



Proposition d'un sujet de stage au M2 ADAM (2018-2019)

Acceptez-vous que ce sujet soit proposé aux étudiants de l'itinéraire « Pro » ? OUI/~~NON~~

Titre	Analyses des mécanismes moléculaires qui sont impliqués dans le remodelage de la paroi secondaire en réponse au stress froid chez l'eucalyptus.
Encadrant 1 (tel + mail)	Fabien mounet (mounet@lrsv.ups-tlse.fr) 05 34 32 38 25
Encadrant 2 (tel + mail)	Teulières Chantal (teulieres@lrsv.ups-tlse.fr) 05 34 32 38 22
Equipe(s)	Génomique Fonctionnelle de l'Eucalyptus
Résumé	<p>L'Eucalyptus est le feuillu le plus planté dans le monde pour la production de biomasse ligneuse utilisée à des fins industrielles. C'est aussi le deuxième arbre forestier dont le génome a été séquencé (Myburg et al., 2014). La croissance et la formation du bois chez l'Eucalyptus paraissent fortement dépendants des conditions climatiques, en particulier la sécheresse estivale et le froid hivernal. Ces mécanismes restent mal compris et représentent un potentiel insuffisamment exploité pour améliorer la résistance des espèces cultivées. De plus, cette problématique prend une importance particulière dans le contexte de l'évolution du climat vers des saisons plus marquées (gel et sécheresse plus intenses).</p> <p>Au niveau biologique, le bois, ou xylème secondaire est impliqué dans le transport de la sève et le support mécanique de l'arbre. Le processus complexe de formation du xylème à partir des cellules méristématiques du cambium vasculaire implique des étapes de division, d'élongation et de mort cellulaire programmée. Les travaux d'Hertzberg et al. (2001), ont mis en lumière le rôle central de la régulation transcriptionnelle à tous les stades de la formation du xylème. Chez l'arabette, comme chez les arbres, plusieurs dizaines de facteurs de transcription appartenant majoritairement aux familles MYB et NAC sont organisés au sein d'un réseau de régulation hiérarchisé (Hussey et al., 2013) qui contrôle la xylogénèse et le dépôt d'une paroi secondaire riche en cellulose, hémicellulose et lignine. Les stress abiotiques, et en particulier le froid, agissent sur ces mécanismes et modifient la formation des tissus du bois, ce qui pourrait affecter la résistance de la plante (Legal et al., 2015, Houston et al., 2016).</p> <p>Plusieurs études de l'équipe GFE montrent que le froid engendre de profondes modifications dans la composition et la structure du xylème. Tout d'abord, l'exposition à des températures froides (4°C) provoque la formation d'une paroi secondaire plus épaisse et plus lignifiée, ainsi que l'apparition de vaisseaux plus petits et plus nombreux (Ployet et al., 2017). Les gènes impliqués dans la synthèse des composés majeurs de cette paroi sont induits par le froid (Ployet et al., 2017). De plus, les mêmes phénotypes sont observés lorsque l'on surexprime des facteurs de transcription CBF (pour C repeat Binding Factor), qui sont les acteurs principaux de la réponse au froid chez les plantes (Cao et al., 2015, 2018 in prep; N'Guyen et al., 2017). Dans la tige des arbres soumis au froid, <i>EgCBF14</i> est très fortement induit (N'Guyen et al., 2017) et la surexpression constitutive de ce facteur de transcription confère une tolérance accrue au gel dans des lignées transgénique d'eucalyptus (Navarro et al., 2011 ; Azar et al., 2012). On suppose donc que les modifications observées en réponse au froid dans le bois permettent à la plante de mieux résister à ce stress. Tout porte à croire que la voie de signalisation au froid impliquant les CBF régule la formation de la paroi secondaire mais les mécanismes moléculaires mis en jeux restent à élucider.</p> <p>L'équipe GFE a généré une grande quantité de données et de matériel biologique à partir d'eucalyptus soumis à des stress abiotiques. En utilisant ces ressources, l'étudiant en</p>

Master 2 aura pour objectif d'identifier les gènes impliqués dans le remodelage de la paroi secondaire en réponse au froid.

Pour répondre à ces questions, l'étudiant adoptera les stratégies suivantes :

- L'analyse chimique et histologique de tiges d'eucalyptus soumis au froid (dosages de lignine, analyse FT-IR du bois, saccharification, mesure automatisée de paramètres histologiques par ImageJ)
- La construction et l'analyse de réseaux de co-expression (approche WGCNA) en utilisant des données transcriptomiques (> 50 RNAseq) obtenues à partir de xylème récolté dans 11 conditions de stress abiotiques, dont une cinétique d'acclimatation au froid et au gel.
- L'identification, grâce aux techniques de double hybride et de DAPseq, des partenaires protéiques et des cibles transcriptionnelles du facteur de transcription *EgCBF14*.
- L'analyse d'expression par RT-QPCR en temps réel des gènes mis en évidence par ces approches dans des lignées transgéniques surexprimant *EgCBF14*.

Photo

