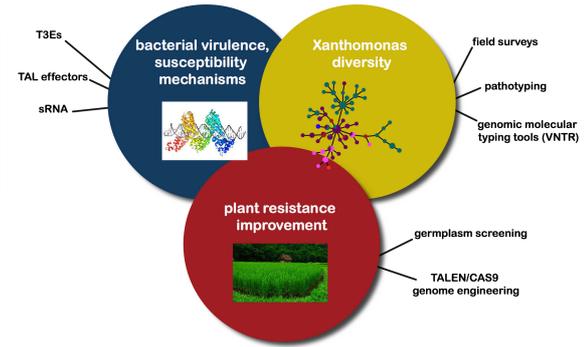
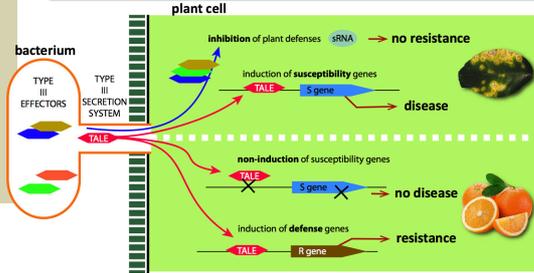


Objectifs

- Décrire les processus épidémiques associés aux émergences
- Comprendre les mécanismes de pathogénie de la bactérie
- Comprendre les mécanismes de résistance de la plante
- Proposer des sources de résistance durable



Modèles

- Un modèle bactérien majeur : *Xanthomonas*
 - pathogène sur plus de 140 familles de plantes, haute spécialisation d'hôte et de tissu
 - un mécanisme de pouvoir pathogène original : des protéines sont injectées dans les cellules végétales pour y détourner le métabolisme de la plante au bénéfice de la bactérie
- Des pathosystèmes économiquement importants, et complémentaires
- *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* et pv. *oryzicola* sur riz
 - *Xanthomonas citri* pv. *citri* sur agrumes
 - *Xanthomonas phaseoli* pv. *manihotis* sur manioc
 - *Xanthomonas vasicola* pv. *musacearum* sur banane
 - pathovars de *Xanthomonas translucens* sur céréales



Ralf Koebnik



Lionel Gagnevin



Valérie Verdier



Florence Auguy



Sandrine Fabre



Sébastien Cunnac



Boris Szurek

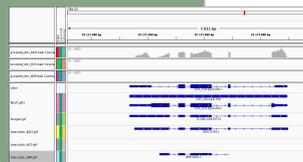


Emmanuel Wicker

<p>Épidémiologie moléculaire, génétique des populations, pathotyping, diagnostic <i>X. musacearum, X. oryzae, X. manihotis, X. translucens</i></p>	<p>Diversité et évolution des SST3 & ET3 <i>X. citri, X. oryzae, X. translucens</i></p>	<p>Diversité et évolution des effecteurs TAL <i>X. citri, X. oryzae, X. translucens, X. manihotis</i></p>
<p>Fonction & cibles des effecteurs TAL <i>X. oryzae, X. manihotis, X. citri</i></p>	<p>Rôle des sRNA de riz dans la susceptibilité <i>X. oryzae</i></p>	<p>Ingénierie de la résistance : criblage de germplasm, édition de génome riz, manioc</p>

Résultats marquants

- Implication dans les grands projets de séquençage des *Xanthomonas* (consortium FNX) : plusieurs centaines de génomes, des outils indispensables pour nos approches
- Développement d'outils de typage MLVA pour *X. oryzae* and *X. manihotis* et application à l'étude des populations et suivi épidémique
- Mise en place d'un outil WEB de classification et annotation automatique des effecteurs TAL, de prédiction des cibles végétales
- Identification de petits ARN végétaux inédits induits par la bactérie (ET3) pouvant supprimer l'immunité du riz
- Identification et caractérisation d'un nouveau gène de résistance du riz à *Xoo* (*xa41*) par perte de sensibilité via une approche de criblage moléculaire
- Caractérisation de la famille des transporteurs de sucre de type SWEET chez le riz comme gènes de sensibilité majeurs du riz à *Xoo*
- Identification d'UPTAL2 codant un facteur de transcription de type ERF comme nouveau gène de sensibilité du riz à *Xoo* spécifique des souches Africaines
- Création de nouveaux allèles de résistance au BLB (*X. o. pv. oryzicola*) par édition du génome de riz
- Développement de stratégies d'analyse des cibles de TALs par création de TAL artificiels



Multiplex Rice Genome Engineering Using CRISPR/Cas9



Réseau FNX French network on xanthomonads

- Réseau (INRA SPE) créé en 2008, outil majeur de la communauté Xanthomonas française qui nous donne une visibilité internationale
 - LIPM (INRA, CNRS, UPS), Toulouse
 - IPME (IRD, CIRAD, UM), Montpellier
 - BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Montpellier
 - EMERSYS (INRA, AgroCampus Ouest, U. Angers), Angers
 - PVBMT (CIRAD, U. Réunion), La Réunion
- Objectif: développer des approches intégratives sur les pathologies d'intérêt en mettant à profit les spécificités et compétences propres à chaque équipe
- Organisations de conférences internationales, réponses à appels d'offre (5 gros projets financés), ateliers inter-unité

Projets et financements

- ANR (XANTHracing, Xanthomix, CROPTAL, PIXIES)
- Bill & Melinda Gates Foundation (TALEnted_Rice)
- Agropolis (Plant Epidemiosurveillance, PAIX, MUSEOVIR, MIC-CERES)
- Rice Agri-Food system (MENERGEP)
- PEERS (YUCATAL)
- Région Languedoc-Roussillon (Projet Chercheur d'avenir)
- Bourses post-doctorants et doctorants (NSF, ERASMUS, Beachell-Borlaug, MESR)
- EU (Marie Curie International Outgoing Fellowship : RXomics)

Productions et publications

- Databases et outils d'analyse bioinformatique :
 - www.biopred.net/VNTR/
 - www.biopred.net/MLVA/
 - www.xanthomonas.org
 - QueTAL, TALVEZ
- 18 publications dans revues à IF>3 dont >60% avec partenaires du sud et collaborateurs des réseaux

Formation

- Participation enseignements Masters (~30h/an SupAgro Montpellier et UM)
- Co-animation de l'unité d'enseignement « Biologie Intégrative des Systèmes Microbiens Parasitaires » UM (25h) M2 DIPHE et DEMPI (UM)
- Enseignements « Biotechnologies Végétales et Microbiennes », « Phytopharmacie et Protection des Végétaux », U. Cheikh-Anta-Diop (Sénégal)

Partenaires

- U. of Colorado, Cornell U. (USA), U. de los Andes, U. Nacional (Colombie), U. Catholique Louvain (Belgique), Leibniz Universität Hannover (Allemagne), U. Exeter (UK)
- CEFE, ADIADE, AGAP
- Agriculture Genetics Institute (Vietnam)
- CIAT, IIRI, CRP RTB, CRP RICE, AfricaRice, Bioversity International, IITA, FERA...
- LMI Patho-Bios (Burkina-Faso)
- JEAI CoANA (Mali)

3 thèses soutenues
3 post-docs
4 scientifiques accueillis
7 thèses en cours