

Evolution de l'outil protéomique pour investiguer les relations plantes – insectes – symbiotes : étude du modèle pucerons.

FRANCIS Frédéric¹, DE PAUW Edwin² et HAUBRUGE Eric¹

¹ Faculté universitaire des Sciences agronomiques de Gembloux, Unité d'Entomologie fonctionnelle et évolutive, Passage des Deportés 2, B-5030 Gembloux, Belgique

² Université de Liège, Laboratoire de Spectrométrie de masse

francis.f@fsagx.ac.be

Si l'observation biologique reste la première étape de l'étude des relations plantes – insectes, la compréhension des adaptations entre les différents protagonistes (y compris les bactéries symbiotiques des insectes) nécessite le développement d'approches moléculaires. A côté des outils génomiques fournissant de grandes quantités de données depuis de nombreuses années, la protéomique a été mise en œuvre plus récemment au vu des améliorations significatives et de la disponibilité plus importante de techniques de séparation et d'identification des protéines. De plus, des informations fonctionnelles liées aux protéines étudiées sont apportées par rapport à l'approche génomique. Pour ces raisons, les entomologistes moléculaires ont maintenant un panel d'outils pour déterminer les protéomes relatifs à des insectes sensibles ou adaptés à diverses situations de stress, notamment afin de faire face à des mécanismes de défense végétale. Pour illustrer l'utilité mais aussi les limites actuelles des approches disponibles en protéomique, les relations plantes – pucerons – bactéries symbiotiques seront étudiées comme modèle. En effet, d'un point de vue biologique, les pucerons représentent un formidable modèle et fournissent une diversité de sujets à investiguer : l'adaptation et les changements métaboliques des pucerons face à un transfert d'une espèce de plante hôte à une autre d'une autre famille botanique, le rôle des bactéries symbiotiques dans l'adaptation du puceron, l'impact des pucerons dans les réponses de défense végétale dues au comportement alimentaire piqueur - suceur de ces insectes en intégrant le rôle particulier de la salive injectée dans la plante lors de la nutrition. Des analyses descriptives mais aussi comparatives de mélanges complexes de protéines relatifs à différentes matrices biologiques issues des pucerons sont présentées. L'utilisation de diverses méthodes incluant l'électrophorèse bidimensionnelle traditionnelle, la 2D-DIGE pour Differential In Gel Expression, la chromatographie liquide (LC) couplée à la spectrométrie de masse (ESI-MS-MS et Maldi-Tof-Tof) et les recherches en banques de données publiques ou faites « maison » seront présentées. A partir d'études protéomiques larges, des protéines d'intérêt particulier peuvent être sélectionnées et précisément caractérisées avec des finalités fondamentales mais aussi plus appliquées. Le développement de cette approche protéomique sera discuté comme un outil intéressant et fiable pour étudier les protéines impliquées chez les pucerons en réponse à divers changements environnementaux, en particulier les interactions plantes - insectes.

Mots-Clés : protéines, adaptations, électrophorèse 2D, spectrométrie de masse, co-évolution