

# IDENTIFICATION DE 10 SOUCHES DE CHAMPIGNONS PAR AMPLIFICATION ET SEQUENCAGE DE LA REGION ITS

Client: LABORATOIRE INRAE Guadeloupe - Domaine Duclos- Prise d'eau Petit Bourg 97170

**Contact : Mme PESTON Aurélie** 

Email: aurelie.peston-comminges@inrae.fr; aurelie.peston@gmail.com

Service : Identification de 10 Souches de Champignons par Amplification du gène ITS et Séquençage Sanger

Date de réception des ADNg extraits : 14/08/2020

Réfèrent Technique : Mme Farida MEBARKI

#### PROTOCOLE DE L'ANALYSE

- 1- Amplification du locus ITS avec les amorces universelles ITS1 et ITS4
- 2- Contrôle Qualité de ces produits PCR sur QIAXCEL pour validation qualité et quantité de produit PCR (Une seule bande bien spécifique de taille : environ 400 à 700 pb)
- 3- Purification de ces produits PCRs (purification par méthode Exosap)
- 4- Séquençage de ces produits PCRs avec les amorces de PCR
- 5- Analyse et Alignement des séquences pour créer un Contig correspondant à la séquence complète du locus ITS
- 6- Blast sur 2 Bases de données publiques pour identification des souches analysées

Rmq : Suite aux difficultés rencontrées pour l'amplification du locus ITS, des portions des gènes 18S et 28S ont aussi été tentés en amplification.

**RESULTATS LIVRES**: Ce Rapport, compte rendu de l'Analyse + les chromatogrammes bruts des séquences Sanger réalisées + Les séquences consensus « Contig ITS »

## CONDITIONS DES AMPLIFICATIONS PCR

Les conditions de la PCR sont:

Pour la réalisation des Mix :

Extraits ADNg : 2µl Mix PCR 5X: 6µl Primer 16S-27F : 1µl Primer 16S-1492R : 1µl H2O qsp 30µl : 20 µl

Cycles de PCR: 96°C 12 min (activation

du Mix HS)

Puis 35 cycles de 96°C 20sec- 56°C 20sec-72°C 1min30 Extension finale à 72°C – 5 min

Un Contrôle Positif (ADNg de E.Coli) ainsi qu'un Contrôle Négatif (H2O) sont systématiquement amplifiés dans les mêmes conditions que le/les ADNs à analyser.

L'ADN de la souche 235 n'est pas amplifiable malgré 4 essais.

Les ADNs des souches 23 ; 73 ne donnent pas d'amplification sur le gène ITS, seul les gènes 28S et 18S ont pu être amplifiés.

#### PURIFICATION DES AMPLICONS OBTENUS ET MISE EN SEQUENCAGE

Purification des amplicons avec le kit ExoSap-It (USB)

Les produits PCR ont été mis en séquençage avec le kit **BigDyeV3.1 Dye Terminator Kit** (Thermo Fisher Scientific).

Les réactions de séquence ont ensuite été purifiées avec le kit **BigDye Xterminator** (Thermo Fisher Scientific) avant analyse sur un **séquenceur 96 capillaires ABI3730XL** 

\*\*Les Séquences vérifiées par un technicien ont été alignées avec le logiciel CHROMAS Pro pour vérifier leurs Homologies.

### **RESULTATS DES ANALYSES Blast**

Les Contigs Obtenus pour les 10 souches ont été Blastés sur 2 Banques Publiques de Données ITS: BlastN de NCBI et UNITE

# Les résultat des analyses Blast sont donnés en résumé dans le tableau Excel ci-dessous :

	Nom	Vol gDNA	Espèce/Genre		
#	Echantillon	fournit	attendu	Espèce/Genre identifié	Commentaire
					Les souches 23 et 73 sont
					identiques à 100% sur leur
1	23	40µl	C.gloeosporioides	Bionectria = clonostachys	gène 28S
2	73	40µl	G.cingulata	Bionectria = clonostachys	
3	118	40µl	C.gloeosporioides	Gibberella fujikuroi/Gibberella intric	eans
4	164	40µl	C.gloeosporioides	Curvularia lunata	
5	221	40µl	C.gloeosporioides	Gibberella thapsina	
6	224	40µl	C.gloeosporioides	Colletotrichum gloeosporioides	
7	235	40µl	C.gloeosporioides	non amplifiable	Aucun résultat
8	240	40µl	C.gloeosporioides	Lasiodiplodia pseudotheobromae	
9	JeVi16	15µl	Colletotrichum spp	Nigrospora oryzae; Nigrospora sp	
					Les souches 118 et NaLa8
				Gibberella fujikuroi/Gibberella	sont identiques à 100% sur
10	NaLa8	15µl	Colletotrichum spp	intricans	leur gène ITS

Rapport d'Analyse établi à Vaulx-en-Velin : le 25 Juillet 2020

