

Analyse du transcriptome⁽¹⁾ des interactions entre le blé et le champignon pathogène *Septoria tritici*

Ce projet a pour objectif d'accroître les connaissances sur les interactions entre le blé et le champignon *Septoria tritici* en utilisant des approches de génomique.

D'une durée de 2 ans, du 1^{er} janvier 2009 au 31 décembre 2010, il a été sélectionné et soutenu par l'Agence Nationale de la Recherche, dans le cadre du programme de Génomique.

Le contexte du projet

Le blé est une des plantes les plus cultivées et les plus consommées dans le monde. Cette céréale satisfait 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*, est responsable de graves dommages foliaires et d'importantes pertes de rendement en Europe. Jusqu'à présent, la lutte contre cette maladie a dépendu principalement de **traitements fongicides**. Cependant, la perte d'efficacité de ces traitements, **nécessite de développer des méthodes de lutte alternatives** à cette lutte chimique. De plus, les nouvelles directives Européennes imposent un objectif de réduction des traitements phytosanitaires de 50% en 2012.

Cette situation a conduit les entreprises de sélection européennes à considérer la résistance variétale à la septoriose comme un **critère prioritaire de sélection du blé pour la résistance aux maladies**.

Les objectifs du projet

Le projet propose d'identifier les gènes du blé et du champignon exprimés au cours de l'infection.

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 gènes candidats qui seront utilisés pour le développement de projets sur le contrôle génétique de la résistance du blé à cette maladie**.

Les gènes fongiques identifiés permettront **de cibler des facteurs potentiellement impliqués dans la pathogénie ou de choisir des marqueurs de la réponse fongique aux réactions de défense de la plante**.

(1) Le transcriptome est l'ensemble des ARN messager (molécules servant de matrice pour la synthèse des protéines) issu de l'expression d'une partie du génome d'une cellule. Leur caractérisation permet d'identifier les gènes actifs, de déterminer les mécanismes de régulation d'expression des gènes et de définir les réseaux d'expression des gènes.

