

Titre	Analyse fonctionnelle du gène <i>RKS1</i> conférant une résistance quantitative chez <i>Arabidopsis thaliana</i> à la bactérie pathogène <i>Xanthomonas campestris</i>
Encadrants 1 (tél. et/ou mail)	Carine Chauveau et Dominique Roby (Tel 05 61 28 55 11 – Mail dominique.robby@toulouse.inra.fr ou Carine.Chauveau@toulouse.inra.fr)
Laboratoire	LIPM UMR CNRS/INRA 2594/441
Equipe	Equipe Quantitative Immunity in Plants (ex Réponse de la plante à son environnement et réseaux de signalisation immunitaire)
Résumé du sujet (maximum de 20 lignes)	<p>En réponse à l'attaque par des agents pathogènes, les plantes développent une reprogrammation cellulaire complexe, qui conduit à l'induction de défenses à large spectre. La résistance quantitative (QDR) constitue la forme prédominante de la résistance naturelle aux maladies au champ, durable et à large spectre vis-à-vis de nombreux agents pathogènes.</p> <p>Les bases moléculaires de cette forme de résistance demeurent largement incomprises. Nous avons récemment identifié l'un des déterminants génétiques majeurs de cette résistance vis-à-vis de la bactérie pathogène <i>Xanthomonas campestris</i> (Xcc), agent de la pourriture noire chez <i>Arabidopsis</i> mais aussi plus largement chez les Brassicaceae. Il s'agit d'une protéine kinase atypique, un élément essentiel des voies de signalisation de la QDR à Xcc.</p> <p>L'objectif de ce stage sera de comprendre le rôle de RKS1 et de décrypter les voies de signalisation RKS1-dépendantes, à partir d'une analyse transcriptomique par RNA-seq déjà réalisée au laboratoire, et ayant révélé un certain nombre de gènes candidats. Le projet inclura :</p> <ul style="list-style-type: none"> (i) la validation par Q-RT PCR des profils d'expression des gènes candidats identifiés précédemment dans différentes expériences (ii) le phénotypage et la caractérisation moléculaire de mutants d'<i>Arabidopsis</i> affectés dans ces gènes (iii) le ciblage sur un gène/un ensemble de fonctions pour une analyse fonctionnelle plus poussée.