bâtiment L- Amphi L003

08h45 – 16h30



Séminaire de présentation des travaux des doctorants



PROGRAMME

9^e édition de la journée des doctorants de la SFR QUASAV

08h45 – 09h00 **Ouverture de la journée des doctorants**

09h00 – 09h30 **Baptiste DRUT**, Ecole Supérieure d'Agriculture – LEVA, Angers.
Mobilisation des interactions entre diversités fonctionnelles du couvert végétal et du sol sur la disponibilité et l'utilisation de l'azote

09h30 – 10h00 **Adrien COROT**, Institut de Recherche en Horticulture et Semences – Arch-E, Angers.
Control by light intensity of bud outgrowth along the axis in whole plants of Rosa hybrida "Radrazz"

10h30 – 11h00 **Pause-café**

11h00 – 11h30 **Guillaume BRUN**, Université de Nantes – LBPV, Nantes.
Parasitic and Non-Parasitic Plants Share a Strigolactone Signaling Pathway Leading to Seed Germination Through Abscisic Acid Catabolism

11h30 – 12h00 **Marie-Anne LE MOIGNE**, Institut de Recherche en Horticulture et Semences – Arch-E, Angers.
Asparagine is the major amino acid involved in the nitrogen supply of the new axis resulting from the bud outgrowth in Rosa hybrida

12h00 – 14h00 **Pause déjeuner**

14h00 – 14h30 **Samir REZKI**, Institut de Recherche en Horticulture et Semences – EMERSYS, Angers.
Differences in stability of seed-associated microbial assemblages in response to invasion by phytopathogenic microorganisms

14h00 – 14h30 **Elodie BELMAS**, Institut de Recherche en Horticulture et Semences – FungiSem, Angers.
Contrôle de la transmission d'Alternaria brassicicola lors de la germination de la graine d'Arabidopsis thaliana

15h00 – 15h30 **Nicolas CARTON**, Ecole Supérieure d'Agriculture – LEVA, Angers.
Voir la céréale comme une plante compagne dans les associations céréales-légumineuses à graines : cas de la gestion des adventices chez le lupin

15h30 – 16h00 **Arthur CHAMBON**, Université d'Angers – LERIA, Angers.
Caractérisation des données

16h00 – 16h30 **Pause**

16h30 **Délibération du Jury et remise de prix**

Mobilisation des interactions entre diversités fonctionnelles du couvert végétal et du sol sur la disponibilité et l'utilisation de l'azote

Drut B., Cassagne N., Cannavacciuolo M., Fustec J.

b.drut@groupe-esa.com

UP-SP LEVA, SFR 4207 QUASAV, ESA Angers Loire, 55 rue Rabelais 49007 Angers, France.

De nombreux auteurs ont montré que l'utilisation de la diversité cultivée peut contribuer à maintenir de hauts rendements avec moins d'intrants. La diversité fonctionnelle comme l'insertion d'une Fabacée fixatrice d'azote atmosphérique dans une autre culture a permis d'obtenir des gains de productivité du couvert végétal notamment grâce aux complémentarités pour l'utilisation des ressources comme l'azote (Corre-Hellou et al., 2006). De plus, la rhizodéposition azotée des Fabacées influence la structure des communautés d'organismes de la rhizosphère (Fustec et al., 2010). Peu d'études se sont concentrées sur l'intérêt de la diversité génétique sur la productivité du couvert végétal. Les interactions entre la composition du couvert végétal et le compartiment souterrain ont des conséquences sur la production végétale (Eisenhauer, 2012). D'une part, la diversité des rhizodépôts d'un couvert végétal a une forte influence sur la structure des communautés de microorganismes de la rhizosphère. D'autre part, dans le sol, la diversité fonctionnelle des vers de terre influence très significativement la structure des communautés et l'activité des microorganismes de la rhizosphère ainsi que la croissance des plantes par des modifications physiques, chimiques et biologiques du sol (Brown et al., 2004). La composition du couvert végétal et des communautés de vers de terre, constituent donc des *drivers* majeurs de l'équilibre des interactions au sein du système plantes-sol, en lien avec la productivité du couvert végétal. Deux expérimentations ont été réalisées sous serre, en mésocosmes, dans le but d'évaluer *i)* l'effet de l'augmentation de la diversité cultivée et/ou de la diversité fonctionnelle de vers de terre sur la productivité du couvert végétal et *ii)* l'effet de ces deux *drivers* sur l'activité microbienne et la disponibilité en azote du sol.

En année 1, nous avons testé l'effet d'un gradient de diversité au sein d'un peuplement de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) : peuplement monovariétal, mélange de trois variétés, mélange de trois variétés associé à une Fabacée, le trèfle hybride (*Trifolium hybridum* L.). Ce gradient de diversité végétale a été croisé avec un gradient de diversité fonctionnelle de vers de terre : 0 ver de terre, 5 endogés, 5 endogés avec 2 anéciques. En année 2, nous avons testé l'effet de différents couverts végétaux avec ou sans vers de terre endogés, sur la disponibilité potentielle en azote du sol et l'activité des microorganismes de la rhizosphère en lien avec les performances du couvert végétal. Cet essai a été réalisé avec des couverts de féverole (*Vicia faba* L.), blé tendre et colza (*Brassica napus* L.) cultivés en pur ou d'associations colza-féverole et blé-féverole.

En année 1, la biomasse et l'accumulation d'azote dans le blé a été améliorée en présence de trèfle, comme en présence de vers de terre endogés. Un effet synergique entre la Fabacée et les vers de terre endogés a pu être mis en évidence. L'essai mené en année 2 montre que la composition spécifique du couvert végétal et la présence de vers de terre endogés modifie significativement le profil métabolique des communautés de microorganismes de la rhizosphère et la nitrification potentielle du sol. L'activité des microorganismes de la rhizosphère augmente systématiquement en présence de féverole.

Ces résultats confirment le rôle fonctionnel important des Fabacées et des vers de terre endogés sur les processus biologiques du sol et ouvrent des perspectives quant à l'utilisation des interactions plantes-sol pour améliorer la durabilité des systèmes de culture.

Mots clés : Légumineuse, vers de terre, rhizosphère, rhizodéposition, interactions plantes-sol, azote.

Références :

- Brown, G.G., Edwards, C.A., Brussaard, L., 2004. How earthworms affect plant growth: burrowing into the mechanisms. *Earthworm ecology* 2, 13-49.
- Corre-Hellou, G., Fustec, J., Crozat, Y., 2006. Interspecific competition for soil N and its interaction with N₂ fixation, leaf expansion and crop growth in pea-barley intercrops. *Plant and Soil* 282, 195-208.
- Eisenhauer, N., 2012. Aboveground-belowground interactions as a source of complementarity effects in biodiversity experiments. *Plant and Soil* 351, 1-22.
- Fustec, J., Lesuffleur, F., Mahieu, S., Cliquet, J.-B., 2010. Nitrogen rhizodeposition of legumes. A review. *Agronomy for Sustainable Development* 30, 57-66.

Control by light intensity of bud outgrowth along the axis in whole plants of *Rosa hybrida* "Radrazz"

Adrien Corot, Nathalie Leduc, Soulaiman Sakr, Sabine Demotes-Mainard

adrien.corot@etud.univ-angers.fr

IRHS, Agrocampus-Ouest, INRA, Université d'Angers, SFR 4207 QuaSaV, 49071, Beaucouzé, France

In ornamentals, particularly in rose, the visual aspect of a plant is an important element of its quality. In rose bush, the visual quality depends on many objective criteria, including plant shape and compactness that vary with branching (Boumaza et al. 2009). Bud outgrowth, which is at the origin of branching, is controlled by a network of interacting hormones. The three main families are auxin and strigolactones, which inhibit bud outgrowth, and cytokinins, which promote it (Domagalska et Leyser 2011). Light environment strongly impacts branching (Leduc et al. 2014; Demotes-Mainard et al. 2015; Huché-Théliér et al. 2015), notably low light intensity decreases bud outgrowth in many species, including rose (Furet et al. 2014). Decreasing light intensity can reduce photosynthesis and thus sugar availability. A natural hypothesis that emerges is that decreasing light intensity limits bud outgrowth via a shortage of sugars necessary for bud growth (Girault et al. 2010). Recent studies also suggest that sugars can act as a signal that triggers bud outgrowth through modulation of hormonal signals (Barbier et al. 2015). However, the mechanisms by which light environment affects bud outgrowth, especially the mediating role of hormones and nutrients in this regulation, is still poorly understood. This presentation exhibits preliminary results on the mechanisms involved in the inhibition of bud outgrowth by a decrease in light intensity in rose. The study is conducted on whole plants and attention is paid to the location of bud outgrowth along the shoot.

Keywords: Rose, bud outgrowth, light intensity.

References:

- Barbier et al. 2015. « Sucrose Is an Early Modulator of the Key Hormonal Mechanisms Controlling Bud Outgrowth in *Rosa Hybrida* ». *Journal of Experimental Botany* 66 (9): 2569-82.
- Boumaza et al. 2009. « VISUAL CHARACTERIZATION OF THE ESTHETIC QUALITY OF THE ROSEBUSH ». *Journal of Sensory Studies* 24 (5): 774-96.
- Demotes-Mainard et al. 2015. « Plant Responses to Red and Far-Red Lights, Applications in Horticulture ». *Environmental and Experimental Botany*, mai.
- Domagalska, et Leyser. 2011. « Signal integration in the control of shoot branching ». *Nature Reviews Molecular Cell Biology* 12 (4): 211-21.
- Furet et al. 2014. « Light and Nitrogen Nutrition Regulate Apical Control in *Rosa Hybrida* L. ». *Journal of Plant Physiology* 171 (5): 7-13.
- Girault et al. 2010. « Sugars Are under Light Control during Bud Burst in *Rosa* Sp.: Photocontrol of Sugars during Bud Burst ». *Plant, Cell & Environment*, avril.
- Huché-Théliér et al. 2015. « Light signalling and plant responses to blue light and UV radiations – Perspectives of application in horticulture ». *Experimental and Environmental Botany*.
- Leduc et al. 2014. « Light Signaling in Bud Outgrowth and Branching in Plants ». *Plants* 3 (2): 223-50.

Acknowledgments: this research is supported by the French regional programme "Objectif Végétal, Research, Education and Innovation in Pays de la Loire"

Parasitic and Non-Parasitic Plants Share a Strigolactone Signaling Pathway Leading to Seed Germination Through Abscisic Acid Catabolism

Guillaume Brun¹, Marc-Marie Lechat¹, Jean-Bernard Pouvreau¹, Grégory Montiel¹, Philippe Simier¹, Séverine Thoiron¹, Philippe Delavault¹

guillaume.brun@univ-nantes.fr

¹ Laboratoire de Biologie et Pathologie Végétales, SFR 4207 QUASAV, Université de Nantes, 2 rue de la Houssinière, PB 92208, 44322 Nantes Cedex 3, France

In obligate root parasitic plants such as *Orobanche*, *Phelipanche*, and *Striga* species, seed germination only occurs after perception of chemical stimulants exuded in the rhizosphere by surrounding roots of potential host plants. Most of these compounds belong to the strigolactone family and have been described as new phytohormones involved in multiple physiological processes. Recently, it was shown that an ABA catabolism, requiring a strong, rapid, and strigolactone-dependent up-regulation of a *CYP707A* gene, is the *sine qua non* condition for seeds of the obligate parasitic plant *Phelipanche ramosa* to germinate (Lechat *et al.*, 2012). Here, we report that the strigolactone-dependent *CYP707A* up-regulation is also a necessary mechanism shared by a range of obligate root parasitic plants such as *Orobanche cumana*, *Orobanche minor*, and *Striga hermonthica* leading to the seed germination. Moreover, in the facultative root parasitic plant *Triphysaria versicolor*, and the non-parasitic plant *Arabidopsis thaliana*, for which seed germination does not require a chemical stimulation, the germination can be improved by strigolactone in unfavorable conditions such as primary dormancy. In every cases, this involves a strigolactone-dependent activation of a unique *CYP707A* gene. By using pharmacological approaches on *P. ramosa*, and *A. thaliana* strigolactone signaling pathway mutants, we were able to determine that KAI2, MAX2, and SMAX1 are necessary actors to up-regulate *CYP707A* genes in response to strigolactone. Therefore, it appears that this strigolactone-activated germination process requires the canonical strigolactone signaling pathway identified so far for other physiological processes. An exhaustive phylogenetic analysis based on *CYP707A* amino-acid sequences indicate that parasitic and non-parasitic strigolactone-responsive genes are gathered in the same monophyletic group, and that this germination pathway may have appeared during the evolution of eudicots species.

Taken together, these data strongly suggest that the evolution towards parasitism is associated with the conservation, in obligate root parasitic plants, of a single germination pathway involving a strigolactone-mediated ABA catabolism.

Keywords : *abscisic acid, Arabidopsis, broomrape, parasitic plant, seed germination, strigolactones*

Lechat M-M., Pouvreau J-B., Péron T., Gauthier M., Montiel G., Véronési C., Todoroki Y., Le Bizec B., Monteau F., Macherel D., Simier P., Thoiron S. and Delavault P. (2012). Pr*CYP707A1*, an ABA catabolic gene, is a key component of *Phelipanche ramosa* seed germination in response to the strigolactone analog GR24. *Journal of Experimental Botany*. **63(14)**: 5311-22.

Asparagine is the major amino acid involved in the nitrogen supply of the new axis resulting from the bud outgrowth in *Rosa hybrida*.

M.A. Le Moigne ; V. Guérin ; A. Vian ; J. Lothier

marie-anne.lemoigne@etud.univ-angers.fr

IRHS, Agrocampus-Ouest, INRA, Université d'Angers, SFR 4207 QuaSaV, 49071, Beaucouzé, France

Nitrogen required for new branches growth comes from nitrogen remobilization of nitrogen stored or root uptake from the soil [1]. Independently to nitrogen sources, several studies have shown an increase of nitrogen concentration in xylem sap concomitantly to bud burst [2]. The most relevant translocated compounds are asparagine, aspartic acid and glutamine, suggesting a major role of these amino acids in the nutrition of the new branches [3]. In *Rosa hybrida*, previous studies in Arch-E team have shown that nitrate availability in soil determinates the number of new branches produced following plant decapitation. However the overall mechanism that link nitrogen metabolism and nitrogen supply of the new axis is still not known [4]. Based on those data, our aim is to study the involvement of amino acids synthesis and translocation in new branches nutrition after apical dominance release. At the scale of the whole plant, we found that asparagine, glutamine and aspartate are the predominant amino acids in the sap and in the stem tissues in the vicinity of the buds. Their contents increase transiently after apical dominance release and they are mostly derived from nitrogen current uptake. We demonstrated that only asparagine, among the other amino acids found in the sap, is involved in the nitrogen supply of the new axis resulting from the bud outgrowth, at least during the first week of *in vitro* culture. Furthermore, a transcriptomic analysis has revealed that the genes encoding glutamine transporters and asparagine synthetase are among the most differentially expressed between a bursting and a non-bursting buds. Taken together, these results show that asparagine is strongly involved in the nitrogen supply of new branches and architecture establishment.

Keywords: Rose ; axillary bud ; bud outgrowth ; amino acids ; branches ; nutrition.

References:

Millard, P. (1996). Ecophysiology of the internal cycling of nitrogen for tree growth. *Z. Für Pflanzenernähr. Bodenkd.* 159, 1–10.

Millard, P., Wendler, R., Hepburn, A., and Smith, A. (1998). Variations in the amino acid composition of xylem sap of *Betula pendula* Roth. trees due to remobilization of stored N in the spring. *Plant Cell Environ.* 21, 715–722.

Malaguti, D., Millard, P., Wendler, R., Hepburn, A., and Tagliavini, M. (2001). Translocation of amino acids in the xylem of apple (*Malus domestica* Borkh.) trees in spring as a consequence of both N remobilization and root uptake. *J. Exp. Bot.* 52, 1665–1671.

Furet, P.-M., Lothier, J., Demotes-Mainard, S., Travier, S., Henry, C., Guérin, V., and Vian, A. (2014). Light and nitrogen nutrition regulate apical control in *Rosa hybrida* L. *J. Plant Physiol.* 171, 7–13.

Differences in stability of seed-associated microbial assemblages in response to invasion by phytopathogenic microorganisms

Samir Rezki¹, Claire Champion², Martial Briand¹, Anne Préveaux¹, Sophie Bonneau¹, Gilles Hunault³, Philippe Simoneau², Marie-Agnès Jacques¹ and Matthieu Barret^{1*}

samir.rezki@angers.inra.fr

¹ INRA, UMR1345 Institut de Recherches en Horticulture et Semences, SFR4207 QUASAV, F-49071 Beaucouzé, France

² Université d'Angers, UMR1345 Institut de Recherches en Horticulture et Semences, Beaucouzé, France

³ Université d'Angers, Laboratoire d'Hémodynamique, Interaction Fibrose et Invasivité tumorale Hépatique, UPRES 3859, IFR 132, France

Seeds are involved in the vertical transmission of microorganisms from one plant generation to another and consequently act as reservoirs for the plant microbiota. However, little is known about the structure of seed-associated microbial assemblages and the regulators of assemblage structure. In this work, we have assessed the composition and the response of seed-associated microbial assemblages to invading phytopathogenic agents, the bacterial strain *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc) 8004 and the fungal strain *Alternaria brassicicola* Abra43. According to the indicators of bacterial (16S rRNA gene and *gyrB* sequences) and fungal (ITS1) diversity employed in this study, seed transmission of the bacterial strain Xcc 8004 did not change the overall composition of resident microbial assemblages. In contrast seed transmission of Abra43 strongly modified the richness and structure of fungal assemblages without affecting bacterial assemblages. The sensitivity of seed-associated fungal assemblage to Abra43 is mostly related to changes in relative abundance of closely related fungal species that belong to the *Alternaria* genus. Variation in stability of the seed microbiota in response to Xcc and Abra43 invasions could be explained by differences in seed transmission pathways employed by these micro-organisms, which ultimately results in divergence in spatio-temporal colonization of the seed habitat.

Keywords : seed microbiota, *Alternaria brassicicola*, *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, *gyrB*, ITS1, interactions

References :

Barret M, Briand M, Bonneau S, Préveaux A, Valière S, Bouchez O, Hunault G, Simoneau P, Jacques M-A. 2015. Emergence shapes the structure of the seed microbiota. *Applied and Environmental Microbiology* 81:1257-1266

Rezki, Samir et al. "Differences in Stability of Seed-Associated Microbial Assemblages in Response to Invasion by Phytopathogenic Microorganisms." Ed. Blanca Landa. *PeerJ* 4 (2016): e1923. PMC. Web. 18 Oct. 2016.

Contrôle de la transmission d'*Alternaria brassicicola* lors de la germination de la graine d'*Arabidopsis thaliana*

Elodie Belmas¹, Sophie Aligon¹, Claire Campion¹, Thomas Guillemette¹, Philippe Grappin¹

elodie.belmas@etud.univ-angers.fr

¹Institut de Recherche en Horticulture et Semences – UMR 1345, Université d'Angers, SFR 4207 QuaSaV, 42 rue Georges Morel, 49071 Beaucouzé, France

La qualité des semences est un facteur essentiel de la réussite d'une culture et un lot de semences commerciales doit présenter un taux de germination élevé et un niveau de contamination par des agents pathogènes faible pour pouvoir être commercialisé. En effet, la contamination par des agents pathogènes représente le facteur majeur de variation de la qualité des lots de semences et la graine constitue un bon vecteur pour la dissémination et la survie des microorganismes pathogènes. Chaque agent pathogène a un mode d'infection qui lui est propre et la compréhension des mécanismes qui contrôlent la transmission de ces pathogènes par la semence constitue un enjeu majeur dans le choix d'une stratégie de lutte efficace. Bien que de nombreux pathogènes transmis par les semences aient été identifiés, notamment des pathogènes fongiques tels qu'*Alternaria brassicicola*, les mécanismes moléculaires qui contrôlent la transmission du champignon de la graine à la jeune plantule restent mal compris. Les objectifs de ma thèse concernent les mécanismes moléculaires impliqués lors de la germination de la graine d'*Arabidopsis thaliana*, à savoir aussi bien les stratégies de virulence du champignon que les stratégies de défense de la plante. D'abord, des stades physiologiques clés du développement de la plante et associés à l'amplification du pathogène ont été caractérisés grâce à l'utilisation d'outil d'imagerie permettant de suivre la dynamique de germination des semences. Cela a permis de mettre en évidence quatre stades importants, allant du stade de graine sèche jusqu'au début de la croissance hétérotrophe, qui ont ensuite servi de point de mesure pour étudier les modifications du transcriptome d'*Arabidopsis thaliana* en présence d'une souche pathogène d'*Alternaria* (*Alternaria brassicicola*) ou d'une souche saprophyte (*Alternaria alternata*). Parallèlement, ces mêmes points de mesure ont fait l'objet d'une analyse par microscopie électronique afin d'observer la localisation du champignon au niveau des tissus de la graine ainsi que le développement de symptômes au niveau de la plante, après inoculation avec l'une ou l'autre des deux souches. A terme, une meilleure compréhension de ces mécanismes pourrait permettre de développer de nouveaux moyens de lutte fongique davantage ciblés sur l'étape de transmission, à et par la semence, afin de minimiser l'impact du champignon tout en favorisant le développement de la plante.

Mots clés : pathogènes fongiques, développement de la plante, transcriptome, microscopie

Voir la céréale comme une plante compagne dans les associations céréales-légumineuses à graines : cas de la gestion des adventices chez le lupin

Nicolas CARTON¹, Guillaume PIVA¹, Christophe NAUDIN¹, Guénaëlle HELLOU¹
n.carton@groupe-esa.com

¹Unité de Recherche LEVA, ESA, 55 Rue Rabelais, 49007 Angers, FRANCE

Des rendements faibles et instables dus à des facteurs abiotiques et biotiques, notamment les adventices, freinent l'intégration des légumineuses à graines dans les systèmes de cultures Européens, malgré leurs nombreux bénéfices pour la diversification des rotations de cultures et la production de protéines végétales. Des pratiques culturales alternatives pourraient permettre de sécuriser la production des protéagineux et d'améliorer le contrôle des adventices tout en réduisant l'utilisation d'herbicides.

La culture associée, culture simultanée de deux espèces ou plus sur la même surface, peut être une façon de réduire la variabilité des rendements (Bedoussac et al., 2015) et d'améliorer la compétitivité face aux adventices (Corre-Hellou et al., 2011). Une céréale peut être vue comme une plante compagne apportant des services à une légumineuse dans une association.

Notre étude illustre les avantages d'associer une légumineuse avec une culture non fixatrice d'azote atmosphérique dans la gestion des adventices et pour l'augmentation de la productivité globale par rapport à la légumineuse cultivée seule. Nous présentons les mécanismes à l'origine des bénéfices en nous focalisant sur les dynamiques de partage de l'azote et de la lumière entre la légumineuse, la céréale et les adventices. Nous démontrons aussi l'impact des traits des plantes sur les interactions en utilisant des combinaisons contrastées de variétés et d'espèces. Notre travail montre la pertinence de l'utilisation des complémentarités entre traits pour la conception d'associations de culture. L'approche est illustrée par nos résultats mettant en jeu le lupin blanc d'hiver (*Lupinus albus* L.), connu pour la forte variabilité de ses rendements et sa faible compétitivité vis-à-vis des adventices. Nous avons comparé des associations lupin-céréale à des cultures pures de lupin en conditions contrôlées et en conditions agricoles dans l'Ouest de la France.

Mots clés : cultures associées, lupin blanc, céréale, adventices, azote, interactions

Références :

Bedoussac, L., Journet, E. P., Hauggaard-Nielsen, H., Naudin, C., Corre-Hellou, G., Jensen, E. S., Prieur, L. & Justes, E. (2015). Ecological principles underlying the increase of productivity achieved by cereal-grain legume intercropping in organic farming. A review. *Agron. Sustain. Dev.*

Corre-Hellou, G., Dibet, A., Hauggaard-Nielsen, H., Crozat, Y., Gooding, M., Ambus, P., Dahlmann, C., von Fragstein, P., Pristeri, A., Monti, M. & Jensen, E. S. (2011). The competitive ability of pea-barley intercropping against weeds and the interactions with crop productivity and soil N availability. *Field Crops Research* 122: 264-272.

Caractérisation de données

Arthur Chambon

Arthur.chambon@etud.univ-angers.fr

Laboratoire d'Etude et de Recherche en Informatique d'Angers, SFR 4207 QUASAV, Université d'Angers, 2 Boulevard Lavoisier 49000 Angers

La plupart des bactéries appartenant au genre *Xanthomonas* sont responsables de pathologies sur une large gamme de cultures économiquement importantes, induisant notamment des pertes de rendement et diminuant ainsi la valeur marchande des semences. Quelques graines contaminées suffisent à générer une source d'inoculation primaire et à occasionner ainsi une dissémination ultérieure plus large. En particulier, le pathovar *phaseoli* de *Xanthomonas axonopodis* (Xap) qui regroupe toutes les souches identifiées comme pathogènes sur le haricot n'est pas endémique en Europe mais pour limiter son introduction, il est inscrit sur la liste des agents pathogènes de quarantaine. La taxonomie du genre *Xanthomonas* n'est pas encore pleinement résolue et la délimitation de certaines espèces dans ce genre fait encore débat ; les approches phylogénétiques ne sont alors pas réellement applicables. Une approche possible pour l'identification des souches bactériennes consiste à utiliser un répertoire de gènes de virulence. Il s'agit ainsi de trouver la plus petite combinaison de gènes de virulence spécifiques à Xap. Cette combinaison peut ainsi être utilisée pour concevoir un test PCR multiplex pour l'identification de Xap.

Avec les possibilités accrues d'acquisition de données génomiques – par exemple le séquençage à haut débit, mais également phénotypiques, le problème de la caractérisation de données biologiques devrait rapidement devenir l'un des verrous essentiels de l'exploitation effective des grandes bases de données qui sont en cours de constitution, et constituera donc un centre d'intérêt commun aux biologistes des domaines du végétal ou de la santé. La caractérisation telle que nous l'entendons ici se positionne en aval des approches génomiques et phénotypiques, pour tenter d'identifier les caractères propres, éventuellement hétérogènes, d'un groupe d'individus partageant des spécificités fonctionnelles communes (par exemple pathologiques).

Mots clés : *Caractérisation, informatique*

Remerciements

Aux participants :

Baptiste DRUT	b.drut@groupe-esa.com
Adrien COROT	adrien.corot@etud.univ-angers.fr
Guillaume BRUN	guillaume.brun@univ-nantes.fr
Marie-Anne LE MOIGNE	marie-anne.lemoine@etud.univ-angers.fr
Samir REZKI	samir.rezki@inra.fr
Elodie BELMAS	elodie.belmas@etud.univ-angers.fr
Nicolas CARTON	n.carton@groupe-esa.com
Arthur CHAMBON	arthur.chambon@etud.univ-angers.fr

Aux membres du jury :

Joëlle Fustec (LEVA)	j.fustec@groupe-esa.com
Valérie Raymond (RCIM)	valerie.raymond @ univ-angers.fr
Grégory Montiel (LBPV)	Gregory.Montiel@univ-nantes.fr
Pascal Richomme (SONAS)	pascal.richomme @ univ-angers.fr
Christophe Lemaire (IRHS/EcoFun)	christophe.lemaire@univ-angers.fr
Julia Buitink (IRHS/Conserto)	julia.buitink@inra.fr
Marie-Hélène Macherel (IRHS/MitoStress)	marie-helene.macherel @agrocampus-ouest.fr