

Titre	Caractérisation du module de régulation <i>LOST MERISTEMS</i> – <i>microARN171</i> au cours de la symbiose fixatrice d'azote chez <i>Medicago truncatula</i>
Encadrant 1	Jean-Malo Couzigou (CR CNRS) jean-malo.couzigou@lrsv.ups-tlse.fr 05 34 32 38 60
Encadrant 2	Serge Plaza (DR CNRS) serge.plaza@lrsv.ups-tlse.fr 05 34 32 38 27
Equipes	<i>Symbiose mycorhizienne et signalisation cellulaire & Peptides et petits ARNs</i>
Résumé	<p>Les légumineuses sont capables d'établir deux types d'endosymbioses racinaires avec les microorganismes du sol : la symbiose mycorhizienne avec les Gloméromycètes et la symbiose fixatrice d'azote avec les rhizobia (nodulation). Ces symbioses confèrent un avantage de croissance aux plantes lorsque les nutriments sont limitants dans le sol. Outre les aspects fondamentaux, identifier les réseaux de gènes impliqués dans ces symbioses peut ouvrir un champ applicatif considérable au niveau agronomique.</p> <p>Nous avons montré que la régulation de <i>LOST MERISTEMS 1</i> (<i>LOM1</i>, Zhou et al. Nature 2015) par la famille de microARN 171 (<i>miR171</i>) est cruciale pour la symbiose mycorhizienne. Précisément, nous avons mis en évidence un mécanisme jusqu'à lors inédit chez les plantes, où <i>LOM1</i> est protégé par le <i>miR171b</i>, empêchant ainsi le clivage de <i>LOM1</i> par les autres <i>miR171</i> (a, c, d, e & f, voir figure). Ce projet de M2 a pour but de déterminer si le mode d'action original du <i>miR171b</i> (a) opère également lors de la symbiose fixatrice d'azote et (b) pourrait aussi protéger les autres gènes <i>LOM</i> de <i>Medicago truncatula</i>. En effet, 8 <i>miR171</i> et 3 <i>LOM</i> régulés par la famille <i>miR171</i> existent chez cette légumineuse modèle et le <i>miR171b</i> est exprimé pendant la symbiose fixatrice d'azote (voir figure). En outre, plusieurs longs transcrits non-codants de type « endogenous Target Mimic » (<i>eTM</i>, Franco-Zorilla et al. Nature Genet 2007) ont été prédits pour séquestrer les <i>miR171</i> (<i>eTM171</i>) chez <i>M. truncatula</i>, (c) prédiction qu'il conviendra de vérifier <i>in vivo</i> et qui nécessitera d'être intégrée au module de régulation <i>LOM-miR171</i>.</p> <p>(i) Analyse du patron d'expression des <i>miR171</i>, <i>LOMs</i> et <i>eTM171</i> chez <i>M. truncatula</i> (a) les <i>miR171</i>, <i>LOMs</i> et <i>eTM171</i> co-exprimés seront recherchés dans des banques de RNA-seq. (b) Les niveaux d'expression des <i>miR171</i>, <i>LOMs</i> et <i>eTM171</i> seront analysés au cours de la nodulation. (c) Les fusions promoteur-GUS (<i>miR171</i>, <i>LOMs</i> et <i>eTM171</i>) seront analysées au cours de la nodulation.</p> <p>(ii) Etude des régulations des transcrits <i>LOMs</i> par les <i>miR171</i> et des interactions avec les <i>eTM171</i> En se basant sur les hypothèses issues de (i), les différents ARN régulateurs (<i>miR</i> et <i>eTM</i>) seront co-exprimés avec chacune des cibles <i>LOM</i> et leur capacité à cliver les différents <i>LOMs</i> sera analysée quantitativement. En outre, cet axe constituera le point de départ à la mise au point d'un système senseur ratiométrique fluorescent des <i>miR171</i>.</p> <p>(iii) Caractérisation fonctionnelle de <i>LOM1</i>, <i>2a</i> et <i>2b</i> et <i>miR171b</i> au cours de la nodulation En utilisant les mutants nuls pour les gènes <i>LOM</i>, les lignées transgéniques <i>LOM2a-b_i</i> (ARN interférence simultanée de <i>LOM2a</i> et <i>b</i>), l'analyse fonctionnelle des gènes <i>LOM</i> au cours de la symbiose fixatrice d'azote sera entreprise chez <i>M. truncatula</i>.</p> <p>Publications relatives au projet (équipe d'accueil):</p> <p>(1) Couzigou et al. <i>Cell Host Microbe</i> 2017 (lien) (5) Llave et al. <i>Science</i> 2002 (lien) (2) Laressergues et al. <i>Nature</i> 2015 (lien) (6) Zhou et al. <i>Nature</i> 2015 (lien) (3) Couzigou et Combiér <i>New Phytol</i> 2016 (lien) (7) Cho et al. <i>Elife</i> 2017 (lien) (4) Zhou et al. <i>Science</i> 2018 (lien) (8) Engstrom et al. <i>Plant Physiol</i> 2011 (lien)</p>
Photo	 <p style="text-align: center;">Adapted from Couzigou et al. Cell Host Microbe (2017)</p> <div style="border: 1px solid black; padding: 5px; margin-top: 10px;"> <p style="text-align: center;">Master 2 project</p> <p style="text-align: center;"><i>miR171b_p::GUS</i></p>  <p><i>miR171b</i> is also expressed in:</p> <ul style="list-style-type: none"> - <i>Medicago</i> nodule (picture) - root hairs infected by rhizobia <p style="text-align: center;">↓</p> <ul style="list-style-type: none"> • similar mechanisms for <i>LOST MERISTEMS</i> regulation ? • Functional relevance ? • Roles of <i>eTM171</i> lncRNAs ? </div>